

Kelpoisimman synty – evoluution suurimman arvoituksen ratkaisu Anrdeas Wagner, Terra Cognita 2015. (Alkuperäisteos: *Arrival of the Fittest, Solving Evolution's Greatest Puzzle*, 2014)

Suomennos Kimmo Pietiläinen

Analyysi (+ modernin synteessin ongelmat) Mikko Tuuliranta (11/2017)

Johdanto

1) Evoluutiobiologista viipaletietoa

Näin Kelpoisimman synnyn Akateemisen kirjahyllyssä. Mieleen tuli, että onko kirjan nimi pelkkä myyntikikka kuten iltapäivälehtien etusivujen suurikirjaimiset otsikot – vai onko siinä kenties jotain aivan oikeasti uutta? Niinpä päädyin ostamaan opuksen (niin kuin olen joskus ostanut Iltasanomat etusivun uutisotsikon perusteella). – Ketäpä ei kiinnostaisi evoluution suurimman arvoituksen ratkaisu? Jo ensimmäisen läpiluvun jälkeen oli selvää, että opus on syytä syynätä tarkemmin (viitteineen). Mitä enemmän kirjaa tutki, sitä enemmän tunsin tarvetta laatia kirjallinen analyysi muutamista sen esittämistä tieteen ”eturintaman kokeellisista ja laskennallisista menetelmistä” sekä niistä tehdyistä johtopäätöksistä. Ja koska kirjan nimi ja takakannen esittelyteksti lupaavat niin suuria, oli pakko mennä yksityiskohtiin. Siksi analyysi on pitkä (76 sivua), hiuksia halkova; paholaisen asianajaja asuu yksityiskohdissa.

Wagnerin kirjasta paistaa tyypillinen ”inhimillinen tekijä”: Kirjoittaja esittelee omia, kieltämättä mielenkiintoisia, ensi lukemalta jopa mullistavilta vaikuttavia kokeellisia ja laskennallisia menetelmiään ja niistä tehtyjä johtopäätöksiä niin innostuneesti, että vaikuttaa unohtavan biologian monet, oman suppean erikoisalan ulkopuoliset realiteetit – joko tietämättömyyttään, tietoisesti tai tiedostamatta – todennäköisesti sekä-että. Siinä mielessä kirja on tyypillinen ”puolittain vaikeneva” naturalistinen näkemys ja selitysmalli luonnon historiasta. En muista lukeneeni yhtäkään naturalistien kirjoittamaa opusta evoluutiosta, jossa olisi rehellisesti tunnustettu (tai *tunnistettu*) ja analysoitu kaikki modernin synteessin eli uusdarwinismin keskeiset ongelmat. (Poikkeus saattaa olla Thomas Nagel, mutta häntä en ole ehtinyt lukea.) Toisaalta on totta, että monet myöntävät jotkut tietyt ongelmat, mutta vetoavat tavallisesti *uskoon*, siihen, että on lähes varmaa, että jopa jo lähitulevaisuudessa tiede pystyy ne ratkaisemaan.

On inhimillistä, että emme halua kuulla, tai ottaa selvää omista mielipiteistämme eriävistä näkemyksistä. Psykologit kutsuvat sitä *torjunnaksi*. Se voi johtaa maailmankatsomukselliseen ja tieteelliseen kiikarinäköön, joka puolestaan voi johtaa ”viipaletietoon” (kuvaavampaa termiäkään kun en keksi). Esimerkiksi 1900-luvun ehkä suurimmalla evoluution asiantuntijalla, Ernst Mayrilla vaikutti olevan viipaletietoa kemiallisesta evoluutiosta: Kirjassaan *What Evolution Is* (Basic Books 2001, s.43) hän kirjoittaa, että emme tiedä, minkälaisia ensimmäiset elämän muodot olivat, mutta todennäköisesti ne koostuivat makromolekyylien kasautumista, jotka kykenivät hankkimaan aineita ja energiaa ympäröivistä epäorgaanisista molekyyleistä ja auringon valosta. Sitten hän vain toteaa, että ”välttääkseni teoksen paisumista liian laajaksi, pyydän lukijaa tutustumaan tämän alan erikoiskirjallisuuteen”.

Mutta jos sitten katsoisi tarkemmin, mitä tuo ”erikoiskirjallisuus” on (kuten Alexander Oparinin *The Origin of Life*, 1938), tulisi todennäköisesti samaan johtopäätökseen kuin tieteenfilosofi David Griffin. Griffinillä ei ollut mitään darvinistisia antipatioita eikä ennakkoluuloja. Eräässä

kirjoituksessaan hän kuitenkin erehtyi toistamaan biokemisti Michael Behen väitteen, että *evoluutiota käsittelevä kirjallisuus ei pysty selittämään redusoimattomasti monimutkaisten biologisten rakenteiden syntyä*.^{*} Muutamat johtavat evolutionistit kävivät Griffinin kimppeun ja kiistivät väitteen vetoamalla siihen, että hän ei ollut lukenut ”oikeita kirjoja”. Niissä, hänelle kerrottiin, biologit selittävät, miten evoluutio pystyi synnyttämään redusoimatonta monimutkaisuutta. Kun hän sitten kysyi, mitä nuo oikeat kirjat ovat, jotka hänen pitäisi lukea, hän ei saanut mitään selvää vastausta. Ainoastaan viitattiin joihinkin artikkeleihin. Griffin teki työtä käskettyä ja luki ne. Niistä ei kuitenkaan löytynyt sitä, mitä niissä oli väitetty olevan. Griffin havaitsi, että hänen tapaamansa biologit eivät vaikuttaneet epärehellisiltä, vaan he vilpittömästi uskoivat, että jotkut heidän kollegansa todella tuntevat tarkemmin mekanismin, joka selittää noiden rakenteiden naturalistisen synnyn. Kun hän sitten kääntyi tällaisen ”asiantuntijan” puoleen, hän valitti, ettei hän ole tämän alan erikoistuntija, ja kehotti häntä kääntymään jonkun asiaan paremmin perehtyneen puoleen. Kaikki Griffinin tapaamat biologit olivat kuitenkin varmoja siitä, että vastaus tähän kysymykseen on olemassa. Mutta pahaksi onneksi se oli aina ”jossain muualla”, eikä kukaan tiennyt, missä tuo ”jossain muualla” on.

^{*}Behen malliesimerkki oli bakteerien flagellamoottori. Myöhemmin, esim. *New Scientist* väitti, että se on voinut kehittyä yksinkertaisemmasta laitteesta, ns. sektreetiotyyppi III:sta. Tämä on kuitenkin perustellusti kumottu. Ja kaiken lisäksi sekreetiotyyppi III on ainakin molekyylikellon mukaan flagellamoottoria nuorempi ”innovaatio” (ks. esim. Abby ja Rocha: <https://revolutionarybehe.com>).

Sama uskonvarmuus tuntuu pätevän Wagneriin – huolimatta siitä, että hän tunnustaa joidenkin ongelmien olemassaolon. Hän kuitenkin vaikuttaa pitävän selviönä esimerkiksi sitä, että luukalat kehittyivät rustokaloista, koska joku, joka luulee jonkun muun tietävän, on sen hänelle kertonut. Myös ns. itsestään järjestäytymistä hän tuntuu pitävän itsestään selvänä – koska joku, joka luulee jonkun muun tietävän, on sen hänelle kertonut. – Tai, jos ei vielä tiedä, tiede joka tapauksessa tulee ongelman pian ratkaisemaan.

Sekä Andreas Wagnerin että Ernst Mayrin (ja monen muun) heikkous vaikuttaa olevan, että heillä on viipaletietoa; he eivät ole tutustuneet toisinajattelijoiden usein varsin hyvin perusteltuihin näkemyksiin. Miksi? Siksi, että heidän asenteensa (hybris?), ennakkopäätöksensä on, että he eivät voi olla kuin väärässä: He ovat todennäköisesti jonkin sortin ”fundamentalisteja” tai jotain ”nuoren maapallon kreationistien kaltaisia osittain lukeneita tai täysin tietämättömiä ihmisiä” (Wagner, s.12).

Siinä mielessä katson olevani jonkinlaisessa ”etulyöntiasemassa”: olen seurannut kirjoittelua ”aidan molemmilla puolilla”. Itsekin uskon evoluutioon, mikrotasoiseen evoluutioon, joka on tosiasiaa vain muuntelua, sopeutumista, ja jolla on rajansa. Jos joku ilmoittaa uskovansa Jumalaan, on syytä kysyä, minkälaiseen Jumalaan hän uskoo. Sama koskee evoluutiota – minkälaiseen evoluutioon sinä uskot? Evoluutioon (ja samalla biologiaan) saa laajemman perspektiivin seuraamalla sekä luomiseen uskovien tieteilijöiden (joita on aika paljon) että materialististen, moderniin synteessin uskovien tiedemiesten julkaisuja. Wagnerin olisi ehkä kannattanut lukea esimerkiksi geneetikko John Sanfordin kirja *Genetic Entropy* tai hänen kollegansa, Royal Trumanin artikkelit *Cells As Information Processors*, osat 1 ja 2 (joihin viittaa tuonnempana).

Kelpoisimman syntyä tutkittaessa tuli ilmi monia modernin synteessin ongelmia, seikkoja, joista tavallisesti vaietaan. Niinpä katsoin velvollisuudekseni saattaa lukijoiden tietoon joitain evoluutioon liittyviä ”epäselvyyksiä”, sellaisia, joista myös Wagner vaikenee. Analyysi on siis

samalla jonkinlainen ”tietopaketti” muutamista modernin synteessin ongelmista, vanhoista ja vähän uudemmistakin, evolutionistien ”liikesalaisuuksista”.

Wagner on ilmeisesti itse keksinyt kirjassaan usein toistuvan sanan *innovability*, jota en sanakirjoista löytänyt. Se lienee johdettu sanasta *innovation* ja suomentaja on kääntänyt se sanalla ”innovabiliteetti”, jolla tarkoitettaneen kykyä innovoida, keksiä uutta. Toinen usein esiintyvä sana on *robustness*, joka tulee kantasanasta *robust*, lujatekoinen, vankka. Jostain syystä kääntäjä on kuitenkin suomentanut sen sanalla *elinvoimaisuus*, vaikka elinvoimaisuudella on englannin kielessä oma sanansa, *vitality*. Robust-sanaa käyttää myös esimerkiksi Sean Carroll kuvatessaan geenien säätelyverkostojen virheensietokykyä, jolla tarkoitetaan sitä, että jos yksi väylä joutuu epäkuuntoon, viesti silti kulkee muita kanavia pitkin, koska verkosto on moneen kertaan varmistettu samaan tapaan kuin ihmisen lähes kaikkien ruumiinosien verenkierto. (No, tavallaan se on elinvoimaisuutta.)

”Innovabiliteetti” ja ”elinvoimaisuus” ovat kirjan pääsanoja; kelpoisimman synty perustuu niihin.

2) Pari muuta analyysia Kelpoisimman synnystä

Luin kirjasta myös kaksi suomen- ja kaksi englanninkielistä arvostelua/arviota. Niistä vain yksi oli sitä mieltä, että kirja antaa vastauksen siihen, mitä nimi lupaa:

Ismo Innamo ylistää opusta Vapaa-ajattelijoiden kotisivulla:

”Kelpoisimman synty on mahdollinen tajunnanräjäytys, kuten Terra Cognitan julkaisut aina. Sisukas suomentaja tarjoaa meille sivistystä suoraan tieteen eturintamasta, vaan olisipa pienellä suurella kustantamolla rahaa perusteelliseen kielenhuoltoonkin.* Jos Suomi olisi sivistysvaltio, **Kimmo Pietiläinen** olisi miljardööri ilman typoja – eikä eduskunnassa istuisi **Huhtasaari-Nikko-Räsäsiä**, joilla ei ole edes peruskoulun biologia hallussa. Pythagoras ymmärtää. Platon nyökkää. Minä taputan. Me ymmärrämme ne mekanismit, jotka mahdollistivat meidät.”

***Kieliasusta** olen samaa mieltä; minulle tuli vaikutelma, että suomenkielinen laitos piti saada markkinoille mahdollisimman nopeasti, laadusta tinkien. Tekstissä on paitsi kömpelöä käännoästä, myös paino- ja laskuvirheitä, kuten sivulla ¹⁰⁸: $20 \times 20 \times 20 = 800$ ja $20^4 = 16\ 000$. Siksi jouduin hankkimaan myös alkukielisen teoksen. Omista lainauksista olen koettanut korjata ainakin osan selvistä painovirheistä. Oman tekstini kielenhuollosta ja muista neuvoista kiitän Matti Leisola, Pekka Reinikaista ja Lasse Uotilaa.

Innamo: ”Me ymmärrämme ne mekanismit, jotka...” Ketkä me? Tunnustan heti inhimillisen ymmärrykseni vajavaisuuden: Minä en ainakaan kuulu niihin, jotka ymmärtävät. Samaa mieltä vaikuttaisi olevan **Olavi Kanervisto**, joka arvioi kirjaa *Mensalainen*-lehdessä (2/2016):

”Aina siitä asti kun James D. Watson ja Francis Crick yli 60 vuotta sitten olivat julkaisseet artikkelinsa DNA:n kemiallisesta rakennemallista ja asiaa koskeneen suomenkielisen kirjan ilmestyttyä vuonna 1969, olen pyrkinyt lukemaan kaiken elollisuuden mekanismin mahdollistumiseen liittyvän tieteellisen tiedon eli uusimmat astrobiologiaa, biokemiaa, bioinformatiikkaa, eksobiologiaa, epigenetiikkaa, populaatiogenetiikkaa ja kybernetiikkaa koskeneet artikkelit, löytämättä kuitenkaan lopullista läpimurtoa aiheesta. Helsingin kirjamesuilla lopulta tärppäsi: Mensa-palkitun kustantajan Kimmo Pietiläisen osastolta mukaan tarttui uusi opus:

’**KELPOISIMMAN SYNTY Evoluution suurimman arvoituksen ratkaisu**’.

Kanervisto kuitenkin lopettaa arvionsa sanoilla:

”Kirjan sisältö ei ehkä kuitenkaan täysin vastaa otsikkoa ja takakansitekstiä*. Parempi yhteenveto löytyy opuksen esipuheen viimeisestä kappaleesta: ”*Jo tähän mennessä löytämämme kertoo, että evoluutio on paljon enemmän kuin miltä se ensi näkemältä vaikuttaa. Se kertoo, että innovabiliteetin periaatteet ovat piilossa jopa DNA:n molekyyliarkkitehtuurin tuolla puolen elämän piilotetussa arkkitehtuurissa, jonka kauneus ei ole tästä maailmasta.*”

Arvoituksellinen – tuo: ”Jopa DNA:n molekyyliarkkitehtuurin tuolla puolen, elämän piilotetussa arkkitehtuurissa.” Mikähän se on, se piilotettu? Ehkä se selviää...

Oliko Wagnerin kirja viimeinen oljenkorsi sen jälkeen, kun elollisuuden mekanismin mahdollistumiseen liittyvän tieteellisen tiedon uusimmista astrobiologiaa, biokemiaa, bioinformatiikkaa, eksobiologiaa, epigenetiikkaa, populaatiogenetiikkaa ja kybernetiikkaa käsitelleistä artikkeleista ei löytynytäkään ”lopullista läpimurtoa”?

*Takakansiteksti: ”*Maineikas evoluutiobiologi Andreas Wagner osoittaa tässä kirjassa, mistä kaikki biologinen innovaatio syntyy. Wagner on selvittänyt kokeellisilla ja laskennallisilla menetelmillä, että näiden sopeutumien käyttövoima ei ole pelkkä sattuma, vaan joukko luonnonlakeja, joiden ansioista luonto keksii uusia molekyyliä ja mekanismeja nopeammin kuin satunnaisella muuntelulla.*”

Vastaako kirjan sisältö sen nimeä? Kestääkö uutinen arvoituksen ratkaisusta lähempää tarkastelua? Miksi Wagner ei saanut puhujakutsua, tai edes osallistumiskutsua Lontoon Royal Societyn marraskuussa 2016 järjestämään kolmipäiväiseen ”kriisikongressiin” *New Perspectives in Evolutionary Biology*? Siksikö, että yrittäessään saada lukijansa vakuuttumaan omasta teoriastaan, ”kehityso pillisestä poimuajosta” eli nopeutetusta evoluutiosta (ks. alle), hän tuli samalla paljastaneeksi vanhan teorian ”liikesalaisuuksia”? Evoluutiomaailmassahan ongelmat on lupa paljastaa suurelle yleisölle vasta jälkikäteen, sitten kun näyttää siltä, että tarjolla on parempi selitys – naturalistinen selitys.

Näin menttelivät mm. **Walter Fontana** ja **Leo Buss** vuonna 1994 julkaisussaan ”The arrival of the fittest”: Toward a theory of biological organization, *Bulletin of Mathematical Biology* 56;1:1-64. Ensin hekin paljastivat ”salaisuuden” eli sen minkä **Hugo DeVries** kertoi jo v. 1904: ”Luonnonvalinta voi selittää kelpoisimman eloonjäännin, mutta ei sen syntyä” (*Species and Varieties: Their Origin by Mutations*). DeVries uskoi, että mutaatiot (joista Darwin ei tietenkään mitään tiennyt) synnyttävät uusia lajeja.

Mutta jos mutaatiot olisivat selittäneet lajien synnyn, miksi Fontanan ja Bussin piti esittää uusi teoria? Julkaisussaan he koettavat selittää miten ”itseään ylläpitävät organisaatiot syntyvät yleisenä seurauksena kemian kahdesta rakenteellisesta piirteestä ilman luonnonvalintaa”: 1) molekyylien törmäykset synnyttävät uusia ”erityismolekyyliä” (*specific new molecules*) 2) kemian ekvivalenssiluokkien moninaisuudesta johtuen monet reagoivat aineet voivat johtaa samaan vakaaseen lopputuotteeseen.

Ja miksi Andreas Wagerin piti 20 vuotta myöhemmin julkaista vielä uusi, samanniminen kirja *Arrival of the Fittest*, jos Fontana ja Buss olivat olivat jo ilmiön selvittäneet? Siksikö, että heihin ei uskottu?

Wagner paljasti uudelleen saman vanhan ”salaisuuden” eli toisti sen, minkä DeVries ensin ja sittemmin myös Fontana ja Buss olivat ilmiäntäneet jo ajat sitten (s.18). Lisäksi hän paljastaa jotain

muutakin siitä, mitä Darwin ja hänen seuraajansa eivät tienneet, kuten “Nykyäänkin on vaikea täysin ymmärtää edes yksinkertaisimpien eliöiden fenotyyppi, ja sadattuhannet vuosikymmeniä työskennelleet biologit eivät vielääkään tiedä, miten geenit osallistuvat fenotyypin muodostumiseen” (s.24). Mutta jos hän olisi ollut rehellisempi, hänen olisi pitänyt paljastaa paljon muutakin...

Wagner ei tainnut saada montaakaan kollegaansa vakuuttumaan evoluutionäkemyksensä kyvystä innovoida. Syy selviää, jos mennään yksityiskohtiin ja tarkastellaan niiden taustoja, solubiologiaa, embryologiaa, biokemiallisia ja geneettisiä faktoja. Mutta ilman niitäkin, jo parin ensimmäisen luvun perusteella voidaan todeta, että hänen innovabiliteettinsa ja kelpoisimman syntynsä taitavat jäädä lähtökuoppiinsa. Näin siksi, että hänen pitää ensin olettaa se “primaarinen innovabiliteetti”, joka mahdollisti “myöhemmän innovabiliteetin” (ja kelpoisimman synnyn). Tuo “myöhempi innovabiliteetti”, jonka ensimmäinen synnytti, perustuu elämän elinvoimaisuuteen (engl.s. *robustness*) ja monimutkaisuuteen. Kelpoisimman synty onnistuu näet vasta sitten, kun elämä jo on elinvoimaista ja monimutkaista (ja kelpoista). Katsotaan, miten kirjan juoni etenee “ensimmäisestä innovabiliteetista” sen myöhempään lajiin...

Monet lainaukset ovat valitettavan pitkiä syystä, että minua ei voitaisi syyttää ”lainauslouhinnasta”, lyhyiden sitaattien irrottamisesta asiayhteyksistään. Siitä huolimatta, voin joidenkin mielestä edelleenkin siihen syyllystä. Ei ole kuitenkaan mielekästä, että kopion tähän lähes koko kirjan. Jos aika on kortilla, lukija voi valikoiden harpata pitkien lainausten yli, lukea vain sitaattien analyysit ja sitten tarvittaessa kelata taaksepäin.

Keskeisimmät huomiot/kannanotot/kyseenalaistukset on merkattu **lihavoituina alaotsikkoina** (ikään kuin lukuina) ja kiireinen lukija voi lukea vain ne, jotka kiinnostavat, kuten:

- **Tarinaa abiogeneesistä, kemiallisesta evoluutiosta** (s.16),
- **Maailman etevin synteettisen kemian osaja sai aikaan pelkkää sekasotkua** (s.17),
- **Tarinointia RNA-maailmasta, ”ensimmäisestä elämästä”** (s.18),
- **”Primaarinen innovabiliteetti”: materian itsestään järjestäytymistä Saharassa ja saippuakuplissa** (s.19),
- **Biologinen, informaatioon perustuva itsestään kokoutuminen (Self-Assembly)** (s.22),
- **Turhanpäiväinen esimerkki metabolisesta innovaatiosta (elämän mähinnousu ja luukalojen kuviteltu polveutuminen rustokaloista)** (s.30),
- **Kun universumiin ei riitä** (s.42),
- **The shock of shocks: Munasolu perimän perusyksikkönä: geenit eivät olekaan elämän piirustuksia** (s.72).

Wagner puhuu siis nopeutetusta evoluutiosta, jota hän vertaa avaruusseikkailusarja *Star Trekin* valoa nopeampaan matkustamiseen, ”poimuajoon” (esim. s. 168). Mitä nopeutettu evoluutio on? Sitä on kahdenlaista: 1) *Havaittua ja todettua*, lajien yllättävän nopeaa (ei kuitenkaan ”ylivalonnopeudella” etenevää) sopeutumismuuntelua. Se on liian nopeaa, modernin synteetin vastaista ja sille on olemassa luonnollinen selitys (joka käy ilmi tekstistä). 2) Wagnerilaista ”kehityso pillista poimuajoa”. Mitä se on? Se selviää, jos jaksaa lukea sivuilta 45-48 kirjoittajan ”Zürichin kokeesta”, jossa luonnon *in vivo*-mutaatiot sekoitetaan laboratorio-mutaatioihin ja luonnonvalinta älykkääseen valintaan. **(Kun RNA:lle luotiin uusi funktio: kelpoisimman syntyä ohjatuissa laboratorio-olosuhteissa.)** Tästä saa kohtalaisen yleiskäsityksen siitä, mitä kirjoittajan

”ylivalonnopeudella etenevä evoluutio” on. Sitä ennen, kirjan luvussa 4 (s.111) Wagner esittelee valikoiden muuan vuonna 2001 tehdyn laboratoriokokeen ”proteiinin evoluutiosta”. Biokemistit **Branco Kozulic** ja **Matti Leisola** ovat tyrmänneet sen yksityiskohtaisesti. Kozulicin ja Leisolan analyysi kertoo kokeesta sen, mistä Wagner vaikenee. Analyysi on kuvaava esimerkki siitä, mitä tapahtuu, kun paholaisen asianajajan virkaan astuu pari alansa hallitsevaa eksperttiä. Otteita Kozulicin ja Leisolan analyysistä sivuilla 39-42.

Jos ei jaksakaan rämpiä koko analyysin läpi, ehdotan lukemaan ainakin pamflettini lopun alkaen sivulta 73, joka käsittelee 1) elämän monia muitakin koodeja kuin Nirenbergin ym.* löytämää aminohappo-kodonia, sekä 2) munasolua perimän tärkeimpänä yksikkönä.

*Löytämästään (ensimmäisestä) ”elämän koodista” eli aminohappo-kodonista Nirenberg ja Khorana saivat Nobelin palkinnon vuonna 1968.

Jotta kelpoisimman synnyn arvoitus voitaisiin ratkaista, pitäisi ottaa huomioon myös perimämme perusta, munasolu sekä solun käyttämät monet muutkin koodit kuin perinteinen geneettinen aminohappo-koodi. Näistä Wagner vaikenee. Siinä mielessä hänen kirjansa oli ”out-of-date” jo syntyessään.

Kelpoisimman synty kuvaa digitaalista evoluutiota ja molekyylien laboratoriojalostusta. Mutta miten on reaaliologiassa? Kuka ratkaisee sen suurimman arvoituksen?

Kirjan ehkä suurin tieteellinen puute on tuo ym. ”viipaletieto”, ”tieteellinen kiikarinäkö”. Siinä mielessä se on eräänlainen Richard Dawkinsin Itsekkään geenin lähisukulainen: Wagner ei ehkä tiedosta, että geenikeskeinen ja yhdellä ainoalla koodilla käyvä moderni synteesi on aikansa elänyt?

Suorat kirjasta lainaukset ovat sisennettyinä ja ”kursivoituina lainausmerkeissä”. Omat siteeraukseni muista lähteistä ”lainausmerkeissä” ilman kursivointia ja sisennystä. Wagnerin alkuperäiset korostukset **lihavoidulla**, omat korostukseni hänen tekstissään alleiviivauksin. Wagnerin lainausten sisällä joskus omia selvennyksiä (suluissa) ilman kursiivaa.

Kirjan esipuhe: Maailmaa riittää, ja aikaa

Vai riittääkö? (Tämä siis oma lihavoitu ”alatosikko”, ei Wagnerin kirjasta.)

Ajan riittävyys on modernin synteessin perusta, ilman sitä se ei toimi. Wagner kuitenkin paljastaa, että tarkemmin katsottaessa väite on kyseenlainen: vaikka maailmaa ja aikaa on ollut ties miten paljon, se ei riitä, jotta Darwinin ”pienestä lämpimästä lätäköstä” syntyisi klassisella mekanismilla ensin ”alkeellisia mikrobeja”, jotka sitten pikkuhiljaa satunnaisten mutaatioiden ja valinnan vaikutuksesta olisivat kehittyneet nykyisiksi lajeiksi.

Kirja alkaa fyysikko **William Thompsonin** (lordi Kelvin, 1824 – 1907) sääliittelyllä. Näin siksi, että tämä oli arvioinut maapallon iäksi vaivaiset 20 miljoonaa vuotta! Tuolloin ei siis enää yleisesti uskottu raamatulliseen 6000 vuoteen. Kelvin (teistinen evolutionisti) oli kuitenkin kovin vaikutusvaltainen henkilö ja monet pitivät hänen arviotaan oikeana. Wagner kirjoittaa:

”Geologiassa se ei ole pitkä aika ja laskelman seuraukset olivat syvälliset. Maan geologiset piirteet eivät olisi voineet ilmaantua tässä ajassa, jos tulivuoritoiminta ja eroosio ovat aina edenneet nykyisellä vauhdillaan” (s.7).

(Huomaa: "Jos". Geologit eivät enää usko Darwinin ajan paradigmaan, uniformitarianismiin, eli tasavauhtiseen, hitaaseen eroosioon ja sedimentaatioon. Ks. alle)

"Kelvinin arvion suurin uhri oli kuitenkin Charles Darwinin luonnonvalintaan perustuva evoluution teoria. Darwin totesi olevansa "erittäin huolissaan" Sir W. Thompsonin laskelmasta maailman lyhyestä iästä. Hän tiesi, että eliöt eivät olleet juuri muuttuneet viime jääkausien jälkeen, ja tästä vähäisestä muutoksesta hän päätteli, että kaikkien, sekä nykyään elävien että fossiileissa säilyneiden eliöiden luomiseen tarvittava aika on todella valtava. Elämän monimuotoisuus ei voi syntyä 20 miljoonassa vuodessa" (s.7).

Todellisuudessa Kelvin arvio maapallon iäksi 20 – 400 miljoonaa vuotta v. 1864. Vasta vuonna 1897, siis 15 vuotta Darwinin kuoleman jälkeen hän "tarkensi" ajaksi 20 – 40 miljoonaa vuotta. Huomaa, että Darwin, kuten moni muu, uskoi (ja uskoo vieläkin) useisiin jääkausiin.* Ensimmäisen jääkauden uskottiin vallinneen jo ordovikikaudella yli 400 miljoonaa vuotta sitten. Viimeisen jääkausien sarjan arvellaan alkaneen noin 16 miljoonaa vuotta sitten. Välillä oli lämpimimpiä kausia, kuten noin 125 000 vuotta sitten, jolloin Englannissa asusteli virtahepoja ja norsuja. Viimeisen jääkauden uskotaan päättyneen pohjoisessa noin 12 000 – 10 000 vuotta sitten. Darwin siis päätteli, että *koska eliöt eivät olleet juurikaan muuttuneet viimeisten jääkausien jälkeen, aikaa evoluutioon tarvittiin paljon enemmän kuin Kelvinin muutamit vaivaiset vuosimiljoonat.*

*Jääkausia on todennäköisesti ollut vain yksi. Ks. esim. *Luominen 25: Vastaus "muinaisten jääkausien haasteeseen"* tai kirjasta *Kysymyksiä ja vastauksia luomisesta*, luku 16 (Luominen ry. 2016).

Onneksi darvinistien apuun tuli fyysikko **Ernest Rutherford** (1871-1937), joka uskoi (aluksi), että radioaktiivista hajoamista (jonka Becquerel oli havainnut vuonna 1896) voitaisiin käyttää maapallon iän määrittämiseen. Hän piti siitä esitelmän London Royal Society'ssa vuonna 1904 ja toisinajattelija Kelvin oli kuulijoiden joukossa. Wagnerin mukaan Rutherford kirjoitti myöhemmin:

"Tulin puolittain hämääntyneenä saliin ja huomasin heti, että lordi Kelvin oli paikalla ja että puheeni viimeinen, maapallon ikää koskeva osa aiheuttaisi vaikeuksia, sillä käsitykseni olivat ristiriidassa hänen ajatustensa kanssa... Hajotessaan valtavia määriä energiaa vapauttavien radioaktiivisten alkuaineiden keksiminen nimittäin kasvatti tämän planeetan elämän iän mahdollista rajaa ja mahdollisti ajan, jota geologit ja biologit väittävät evoluutioprosessin edellyttävän". --Sen pituinen se. Kelvin kuoli vuonna 1907. Rutherford sai Nobelin palkinnon vuonna 1908 ja 1930-luvulla hänen radiometriset menetelmänsä olivat osoittaneet, että maapallo oli noin 4,5 miljardin vuoden ikäinen. Darwinin teoria pelastui, koska satunnaisten mutaatioiden ja valinnan menetelmillä oli nyt riittävästi aikaa luoda elämän valtava monimutkaisuus ja monimuotoisuus" (s.7-8, lihavointi siis alkuperäinen, alleviivaus allekirjoittaneen).

Itselläni on toisenlaista aikatietoa. Aika elämän vihollinen:

Myöhemmin ilmeni, että menetelmä sisältää niin paljon epävarmuustekijöitä, että Rutherford, ja muut siihen uskoivat, luopuivat siitä. Ainoastaan muuan opiskelija, Arthur Holmes uskoi siihen ensimmäisen maailmansodan kynnyksellä ja sodan jälkeen Holmesista, ei Rutherfordista, tuli menetelmän "isä". Myös tuosta maapallon 4,5 miljardin vuoden iästä on minulla toisenlaista tietoa: Maapallon ikä, $4,55 \pm 0,07$ miljardia vuotta, "varmistettiin", ei 1930-luvulla, vaan vasta vuonna 1956 **Clair Pattersonin** julkaisun myötä *Acta Geochimica et Cosmochimica*-tiedelehdessä (joka artikkeli on minunkin hyllyssäni, luettuna). Ikäarvio perustui viiden maahan pudonneen

meteoriiitin lyijyisotooppien suhteiden määrittämiseen (radiogeenisten lyijy-207 ja -206 suhde normaaliin 204-lyijyyn).

Wagner jättää kertomatta, että *maapallon ikä oli ”päätetty” jo vuosikymmeniä ennen kuin radioaktiivisuudesta tiedettiin mitään*. Näin siksi, että 1: Darwinin evoluutio tarvitsi vuosimiljoonia (eikä sillä ollut aikaa odotella Rutherfordia tai Holmesia). – Ja 2: ”geologi” **Charles Lyell***, joka halusi ”poistaa Mooseksen tieteestä”, herätti henkiin jo **James Huttonin*** esittämän ajatuksen (uniformitarianismi) siitä, että kaikki geologiset ilmiöt, kuten eroosio ja sedimentaatio, ovat aina tapahtuneet samalla ja hitaan tasaisella nopeudella kuin mitä nyt on havaittavissa, ja siksi esim. suurten jokilaaksojen eroosio on vaatinut kymmeniä tai satoja miljoonia vuosia. Niinpä **Samuel Haughton** esitti vuonna 1878 teorian, jonka mukaan kerrostuman muodostumiseen tarvittava aika on suoraan verrannollinen sen paksuuteen (*Nature* 10:266). Haughtonin mukaan tarvittiin vain yksi ainoa sedimentaationopeutta kuvaava absoluuttinen luku, jotta voitaisiin määrittää kerrostuman absoluuttinen ikä. Tämän ”absoluutin” määrittäjä Liverpoolin geologisen seuran presidentti **Thomas Mellard Reade** vuonna 1879. Hän arvioi sedimentaationopeudeksi 0,2 mm/vuosi ja tästä saatiin kambriakauden takarajaksi 600 miljoonaa vuotta.** (Mutta todellisuudessa maa-ainesten sedimentaationopeus vaihtelee *useasta sentistä sekunnissa noin millimetriin vuodessa*.)

Kelvin, ja sittemmin myös Rutherford, oli oikeassa: radiometriseen menetelmään sisältyy liian paljon epävarmuustekijöitä. Siksi, kun laboratorio saa näytteen, läheteissä on aina sarake, johon lähettäjän toivotaan laittavan näytteen *oletusiän*. Jos radiometrinen ikä ei vastaa oletusikää, se hylätään (kontaminaationa tms.) Ks. tarkemmin esim. *Koulubiologian analyysi 2* (luominen.fi), tai *Kysymyksiä ja vastauksia luomisesta* tai geologi John Reed *Rocks Aren't Clocks – A Critique of the Geologic Timescale*, Creation Book Publishers 2013 tai creation.com/age, tai video *Evoluution Akilleen kantapäähän*, jota saa Luominen ry:stä.

Mitä tulee itse elämän iän arviointiin, paras mittari lienee geneettisen epäjärjestyksen lisääntyminen eli genomien (mitattu) rappeutuminen, geneettinen entropia, ja siitä johtuva sairauksien ja syntymävikojen lisääntyminen sekä hedelmällisyyden lasku, josta tietoa mm. Sanfordin kirjassa *Genetic Entropy*, suomeksi *Eliömaailma rappeutuu* (Datakirjatkustannus, 2015).

*Charles Lyell (1797-1875) oli koulutukseltaan asianajaja, ei geologi, vaikka rupesikin sitä harrastamaan. Jo kolmikymmppisenä nuorukaisena hän kirjoitti kaksiosaisen oppikirjan geologian perusteista (*Principles of Geology*), jonka jotkut kriitikot ovat nimenneet ”vakuuttelun mestariteokseksi”. Koska Lyellillä ei ollut mitään kiistattomia todisteita maapallon korkeasta iästä, hän joutui toistuvasti turvautumaan vakuutteluun (aivan kuten Darwin omassa kirjassaan). Lyellin ”oppi-isä” James Hutton (1725-97), ei hänkään ollut geologi. Hän oli opiskellut kemiaa ja lääketiedettä, mutta ryhtyi maanviljelijäksi ja rupesi siinä ohessa harrastamaan geologiaa.

**<http://journals.cambridge.org/action/displayFulltext?type=1&fid=5095576&jid=GEO&volumeld=6&issueld=07&aid=5095572>

Epätodennäköinen kontra mahdoton:

Tämän alustuksen ajasta, Kelvinistä ja Rutherfordista Wagner lienee katsonut tarpeelliseksi, jotta lukija ymmärtäisi, miksi perinteinen uusdarwinistinen teoria ei pysty selittämään edes yhden pienehkön proteiinimolekyylin syntyä – seikka, jota kreationistit ovat korostaneet jo vuosikymmenet. Mutta koska Wagnerilla nyt on omasta mielestään ratkaisu, hän paljastaa tämän ammattikuntansa ”liikesalaisuuden”. Niinpä hän toistaa kreationistien jo kauan sitten esittämän esimerkin lyhyen, vain sadasta aminohaposta koostuvan ”alkuproteiinin” ”perinteisen” naturalistisen synnyn mahdottomuuden (siis sellaisen, jossa on kaikki 20 erilaista aminohappoa). Tosin hän puhuu vain epätodennäköisyyksistä, ei mahdottomuudesta eikä

mahdottomuusteoreemasta, jonka esim. **William Dembski** esittää kirjassaan *Älykkään suunnitelman idea* (Datakirjat 2002). Dembski erottaa epätodennäköisen mahdottomasta – Wagner ei. Wagner puhuu useista peräkkäisistä lottovoitoista epätodennäköisenä, Dembski mahdottomana.

Mahdottomat tapahtumat voidaan jakaa kahteen luokkaan: Ensimmäisen luokan mahdottomuudet ovat mahdottomia jo periaatteellisella tasolla. Ne koskevat luonnonlakeja, jotka voidaan esittää mahdottomuusteoreemoina. Esim. termodynamiikan toinen pääsääntö sanoo, että lämpö ei voi siirtyä kylmästä esineestä kuumaan. Toisen luokan mahdottomuudet ovat *tilastollisia mahdottomuuksia*. Tilastollisen mahdottomuuden todistaminen on matematiikkaa, joka soveltaa kompleksisuus- ja todennäköisyysteorioita. Ne analysoivat tehtävän vaikeusasteen käytettävissä olevien resurssien mukaan. Ranskalainen matemaatikko **Emile Borel** ehdotti muutamien ”kosmologisten pohdintojen” jälkeen universaaliseksi todennäköisyyden rajaksi 10^{-50} , jonka alapuolella sattuma voidaan ehdottomasti sulkea pois, eli mitään tätä epätodennäköisempää täsmennettyä tapahtumaa (kuten *tietyn funktion* omaavan proteiinin syntyä) ei voida selittää sattumalla. Dembski kuitenkin puolustaa selvästi tiukempaa universaalia todennäköisyysrajaa 10^{-150} . Se perustuu alkeishiukkasten ja alkeistapahtumien määrään havaittavissa olevassa universumissa sen alkuräjähdyksen ja lämpökuoleman välisenä ajanjaksona. Voisiko monimutkaisen proteiinin, kuten opsiinin eli näköpigmentin aminohappojärjestys syntyä sattumalta tunnetun universumimme ajalla ja resursseilla?

”Sadan aminohapon mittaisessa proteiinissa (kristalliini ja opsiini ovat paljon pidempiä) kertolasku tuottaa luvun, jossa on ykkösen jälkeen 130 nollaa, siis yli 10^{130} mahdollista aminohappojonoa. Tämän luvun suuruudesta saa käsityksen vertaamalla sitä maailmankaikkeuden vetyatomien lukumäärään, joksi fyysikot ovat arvioineet 10^{90} Mahdollisten proteiinien määrä ei ole vain tähtitieteellinen, vaan se on hypertähtitieteellinen, paljon suurempi kuin maailmankaikkeudessa olevien vetyatomien lukumäärä. Tällaisen erityisen jonon löytäminen ei ole yhtä epätodennäköistä kuin loton päävoiton saaminen, vaan se on epätodennäköisempää kuin lottopotin voittaminen joka päivä suuresta alkuräjähdyksestä alkaen. Oikeastaan se on miljardeja kertoja epätodennäköisempää. Jos biljoona eliötä olisi kokeillut aminohappoketjuja joka sekunti elämän synnystä lähtien, ne olisivat kokeilleet vain pienen murto-osa 10^{130} mahdollisuudesta. Ne eivät olisi koskaan löytäneet ainoaa opsiiniketjua. On erittäin monta tapaa rakentaa molekyylejä. Mutta aikaa ei ole läheskään riittävästi” (s.9).

Todennäköisyys tuottaa sattumalta tietyn järjestyksen omaava sadan aminohapon ketju on siis 10^{130} eli Borelin mukaan ei mahdollista, mutta Dembskin mukaan kyllä, koska todennäköisyys on suurempi kuin 10^{-150} . Proteiineissa on kuitenkin tavallisesti paljon enemmän aminohappoja. Esimerkiksi naudan näköpigmentissä, opsiinissa niitä on 348. Sen syntyminen on jopa Dembskin mukaan täysin mahdotonta* (ellemme halua vedota ”multiversumiin”**).

*Mahdollisia aminohappoketjuja on siis 20 kerrottuna itsellään 348 kertaa, joka tuottaa todennäköisyytenä paljon vähemmän kuin 10^{-150} .

**Totean nyt vain, että useiden maailmankaikkeuksien olemassaolo ei lisää opsiinin syntymahdollisuuksia tässä maailmankaikkeudessa: jos olisi muitakin maailmankaikkeuksia ja niissäkin pelattaisiin lottoa, se ei lisäisi omia mahdollisuuksiasi saada jokainen numero oikein tai väärin tässä universumissa.

Wagner tietää tämän (**↑). Ratkaisu? Innovaation kiihdytys:

”Kansanviisauden mukaan luonnonvalinta yhdessä satunnaisten muutosten taikasauvan kanssa tuottaa ajan mittaa muuttohaukan silmän. Tämä on valtavirran näkemys darwinaanisesta

evoluutiosta: pienten ja satunnaisten periytyvien muutosten mitättömästä osasta syntyy lisääntymisetu eliöille, jotka voittavat näissä geneettisissä arpajaisissa, ja tällaisten muutosten kasautuminen ajan mittaan selittää haukan silmän ja samalla kaiken muun haukasta itsestään aina elämän koko monimuotoisuuteen.

Luonnonvalinnan voima on kiistaton, mutta sillä on rajansa. Luonnonvalinta todella **säilyttää** innovaatioita, mutta se ei **luo** niitä. Ja luovan muutoksen sanominen satunnaiseksi on vain tapa ilmaista tietämättömyyttämme. Luonnon monet innovaatiot, joista osa on pelottavan täydellisiä, edellyttävät luonnon periaatteita, jotka kiihdyttävät elämän kykyä innovoida, sen innovabiliteettia.*

*--Käyttämällä kokeellisia ja laskennallisia tekniikoita, joita Darwin ja Rutherford eivät olisi osanneet edes kuvitella, olemme ottaneet tavoitteeksemme ei vain keksiä yksittäisiä innovaatioita, vaan myös löytää **kaiken** biologisen innovaation alkulähteet. Jo tähän mennessä löytämämme kertoo, että evoluutio on paljon enemmän kuin miltä se ensinäkemällä vaikuttaa. Se kertoo, että innovabiliteetin periaatteet ovat piilossa jopa DNA:n molekyyliarkkitehtuurin tuolla puolen elämän piilotetussa arkkitehtuurissa, jonka kauneus ei ole tästä maailmasta. Nämä periaatteet ovat tämän kirjan aihe” (s.10).*

*Todellisuudessa luonnonvalinnan kyvyt ovat hyvin rajalliset. Kimuran mukaan kelpoisuuden periytyvyys voi olla niinkin pieni kuin 0,004. (Tästä tuonnempana).

Luku 1: Mitä Darwin ei tiennyt

Darwin oli oikeassakin

Darwinin teoria, jonka mukaan nykyiset lajit ovat polveutuneet aikaisemmista lajeista luonnollisen valinnan ja muuntelun kautta, on periaatteessa oikea. Mutta käytännössä (*in vivo*) sillä on rajansa: Darwin, huomattuaan, että lajit voivat muuntua, sortui liioitteluun: jos jokin muutos on mahdollinen, silloin melkein mitä tahansa muutoksia saattaa tapahtua – jos vain aikaa on riittävästi. Lajiutuminen (evoluutio?) ei ole kuitenkaan seurausta kyvyiltään lähes rajoittamattomista luonnollisista prosesseista, vaan lajien perimään rakennetusta, rajoitetusta muuntelu/erikoistumiskyvystä. Monien lajien kohdalla nämä sopeutumismekanismit vaikuttavat olevan jo lähes loppuun käytetyt, mikä tarkoittaa sitä, että ”evoluutio on pysähtynyt” – tai kääntynyt jopa taantumiseksi, devoluutioksi (jonka senkin jotkut määrittelevät evoluutioksi!). Näistä seikoista, kuten evo-devo –teoriasta, tuonnempana. Mutta nyt kirjan lukuun yksi:

Huonomuistisen Nooa-vanhuksen rannalle unohtuneet dinosaurukset:

Luvun alun kirjoittaja omistaa muistisairaalle Nooalle, suurille dinosauruksille ja kreationisteille:

”Samaan tapaan kuin evoluutiolla oli kannattajansa, sillä oli äänekkäitä vastustajia myös Darwinia ennen ja hänen aikanaan. Nyt en tarkoita nykyisten nuoren maapallon kreationistien kaltaisia osittain lukeneita tai täysin tietämättömiä ihmisiä, jotka uskovat, että maapallo luotiin lauantai-iltana lokakuussa vuonna 4004 eKr. (ja että Nooan arkki olisi voinut pelastaa yli miljoona lajia, mutta Nooa jotenkin ja kenties anteeksiannettavasti unohti suuret dinosaurukset, olihan hän yli 600 vuotta vanha). Tarkoitan aikansa tieteen johtohahmoja. Yksi heistä oli ranskalainen geologi Georges Cuvier, joka perusti paleontologian, joka tarkoittaa kirjaimellisesti

”muinaisia olentoja” (ajattele dinosauruksia). Hän huomasi, että vanhimpiin kiviin hautautuneet fossiilit ovat varsin erilaisia kuin nuoremista kivistä löytyvät fossiilit, jotka muistuttavat nykyistä elämää. Hän kuitenkin ajatteli, että kullakin lajilla oli olennaiset, muuttumattomat piirteensä ja että ne vaihtelivat vain ylimalkaisella tasolla” (s.12-13).

Suuret dinosaurukset jäivät laivasta. Ehkä Nooa ei ollutkaan muistisairas, vaan sen verran fiksu, ettei yrittänytkään tunkea arkkiinsa suurikokoisia dinovanhuksia, kun tulevaisuus on nuorissa? Dinosauruksilla on sigmoidin eli S-kirjaimen muotoinen kasvukäyrä. Esim. 3 – 4-vuotias apatosaurus on noin vasikan kokoinen ja saavuttaa murrosiän 5-vuotiaana. Silloin se on härän kokoinen ja siirtyy kasvupyrähdysvaiheeseen, jolloin maksimaalinen painonkasvu vuodessa on yli viisi tonnia. Nooa tarvitsi ottaa kyytiin vain kaksi 3 – 4-vuotista apatosaurusta, jotka pian arkista ulospääsyn jälkeen siirtyivät kasvupyrähdykseen. Sitä paitsi suurin osa dinosauruksista on pieniä, keskikoko lienee lampaan luokkaa. Lisäksi dinosaurusten *perustyyppejä** on vain noin 55. (Ja kaikkien maaselkärankaisten, nykyisten ja sukupuuttoon kuolleiden, *sukuja** on arvioitu olevan vain noin 8000 eli arkkiin tarvitsi ottaa vain 16 000 eläintä, ehkä poikasia, joista kaikki nykyiset maaeläimet polveutuvat – siis kaikki ”sieraimilla hengittävät”.)

*Lajin määritelmä on epäselvä; määritelmiä on ainakin 16 – 17. Siksi puhutaan myös *biologisista perustyypeistä* tai *lajityypeistä*, jotka edustavat lähinnä suku- ja heimotasoa kuten koiraeläimet (*Caniforma*) ja kissaeläimet (*Feliforma*). Lajit ovat muunnelleet suku- ja heimotasoilla, mutta evolutiivisia siirtymisiä heimosta toiseen ei tietääkseni ole tavattu. – Eikä missään nimessä lahkosta toiseen kuten kanalinnuista (*Galliformes*) tikkalintuihin (*Piciformes*).

Mitä sitten tulee itse henkilöön, 600-vuotiaaseen, huonomuistiseen Nooaan, huomautan, että se, miksi me nykyihmiset kuolemme viimeistään 120-vuotiaina, on vain osoitus tuosta yllä mainitsemaistani geneettisen epäjärjestyksen lisääntymisestä. – Me kaikki olemme mutanttien mutanteja ja sairastamme tautia nimeltään *progeria* eli aikaistettua vanhenemista. Nykylääketieteessä sillä kuitenkin tarkoitetaan vain suppeaa oireyhtymää, jossa ihminen kuolee vanhuuteen jo murrosiässä ja siihen saattaa riittää yksi pistemutaatio sopivassa paikassa. Marraskuuhun 2017 mennessä *Human Gene Mutation Database* oli rekisteröinyt yli 208 000 erilaista perinnöllisiä sairauksia aiheuttavaa **tuma-DNA** mutaatiota (www.hgmd.cf.ac.uk). (Mitokondriomutaatioille on oma tietokantansa.)

”Kristilliset opit ovat evoluution vastustamisen tärkein syy” (s.13).

Tuskin – miksi kirkko olisi muuten niin nopeasti hyväksynyt Darwinin opin – ja hyväksyy vieläkin ns. ”teistisenä evoluutiona”*)? Darwinin äänekkäimmät vastustajat olivat tiedemiehiä, eivät kirkonmiehiä (muutamaa poikkeusta lukuun ottamatta). Totta tietysti on, että monet tiedemiehet, mutta eivät kaikki, olivat/ovat myös kristittyjä. Mutta he vetosivat tieteeseen, eivät Raamattuun, kuten Darwinin aikalaiset, geologi **Adam Sedgwick** tai paleontologi **Louis Agassiz**, joka teistinä ajautui lopulta sivuraiteelle tiedemaailman sosiaalisessa pelissä ylivoimaisesta asiantuntevuudestaan huolimatta.

*Tästä syystä meidänkin valtionkirkkomme karsastaa kreationisteja.

Darwinin ”löytö”: Lajit eivät ole muuttumattomia. – Mutta: muutokset ovat liian nopeita:

Darwinin ”mullistava ajatus” siis oli, että lajit eivät olekaan muuttumattomia. Mutta ei siinä mitään mullistavaa ollut; jalostustyötä tekevät olivat tienneet sen jo paljon aikaisemmin. (Miksi he muuten

olisivat ammattiaan harjoittaneet?) Mullistavaa oli oikeastaan se, että muutamat Darwinin ajan luonnonfilosofit olivat (mukamas Raamattuun vedoten) alkaneet väittää, että lajit ovat muuttumattomia, seikka, jonka Darwin aivan oikeutetusti kumosi. – Samoin kuin sen kummallisen käsityksen, että kukin laji oli luotu erikseen ja paikallisesti vain jollekin tietylle maantieteelliselle alueelle.

Mutta biologeille on silti tullut yllätyksenä havainto, että olosuhteiden muuttuessa biologinen laji/perustyyppi voi erikoistua uusiksi lajeiksi/alalajeiksi *nopeasti*, jo muutamassa sukupolvessa! – Kuten Darwinin sirkut, joskus ilmeisesti jopa yhden sukupolven vaihdoksen aikana(?). Esim. **James Shapiro** väittää (näyttöön perustuen), että ”eliöt vaikuttavat reagoivan älykkäästi (ja nopeasti) ympäristön muutoksiin”.* Ja tämä on myös Wagnerin perusidea (ilman älyyn viittausta), ”nopeutettu evoluutio”, tosin eri mekanismilla, sellaisella, ”jonka evo-devo-teoria on opettanut” (ks. s.13-14). (Evo-devon kehittivät **Sean Carroll**, **Marc Kirschner** ja **John Gerhart**. Heistä ja evo-devosta pikapuoliin.) Huomautan tässä vain lyhyesti, että joiltain osiltaan Wagnerin kirja on oikeassa, ja se vain vahvistaa kreationistien jo kauan sitten esittämän ajatuksen, että vedenpaisumuksen ja jääkauden seurauksena maapallon olosuhteet, ympäristöt ja ilmasto muuttuivat niin rajusti, että alkuperäisten, melko harvojen biologisten perusryhmien oli pakko erikoistua ja ”hajaantua” nykyisiksi lajeiksi voidakseen uudelleen asuttaa maapallon lähes jokaisen kolkkan. *Siinä mielessä Wagnerin kirjan tietyt ajatukset (ja evo-devo) tukevat kreationistien ”nopean lajiutumisen teoriaa”.*

*Shapiron teoria/havainnot ovat mielenkiintoisia ja varteen otettavia, mutta jätän ne tässä käsittelemättä.

Georges de Cuvier (1769-1832) piti lajeja periaatteessa muuttumattomina – ja oli väärässä – Darwin kumosi hänen ideansa, ja hyvä niin. Tässä luvussa Wagner hehkuttaa Darwinin saavutuksia ja joiltain osiltaan aivan oikeutetusti: Darwinin ajan luonnonfilosofit, kuten Cuvier, uskoivat siis lajien muuttumattomuuteen ja siihen, että jokainen laji oli luotu erikseen ja vain johonkin tiettyyn ympäristöön. Mutta ainakaan Raamatun luomiskertomus ei puhu mitään lajeista, vaan käyttää heprean sanaa *min*, joka parhaiten kääntyy englanniksi sanalla *kind* eikä *species* ja suomeksi ehkä parhaiten sanayhdistelmällä ”lajityyppi” tai ”peruslaji” tai ”perusryhmä”. Lajimääritelmä on siis epämääräinen, kuten jo totesin, määritelmiä on monta. Riitti, että Nooan arkissa oli esim. kaksi koiraeläintä. Jo koirien jalostustyö osoittaa, miten muuntelukykyisiä monet alkuperäiset, perimältään rikkaat ”villikannat” ovat olleet. Myös Wagner muistuttaa meitä tästä:

”On todella hätkähdyttävää ajatella, että ihminen on pystynyt luomaan tanskandoggin, saksanpaimenkoiran, vinttikoiran, bulldoggin ja chihuahuan samasta esi-isästä eli sudesta, ja vieläpä muutamassa sadassa vuodessa” (s.14).

Yleisellä tasolla Wagner ei aina vaikuta olevan evoluution suhteen kovinkaan ”up-to-date”, koska tässä ei todellakaan ole mitään ”hätkähdyttävää”: Jopa vain osittain lukeneille tai täysin tietämättömille ihmisille, kuten nuoren maan kreationisteille, tässä ei ole mitään ihmeellistä – puhumattakaan siitä, että se jotenkin kumoaisi Raamatun luomiskertomuksen. Samaan ”vanhoihin juoksuhautoihin juuttumiseen” viittaa myös hänen hehkutuksensa koivumittareista ja teollisuusmelanismista evoluution todisteena:

”Nyt tummat koivumittarit olivat piilossa ja valkoiset linnunruokaa” (s.20).

Koivumittarit ovat yöperhosia, jotka eivät oleile puiden rungoilla, vaan lehvästössä, eikä niistä tule linnunruokaa (lepakkojen ehkä). Oppikirjojen kuvat ovat väärennetyjä, koivunrungolle liimattuja

preparaatteja.* Jos afrikkalaiset ihmiset ovat mustia ja eurooppalaiset valkoisia, onko se todiste darvinistisesta evoluutiosta? (Ehkä, jos evoluutio onkin pelkkää sopeutumismuuntelua – tai jopa vain muuttumista: aina kun jotain tapahtuu, kun jokin muuttuu, on tapahtunut evoluutiota.)

*Esim. *Elämä* (lukion biologia), WSOY 2005, s. 28.

Koivumittarien jälkeen kirjoittaja alkaa esitellä 1940-luvulla kehitettyä populaatiogenetiikkaa, jonka ”keskeisiä oivalluksia on tutkia populaatioita ei vain erillisten *eliöiden*, vaan myös *geenien* kollektiivisina pooleina, kokonaisuutena (s.21). Biologisessa reaali maailmassa ei kuitenkaan ole mitään ”kollektiivisia geenipooleja”. Palaan tähän pamflettini lopussa (Epilogi). Huomautan kuitenkin, että Wagner pitää yhden prosentin valintaetua pienenä, vaikka populaatiogenetiikan mukaan yhden prosentin valintaetu on suuri, jopa epärealistinen. Wagnerin mukaan tämä oli ”mullistavaa” – tämä populaatiogenetiikka – yhdistettynä luonnonvalinnan käsitteeseen:

*”1930-luvulle tultaessa luonnonvalinnan käsite, perinnöllisyyden luonne ja populaatioajattelu oli yhdistetty tietokokonaisuudeksi nimeltään **moderni synteesi**, joka termi tuli biologi Julian Huxleyn samannimisestä kirjasta.* Nimestään huolimatta synteesi on kohta sadan vuoden ikäinen. Useimmista satavuotiaista poiketen siinä ei kuitenkaan ole vanhenemisen merkkejä. Matemaattisilla parannuksilla ja modernilla aineistolla täydennettynä se on ehjä ja joidenkin mittojen mukaan vahvempi kuin koskaan” (22).*

*Huxley J., *Evolution: The Modern Synthesis*, George Allen & Unwin, 1942.

Jos näin on, miksi Wistar-instituuttiin vuonna 1966 kokoontuneet matemaatikot olivat erittäin kriittisiä modernia synteesiä kohtaan ja kyseenalaistivat sattuman vaikutuksen evoluutiossa?* Entä Itävallan Altenbergin ja Lontoon Royal Societyn ”kriisikokoukset” vuosina 2008 ja 2016 (joista tuonnempana)?

*Moorhead PS, Kaplan MM. *Mathematic Challenges to the Neodarwinian Interpretation of Evolution*, The Wistar Institute Monograph no:5.

Evo-devo* ja ”isäntä- eli Hox-geeniorkesteri”:

*Tai: Evodevo (Evo-devo tavuviivalla on yleisempi ja olen lisännyt ne myös kirjan sitaatteihin.)

”Kuitenkin, vaikka populaatiogeneetikot hallitsivat biologiaa, jotkin takarivin embryologit ahdistelivat toistuvasti mielipidejohtajia huomauttamalla, että nämä jättivät huomiotta juuri ne asiat, joita yrittivät selittää. Heidän äänensä voimistui 1900-luvun loppua kohti. Tuolloin syntyi evolutiivinen kehitysbiologia eli ”evo-devo” uutena tutkimusalana, jonka tavoitteena oli yhdistää alkion kehitys, evoluutio ja genetiikka. Evo-devosta saatiin huikeita näkymiä siihen, miten geenit mahdollistavat alkion kehityksen yhteistyössä kuin orkesterin muusikot. Toistaiseksi näistä näkymistä ei kuitenkaan ole syntynyt kilpailevaa teoriaa modernille synteесille” (24).

Evo-devo tulee engl. sanoista *evolutionary development biology* ja se herätti suurta innostusta 1990-luvulla niiden keskuudessa, jotka ymmärsivät, että Darwinin teoria tökkii. (Vaikka sen piti olla vahvempi kuin koskaan!) Nyt Wagner kuitenkin tunnustaa, että evo-devokaan ei toimi, mutta tarttuu silti sen kautta avautuneeseen toiseen mahdollisuuteen, ”geeniorkesteriin”:

Ns. ”isäntä- eli Hox-geenit (tai homeoottiset geenit) löydettiin 80 – 90-lukujen taitteessa. Ne ovat geneettisiä kytkimiä eli ne säätelevät alkionkehityksen aikana *rakennegeenien* ilmentymistä siten, että alkion kussakin osassa aktivoituvat sellaiset Hox-geenit, jotka esim. kärpäsen päässä käynnistävät niiden raaka-aineiden tuotannon, joita tarvitaan tuntosarvien rakentamiseen.

Keskivartalon alueella taas aktivoituvat sellaiset isäntägeenit, jotka aktivoivat ne rakennegeenit, jotka tuottavat raaka-ainetta raajoja varten. 90-luvulla jotkut, kuten Jeffrey Schwartz, kuvittelivat, että mutaatiot näissä Hox-geeneissä ovat saattaneet aiheuttaa hyppäyksellistä evoluutiota siten, että esimerkiksi äyriäisestä on kehittynyt hyönteinen:

”Kaikissa eliöissä on ns. isäntägeenejä, jotka säätelevät muiden geenien toimintaa yksilönkehityksen aikana. Nämä isäntägeenit vaikuttavat yksilön rakenteellisiin ominaisuuksiin eli yksilön ruumiinkaavaan... Kyseisissä isäntägeeneissä tapahtuneet pienet mutaatiot ovat voineet johtaa nopeasti hyvin suuriin rakenteellisiin muutoksiin. Esimerkiksi noin 400 miljoonaa vuotta sitten äyriäismäisessä eläimessä tapahtunut geenimutaatio johti jalkojen vähenemiseen ja hyönteisten syntymiseen” (*BIOS 1*, lukion biologia, 5. Painos 2008 s. 110).

Miksi evo-devo ei toimi:

Pian kuitenkin huomattiin, että näiden geenien mutaatiot johtavat joko alkion kuolemaan, tai ainakin epämuodostumiin, kuten siihen, että karpäsen päähän kasvoikin jalka tuntosarven asemasta. Kuitenkin, *lajityypin* sisällä tietyt mutaatiot saattavat ehkä aiheuttaa muutoksia joissain homologisissa rakenteissa, siten että syntyy uusia alalajeja. Nämä mutaatiot saattavat olla säädeltyjä, ei-satunnaisia epigeneettisiä reaktioita ympäristön muutoksiin (kuten Shapiro on esittänyt). Mutta ne eivät tee äyriäisestä hyönteistä. Selitys on siinä, että Hox-geenit alkavat ilmentyä alkion kehityksessä vasta sitten kun ruumiin perusrakenne on jo alkanut muotoutua: Esim. banaanikarpäsen alkiossa on jo 6000 solua silloin kun Hox-geenejä aletaan ilmentää. Tässä vaiheessa alkion ruumiinkaava on jo hahmottunut. Kysymykseen, mikä sitten säätelee Hox-geenejä (ja Hox-geenien säätelijöitä), ei ole vielä saatu tyhjentävää vastausta. Sen kuitenkin tiedämme, että silloin kun ruumiinkaava alkaa hahmottua, silloin toiminnassa ovat aivan muut geenit.

”Evo-devo on kuitenkin opettanut tärkeän asian. Innovabiliteetin ymmärtäminen edellyttää, että fenotyypin monimutkaisuus otetaan huomioon. Se on otettava mukaan. Ja vaikka emme vielä ymmärrä eliön koko monimutkaisuutta, ymmärrämme ne fenotyypin osat, jotka viime kädessä tuottavat kaikki innovaatiot. Seuraavassa luvussa tartumme siihen”* (s.24).

*Fenotyyppi tarkoittaa siis eliön ilmiänsua erotukseksi sen perimästä, genotyypistä. Miten genotyyppi määrää fenotyypin, on siis hämärän peitossa, seikka, jonka myös Wagner tuo ilmi. (Mutta miksi se on hämärän peitossa, siitä tuonnempana.)

Tässä fenotyypin monimutkaisuudessa on wagnerilaisen evoluution suurimman arvoituksen ratkaisun toinen avain pätkinänkuoressa. Fenotyypin on näet oltava monimutkaisia, koska ympäristötkin ovat sellaisia. (Monimutkaisuus/monipuolisiin ympäristöihin, ja evo-devoon palataan tuonnempana.)

Luvun 1 loppuosa kertoo ensin molekyylibiologian ja genetiikan sekä laskennan/tietojenkäsittelytekniikan kehitystä, jonka ansiosta biologit ovat muuttumassa tietojenkäsittelijätieteilijöiksi, joiden käytössä on lähes rajaton aineisto. Sitten siirrytään huimiin tulevaisuuden näkymiin:

”On selvää, että biologiset taidot joutuvat koville, koska uusien fenotyypin syntymisen ongelman ratkaisu on ollut tieteen ulottumattomissa yli sadan vuoden ajan. On yksi asia huomata, että fenotyypit ovat kuin valtavia pointillistisiä maalauksia, jotka syntyvät molekyylin

muutos kerrallaan. On kokonaan toinen asia käyttää tätä oivallusta maalausten luomisen ymmärtämiseksi.

Muutama vuosi sitten tämä periaate ei ollut vain tuntematon vaan myös tieteen ulottumattomissa, eikä tätä kirjaa olisi voinut kirjoittaa. Koska elämä rakentuu molekyyleistä, on ymmärrettävä molekyylit, jotta voisi ymmärtää innovaation: ei vain DNA:ssa ruumiillistunut genotyyppi, vaan myös miten genotyyppi osallistuu fenotyypin rakentamiseen” (s.34).

Toistan: ”...vaan myös miten genotyyppi osallistuu fenotyypin rakentamiseen.” – Mutta mehän emme tiedä siitä juuri mitään:

”...ja sadat tuhannet vuosikymmeniä työskennelleet biologit eivät vielääkään tiedä miten geenit osallistuvat fenotyypin muodostumiseen” (s.24).

Miten me sitten ymmärtäisimme kelpoisimman (fenotyypin) synnyn?

Toistan: ”Koska elämä rakentuu molekyyleistä, on ymmärrettävä molekyylit, jotta voisi ymmärtää innovaation.”

Elämä rakentuu molekyyleistä. Mutta väite, että uudet fenotyypit vaativat uusia molekyylijä ei ole aivan totuuden mukainen – oikeastaan aika kaukana siitä. Palaan tähän tuonnempana. Totean nyt vain, että Wagnerille melkein koko kelpoisimman synty pyörii molekyyli-innovaatioiden ympärillä.

Wagner: Darwin ei tiennyt biologiasta juuri mitään:

*”Ja jos **me** emme tieneet paljoakaan, voi kuvitella, miten paljon vähemmän Darwin tiesi. Luettelo asioista, joita hän ei tiennyt, on käytännössä modernin biologian ensyklopedia” (34).
”Löytöretkeilijä ei voi kartoittaa uutta mannerta nousemalla maihin vain kerran ja kävelemällä rannalla. – On ylitettävä vuoristoja, autiomaita... Vastaava on tehtävä, kun halutaan piirtää elämän luovuuden vaikeasti hahmotettavat kartat, genotyyppi-fenotyyppi –kartat, jotka kuvaavat genotyypin kunkin muutoksen ja miten se vaikuttaa fenotyyppiin. Darwinin työn loppuun saattaminen edellyttää genotyyppi-fenotyyppi –karttoja” (35).*

Ongelma vain on siinä, että täydellinenkin genotyyppikartta muodostaa vain osan paljon suuremmasta kokonaisuudesta, fenotyypistä. Genotyyppikartoilla ei Darwinin työtä voida loppuun saattaa. Ja jo loppuvuodesta 2014, jolloin Kelpoisimman synty on kirjoitettu, oli olemassa jo hyviä genotyyppikarttoja. Niiden piirtämiseen on tarvittu teknologiaa, joka ”paljastaa Platonisen maailman”:

”Nämä teknologiat ovat auttaneet paljastamaan kristallinkirkkaana loistavan platonilaisen maailman, elämän innovabiliteetin perustan, joka syntyi samanaikaisesti elämän kanssa noin neljä miljardia vuotta sitten” (36).

Luku 2: Innovaation synty

Tarina abiogeneesistä, kemiallisesta evoluutiosta:

Luvun 2 alku on kuin jostain lukion biologian oppikirjasta kopioitu perustarina ns. kemiallisesta evoluutiosta (jonka laatijat toivovat, että lukija ei tiedä mitään kemiasta – tai että hän ei ainakaan vaivaudu ajattelemaan):

”Ulkoavaruudesta hadeeiselle maapallolle saapunut vieras olisi nähnyt lukemattomien tulivuorten ja alkumereen putoavien tulikuumien sateiden kiduttaman planeetan” (39).

Seuraavaksi – totta kai – ylistetään **Stanley Millerin** 1950-luvulla tekemiä kokeita (joita hän itse nimitti myöhemmin ”paperikemiaksi”):

”Keksintö oli monumentaalinen... Vielä tärkeämpää oli kuitenkin se, että Millerin kokeet nostivat elämän synnyn filosofisesta spekulatiosta kovan tason kokeellisen tieteen aiheeksi” (40).

Totta on, että Millerin kokeissa syntyi pienellä saannilla (0,5 – 2 prosenttiin) muutamia yksinkertaisia aminohappoja kuten glysiiniä ja alaniinia, mutta *raseemisina* eli vasen- ja oikeakätisten molekyylien myrkyllisinä 1:1 seoksina. Syntyi myös sellaisia aminohappoja, joita solut eivät voi käyttää (jolloin nekin on katsottava myrkyllisiksi/haitallisiksi). Millerin kokeissa syntyi muitakin myrkyjä, kuten muurahaishappoa, ketoneja ja aldehydejä. Monimutkaisempia aminohappoja kuten tryptofaania, arginiinia ja histidiiniä ei näissä kokeissa ole saatu syntymään. Elämä kuitenkin tarvitsee *kaikki* 20 aminohappoaan. Wagner yrittää selittää ongelman pois vetoamalla ”yksinkertaiseen elämään”, sellaiseen, joka käytti esimerkiksi vain kymmentä aminohappoa. Tällaisella vetoomuksella ei kuitenkaan ole mitään tekemistä tieteellisen selityksen kanssa. –Varsinkin kun ottaa huomioon, että myöhemmin kirjoittaja puhuu ”välittömästi kuolemantuomiosta” eli tilanteesta, jossa solu ei pysty tuottamaan jotain sille välttämätöntä molekyyliä.

Kirjassaan *The End of Science: Facing the Limits of Knowledge in the Twilight of Scientific Age* J. Horgan haastattelee ikääntynyttä Stanley Milleriä (Addison-Wesley, Reading, 1996, p.139):

”Hän suhtautui välinpitämättömästi kaikkiin ehdotuksiin elämän alkuperästä ja piti niitä ´hölynpölynä´ tai ´paperikemiana´. Hän suhtautui eräisiin hypoteeseihin niin halveksuen, että kun kysyin hänen mielipidettään niistä, hän vain puristeli päätään, huokaisi syvään ja hihitti – aivan kuin yrittääkseen torjua ihmiskunnan mielettömyyttä... Hän myönsi, että tiedemiehet eivät ehkä koskaan tule tarkasti tietämään, milloin ja miten elämä sai alkunsa. ´Me yritämme keskustella historiallisesta tapahtumasta, joka poikkeaa hyvin paljon tavanomaisesta tieteestä´, hän huomautti.”

Pieniä, yksinkertaisia orgaanisia molekyyliä voi syntyä helposti ja niitä on löytynyt jopa taivaalta pudonneista kivenmurikoista, kuten Murchinsonin meteoriitista, joille Wagner uhraa yhden sivun:

”On tärkeää tietää, että Murchisonin meteoriitti ei ole luonnon oikku. Samalaisia meteoriitteja on osunut maapalloon ja lukemattomat kivet kuljettavat orgaanisia lastejaan taivaalla. – Komeettojen pöly vain peittää maapallon näkymättömällä, mutta taukoamattomalla elämän siementen sateella. Ehkä todella olemme tähtien pölyä” (41-42).

Ongelma vain on siinä, että yksinkertaisista molekyyleistä ei synny itsestään monimutkaisia, *toiminnallisia* biomolekyyliä elävän solun ulkopuolella. (Näyttö puuttuu.) Korvikesoluiksi Wagner tarjoaa ”kalvopisaroiita” ja merenpohjan mustia savuttajia. Niiden kiviaines koostuu huokoisesta

laavasta, joiden pienen pieniin kanaviin eli ”koeputkiin” saattaa kerääntyä suurempia pitoisuuksia Millerin molekyyliä. Näiden koeputkien pinnoilla saattaa olla mineraaleja, jotka voivat toimia katalyytteina ja kiinnittää itseensä noita pikkuisia molekyyliä ”ketjuiksi”, jotka sitten saattaisivat alkaa kopioitua. (Yksi ongelma on kuitenkin siinä, että molekyylit vaikuttavat kiinnittyvän mineraaleihin liian tiukasti.)

Kun maailman etevin synteettisen kemian osaaja sai aikaan pelkkää sekasotkua:

Pentoosisokerit, joissa on siis viisi hiiliatomia, ovat periaatteessa ”yksinkertaisia Miller-molekyyliä”. Pentooseja on monelaisia, mutta solulle kelpaavat vain riboosi ja deoksiriboosi, joista erityisesti RNA:n tarvitsema riboosi on instabiili ja inhimillisesti katsoen lähes mahdoton syntetisoida *in vitro* (= ilman entsyymejä) lähtöaineistaan kuten vedestä ja hiilidioksidista. Kemistien kymmenen kärjessä-listalle rankattu Rice-yliopiston orgaanisen kemian professori ja nanoteknologi **James Tour** piti vuonna 2016 aiheesta puolentoista tunnin luennon Waterloon yliopistolla. Hän kuvaili yksityiskohtaisesti sitä, miten maailman kenties etevin synteettisen kemian ekspertti **Albert Eschenmoser** yritti ja yritti syntetisoida riboosia, RNA-sokeria ja sai aikaan pelkkää sotkua: Glukoaldehydifosfaatista saatiin lopulta mikstuura, josta löytyi mm. raseemista arabiiniosia, ksyloosia, riboosi 2,4-fosfaattia jne. Haluttu *raseeminen* riboosi 2,4-fosfaatti kuitenkin hajosi lähes saman tien samojen reaktioiden vaikutuksesta, jotka olivat sen synnyttäneetkin. Luennon voi katsoa osoitteesta https://www.youtube.com/watch?v=_zQXgJ-dXM4&feature=youtu.be

Wagnerin mustista savuttajista eli ”mineraalipintasynteeseistä” Tour toteaa, että suurista toiveista huolimatta mineraalipintatutkimus ei ole tuottanut juuri mitään: Tarkassa järjestyksessä, ajoituksessa ja määrissä suoritettu reagenssien lisäys on äärimmäisen tärkeää. Abioottinen reaktiopolkua vaatisi useita samaan aikaan toimivia, välituotteita tuottavia reaktiolinjoja. Sitten välituotteiden pitäisi päästä reagoimaan keskenään oikeassa järjestyksessä, oikeissa pitoisuuksissa, juuri tarkalleen määrättyllä hetkellä ja oikeassa paikassa. Reaktioiden kulun aikana useita parametrejä pitäisi säätää, kuten lämpötilaa, happamuutta, liuotin tyyppiä, painetta, valoa, happea, kosteutta jne. Ja kaiken lisäksi syntyviä epäpuhtauksia pitäisi koko ajan poistaa. Tour toteaa, että mielikuvitus ei riitä kuvittelemaan kaikkia niitä prosesseja, joita tarvittaisiin, jotta yksinkertaisista lähtöaineista voisi syntyä abioottisesti kaikki elämän tarvitsemat molekyylit, proteiinit, hiilihydraatit, lipidit ja nukleinihapot.

Tour toteaa lopuksi, että kukaan, *ei kukaan*, tiedä, kenelläkään ei ole harmainta aavistusta siitä, miten abiogeneesi olisi voinut tuottaa ensimmäisen elävän ja lisääntymiskykyisen solun. **Probleemi on biologisen evoluution ongelmaa suunnattoman paljon suurempi.** Tour kertoo, että hän on jo vuosia haastanut Nobel-tason tutkijoita keskusteluun kemiallisen evoluution ongelmista, mutta ketään ei ole ilmoittautunut (ks. myös jmtour.com).

Tarinointia RNA-maailmasta, ”ensimmäisestä elämästä”:

Wagner on tutkinut RNA:ta ja ilmeisesti siitä johtuen uskoo ns. RNA-maailmaan ”ensimmäisenä elämän muotona”. Sivulla 43 – 57 hän koettaa saada lukijansa vakuuttumaan, miksi on syytä uskoa, että RNA-maailma edelsi meidän maailmaamme. Mutta monet muut, kuten **Robert Shapiro**, ovat jo kauan ennen häntä luopuneet RNA-hypoteesista. Shapiro mm. totesi, että yhtään sytosiini-molekyyliä ei ole saatu syntymään *kontrolloimattomissa* kokeissa. Shapiro epäilee, liekö

alkumaapallolla ollut lainkaan sytosiinin synteisiin tarvittavia raaka-aineita. Joka tapauksessa *yksirenkaisen sytosiinin synteesi vaatisi aivan erilaisia olosuhteita kuin kaksirenkaisen adeniinin, joten niiden olisi pitänyt syntyä eri paikoissa.** Sytosiinia tuskin syntyi ainakaan Wagnerin kuumien lähteiden ”koeputkissa”, sillä jo sadassa asteessa sen puoliintumisaika on vain 19 päivää. Sytosiini hajoaa helposti myös auringonvalossa. Entä jo yllä mainittu riboosi, kun edes Eschenmoser ei tahtonut saada sitä syntymään?

*Levy M. and Miller S.L. The stability of the RNA bases: Implications for the origin of life. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 1998,95;14:7933-8.

Yksi ongelma on RNA:n epävakaus. Toinen on ”primaarinen RNA-replikaasi” eli kopioija, mielikuvitusmolekyyli:

*”Jotkut aikamme parhaista kemisteistä etsivät yhä tätä replikaasia. Toistaiseksi heidän paras tuloksensa on 189 kirjaimen mittainen RNA-nauha, jolla on **hieman** kopiointikyky: se ei varsinaisesti kopioi itseään, vaan lyhyemmän, noin 14 kirjaimen mittaisen molekyylin. Tämä kertoo, että RNA-perustainen replikaatio saattaa toimia, jos useat vaikeudet selvitetään” (44).*

(Rehellinen tunnustus: ”Jos useat vaikeudet selvitetään.)

Molecular Biology of The Cell (Alberts 2015, s.362-365) toteaa mm., että ”vaikka itseään kopioivia RNA-systeemejä (*self-replicating systems of RNA-molecules*) ei ole luonnosta löydetty, tiedemiehet ovat saavuttaneet merkittäviä edistysaskeleita rakennellessaan niitä laboratorioissaan”. (Joissa RNA-sabluunoiden tuottamiseen tarvitaan DNA:ta + katalyyttia, jota ilman RNA-replikaatio ei onnistu.) Alberts toteaa lopuksi, että vaikka he onnistuisivatkin, ei se todistaisi mitään RNA-maailmasta, mutta voitaisiin silti sanoa, että ”sellainen skenaario on mahdollinen ” (*plausible*).

Tour toteaa, että kemiallisesti aktivoidut ribonukleotidit *saattavat* polymerisoitua – ja hyvä niin. Mutta: RNA on instabiili ja riippumatta siitä, miten valmiit ribonukleotidit (kuten sytosiini-riboosi-fosfori) ketjuuntuvat, syntynyt RNA on aina ns *geneerinen*-RNA eli nukleotidienjärjestys on aina mielivaltainen eli siinä ei ole mitään spesifistä, informaatiota tuottavaa järjestystä.

”Abiogeneesin periaatteita noudattavia tutkimusmenetelmä ei koskaan hyväksyittäisi millään muulla kemian sektorilla.” (James Tour, *Theistic Evolution – A Scientific, Philosophical, and Theological Critique*, J.P. Moreland et al. Crossway, 2017, p.188)

”Primaarinen innovabiliteetti”: **materian itsestään järjestäytymistä Saharassa ja saippuakuplissa:**

Ryhmä tutkijoita Santa Fe-instituutissa, joista tunnetuin on **Stuart Kauffman**, kehitti 1990-luvulla hypoteesin, jota he kutsuivat itseorganisoitumiseksi (*self organization*). Vuonna -93 Kauffman julkaisi itsestään organisoitumisesta suurta huomiota herättäneen kirjan *The Origins of Order: Self-Organization and Selection in Evolution*. Siinä hän kritisoi purevasti modernia synteisiä todeten, että mutaatioilla ja luonnonvalinnalla ei ole darvinistien väittämiä luovia kykyjä. (Siinä mielessä

samankaltainen ”paljastuskirja” kuin tämä Wagnerin Kelpoisimman synty.) Kauffman koetti selittää geenien säätelyverkostojen, solujen erilaistumisen ja alkionkehityksen puhtaasti kemiallisten ja fysikaalisten prosessien ja lakien pohjalta vedoten mm. elottomassa luonnossa nykyään ilmenevään spontaaniin järjestyksen syntyyn.

Ongelma vain on siinä, että Kauffmanin hypoteesin puolesta ei ole olemassa mitään näyttöä. Se ei kykene selittämään: a) geneettistä informaatiota eikä metainformaatiota, b) positionaalista, kuten epigeneettistä informaatiota, englanniksi *positional information*, jolle en tiedä virallista suomenkielistä termiä; olisiko ”paikka- tai paikan informaatio” tai ”sijoitusinformaatio”. Jotta elämä/biologia toimisi, välttämätön edellytys on, että ”jokaisella asialla ja tavaralla taivaan olla on oma paikkansa ja oma aikansa” – alkaen molekyyleistä ekosysteemeihin saakka: ATP-syntetaasissa, jokaisella molekyylillä on oma, tarkasti määrätty paikkansa. Soluissa kaikki on pakattu tarkkaan järjestykseen, kudoksissa jokaisella solutyypillä on oma tarkkaan määrätty paikkansa ja jokaisella kudoksella on eliössä oma tarkoin määrätty paikkansa, kokonsa ja muotonsa, ekosysteemeissä muurahaiset kuuluvat havumetsään, jääkarhut Jäämereen jne.

Stuart Newman oli aluksi hypoteesin kannattaja, mutta myönsi vuonna 2008 itseorganisaation olevan spekulatiota (ks. tuonnempana The Altenberg 16). Wagnerilainen itseorganisoituminen löytyy tuosta jo alussa mainitusta Platonin luolasta. Hän vetoaa useasti ”itsestään järjestäytymiseen”, ”primaariseen innovabiliteettiin”, koska hänen ”myöhempi innovabiliteetti” on siitä riippuvainen. Mitä se on? Hän, kuten lähes kaikki muutkin, aloittaa vakiotarinalla eli sillä, miten lipidi- eli rasva/öljykalvoja syntyy vedessä:

”Liuoksessa lipidimolekyylit aiheuttavat yllätyksen: ne voivat muodostaa vesikkeleitä, ohuen pallomaisen kalvon ympäröimiä pieniä, onttoja pisararakenteita, joissa lipidimolekyylit ovat asettuneet kuten kuvassa 2. Kenties niiden kyky järjestäytyä monimutkaisiksi, erittäin järjestäytyneiksi kalvoiksi ilman ohjaavaa kättä vaikuttaa salaperäiseltä, mutta se on helppo ymmärtää: tämä ratkaisu tyydyttää kunkin molekyylin molemmat päät...” (54).

Tämähän on kuin koululaisten ensimmäisestä biologian oppikirjasta kopioitu tarina. Eikä kalvojen rakenneosienkaan alkuperä ole ongelma: meteoripöly! Wagner antaa (ainakin epäsuorasti) ymmärtää, että nämä kalvorakkulat, (”saippuakuplat”) olisivat rinnastettavissa oikeisiin solukalvoihin, plasmamembraaneihin*, vaikka niillä on ero kuin yöllä ja päivällä – ikään kuin nukke voitaisiin rinnastaa elävään ihmiseen. (Yhteistä toki on tuo molekyyliden yksinkertainen amfiifilinen ominaisuus, vettä hylkivä ja vettä sitova pää.)

*Solukalvojen tärkeistä glykoproteiinesista ja ns. ”sokerkoodista” pamfletin lopussa.

Seuraava ”julkilausuma” osoittaa kirjoittajan ihailtavan vahvaa uskoa, uskon sitoutumista kuvitteelliseen itsestään organisoitumiseen. Ja kun uskontunnustus julistetaan professorin tittelin arvovalalla, rahvas uskoo, totta kai:

”Monimutkaisuuden ilmaantuminen pelkästään oikeista raaka-aineista haiskahtaa Van Helmontin spontaanilta synnyltä. Tässä on kuitenkin ratkaiseva ero. Hiirien, matojen ja mikrobien spontaani synty edellyttää salaperäisen ja kenties yliluonnollisen elämän voiman olemassaoloa, mutta se alkoi vähitellen osoittautua joutavaksi tarinaksi sen jälkeen, kun Buchner löysi entsyymit. Sen sijaan kalvojen ja molekyyliden synty, jota nykykielellä sanotaan itseorganisaatioksi, edellyttää vain arkista fysiikkaa ja kemiaa. Kalvojen kokoonpanossa tarvitaan vain samankaltaisten molekyyliden välistä vetovoimaa. Syvänmeren korkeiden savuttajien tuliperäisten hiukkasten itsekokoonpanon tai savimineraalien kutomien RNA-

ketjujen tapaan sekä kalvojen, että molekyylien itseorganisaatio selittyy tunnetuilla luonnonlaeilla.

Itseorganisaatio on maailmankaikkeudessa niin yleistä, ettei sitä edes huomaa. Paljon elämää ja luonnonvalintaa vanhempi itseorganisaatio on tapa, jolla tähdet ja aurinkokunnat syntyivät, maapallo tiivistyi, se sai Kuun ja valtameret ja ilmakehän ja mantereet alkoivat liikkua.

(Kömpelöä käännöstä.) Itseorganisaatio luo lumihiutaleen mikroskooppisen symmetrian ja hurrikaanien myrskytuulet, hiekkadyynien muuttuvat muodot ja kiteen ajattoman kauneuden. Niinpä ei ole yllättävää, että itseorganisaatiota on myös elämän edeltäjissä, onhan sitä kaikkialla muuallakin.

Elämän itseorganisoituvat kalvot saattavat ratkaista vielä yhden elämän alkuvaiheiden ongelman: mekanismin, jolla ensimmäiset solut jakautuivat... Tutkijat (Szostakin työryhmä v. 2009) seurasivat, miten nopeasti kasvavat kalvopisarat muuttavat muotoaan jakautuessaan ja muuntuvat lankamaisiksi ohuiksi putkiksi. Kun niitä häiritään kevyesti, ne hajoavat spontaanisti pienemmiksi pisaroiksi.

Vielä parempaa oli, että kun tutkijat panivat näihin putkiin RNA-molekyyliä, ne jakautuivat pisaroiksi. Elottomat kalvopisarat jakaantuivat kuin elävät solut. Tämä on innovaatio ilman innovaattoria ja se ilmaantuu järjestelmän kemian yksinkertaisesta ominaisuudesta. Itsekseen. (Todella ihmeellistä!)

*Vaikka ajattelumme on kehittynyt huomattavasti ensimmäisistä alkulientä koskevista pohdinnoista, jotkin ongelmat ovat edelleen ratkaisematta. Yksi on itsejakautuvasta kalvopisarasta alkeelliseen soluun vievällä tiellä oleva viimeinen este. Jos solun sisällä oleva RNA replikoituu nopeammin kuin solu kasvaa, se lisääntyy kunnes, kunnes solu on valmis räjähtämään. Jos taas solu kasvaa nopeammin kuin RNA replikoituu, sillä oleva RNA:n pitoisuus vähenee ja monet pisarat saavat tyhjiä jälkeläisiä. Onnistuakseen elämän piti saavuttaa tasapaino eli sen oli **säädettävä** replikaatiota ja sen kasvua tarkasti siten, että RNA ei replikoidu nopeammin kuin sen säiliö kasvoi. 1900-luvun tiede on jättänyt tämän arvoituksen seuraavalle sukupolvelle” (56-57).*

Kun elämä määriteltiin uudelleen:

Toistan:

”Yksi (ongelma) on itsejakautuvasta kalvopisarasta alkeelliseen soluun vievällä tiellä oleva viimeinen este.”

Tapoihin kuuluu tarjota jotain kuvitteellista ”alkeellista solua”, koska oikean solun naturalistisesta synnystä ei ole harmaata aavistusta. Mutta parempiakin selityksiä on keksitty: Kun elämän syntyä selvittävä tutkimus näyttää ajautuneen umpikujaan, *elämä on päätetty määritellä kokonaan uudella tavalla.* Esimerkkinä Darwinin juhluvuoden aattona v. 2008 ilmestynyt *Evoluutio NYT - Charles Darwinin juhla!* (Portin & Vuorisalo, Kirja-Aurora):

*”Ajatteleminen nykyisin, että toimivaan, itseään ylläpitävään elämään tarvitaan lisääntymään kykenevä geneettinen informaatio, proteiinisynteesikoneisto ja solukalvo. Tämä elämän tulkinta on kuitenkin **hiukan sattumanvarainen ja solullista elämää** suosiva...” (s. 81, korostus allekirjoittaneen).*

Sattumanvarainen? Mitähän on ”soluton elämä”? Kirjassaan *Fysikaalinen teologia – Tieteellisen materialismin kritiikki** (omakustanne, Siniplaneetta 2007), oululainen aatehistorioitsija **Heikki Patronen** iski terävästi asian ytimeen jo ennen Portinin ja Vuorisalon kirjan ilmestymistä:

Elämän synnyn ongelmat voi väistää määrittelemällä se uudelleen, sijoittamalla se tunnetun elämän ulkopuolelle... Tieteellinen materialismi sijoittaa elämän sen itsensä ulkopuolelle kiteisiin, savimöykkyihin, lammikoihin, avaruuteen ja lopulta tietokoneisiin ja ideaaligeeneihin. Tästä on seurannut, että kaiken tunnetun elollisuuden subjektina on joskus voinut toimia, kuten Dawkins esittää, kilpaileva molekyyli tai kide ja parhaimmassa tapauksessa egoistinen ideaaligeeni. Nämä ovat siis dawkinsilaisen materialismin ehdotukset sielullisen jumaluuden sijaan, sillä nekin näyttävät kykenevän erottamaan elävän elottomasta ja toimivan inhimilliselle ymmärrykselle soveltuvien tiedon kategorioiden mukaisesti (s. 112).

**Fysikaalinen teologia* (omakustanne) on mielestäni mainio, ”persoonallisen pureva” tieteellisen materialismin analyysi. Vahinko, että painos on myyty loppuun ja vielä suurempi vahinko, että mikään kustantaja ei suostunut sitä julkaisemaan. Tänä vuonna (2017) Patroselta on ilmestynyt materialististen elämänsynty-teorioiden filosofinen analyysi *Elämän synty*, joka on ns. On-Demand –book. Noin satasivuista julkaisua voi tilata viiden euron kappalehintaan esim. AdLibriksestä. Tämäkin kirja on persoonallinen elämänsynty-teorioiden ruodinta. Elämänsynty-teorioilla ei ole juurikaan tekemistä havaintoihin ja kokeisiin perustuvien luonnontieteiden kanssa. Teoriat ovat pitkälti filosofiaa ja toiveajattelua, joten niihin on myös hyvä vastata filosofialla. Ja Patrosen kirja tekee sen omalla persoonallisella lähestymistavallaan, josta käsin elämän spontaani synty kumotaan.

Mieleen tulee rehellisen materialistin, Harvardin yliopiston biologian professori **Richard Lewontinin** tunnustus:

”Pidämme tieteen puolta huolimatta joidenkin sen ajatusrakennelmien päivänselvästä mielettömyydestä – huolimatta siitä, että tiedeyhteisö suvaitsee toteennäyttämättömiä, kuvitelmiin perustuvia tarinoita, koska meillä on ennakkositoumus, sitoutuminen materialismiin. Lisäksi materialismimme on ehdotonta, sillä emme voi päästää Jumalan jalkaa ovenrakoon” (Billions of billions of Demonds, *The New York Review of Books*, 44;1:31, 9 January 1997).

Joissain piireissä usko itsestään järjestäytymiseen elää edelleen vahvana:

Kemia/Kemi-lehdessä (2/17) oli tiedetoimittaja **Jari Kopsen** artikkeli ”Luonnon molekyylikoneet ovat elämän moottoreita”. Artikkelissa kerrottiin mm. itsestään järjestäytymisestä ja ”itsesyntyisestä DNA:sta”. Kirjoitin vastineen, joka julkaistiin numerossa 3 (ja johon ei ole tullut julkaistuja kommentteja). Ohessa ote, joka sopinee tähän yhteyteen:

”Jari Koponen kirjoitti: ’Luonnonlait *mahdollistavat* materian monimutkaisinkin itsejärjestäytymisen heti, kun olosuhteet ovat sopivat (Luonnon molekyylikoneet ovat elämän moottoreita, *Kemia* 2/17): Tällä viitattaneen tässä yhteydessä kemialliseen evoluutioon? Mutta: elämän vaatimaa monimutkaista ’itsestään järjestäytymistä’ tavataan vain elävissä soluissa, joissa ’olosuhteet ovat sopivat’. Ulkopuolella luonnonlait eivät *mahdollista*, vaan *estävät* biopolymeerien synnyn: Naturalistien tarjoama vetinen ’alkuliemi’ elämän synnyn tyysijana on vihoviimeinen

paikka, jossa biopolymeereja voisi syntyä itsestään: Esimerkiksi aminohapot ovat vedessä melko stabiileja eivätkä muodosta proteiineja. Ne pitäisi ensin aktivoida. Mutta aktivaation pitäisi tapahtua *vedettömässä* ympäristössä, muuten ne reagoisivat veden kanssa! Sama pätee ns. RNA-maailmaan: Solussa RNA-säikeet syntyvät transkriptiossa DNA-säikeiden kopioina. Tällöin sytosiini pariutuu guaniiniin ja adeniini urasiiliin kanssa. Pariutuminen tarvitsee kuitenkin koneiston, *joka asettaa typpiämäiset oikeaan asentoon* siten, että ne pystyvät muodostamaan vetysidokset sapluunan vastinemäksien kanssa. Ongelma on siinä, että rakennuspalikat, vapaat yksittäiset nukleotidit eivät solun ulkopuolisessa vesiliuoksessa voi spontaanisti muodostaa uutta RNA-säiettä, vaikka käytettävissä olisikin sapluuna. Näin siksi, että *typpiämästen sitoutumispaikat ovat hydrofiilisiä*, jolloin ne reagoisivatkin veden eivätkä sapluunan vastinemästen kanssa. Lisäksi typpiämästen runko-osat ovat hydrofobisia, jolloin ne liimautuisivat toisiinsa kylki kylkeä vasten eikä mitään kelvollista RNA-rihmaa voisi syntyä. Ilmiön havaitsi elämän synnyn tutkija **Nicholas Hud** vuonna 2007.”

Järjestys kontra täsmennetty, funktionaalinen monimutkaisuus:

Itseorganisoituvat rasvakalvot/pisarat, lumihutaleet, suolakiteet tai hiekkadyynit, vaikka ilmentävätkin järjestystä, eivät ole *monimutkaisia*, vaikka kirjoittaja sellaiseen viittaakin. Lumihutaleissa yms. ei juurikaan ole informaatiota, koska samat yksinkertaiset rakenteet ja geometria toistuvat ja kertautuvat kuin jokin monotoninen lukujoukko 1111 3333 5555 1111 3333 5555... Eivätkä ne missään nimessä ole *täsmennetyin monimutkaisia*, kuten esimerkiksi entsyymit, ”sirot kaunottaret” (luvun 4 otsikko). Entsyymit ovat paljon informaatiota sisältäviä, tavallisesti epäsymmetrisiä, *täsmällisesti määrättyjä* kolmiulotteisia rakenteita, johon niiden *funktio* perustuu. Biologisilla rakenteilla on aina jokin funktio, tehtävä, ”aktiviteetti”, joka edellyttää *toimintavalmiutta*. Mikä on lumihutaleiden tai öljypisaroiden, vesikkelien funktio?

Vaikuttaa siltä, että Wagner ei halua nähdä eroa järjestyksellä ja monimutkaisuudella, erityisesti täsmennetyllä, funktionaalilla monimutkaisuudella – ihminen näkee vain sitä, mitä hän haluaa...

Biologinen, informaation perustuva itsestään kokoutuminen (Self-Assembly):

Itsestään järjestäytymistä toki tapahtuu muuallakin kuin Saharan hiekkadyyneillä, lumihutaleissa tai saippuakuplissa. Biologiassa kuitenkin puhutaan mieluummin ”itsestään kokoutumisesta”. Esimerkiksi ribosomi voi kokoutua koeputkessa spontaanisti alayksiköistään (”sopivissa olosuhteissa”^{*}). Samoin mikrotubulukset kokoutuvat solussa spontaanisti alayksiköistään. Miksi? Siksi, että alayksiköissä itsessään on jo kaikki kokoutumiseen tarvittava informaatio^{*}: 1) Alayksiköiden 3-ulotteinen avaruus rakenne on sellainen, että ne sopivat toisiinsa kuin avain lukkoon. 2) Monet biomolekyylit, kuten aminohapot ovat sähköisesti varautuneita ja vettä hylkiviä tai vettä puoleensa vetäviä. Eli ne ovat kuin magneettisia lukkoja ja avaimia, tai palapelin osia. Kun oikeat osat ovat riittävän lähellä toisiaan, ne loksahavat automaattisesti paikoilleen. (Vesimolekyylien lämpö- eli Brownin liikkeen avustamina.) Tällainen ”ohjattu” itsestään kokoutuminen ei siis vielä selitä kovinkaan paljoa; itsestään kokoutumista tapahtuu vasta sitten kun ensin on syntynyt kokoutumiskelpoisia rakennuspalikoita.

^{*}The information of the complex assemblies of macromolecules in cells must be contained in the subunits themselves, because purified subunits can spontaneously assemble into the final structure under the appropriate conditions (Alberts ym., *Molecular Biology of the Cell*. 2015, p.128).

Itsestään järjestäytyminen ja The Altenberg 16:

Johtavista evolutionisteista koostuva ns. Altenberg 16-ryhmä kokoontui heinäkuussa 2008 Itävallan Altenbergiin pohtimaan vaihtoehtoisia tai kilpailevia malleja nykyiselle ns. modernille synteeseille. Tiedetoimittaja **Suzan Mazur** oli kutsuttu paikalle ja hän raportoi kokouksesta kirjassaan *The Altenberg 16: An Exposé of The Evolution Industry* (North Atlantic Books 2010.) Otteita hänen kirjastaan:

Mazurin mukaan ryhmän jäsenet (16 kpl) yleisesti tunnustivat mm., että evoluution primus moottorina pidetty luonnonvalinta ei toimi.

”En usko kenenkään tietävän, miten evoluutio toimii” (**Jerry Fodor**, s.34).

”On ihmisiä, jotka paasaavat (*spouting off*) ikään kuin me tietäisimme vastauksen. – Me emme tiedä vastausta” (**Stuart Kauffman**, s. 54).

”Darvinismi ja uusdarwinistinen synteesi, josta jälkimmäisestä on viimeksi pyyhitty pölyt pois 70 vuotta sitten, itse asiassa estävät evoluution mekanismin löytämisen” (**Antonio Lima-de-Faria**, s. 83).

”Tuossa kokouksessa **Francisco Ayala** oli kanssani samaa mieltä siitä, että uusdarwinistinen oppi on kuollut. Hän oli aikaisemmin uusdarwinismin kannattaja, mutta molekyyli-genetiikan, evoluution, ekologian ja biokemian kehitys sekä alan muut uutiset pakottivat hänet ymmärtämään, että uusdarwinismi on kuollut” (**Lynn Margulis**, s. 278).

Mazur kysyi Yhdysvaltain kansallisen tieteen opetuskeskuksen (NCSE) johtajalta **Eugnie Scottilta**, mitä hän ajattelee itseorganisaatiosta ja miksi siitä ei puhuta kirjoissa, joita NCSE tukee: ”Siksi, että ihmiset saattavat sekoittaa sen älykkään suunnitelman ideaan (ID), jota NCSE ei kannata. NCSE ei suosittele sellaisia oppikirjoja, joissa itseorganisaatio otetaan esille”, vastasi Scott. Tämä on kummallinen kannanotto siinä mielessä, että ID:llä ja itsestään järjestäytymisen hypoteesilla ei pitäisi olla mitään tekemistä keskenään. **Stuart Newman** oli sitä mieltä, että itseorganisaatio ei-darvinistisena teoriana on haaste modernille synteeseille. Ihmiset (=darwinistit) pelkäävät, että jos ovi avataan ei-darvinistiselle teorialle, on vaara, että kreationistit tunkevat jalkansa oven rakoon.” Myöskään Yhdysvaltain kansallisen tiedeakatemian (NAS) kirja *Science, Evolution, and Creationism* ei puhu mitään itsestään järjestäytymisestä. Miksi ei, Mazur kysyi. **Nils Eldredge** vastasi: ”Siksi ei, koska sitä pidetään spekulatiiona.”

Sitä se taitaa olla, sillä jos se olisi totta, luulisi, että alkeellista elämää synnyttävää itseorganisaatiota olisi havaittavissa vielä tänäänkin. –Vai noudattiko luonto aikaisemmin jotain muita lakeja ja periaatteita?

Koska kukaan ei tiedä, mitä tuo mahdollinen itsestään järjestäytyminen on, siitä ei haluta puhua julkisesti, koska se johtaisi kiusallisiin kysymyksiin, kuten mitä näyttöä itsestään järjestäytymisen puolesta on olemassa. Ja paras ”näyttö” saattaisi olla modernin synteessin valtavat ongelmat. **Jos niitä ei olisi, itsestään järjestäytymistä ei olisi tarvinnut keksiä.** Tämä lienee syynä siihen, että Wagner ei saanut kutsua **Lontoon Royal Societyn** marraskuun 2016 ”kriisikongressiin”, Altenbergin toistoon: *New Perspectives in Evolutionary Biology*. Tähän 3-päiväiseen tilaisuuteen osallistui myös

ym. Suzan Mazur, joka kysyi *Huffington Post*'ssa*: "Mikä oli se, joka veti tähän tilaisuuteen kansainvälisiä kuuluisuuksia, jos puhujilla ei ollut juuri mitään uutta tietollista tarjottavaa? Miksi haaskata ihmisten aikaa ja rahaa?"

*http://www.huffingtonpost.com/suzan-mazur/pterosaurs-hijack-royal-s_b_13131246.html (katsottu 18.11.17).

"Alkeellinen" solu: tarua vai totta?

Vielä tämän vuosituhannen alussa tutkijat arvioivat, että evolutionistien hypoteettinen "alkeellinen solu" tarvitsisi vähintään 256 geeniä. *Sen syntyä ei voisi selittää luonnonvalinnalla*, koska valinta edellyttää, että on olemassa vähintään kaksi lisääntymiskykyistä solua, joista parempi valitaan. Vuonna 2006 tutkijat olivat sitä mieltä, että alkeellisin solu tarvitsee vähintään 387 proteiineja koodaavaa geeniä ja 43 RNA-geeniä. Kymmenen vuotta myöhemmin tarvittavien geenien määrä kasvoi taas: Yhtenä vuoden 2016 suurimmista bioteknologisista saavutuksista pidettiin "ensimmäisen synteettisen solun" luomista: Design and synthesis of a minimal bacterial genome (Hutchison et al., *Science* Vol. 351, March 25, p.1414). Tätä saavutusta on populaarimediassa otsikoitu "ensimmäisenä synteettisenä soluna" – tutkijat siis olisivat kyenneet luomaan ensimmäisen elävän eliön elottomista raaka-aineista. Näin ei suinkaan tapahtunut, vaan kyseessä oli eräänlainen *knock-out* –koe: Lähtöeliönä oli *Mycoplasma mycoides*-bakteeri, jonka 901 geenin genomia ruvettiin riisumaan, kunnes se ei enää ollut elinkykyinen. Päädyttiin 473 geeniin (531 560 DNA-kirjaimen). Näistä 149 geeniä oli sellaisia, joiden tarkkaa biologista funktioita ei saatu selville. Määrä on lähes sama kuin *Mycoplasma genitaliumin* 482 geeniä (582 979 DNA-kirjainta). Tämä mykoplasma on kuitenkin *taantunut bakteeri, solun sisäinen parasitti*, joka ei pärjää omillaan. "Yksinkertaisen" alkusolun piti olla tätä paljon monimutkaisempi, koska sen piti pärjätä omillaan, tulla yksin toimeen suuressa ja ankarassa maailmassa.

Wagnerin kuvittelemalla tiellä "itsejakautuvasta kalvopisarasta alkeelliseen soluun" taitaa olla nyt enemmän esteitä kuin syksyllä 2014, jolloin hän kirjansa kirjoitti. Ja ilman alkeellista solua ei voi syntyä myöskään monimutkaisia soluja eikä sitä elämän "elinvoimaisuutta", jota hänen teoriansa kelpoisimman synnystä edellyttää. Periaatteessa voisin lopettaa Kelpoisimman synnyn analyysin tähän ja todeta, että sen synty jää lähtökuoppiinsa.

Metabolinen DeLuxe-Ferrari:

Luvun kaksi loppuosassa aletaan spekuloida bakteerien metabolisilla innovaatioilla. (Metabolia tarkoittaa siis aineenvaihduntaa.) Universaalisesta metaboliakirjastosta siirrytään universaaliin proteiinikirjastoon ja sieltä genotyyppiverkostoihin ja geenien säätelyyn. Monet laboratoriokokeet ja tietokonesimulaatiot/haut kuvataan turhankin pitkään ja yksityiskohtaisesti innovaatiohypoteesia tukemaan.

Alkajaisiksi "pikakelaus ensimmäisestä pyörästä Ferrariin". Wagnerin "myöhempi innovabiliteetti" näet tarvitsee jo valmiin Ferrarin, ei kuitenkaan tavallista sellaista, vaan *uuden sukupolven monimutkaisen* (=elinvoimaisen) Ferrarin. Wagner-Ferrari on sellainen, että jos bensiini loppuu keskellä erämaataipaletta yön pimeydessä, ei hätää:

”Avaat tavaratilan ja kylmälaikussa on retkeltä jääneitä eväitä ja juomia. Kaadat pullollisen appelsiinimehua polttoainesäiliöön, sen jälkeen litran maitoa ja lopuksi hieman viiniä. Niillä pääset seuraavalle huoltoasemalle, joten jatkat matkaa.

Nykyiset metaboliset koneet toimivat tällä tavalla. Ne voivat käyttää monenlaisia polttoaineita. Lisäksi polttoaineet soveltuvat raaka-aineiksi, joista valmistetaan niiden ruumiiden pienimpiä molekyyliä, joita ne tarvitsevat kasvaakseen, lisääntyäkseen ja parantuakseen (57).

Nykyinen metabolia on kemiallisten reaktioiden kietoutunut, erittäin kytkeytynyt verkosto, neljä miljardia vuotta kestäneen innovaation tulos. Jos siitä piirtäisi kartan, se muistuttaisi kokonaisen mantereen kaupunkien katukarttaa asulähiön lyhimmästä umpikujasta valtakunnalliseen tieverkostoon. Sen ytimessä on muinainen sitruunahappokierto, joka on yhtä keskeinen kuin Eduskuntatalon editse kulkeva Mannerheimintie” (58).

Seuraavan sivun kuvassa on 3: ”Pieni osa metaboliaverkostosta”. Siinä varjostettuun ellipsiin on kuvattu valkoisen sokerin, sakkaroosin hajoaminen veden vaikutuksesta glukoosiksi ja fruktoosiksi. Verkoston kautta ellipsin molekyylit voi olla todellisessa (tai kuvitteellisessa) yhteydessä moniin muihin aineenvaihduntareaktioihin, glukoosi mm. sitruunahappokiertoon tai käymiseen ja fruktoosi yli 30 muuhun reaktioon.

Wagnerilaisen innovabiliteetin tärkeä lähde on *nykyisten eliöiden monipuolinen ”metaboliaverkosto”**, joka voi käyttää monenlaisia polttoaineita: glukoosia, fruktoosia, glyserolia, alkoholia, etikkahappoa, asetaattia jne. – Ja tämä innovabiliteetti, evoluution suurimman arvoituksen selitys, on siis puolestaan erään toisen, ”neljä miljardia vuotta kestäneen innovaation tulos”! (Siis itsestään järjestäytymisen tulos.)

*Toinen *modernin* innovaation lähde ovat genotyyppiverkostot, joista luvuissa 5 - 7 (Johtamisen salaisuudet, Piilotettu arkkitehtuuri ja Luonnosta teknologiaan).

Mutta nyt ”moderniin innovabiliteettiin”:

Wagner aloittaa bakteereista (*nykyisistä*), ”metabolian mestareista”, joista monet pystyvät valmistamaan itse lähes kaiken tarvitsemansa ja käyttämään ravintonaan mitä erilaisimpia orgaanisia ja epäorgaanisia aineksia. Bakteerilajeja lienee enemmän kuin kaikkia muita eliöitä yhteensä ja biofilmeineen ne ovat kaiken muun elämän perusta. Ne ovat erittäin monipuolinen ja kirjava, vielä kovin puutteellisesti tunnettu joukko. Jopa Wagnerin esimerkki, *E. coli*, on suuri joukko metabolialtaan mitä erilaisimpia yksilöitä. Näin siksi, että *ne voivat vaihtaa/lainata geenejä* monien muiden mikrobien kanssa (ns. horisontaalinen geenisiirto). Lisäksi geenien siirtoa voi joskus tapahtua virusten ja mikrobien välityksellä myös muihin eliöihin. Niinpä jotkut kolibakteerit, sopivat geeniyhdistelmät saatuaan, voivat käyttää *ainoana* energian ja hiilen lähteenään yli 80 eri molekyyliä ja ne voivat olla yhtä joustavia monien muiden alkuaineiden kuten typen ja fosforin suhteen. Tarvitsemistaan 20 aminohaposta ihmisen oma aineenvaihdunta pystyy valmistamaan 12 (joidenkin mukaan vain 10) ja 13 vitamiinista vain kaksi (D ja B₇), loput on saatava ravinnosta (tai suolistobakteereilta). *E. coli* valmistaa ne kaikki itse alkutekijöistään! Minua hieman kummastuttikin, että myöhemmin kirjoittaja puhuu ”alkeellisesta *E. coli*- bakteerista”. (Tämän mittapuun mukaan ihminen on alkeellinen.)

Horisontaalinen geenisiirto, biologinen kirpputori innovaation lähteenä:

Horisontaalinen geenisiirto on siis kirjoittajan mukaan yksi tärkeimmistä biologisen evoluution, innovaation lähteistä. Osa lukijoista tuskin tietää siitä kovinkaan paljoa, joten heille lyhyt johdanto, muut voivat sivuuttaa tämän [hakasuluissa olevan kappaleen]:

[Geenit ovat yksi, *mutta ei suinkaan tärkein tekijä*, jotka mahdollistavat suvun jatkumisen ja eliön ominaisuuksien välittämisen uudelle sukupolvelle. Uusi sukupolvi perii mm. vanhempiensa geenit ja tätä kutsutaan *vertikaaliseksi geenisiirroksi*; geenit siis ”hyppäävät” uudelle portaalle, seuraavaan sukupolveen. Mutta geneejiä voi siirtyä myös saman sukupolven yksilöiden välillä. Tätä kutsutaan *horisontaaliseksi geenisiirroksi*. Sitä tapahtuu ennen kaikkea bakteerien kesken monella eri mekanismilla. Esimerkiksi antibioottiresistenssin aikaansaavia plasmidigeneejiä on ollut olemassa kautta maailman sivu. Näin siksi, että bakteerit tarvitsevat niitä maailmassa, jossa monet niiden sukulaiset tai hiivat ja homeet tuottavat luonnollisia antibiootteja kuten penisilliiniä. Horisontaalisen geenisiirron kautta antibiootille herkkä bakteeri voi saada resistenssiä aikaansaavan plasmidigeenin. Joissain tapauksissa ne voivat saada myös toksinigeneejiä, jonka johdosta esimerkiksi aikaisemmin vaaraton *E. coli* bakteeri voi aiheuttaa tappavia ripuliepidemioita.]

Mutta: Kirjoittaja vaikuttaa laajentavan horisontaalisen geenisiirron *koko eliökuntaan* saadakseen teoriansa toimimaan! *Molecular Biology of The Cell* (sixth edition, Alberts ym. Garland Science 2015, s.18-19) kuitenkin kertoo, että ”horisontaalinen geenisiirto aitotumaisten lajien kesken on hyvin harvinaista, eikä sillä vaikuta olleen merkittävää roolia aitotumaisten evoluutiossa (vaikkakin massiivista siirtoa bakteereista aitotumaisten perimään mukamas tapahtui mitokondrioiden ja viherhiukkasten evoluution yhteydessä”). Teoksen sulkulauseessa viitataan siis tuohon ym. endosymbioositeoriaan, joka ei kestä lähempää tarkastelua. Siitä löytyy tietoa *Koulubiologian analyysistä* (osa 1). Aikaisemmin puhuttiin myös ”muinaisista virusinfektioista”, jolla viitattiin tiettyihin ei-koodaavan DNA:n (”roskaDNA”) toistojaksoihin. Samanlaisia jaksoja löytyy joistain viruksista, ja jotkut uskoivat, että ”muinaiset virusinfektiot saastuttivat perimämme”. Sittemmin tälle ”saastuneelle DNA:lle” on löytynyt selitys ja sillä vaikuttaa olevan tärkeitä geenien säätelyyn liittyviä funktioita (Wagnerin ”universaalissa genotyyppiverkostossa”).

Kuitenkin, jonkin verran horisontaalista geenisiirtoa vaikuttaa tapahtuvan myös aitotumaisten, monisoluisien eliöiden kesken tai bakteereista (ja viruksista) aitotumaisiin. *Biology – A Global Approach* (Campbell ym., tenth edition, Pearson 2015, s.539-540) kertoo, että yli 200 tällaista tapausta on raportoitu: transposoneja* löydetty joistain kasveista, linnuista, gekkoliskosta, kädellisistä ja jopa ihmisistä. Oppikirja kuvittelee (Wagnerin tapaan) ”muinaisia solupopulaatioita”, joissa varhainen evoluutio eteni näiden geenisiirtojen ansiosta. Mukaan on liitetty kuvitteellinen piirros (22.23) ”A tangled web of life” eli ”elämän sotkeutunut verkko”, jossa esiintyy myös ”myöhempi geenisiirto” eli aitotumaisten solujen, mitokondrioiden ja viherhiukkasten synty endosymbioosin kautta. – Tiedettä tieteellisessä oppikirjassa?

*Transposonit ovat ns. hyppiviä geenijaksoja, joiden pituus on yleensä noin 2000 nukleotidiparia. Siirryttyään uuden yksilön soluun, ne tulevat osaksi sen genomia. Kummassakin päässä on geeni, joka on välttämätön sen liittämiseksi uuteen kromosomiin. Siirtyessään jonkin toisen geenin sisään tai läheisyyteen ne voivat aiheuttaa geenitoiminnan häiriöitä. Mistä transposonit alun perin tulivat?

Horisontaalinen geenisiirto vaikuttaa pilanneen ns. molekyyllisukupuu. Näin siksi, että monet, kehityso pillisen sukupuun toisistaan kaukaisilla oksilla sijaitsevat eliöt omistavat hyvin

samankaltaisia molekyylejä (ja geenejä). Tätä kutsutaan *homoplasiaksi*. Se on tehnyt molekyylisukupuiden laatimisesta vaikeaa: eri molekyylit tuottavat erilaisia sukupuita, eikä kukaan tiedä, onko molekyylit peräisin lajityypin *oletetusta* kantamuodosta, vai onko geeni saatu myöhemmin horisontaalisen siirron kautta. Horisontaalinen geenisiirto sai mm. mikrobiologi **Carl Woese**n luopumaan uskostaan darvinistiseen evoluutioon: ”Yhteistä kantamuotoa ei ollut olemassa; yhteisen kantamuodon doktriini on pettänyt meidät!” Myös Campbell viittaa tähän: ”Koska polveutumissukupuut perustuivat siihen hypoteesiin, että geenit siirtyvät vain vertikaalisesti sukupolvesta toiseen, horisontaaliset geenisiirtymät auttavat selittämään, miksi eri geeneihin perustuvat sukupuut ovat yhteen sopimattomia” (s.539). Tässä yksi esimerkki evoluutiobiologien hukkaan valuneesta työstä: Satoja miestyövuosia taidettiin uhrata näiden sukupuiden laatimiseen – ja ilmeisen turhaan.

Mikrobien (nykyisten) horisontaaliseen geenisiirtoon perustuva monimutkainen metaboliaverkosto on keskeinen osa wagnerilaista innovabiliteettia. Tätä verkostoa on nyt mahdollista kartoittaa, koska monien mikrobien (ja muidenkin eliöiden) genomit ja aineenvaihduntareaktiot/reitit on jo kartoitettu ja tallennettu tiedostoihin, joista tutkijat voivat hakea ne internetyhteyden kautta.* Tätä verkostoa voidaan pitää eräänlaisena pelinä, jossa geenejä eli pelikortteja siirtyy koko ajan pelaajalta toiselle. Samalla syntyy uusia ”käsiä” aivan kuten pokerissa. Joillain korteilla voitetaan, toisilla hävitään. Kaikki nämä metaboliageenien lukemattomat yhdistelmät muodostavat ikään kuin ”universaalin kirjaston”, kaikille yhteisen poolin. (Peleihin ei kuitenkaan taida tulla enää uusia kortteja.)

*Kirjan kirjoittamishetkellä, syksyllä 2014 yli 2 000 eliön genomit oli kartoitettu.

Wagner on metaboliakirjastoineen ehkä oikeassa siinä, mitä tulee bakteerien evoluutioon (eli *muunteluun*), koska niiden populaatioissa horisontaalinen geenisiirto toimii ja lienee ilmeisen tärkeä. Ne ovat kuitenkin pysyneet aina bakteereina; niistä ei ole kehittynyt aiotumaisia soluja. Muinainen endosymbioosi monine ilmiselvine vaikeuksineen on pelkkä oljenkorssi.

Luku 3 – Universaali kirjasto

”Kuvittele seisovasi huoneessa, joka on katosta lattiaan täynnä kirjoja—Alat selata kirjoja ja huomaat, että kaikkien sivumäärä on sama. Kullakin sivulla on yhtä monta riviä. Ja kullakin rivillä on yhtä monta kirjainta. Mutta kummallista kyllä, kirjat ovat pelkkää siansaksaa. Jokaisen kirjan jokaisen sivun jokainen rivi on lähinnä mielivaltainen kirjainrivi, kuten ”hsjaksjs...”, ”zvalsoeg...” ja niin edelleen, mutta toisinaan kirjainten välissä on aukko tai välimerkki. Siansaksan valtavassa meressä ei näy montaakaan ymmärrettävää sanaa: ”kissa”, ”teekannu”, ”pyörä”.

Vähitellen kyllästyit näihin käsittämättömiin kirjoihin. Menet yhden oven kautta toiseen huoneeseen ja huomaat, että se on edellisen kaltainen—Toinen ovi johtaa sinut identtiseen huoneeseen...

Huoneet ovat universaali kirjasto, kaikkien mahdollisten kirjojen koti. Sen kirjat sisältävät siis kaikki mahdolliset kirjainjonot, kun kirjaimia on 29 ja lisäksi muutama välimerkki. Useimmat jonot ovat hölynpölyä, jota olet jo lukenut. Toisinaan kirjassa on kuitenkin järkevä sana, lause tai kappale. Lisäksi joissain kirjaston osissa on teoksia, joissa ei ole minkäänlaista siansaksaa. Koska kirjastossa on kaikki mahdolliset kirjat, siellä on myös kaikki merkittävät kirjat, jotka on kirjoitettu aikojen saatossa---

Kirjastosta saa käsityksen olettamalla, että kussakin kirjassa on 500 000 kirjainmerkkiä—Kun välimerkit jätetään huomiotta, kukin kirjain on vain yksi 29:stä (A – Å). Ensimmäisen merkin todennäköisyys on 1/29, toisen 1/29, kolmannen 1/29 ja niin edelleen. Kirjojen lukumäärä voidaan arvioida yksinkertaisesti kertomalla 29 itsellään 500 000 kertaa. Matemaatikot kirjoittavat sen muotoon 29 korotettuna potenssiin 500 000 eli $29^{500\,000}$. Tämä on erittäin suuri luku, jossa ykköstä seuraa yli 700 000 nollaa. Nollia on enemmän kuin tässä kirjassa kirjaimia. Ja luku on paljon suurempi kuin maailmankaikkeuden vetyatomien määrä. Luku on hypertähtitieteellinen.

Luonnon luovuuden syvimät salaisuudet ovat tällaisissa kaiken kattavissa ja hypertähtitieteellisissä kirjastoissa. Tekstit eivät kuitenkaan ole ihmisen kielellä, vaan ne on kirjoitettu DNA:n geneettisillä aakkosilla ja molekyyli-tason toiminnoilla, jotka DNA koodaa” (65-66).

Vaativattomia metabolisia innovaatioita:

Luonnon metabolisessa kirjastossa on yli 5000 tunnettua kemiallista reaktiota ja niitä katalysoivia entsyymejä (tarkemmin sanottuna niiden geenejä). Wagner esittelee pari tämän kirjaston modernia innovaattoria todisteina kelpoisimman synnystä:

Ensin *Shingobium chlorophenicum*-bakteerin, joka hajottaa ihmisen kehittämää vaarallista myrkyä, PCP:tä eli pentakloorifenolia (ks. seuraava sivu). Tämä bakteeri pystyy käyttämään PCP:tä jopa ainoana energian ja hiilenlähteenään. Vaikka tällainen reaktioiden yhdistelmä eli yksi metaboliakirjaston kirja, on tavattu vain *S. chlorophenicumssa*, eivät yksittäiset reaktiot ole silti vain sille tyypillisiä; kukin niistä kuten *tetraklorohydrokiinoni dehalogenaasi* (entsyymi) esiintyy monissa muissa eliöissä. *S. chlorophenicum* on vain sattunut saamaan tietyn ”käden” metaboliakirjaston korttien jaossa, horisontaalisessa geenisiirrossa. Uusia kortteja ei ole innovoitu, vanhoista on vain luotu uusia yhdistelmiä. Näin Wagnerin innovaattorit toimivat. Käytännössä *S. chlorophenicum* lienee yhä sama bakteeri kuin mitä se oli ennen kuin PCP oli keksitty. Jos evoluutiolla tarkoitetaan uusien eliötyyppien syntyä, evoluutiota ei tapahtunut. Mutta jos sillä tarkoitetaan uutta metabolista kykyä, evoluutiota tapahtui. Wagner ei kuitenkaan pysty esittämään esimerkkejä uuden metaboliatyyppin tuottamista uusista eliötyypeistä (vaikka hän tuonnempana esittää ureasynteesiä sellaiseksi).

Sitten mainitaan *Burkholderia xenovarans*, joka syö nykyään kiellettyjä polykloorattuja bifenyylejä. Lisäksi on bakteereja, joista jotkin syövät myrkyllistä orgaanista liuotinta klorobentseeniä, toiset nailonia tai antibiootteja, luonnollisia tai synteettisiä. Tässäkään ei ole mitään niin ihmeellistä: näiden bakteerien entsyymit katkovat kukin tiettyä kemiallista sidosta, oli tämä sidos sitten luonnon orgaanisessa tai ihmisen valmistamassa molekyylissä; koirakin voi pureskella samoilla hampailla rikki muoviluun siinä kuin oikeankin.

Tuntemme siis noin 5000 kemiallista reaktiota ja joillakin niistä jokin eliö jossain maailman kolkassa tuottaa (tai hajottaa) elämän rakenneosia, aminohappoja, rasvoja, sokereita, nukleotideja, vitamiineja jne. *E. coli* käyttää yli tuhatta, mutta mikään eliö ei käytä kaikkea yli viittä tuhatta reaktiota. Kaikkien näiden yli 5000 reaktion voidaan kuvitella muodostavan ns. reaktiomaailmankaikkeuden – tai metaboliamaailmankaikkeuden, ”metaboliakirjaston” (engl. *metabolic reaction space*):

”Kirjaston tekstien lukumäärä lasketaan samalla aritmetiikalla kuin universaalien kirjaston koko. Koska reaktioiden tunnetussa maailmankaikkeudessa kukin reaktio joko on eliöllä tai puuttuu siltä, ensimmäiselle reaktiolle on kaksi mahdollisuutta (läsnä tai poissa), kaksi toiselle reaktiolle ja niin edelleen maailmankaikkeuden jokaiselle reaktiolle. Tekstien kokonaismäärä saadaan kertomalla luku 2 itsellään niin monta kertaa kuin maailmankaikkeudessa on reaktioita. 5000 reaktion maailmankaikkeudessa mahdollisia metabolioita on 2^{5000} , 2^{5000} ykkösten ja nollien aakkosilla kirjoitettua tekstiä. Tämä luku on suurempi kuin 10^{1500} eli luku, jossa ykkösen jälkeen on 1500 nollaa. Se ei ole aivan yhtä suuri kuin ihmisen universaalien kirjojen lukumäärä, mutta silti paljon suurempi kuin maailmankaikkeuden vetyatomien lukumäärä. Myös metabolinen kirjasto on hypertähtitieteellinen” (68).

”Jos vaeltaa universaalissa kirjakirjastossa riittävän kauan, sieltä löytää yllättäviä kirjoja. Niissä on uusia ajatuksia, ideoita ja keksintöjä. Universaalien metaboliakirjaston genotyypitekstit ovat vastaavanlaisia. Ne voivat koodata metabolioita, joilla on ennen näkemättömiä kemiallisia kykyjä, uusia fenotyyppisiä, jotka valmistavat uusia molekyyliä tai uusia polttoaineita. Sanalla sanoen innovaatioita.

Koska metabolia on yhtä vanha kuin elämä itsekin, kehittyvä elämä on tutkinut tätä kirjastoa synnystään lähtien—Evoluutio ei kuitenkaan jäänyt lepäämään varhaisilla laakereillaan, vaan se keksii edelleen tällaisia tekstejä nykyään elävistä miljardeista ja biljoonista eliöistä paljon nopeammin kuin osaamme lukea niitä. Jotkin tekstit ilmaantuivat alle sata vuotta sitten, vain evolutiivinen silmänräpäys ennen nykyhetkeä.

*Esimerkistä käy pentakloorifenoli, ilkeä molekyyli, jonka ihminen valmisti 1930-luvulla. Sitä käytettiin laivojen kölien suojamyrkkinä, mutta myös hyönteisten torjuntaan, sienten tuhoamiseen ja desinfiointiin, sanalla sanoen elämän tuhoamiseen—Sen myrkyllisestä luonteesta huolimatta elämä on löytänyt keinon ei vain sietää sitä vaan myös kukoistaa sen varassa. Osuvasti nimetty bakteeri *Shingobium chlorophenolicum* ottaa pentakloorifenolista, ainoasta ravinnonlähteestään sekä energiaa että hiiltä” (69-70).*

”Jos vaeltaa universaalissa kirjakirjastossa riittävän kauan...” Niin, ”jos”... Wagnerin kirjasto vaikuttaa jonkinlaiselta ”avoimelta kirjastopoolilta”, joka on sukua populaatiogeneetikoiden keksimälle ”geenipoolille”: Populaatiot eivät koostukaan enää yksilöistä, joihin valinta vaikuttaa, vaan kaikkien eliöiden yhteisestä, universaalista geenipoolista, jossa mutaatiot voivat valinnan ohjaamina vapaasti siirtyä sinne ja tänne. Digitaalinen evoluutio, tietokoneiden virtuaalimaailma ja biologinen realiteetti eivät kuitenkaan välttämättä kohtaa. (Huomaa myös, että pentakloorifenoli suinkaan ole *S. chlorophenolicum*in ainoa ravinnonlähde, vaan tarvitaan toki muitakin, kuten typen lähteitä.)

Bakteerit (kuten monet muutkin eliöt) ovat geeniensä suhteen myös redundantteja eli ”ylellisiä” (tai ”tuhlailevan runsaita”); tavallisesti ne eivät tarvitse koko pakettia. Tämäkin tuli tutkijoille yllätyksenä laboratorioden geenien poistokokeissa. Selitys löytyi muuttuvista ja monipuolisista ympäristöistä: perimän on oltava monipuolinen, jotta bakteeri pärjää, kun ravinto niukkenee tai muuttuu, kun ympäristön lämpötila tai happamuus, happipitoisuus jne. muuttuvat, tai kun bakteeri ajautuu uusiin ympäristöihin. Tämä redundanssi on tärkeää, ilman sitä Wagnerin innovaatio ei toimi (tämä tarkoittaa siis sitä, että innovaatio edellytti innovaatiota, redundanssia).

Turhanpäiväinen esimerkki ”muinaisesta” metabolisesta innovaatiosta (elämän mairinnousu ja luukalojen kuviteltu polveutuminen rustokaloista):

Kyseenalaisena esimerkkinä muinaisesta metabolisesta innovaatiosta ja sen mukamas uudelleen keksimisestä Wagner esittelee urea- eli virtsa-ainesynteesin. Aineenvaihduntamme jäteaineena aminohapoista syntyy myrkyllistä ammoniakkia (NH₃). Koska ammoniakki on vesiliukoista, kalat voivat ”ulostaa” sen sellaisenaan. Käsittelen tätä hieman perusteellisemmin jo siksikin, että tekstin mukaan hait ja rauskut ovat nykyisten luukalojen esi-isiä:

”Ammoniakkii liukenee veteen, kalat voivat yksinkertaisesti ulostaa sen ympärillään olevaan veteen, mikä vastaa meidän maailmassamme uima-altaaseen virtsaamista. Tätä ylellisyyttä ei kuitenkaan ollut, kun eläimet nousivat kuivalle maalle 300 miljoonaa vuotta sitten. Niiden piti löytää keino estää ammoniakki myrkyttämästä vertaan. Ratkaisu on metabolisessa tekstissä, jossa on ohjeet ammoniakkin muuttamiseksi vähemmän myrkylliseksi urea-molekyyliksi, jota eritämme edelleen virtsassamme. Tässä metabolisessa innovaatiossa on viisi yleistä kemiallista reaktiota, joista kukin oli sellaisenaan hyödyllinen eliöille kauan ennen kuin myrkyllisyyden poistamisesta tuli ongelma. Ei tiedetä tarkalleen, milloin tämä innovaatio ilmaantui, mutta vihjeitä on helppo löytää. Vaikka modernien luukalojen ei tarvitse poistaa ammoniakkinsa myrkyllisyyttä, niiden esi-isissä oli jo urean valmistamisen kemiallinen suunnitelma. Se näkyy edelleenkin haiden ja rauskujen kaltaisissa rustokaloissa, joita oli valtamerissä kauan ennen nykyisten luukalojen ilmaantumista. Tästä huolimatta Tappajahai-elokuvan nimirooli esittäjä käyttää ureaa eri tarkoitukseen kuin sitä saalistavat ihmiset: typen säilyttämiseen, kellumiseen tai meriveden suolan vastapainona” (70).

Ensiksi: Ei ole viitteitä siitä, että rustokalat (hait, rauskut, rauskukat ja koppapäiset) olisivat nykyisten luukalojen esi-isiä. Campbell* huomauttaa, että kun termi ”rustokalat” vakiintui 1800-luvulla, ajateltiin, että rustoranka oli luurangon varhainen kehitysvaihe ja että ruston mineralisaatio kehittyi vasta myöhemmille ja edistyneimmille luukaloille. Kuitenkin, jo kambrikan leuatomilla *Conodonteilla* oli luisia suosia** ja panssarikaloiilla oli luisia levyjä. Campbellin mukaan luun kehitys oli alkanut jo paljon ennen kuin rustokalat kehittyivät omaksi joukokseen.

*Campbell ym. *Biology – A Global Approach*, Pearson 2015, s. 782.

Bentonin mukaan conodonttien luiden mineraali oli **apatiittia (kalsiumfosfaattia) eli luu oli samanlaista kuin maaselkärankaisten luu erotuksena varhaisen ja keskisen kambrikan selkärankaisten luista, joista apatiitti puuttui (s. 46, ks. alle).

Andersonin* mukaan modernit luukalat syntyivät siluurikan lopulla yli 410 miljoonaa vuotta sitten, mutta rustokalat vasta sitä seuraavalla devonikan kaudella. Ensimmäisten selkärankaisten *Haikouellan*, *Myllokunmingian*, *Conodonttien* ja nykyisten luu- ja rustokalojen väliin mahtuu suuri joukko mitä oudompia ja eriskummallisempia, sukupuuttoon kuolleita kaloja, kuten *Euphaneropidae*, *Pituriaspida* ja *Placodermi* (panssarikalat), joista monista ei tiedetä, mitä ne olivat. (Luuta ja rustoa suurempi ongelma evolutionisteilla vaikuttaa olevan leukojen kehittyminen, sillä ensimmäiset kalat olivat leuattomia ”ympyräsuuisia” kuten nykyiset nahkiaiset.) Michael Bentonin klassikosta *Vertebrate Palaeontology*** en löytänyt mitään vihjetä siitä, että rustokalat olisivat luukalojen esi-isiä. Bentonin mukaan muutamia rustokaloille kuuluviksi epäiltyjä suomuja ja hampaita on löydetty myöhäisen ordovikikan ja siluurikan kerrostumista, mutta varmoja jäänteitä (prismaattista kalkkeutunutta rustoa) vasta aikaiselta devonikan kaudelta. Benton kirjoittaa, että rustokaloja väitettiin joskus ”primitiivisiksi” siitä syystä, että niillä oli vain rustoinen tukiranka ja

että varsinainen luinen tukiranka kehittyi vasta myöhemmin (s.65). Hänen mukaansa luukaloista varsieväkalat kehittyivät jo myöhäisellä siluurikaudella ja viuhkaeväiset varhaisdevonikaudella. Kirjassa esitetyssä sukupuussa (s.74) rustokaloilla ja luukaloilla on yhteinen (tuntematon) kantamuoto varhaisella siluurikaudella.

*Anderson & Sues. *Major Transitions In Vertebrae Evolution*, Indiana University Press 2007, p.66-67. Tässä yhteydessä maininta, että tämä on ”synteesi nykyisistä selkärankaisten keskinäisistä suhteista, ei tietokoneilla luotu konsensus-sukupu”.
 **Michael J. Benton. *Vertebrate Palaeontology*, Fourth Edition 2015, Wiley Blackwell, Chapter 3: Early Palaeozoic Fishes.

Rustokalojen, samoin kuin luukalojenkin alkuperä on siis hämärän peitossa. Rustokalalut ovat moninainen ja erittäin erikoistunut joukko; mitään selvää polveutumislukua rustokaloista luukaloihin ei siis ole (eikä edes rustokalaryhmästä toiseen). Monet evolutionistit uskovatkin, että rusto- ja luukalat kehittyivät erikseen (esim. *The New Encyclopedia Britannica*). Johnsonin mukaan merellisten luukalojen on täytynyt polveutua makean veden luukaloista.* Luukalojen suomuja on löydetty jo kambrikan kerrostumista. Aluksi niitä epäiltiin jonkin äyriäisen kuoriksi, mutta mikroskooppitutkimus paljasti että ne sisältävät dentiiniä eli hammasluuta, jota tavataan vain selkäränkaisilla.**

*Johnson G. *The Living World*, Mc Graw Hill 2006, p. 574.

**Manastersky R., Vertebrate origins: the fossils speak up. *Science News* 149 (5):75, Feb. 1996.

Toiseksi: Merellisten luukalojen kidukset ja munuaiset joutuvat jatkuvasti poistamaan niiden kudoksiin kerääntyviä ylimääräisiä suoloja. Näin siksi, että niiden kudosteet ovat meriveteen verrattuina hypotonisia (laimeampia), jolloin suolaa imeytyy vedestä kudoksiin. Mutta rustokalalut muuttavat myrkyllisen ammoniakkin vähemmän myrkylliseksi virtsa-aineeksi eli ureaksi. Rustokalojen elimistö sietää sata kertaa suurempia ureapitoisuuksia kuin ihminen. Urea tekee niiden verestä ja kudoksista isotonisia (samanvahvuisia) ympäröivään meriveteen nähden, jolloin suoloja ei imeydy. Rustokaloilta puuttuu kuitenkin uimarikko eli ne ovat vettä raskaampia ja pitääkseen yllä oikean syvyyden, niiden on oltava jatkuvassa liikkeessä. Wagnerin mukaan urea auttaa niitä kellumisessa, mutta en tiedä miten.

Wagner kertoo, että luukalat ulostavat ammoniakkinsa. Todellisuudessa ne kuitenkin virtsaavat sitä – eivät ulosta. Suurin osa ammoniakista eritetään kuitenkin kiduksista (koska ammoniakki on vesiliukoista).

Jokaisella eliöllä on oltava sen funktion ja elinympäristön vaatimusten mukainen aineenvaihdunta. Sammakontoukat (nuijapäät) erittävät ammoniakkinsa kidusten kautta siinä kuin luukalalutkin. Kuitenkin, kun toukat kasvavat aikuiseksi, ne käynnistävät ureasynteesin.

Ureasynteesi ei kuitenkaan riittänyt, jotta monipuolista elämää olisi voinut syntyä maalle: linnut ja monet matelijat muuttavat ammoniakkin virtsahapoksi, ei ureaksi. Virtsahappo ei juurikaan liukene veteen ja tämä on tärkeää, koska vesiliukoiset ammoniakki ja urea myrkyttäisivät munassa kehittyvän alkion. Myös hyönteiset, maaetanat ja eräät kuivien seutujen nisäkkäät kuten kengururotta (ja kameli?) erittävät typpijätteensä virtsahappona. Näin siksi, että ”virtsahappovirtsa” voidaan väkevöidä ja erittää minimaalisen vesimäärän kanssa tahnana. Tämä säästää kallisarvoista vettä autiomaan ankarissa oloissa. Virtsahapon synteesi hajonneiden proteiinien aminohapoista on kuitenkin mutkikas ja on runsaasti energiaa (ATP:tä) kuluttava prosessi. Miten se kehittyi?

Myös ureasynteesi on mutkikas ja vaatii monia entsyymikatalyyttejä kuten *karbamyylifosfaattisyntetaasin*. Se on kookas heterodimeeri, jonka pienempi alayksikkö koostuu 382 ja suurempi 1073 aminohaposta. Pienessä on yksi ja isossa kaksi reaktiokeskusta. Entsyymi liittyy ammoniakkin bikarbonaattiin yhdessä fosfaatin kanssa muodostaen karbamyylifosfaattia. Tämä reagoi sitten maksasolun mitokondriossa ornitiinin kanssa (erään toisen entsyymin vaikutuksesta), jolloin syntyy sitrulliinia, joka puolestaan reagoi...

Wagnerin mukamas uudelleen keksitty ureasynteesi ei ole esimerkki kehitysopillisesta innovaatiosta, joka mahdollisti elämän mähinnousun. Jos mäheläimet kehittyivät luukaloista, silloin ne kehittyivät siitä muodosta, joka jo käytti ureasynteesiä: Suurin osa luukaloista tosin "ulostaa" ammoniakkinsa suoraan veteen, mutta osalla on ureasynteesi!* Miksi siis esittää tällainen turha esimerkki todisteena innovaatiosta ja sen mahdollistaneesta "metabolisesta kirjastosta"? Ja vielä enemmän ihmetyttää se, että Wagner vaikuttaa itsekin tietäneen tästä jotain, koska kappaleen lopussa on huomautus sulkeissa:

(Mieleen ehkä tulee, että luukalojen DNA:ssa pitäisi olla jäänne innovaatiosta, jos se syntyi niiden kaukaisissa esi-isissä. Niin todella on: ureasyklin teksti on edelleen luukaloissa, vaikka ne harvoin ilmentävät sen kemiallista merkitystä. Ne muistuttavat hieman aikuisia, jotka ovat oppineet jonkin kielen lapsuudessaan ja tunnistavat edelleen joitakin sen sanoja.)

*Campbell ym. *Biology – A Global Approach*, Pearson 2015, p. 1039.

Se, että pelikortteja eli entsyymikatalyyttien geenejä vain sekoitellaan ja yhdistellään "universaalisessa metaboliakirjastossa", ei ole ureasynteessin alkuperän selitys! Pitäisi kyetä selittämään, mistä pelikortit, kuten mutkikas makromolekyyli karbamyylifosfaattisyntetaasi alun perin tulivat. Se ehkä voisi selittää kelpoisimman syntyä, päinvastoin kuin jo olemassa olevien geenien siirto metaboliakirjaston pisteestä A pisteeseen B.

Uusien metabolisten geno- ja fenotyyppien hakua metaboliakirjastosta:

*"Fenotyyppin toteuttamiskelpoisuuteen tai kuolemaan liittyvän merkityksen ymmärtäminen edellyttää, että osaamme lukea eliön metabolisen genotyyppin. -- Genotyyppi kertoo, mitkä reaktiot metabolia katalysoi (eli mitä raaka-aineita se voi käyttää), näiden reaktioiden käyttämät ja niistä syntyvät molekyylit. Sen merkityksen selvittämiseksi on tiedettävä ensin, mitä ravinteita on tarjolla, sillä ilman oikeita raaka-aineita ei voi leipoa kakkua, ja pystyykö metabolia rakentamaan niistä tryptofaanin kaltaisia olennaisia biomassan molekyylejä. – Aloittamalla tarjolla olevista ravinteista seuraavaksi kirjoitetaan luettelo kaikista molekyyleistä, jotka metabolian reaktiot **tuottavat** tarjolla olevista ravinteista, selvitetään genotyyppin reaktiot, jotka **kuluttavat** tuotetut molekyylit ja luetteloidaan **niiden** tuotteet. Näin edetään vaihe vaiheelta, kunnes löydetään yksi tai useampi reaktio, jonka tuotteisiin tryptofaani kuuluu. – Tämän jälkeen siirrytään toiseen biomassan molekyyliin, kenties toiseen aminohappoon... Eliö on toteuttamiskelpoinen vasta sitten, kun se pystyy tuottamaan **kaikki** olennaiset biomassan molekyylit. – Kyky laskea toteuttamiskelpoisuus ei ole vain hämmästyttävä, vaan myös syvällinen ja mullistava, sata vuotta kestäneen biologian ja tietojenkäsittelytieteen perintö. – Laskutoimitus toimii millä tahansa eliöllä, jonka metabolia tunnetaan, ja missä tahansa kemiallisessa ympäristössä. – Se soveltuu mihin tahansa metabolisen fenotyyppin piirteeseen, mihin tahansa molekyyliin, jonka metabolia **voisi** valmistaa. Näistä piirteistä*

toteuttamiskelpoisuus on perustavin, ja uudet tavat valmistaa biomassaa ja käyttää kemiallista polttoainetta ovat selvästi tärkeimmät innovaatiot. Ne ovat myös vaikutuksiltaan laaja-alaisimmat, sillä ne avaavat elämälle ja sen metabolisille moottoreille uusia alueita” (80 - 81, lihavoinnit siis alkuperäisiä).

”Kehittyvät eliöt ovat kuin metabolisen kirjaston vierailijat. Geenidelettioiden ja geenisiirtojen ansioista ne voivat siirtyä metabolisesta tekstistä toiseen. Evoluutiolla on 5000 mahdollista suuntaa... Tämä monimuotoisuus on ratkaisevaa innovabiliteetin ymmärtämisen kannalta” (87).

Virtuaalinen seikkailu bakteriologisessa metaboliakirjastossa vaikuttaa mielenkiintoiselta ja saattaa olla näppärä työkalu teoreettisen evoluution tutkijoille. Ja seikkailuhan lähtee todellisuudesta eli yli tuhannen bakteerin *kartoitetuista* genomeista/metabolioista (*”genotyypiteksteistä”*). Kun ne *”verkotetaan metaboliakirjastoon”* eli kaikkiin tunnettuihin yli 5000 aineenvaihduntareaktioon ja kaikkiin mahdollisiin ravintomolekyyleihin ja niistä syntyviin välttämättömään noin 60 olennaiseen biomassan molekyyliin*, saadaan lähes ääretön (teoreettisten) yhdistelmien mahdollisuus, jota (ehkä) voidaan hallita vain kehittyneillä tietokoneryppäillä.

*Täsmällisemmin sanottuna näiden molekyylien *hiiliselkärankaan*. (Tuhannet biomolekyylit voidaan jakaa noin 60 perustyyppiin niiden hiiliselkärangan mukaan: elämän kemia on pitkälle hiilen kemiaa).

Kunkin eliön *metabolinen fenotyyppi eli toteuttamiskelpoisuus* voidaan siis kirjoittaa pitkäksi nollien ja ykkösten jonoksi: eliöllä joko on (1) jokin metabolinen kyky, tai sitä ei ole (0).

Metaboliakirjastossa sillä on yli 5000 lähinaapurua (virtuaalisia tai todellisia), jotka eroavat siitä yhden reaktion verran: kullakin naapurilla on yksi kyky enemmän tai yksi vähemmän. Sitten näiden naapureiden metabolisia tekstejä verrataan toteuttamiskelpoisuuteen, jossain *tietyissä ympäristöissä*, esim. sellaisessa, jossa ravinnoksi on tarjolla vain glukoosia tai asetaattia tai sitten useampia ravintomolekyylejä. Naapurustosta saattaa löytyä satoja tai tuhansia eliötä (tässä tapauksessa bakteereja, todellisia tai virtuaalisia), jotka myös ovat (tai olisivat) toteuttamiskelpoisia tuossa ympäristössä. Metaboliaverkoston *”valaistua polkua”* pitkin tästä naapurista otetaan sitten yksi askel seuraavaan naapuriin, joita on taas yli 5000. Ne eroavat lähtöeliöstä kahdella reaktiolla. Sieltäkin löytyy tietokonehaussa usein satoja toteuttamiskelpoisia metabolioita. Näin voidaan askel kerralla edetä hyvin kauas, kunnes metaboliat lopulta muuttuvat niin paljon, että ne eivät enää toimi samassa ympäristössä, jossa tarjolla on esim. vain joko glukoosia tai asetaattia.

Miten radikaalisti metabolista tekstiä voitiin muuttaa menettämättä sen tiettyä merkitystä (eli kykyä pärjätä esim. vain glukoosilla)? Huomattiin, että oli bakteereja, joilla oli *E. colin* kanssa vain 20 % yhteistä metaboliaa, mutta että nekin pärjäsivät pelkästään glukoosilla. Wagnerin mukaan metabolinen kirjasto on kattopalkkejaan myöten täynnä kirjoja, jotka kertovat saman tarinan (kuten kyvyn elää glukoosilla) eri tavoin. Näissä tarinoissa piilee evoluution innovaatiokyky!

Innovabiliteetin ensimmäinen ratkaiseva tekijä: neulan löytyminen heinäsuovasta:

(Ks. myös sivu 61.)

”Yleisen hahmon rohkaisemina aloimme kartoittaa metabolioita, jotka olivat toteuttamiskelpoisia monien erilaisten polttoaineiden, kuten etanolin, glukoosin ja asetaatin suhteen, ja jotka pystyivät tuottamaan kaikki biomassan molekyylit (siis niiden hiilirungot) kustakin polttoaineesta. (Tämän kyvyn etu on ilmeinen: se mahdollistaa eloonjäämisen, kun jokin yksittäinen polttoaine loppuu. Koska tällainen

metabolinen kyky on olettavasti vaikeammin saavutettavissa, onko se kenties vain muutamilla metabolioilla, joiden hyllyt ovat samassa kirjaston nurkassa? Olimme taas väärässä. Tutkimme viiden, kymmenen, kahdenkymmenen ja jopa kuudenkymmenen eri polttoainemolekyylin toteuttamiskelpoisia metabolioita. Jokainen yhdestä molekyylistä alkava, merkityksen säilyttävä satunnaiskulku johti kauas pois. Jopa joidenkin 60 eri polttoaineen suhteen toteuttamiskelpoisten metabolioiden reaktioista alle 30 prosenttia oli yhteisiä. – Olimme törmänneet metabolisen kirjaston järjestystä hallitseviin peruseriaatteisiin. Ensinnäkin monet metaboliat ovat toteuttamiskelpoisia samojen polttoainemolekyylien suhteen: polttoaineen valinnalla ei juuri ole vaikutusta. Eliöt voivat tuottaa biomassan rakenneosia monilla tavoilla, monilla erilaisilla reaktioiden sarjoilla. Toiseksi monet näistä metabolioista poikkeavat merkittävästi toisistaan ja vain reaktioiden vähemmistö on niille yhteistä. Kolmanneksi löytämämme toteuttamiskelpoiset metaboliat kytkeytyvät jättimäiseksi verkostoksi, genotyyppiverkostoksi, joka ulottui koko metabolia-avaruuteen. Kullakin aihealueella on tällainen genotyyppiverkosto, ja verkostot muodostavat metabolisen kirjaston tiheän rakenteen. – Merkitykseltään samojen tekstien runsaus kasvattaa yhden tällaisen löytymisen todennäköisyyttä valtavasti.* Tilannetta parantaa se, että evoluutio ei tutki metabolista kirjastoa kuin yksittäinen satunnainen selain. Se joukkoistaa käyttämällä suuria eliöpopulaatioita** uusien tekstien etsimiseen kirjastosta. Aina kun geenisiirto** muuttaa eliöin metabolista genotyyppiä, eliö astuu kirjastossa askeleen. Miljardit lukijat vaeltavat eri suuntiin kirjastoa tutkimaan” (95-96).

*Tämä kasvattaa valtavasti sitä mahdollisuutta, että neula löytyy heinäsuovasta, koska neuloja on paljon. Koska neula löytyy helposti, myös evoluutiota tapahtuu helposti. Tähän palataan myöhemmin.

**Wagnerin eliöpopulaatiot ovat siis bakteereita, ”monipuolisia metabolian mestareita”, joiden valtavissa populaatioissa horisontaalinen geenisiirto toimii ja vaikuttaa. On arvioitu, että esim. *E. coli* on viimeisen miljoonan vuoden aikana saanut noin 60 uutta geeniä horisontaalisen geenisiirron kautta (s.77). Tilanne kuitenkin muuttuu ratkaisevasti, kun siirrytään monisoluisiin ja hitaasti lisääntyviin eliöihin. Siitä tuonnempana.

Innovabiliteetin toinen ratkaiseva tekijä: monipuoliset ympäristöt

”Genotyyppiverkostot ovat innovabiliteetin kahdesta ratkaisevasta tekijästä ensimmäinen. Nyt siirrymme toiseen: tutkimusmatkojen lähtöpisteenä olevien ympäristöjen valtavaan monipuolisuuteen. – eri ympäristöissä on oltava erilaisia uusia fenotyyppisiä. – Metabolisesti ilmaistuna yhdessä ympäristössä on ehkä asetaatin, etanolin ja sitraatin suhteen toteuttamiskelpoisia metabolioita, ja toisessa sukroosin (=sakkaroosin) ja fruktoosin suhteen toteuttamiskelpoisia.

Selvittääksemme, onko tämä outo kirjasto todella olemassa, valitsimme metabolisten tekstien pareja, joilla oli sama fenotyyppi (toteuttamiskelpoisuus glukoosin suhteen), mutta jotka olivat muuten erilaiset. Metaboliat A ja B olivat kirjaston eri osissa eli niillä oli vähän yhteisiä reaktioita, mutta ne kuuluivat samaan genotyyppiverkostoon (= ”glukoosiverkostoon”). Sen jälkeen tutkimme jokaisen niiden noin 5000 naapurista (joista osa siis saattaa olla todellisia, mutta suurin osa virtuaalisia) ja totesimme, että jotkin niistä olivat samalla tavalla toteuttamiskelpoisia glukoosin suhteen eli ne kuuluivat samaan genotyyppiverkostoon, kun* toiset olivat menettäneet ratkaisevan kemiallisen reaktion, ja se ennakoiki kuolemaa. Kolmas naapureiden ryhmä, josta olimme oikeastaan kiinnostuneet, pystyi elämään uudella polttoaineiden kombinaatiolla, kuten etanolilla tai fruktoosilla. Kysyimme näiltä verkostoilta: onko metabolisen genotyypin A naapureilla, joiden tekstit poikkeavat A:sta vain yhden reaktion

*verran, erilaiset metaboliset innovaatiot kuin metabolisen genotyypin B naapureilla? Jos A:n ympäristössä oli uusien polttoaineiden etanolin ja fruktoosin suhteen toteuttamiskelpoisia metabolioita, oliko B:n ympäristössä esimerkiksi asetaatin ja sukroosin suhteen toteuttamiskelpoisia metabolioita? Analysoituamme tuhansia verkostopareja tutkittuamme 80 eri polttoainemolekyylisiin liittyviä fenotyyppisiä totesimme, että oletus oli oikea. Eri ympäristöissä on tekstejä, joilla on uusia merkityksiä, mutta merkitykset ovat erilaiset eri ympäristöissä.** Useimmat metaboliset innovaatiot ovat yhdelle ympäristölle ainutlaatuiset eivätkä esiinny muissa. (Koska kullakin uudella fenotyypillä on oma genotyypiverkostonsa, tämä tarkoittaa myös sitä, että kirjaston erilaiset genotyypiverkostot ovat lomittuneet käsittämättömän monimutkaisella tavalla” (97-99).*

*Huonoa käännöstä (niin kuin muutamassa muussakin kohdassa): Tässä kuuluisi olla *kun taas* eikä pelkkä *kun*. Alkutekstissä on *while*, sivulla 104.

**Tämä tarkoittaa siis sitä, että mikrobi A, joka käyttää glukoosia, voi horisontaalisen geenisiirron polkuja pitkin edetä lopulta kaukaisen sukulaisensa mikrobin B naapuriin säilyttäen koko ajan glukoosimetaboliansa eli kelpoisuutensa ja ”perille päästyään” siirtyä tarvittaessa käyttämään myös asetaattia. Näin luonnonvalinta ei voi sitä karsia ja verkoston ”innovatiivisuus” on tavallaan synnyttänyt uuden lajin – kelpoisimman.

Vielä tutkijat tekivät monta, kirjaston eri paikoista, eri polttoainemolekyylien suhteen toteuttamiskelpoisista metabolioista alkavaa virtuaalista lisämatkaa. Tarkoitus oli selvittää, miten monia erilaisia uusia fenotyyppisiä löytyy ”kehittyvien metabolioiden populaatiosta”. Jokaisessa tapauksessa innovaatioiden määrä kasautui jatkuvasti ilman hidastumisen merkkejä. He totesivat, että ”kehittyvä metabolia ei pysty kuluttamaan innovabiliteettiaan loppuun elinaikanamme”. Virtuaalisen metaboliakirjaston innovabiliteetti on siis lähes loputon. Mutta mistä se alun perin tuli? (”Ensimmäisestä innovabiliteetistä” – tietysti!)

*”Tarkemmin katsoen metabolisen kirjaston luettelo ei suinkaan ole kuumehoureisen hullun fantasiaa. Ihmisen kirjastojen hyödyllisyys perustuu **todellisiin** kirjastonhoitajiin, jotka tekevät meille sopivia luetteloita... Tällainen olisi tuhoisaa kirjastossa, jonka lukijoilla ei ole luetteloa, jotka liikkuvat vain satunnaiskulussa ja jossa väärät askeleet (= väärä geenisiirto tai deleetio) rangaistaan kuolemalla, koska he juuttuisivat ikiajoiksi hyllyyn, josta joutuivat aloittamaan. He olisivat savant-ihmisiä, maailmanluokan asiantuntijoita yhdellä alalla, mutta täysin tietämättömiä kaikesta muusta eivätkä pystyisi koskaan oppimaan uutta. – Näille lukijoille metabolinen kirjasto on täydellinen ja ällistyttävän hyvin järjestetty innovaation kannalta. Se takaa ikuisen oppimisen ja innovabiliteetin. Vielä ällistyttävämpää on, että elämän muut kirjastot on järjestetty samalla tavalla” (100).*

Mielenkiintoista – mutta sama kysymys kuin yllä: miten nämä nyt jo olemassa olevat metaboliat (ja niiden todelliset/virtuaaliset kytkökset) alun perin syntyivät kuvitellusta itseorganisaatiosta? Wagnerin ”lukijat” voivat kuitenkin löytää jotain itselleen uutta nykyisissä suurissa bakteeripopulaatioissa, jotka lisääntyvät nopeaan tahtiin, ja joissa geenien siirtyminen (samoin kuin niiden poistumat) yksilöistä toisiin ovat melko yleisiä. Silti bakteerit ovat aina pysyneet bakteereina.* Mutta ovathan ne saattaneet kehittyä omassa sarjassaan. Saattaa olla, että nykyiset bakteeripopulaatiot ovat monipuolisempia kuin niiden kaukaiset esi-isät. Sitä emme kuitenkaan tiedä, koska emme voi tehdä matkoja menneisyyteen. PCP:tä syövä *Sphingobium chlorophenolicum* saattaa olla moderni *mikroevolutiivinen* innovaatio ja omassa ympäristössään

kelpoisin (=ainut kelpoinen). Kyseessä on kuitenkin pelkkä *mikroinnovaatio*. Mutta makroevoluutio tarvitsee *makroinnovaatioita*; siihen ei riitä jo olemassa olevien pelikorttien uusjako tällaisissa bakteeripopulaatioissa. (Wagner tosin lyhyesti viittaa tähän suuntaan luvun alkupuolella: "...metabolinen innovaatio ei ole nopeaa suurissa, monisoluisissa eläimissä." (Tekisi mieli lisätä sanan "suurissa" perään: "tai sitä ei ole ehkä lainkaan".)

*Jätän tässä käsittelemättä jo yllä mainitsemani endosymbioosihypoteesin eli uskomuksen, että jotkut "muinaiset bakteerit" olisivat kehittyneet aitotumaisten solujen mitokondrioiksi ja viherhiukkasiksi. Niillä tosin on joitain yhteisiä piirteitä, mutta ratkaisevia eroavaisuuksia on niin paljon, että hypoteesi on enemmänkin toiveajattelua kuin tieteellistä pohdintaa.

Luku 4: Sirot kaunottaret

Luvun otsikko tulee proteiineista laadituista 3-ulotteisuutta simuloivista värikuvista alfa-kierteiseen ja beeta-levyiseen. Omissakin silmissäni ne ovat "siron kauniita". Mielestäni luvun oikeampi otsikko olisi kuitenkin "**proteiinien ja RNA:n jalostusta laboratorioissa**", jota siinä kuvataan (ja josta asioihin perehtymätön maallikko voi saada käsityksen, että myös luonto toimii – tai on ainakin joskus toiminut samojen periaatteiden mukaan).

Pari sanaa proteiinien rakenteesta asiaan perehtymättömille – vaikka itsekään en ole alan asiantuntija, mutta tiedän sentään jotain:

Primäärinen rakenne eli aminohappo/polypeptidiketju hakeutuu usein spontaanisti mutkikkaaksi ja kiemuraiseksi sekundaarirakenteeksi, joka muodostuu ns. alfa-kierteistä ja beeta-levyistä, joiden väliin jää suurempia ketjun pätkiä. Tertiäärinen rakenne syntyy, kun kierteet ja levyt yhdessä muodostavat monimutkaisempia rakenteita, joita kutsutaan *laskoksiksi* ja prosessia, jossa laskokset syntyvät, laskostumiseksi (*folding*). Juuri täsmälleen oikean muotoiset laskokset ovat proteiinin, kuten entsyymin toiminnan kannalta oleellisen tärkeitä. Molekyylit, kuten spliseosomi ovat kvaternäärisiä rakenteita eli ne koostuvat useista tertiäärisen rakenteen omaavista proteiineista.

Itseorganisaation voimaa – jälleen kerran:

Luku alkaa lyhyellä, mutta *puutteellisella* proteiinien rakenteen ja tehtävien esittelyllä:

"Hydrofiiliset aminohapot haluavat olla lähellä ympärillään olevaa vettä, kun hydrofobiset aminohapot välttävät vettä kuin kalvomolekyylien öljyiset osat, ja nämä molekyylitason mieltymykset auttavat aminohappojonoa laskostumaan lajilleen luontaisella tavalla. Lämpöliike käyttövoimanaan laskostuva proteiini tutkii monia aminohappoketjunsä muotoja, kunnes löytää sen, jossa eniten vettä välttäviä aminohappoja ryppäytyy muodostaen tiukkaan pakkaantuneen ytimen, jonka ympärillä ovat proteiinin pinnan vettä rakastavat molekyylit. Lisäksi jotkin aminohapot vetävät toisiaan puoleensa ja toiset hylkivät naapureitaan, ja myös nämä kemialliset ominaisuudet vaikuttavat proteiinin laskostumiseen. Proteiinin laskostumisprosessi, jonka käyttövoimana ovat vain hallitsemattomasti pomppivat molekyylit, on vielä yksi osoitus itseorganisaation voimasta" (102-103).

Wagnerin innovabiliteetin ”perimmäinen salaisuus” on siis tuo ”itseorganisaatio”. Itseorganisaatiota toki tapahtuu, kuten jo todettiin, sekä elottomassa että elollisessa luonnossa, mutta sillä on rajansa: Osa ribosomilla syntyneestä aminohappoketjusta kyllä laskostuu tällä tavalla, mutta:

”Yhdessä kierteet, levyt ja aminohapot yhdistävät ketjut muodostavat proteiinin (laktaasin) labyrinttimäisen kolmiulotteisen tertiärisen rakenteen, kuten kuvassa 10” (104).

Miksi Wagner sivuuttaa kaperonit ja proteiinien glykosylaation?

Tämä kolmiulotteinen (ja *tarkoin määrätty*) tertiäärinen rakenne on siis se, joka määrää sen toimiiko proteiini, kuten entsyymi, vai ei. Ihmettelinkin miksi Wagner ei mainitse *kaperoneja*, proteiinien laskostajamolekyylejä sanallakaan, vaan puhuu ainoastaan ”itseorganisaation voimasta”. Monet proteiinit näet tarvitsevat avustajamolekyylejä, kaperoneja (engl. *chaperon*) laskostuakseen lopulliseen tarkkaan muotoonsa: Väite ”Proteiinin laskostumisprosessi, jonka käyttövoimana ovat vain hallitsemattomasti pomppivat molekyylit, on vielä yksi osoitus itseorganisaation voimasta”, ei siis ole totuuden mukainen: Ribosomilta syntyvä peptidiketju sisältää siis aminohappoja, joista osa on sähköisesti varautuneita ja/tai vettä hylkiviä (hydrofoobisia) tai vesihakuisia (hydrofiilisiä). Siksi polaaristen eli osittaisen sähkövarauksen omaavien ja lämpöliikkeessä olevien vesimolekyylien ympäröimä ketju hakeutuu näiden voimien yhteisvaikutuksista usein automaattisesti sellaiseen tilaan, jossa sen vapaa energia on minimissään (entropian lain mukaisesti), vettä hylkivät osat keskellä ja vesihakuiset ulkopinnalla. Usein tämä ”itseorganisaation voima” on kuitenkin liian heikko: monesti vettä hylkiviä osia jää syntyvän proteiinin pinnalle, ja jos tilannetta ei heti korjata, ne tarttuvat toisiinsa ja syntyy solulle myrkyllistä sakkaa. Sitä estämään on olemassa suuri joukko monimutkaisia, proteiineista koostuvia avustajamolekyylejä, jotka tunnistavat huonosti laskostuneet proteiinit. Esim. hsp70-niminen kaperoni tarkastaa ja korjaa laskostuneen ketjun heti kun sitä on alkanut vapautua ribosomilta. Toinen hsp60-kaperoni vaikuttaa ”ovelalta ansalta”, joka kaappaa sisäänsä huonosti laskostuneeksi jääneen molekyylin myöhemmässä vaiheessa ja auttaa sitä hakeutumaan vaadittavaan muotoon. (Ks. esim. Alberts ym. *Molecular Biology of the Cell*, Garland Science 2015, s.354-357.) Lisäksi jo valmiit proteiinit voivat vaurioitua myöhemmin menettäen tärkeää kolmiulotteista muotoaan. Kaperonit voivat korjata ainakin lievästi vaurioituneita yksilöitä. Huonosti tai väärin laskostuneet proteiinit aiheuttavat monia sairauksia kuten kystistä fibroosia. Kaperonit ovat itsekin proteiineja ja jotkut sairaudet johtuvat niiden toimintahäiriöistä.

Heino & Vuento (*Biokemian ja solubiologian perusteet*, WSOY, 2007) myöntää, että ”Tertiärrakenteen muodostumisen tarkkaa mekanismia ei tunneta, mutta on selvää, että hydrofobisten sivuketjujen piilottamisella on tärkeä merkitys” (s.62).

Laskostumisen lisäksi, monet proteiinit tarvitsevat jatkomuokkausta, joista tavallisin lienee ns. glykosylaatio eli ”sokerointi”, jolloin muodostuu ns. glykoproteiineja. Hiilihydraatit, kuten sokerit, voivat muodostaa hyvin monimutkaisia, haaroittuvia rakenteita ja ne saattavat sisältää paljon enemmän informaatiota kuin jokin yksittäinen geeni. Eikä DNA:n emäsjärjestyksessä ei ole ohjeita proteiinien glykosylaatioon. Geneettisen koodin, DNA-koodin lisäksi onkin alettu puhua myös ”sokerikoodista”. Sokerikoodilla vaikuttaa olevan keskeinen rooli alkionkehityksessä, sillä solukalvojen glykoproteiinit määräävät mm. solujen jakaantumisnopeuksia, solujen välistä viestien vaihtoa, solujen orientaatiota, liikkumista ja niiden tarttumista toisiinsa. Proteiinien tärkeää glykosylaatiota, sokerikoodia, ei löydy Wagnerin universaalisesta genomikirjastosta.

Kun munan ja kanan piti syntyä yhtä aikaa

Kaperonit (ja sokerikoodi) tuovatkin uusien proteiinityyppien oletettuun evoluutioon lisäongelman, jota Wagner ilmeisesti haluaa vältellä. Eri proteiinityypit näet tarvitsevat omanlaisiaan avustajamolekyylejä. Ja *niiden pitäisi syntyä yhtä aikaa uusien proteiinityyppien kanssa.* ("Etukäteen syntyneistä" olisi pelkkää haittaa, jälkikäteen syntyneille ei olisi jäänyt enää mitään korjattavaa.)

Minimaalisilla muutoksilla voi olla dramaattisia seurauksia. Mutta ovatko ne evolutiivisia innovaatioita?

Näin todetaan mm. sivulla 105:

"Kun histidiini-aminohappoa valmistavaa entsyymiä muutetaan vain yhden aminohapon verran, tuloksena on uusi entsyymi, joka osallistuu tryptofaani-aminohapon valmistukseen."

Samoin eräs kolibakteerin entsyymi muuttuu atomien uudelleen järjestäjästä molekyylien pilkkojaksi yhden aminohapon muutoksella. Tiibetinhänhen happea sitova hemoglobiini, jossa yksi proliini-aminohappo on korvautunut alaniinilla, sitoo happea niin tehokkaasti, että lintu voi lentää 8 km:n korkeudessa. Värinäkö on syntynyt, kun valolle reagoivassa opsiini-molekyylissä on tapahtunut muutaman aminohapon muutos. Ja totta kai myös pistemutaatioiden aiheuttamat bakteerin antibioottiresistenssit on otettu esimerkeiksi siitä, miten helposti evolutiiviset innovaatiot saattavat syntyä.

Tekijä kuitenkin huomauttaa aivan oikeutetusti, että "Näiden innovaatioiden taustalla olevat proteiinit eivät syntyneet tyhjästä. –Onko oikein sanoa niitä innovaatioiksi?" Tuskin, mutta:

"On kuitenkin pohdittava muutosten seurauksia. Lintu saa miljoonia neliökilometrejä uutta elinaluetta ja pystyy ylittämään minkä tahansa vuoriston. Ja miten paljon yksitoikkoisempi maailmamme olisi mustavalkoisena. –Pelkästään dramaattisten seuraustensa takia näitä pieniä muutoksia tulee sanoa innovaatioksi" (107).

Evoluutio on siis keksinyt yksittäisiin ongelmiin (kuten jäätyksen estoon ja hapen sitomiseen) monia ratkaisuja. Sen pitäisi olla todiste evoluution "voimasta", sen "innovatiivisuudesta"? Mutta onko tämä argumentti evoluution puolesta vai sitä vastaan? Mielestäni jälkimmäinen vaihtoehto on oikeampi. Evoluutiolla (makroevoluutiolla) on jo muutenkin riittävästi ongelmia: miten ratkaista ongelma X? Ehkä se lopulta saattoi löytää siihen ratkaisun mekanismilla A. Uskottavaa – ehkä? Mutta kun se löysi siihen vielä täysin toisenlaiset ratkaisut mekanismeilla B, C ja D, kenties vielä E ja F, alkaa epäusko jopa itsestään järjestäytymiseen hiipiä. Mutta jos Luoja loi ja suunnitteli kaiken, miksi niin monta mekanismia saman toiminnon hoitamiseen? Osan voi kyllä ymmärtää, kuten erilaiset globiinit tiibetinhänhineen ja erilaiset, muuttuvat ympäristöt, mutta tuskin kaikkia – eikä ehkä tarvitsekaan. Wagner selittää sitä "kirjastolla" – totta kai:

"Kuinka vaikeaa on löytää proteiini, jolla on tietty merkitys, jonka toiminta auttaa eliötä jäämään eloon?" Jos tällaisia olisi kirjastossa vain yksi, edes suuresta alkuräjähdyksestä kulunut aika ei riittäisi sen löytämiseen. Koska merkityksellisiä proteiineja on valtavia määriä, likimain*

jokaisella elämän ratkaisemalla ongelmalla on oltava useampi kuin yksi ratkaisu. Mutta kuinka monta?” (110-111).

*Eloonjäämisen ja evoluution välille ei kuitenkaan voi automaattisesti vetää yhtäläisyysmerkkiä.

Perusteellisesti tyrmätty esimerkki wagnerilaisesta ”innovaatiosta” (ATP:hen tarttumisen ongelma)

Kuinka vaikeaa on löytää tietyn merkityksen omaavia uusia proteiineja, kuten sellaisia, jotka voivat sitoa itseensä energiapaketti ATP:n? Todisteena tehtävän helppoudesta Wagner tarjoaa Keefen ja Szostakin kokeellista työtä vuodelta 2001, työtä, jonka **Kozulic** ja **Leisola** ovat perusteellisesti tyrmänneet (ja jonka vuoksi se on pakko esitellä perusteellisesti). Wagnerin mukaan evoluutiolla on ATP:hen tarttumisen ongelmaan ”tähtitieteellisen monta ratkaisua”. Onko näin? Kiireinen lukija voi kuitenkin harpata tämän hiusten halkomiseen menevän osion yli sivulle 35. Itse kuitenkin pidän Kozulicin ja Leisolan analyysia nerokkaana ja paljastavana:

*”Vuonna 2001 Harvardissa työskentelevät Anthony Keefe ja Jack Szostak tarttuivat tähän ongelmaan proteiiniperheellä, jonka keksiminen on elämänhistorian keskeisimpiä tapahtumia: proteiinit, jotka sitovat ATP:n... Käyttäkseen ATP:n energiaa, proteiinin on ensin sidottava ATP. – Selvittääkseen, miten harvinaista ATP:n tarttuminen proteiineihin on, Keefe ja Szostak käyttivät kemiallista teknologiaa, jolla voidaan luoda monta keskenään täysin erilaista ja aminohappoketjultaan täysin satunnaista proteiinia. Prosessi vastaa satunnaisten teosten ostamista proteiinikirjaston hyllyltä. Tutkijoiden tuottamat satunnaiset proteiinit olivat 80 aminohapon mittaisia. Koska tällaisia proteiineja on yli 10^{104} *, missään kokeessa ei voida tuottaa niitä kaikkia, mutta tässä kokeessa niitä saatiin vaikuttava määrä, noin 6 biljoonaa eli 6×10^{12} satunnaista proteiinia.*

*Keefe ja Szostak totesivat, että niistä neljä, jotka eivät olleet toisilleen sukua, sitoo ATP:n. Neljä uutta ATP:n sitovaa proteiinia 6 biljoonasta ei vaikuta kovin monelta, mutta kun suhde ekstrapoloidaan mahdollisten ehdokkaiden lukumäärään, tuloksena on paljon suurempi luku. Yli 10^{93} * proteiinia voi sitoa ATP:n. ATP:hen tarttumisen ongelmalla on tähtitieteellisen monta ratkaisua” (111).*

* $10^{104} - 10^{93}$ tekee 10^{11} eli mahdollisuus, että sattumalta syntyisi ATP:n sitova proteiini on tämän työn perusteella noin yksi 10^{11} :sta. Tässä kokeessa ei kuitenkaan ollut kysymys ”luonnollisista sattumista”, sillä sattumat ja niiden aikaansaama valtava muuntelun kirjo oli älykkäästi suunniteltu: DNA-pätkien monistuksessa käytetty PCR-tekniikka tuottaa näet jokaiseen uuteen DNA-sukupolveen keskimäärin 10 000 – 1000 000 kertaa enemmän mutaatioita kuin normaalit solujen jakaantumiset. Tässä mielessä PCR muistuttaa syöpäsolun jakaantumista. Terveessä solussa p53-proteiini pysäyttää tällaisen ”hulluttelun” (ks. alle). Lisäksi Keefen ja Szostakin molekyyleille järjestettiin käytännössä 100 %:n valintaetu (ATP:hen sitoutumattomat proteiinit eliminoitiin). Luonnossa 1 %:n valintaetua pidetään merkittävänä. Sen pohjalta esim. Gillespie on laskenut, että miljoonan yksikön populaatiossa 98 % valinnan suosikeista menetetään. Keefen ja Szostakin työllä ei liene käytännössä juuri mitään tekemistä luonnollisten prosessien kanssa, mutta tulipahan siinä osoitettua, että myös keinotekoinen polypeptidipätkä voi sitoutua ATP:hen – ei muuta (ks. alle).

Biokemistit Branco Kozulic ja Matti Leisola ovat seikkaperäisesti kyseenalaistaneet Keefen ja Szostakin työn ”Have Scientists Already Been Able to Surpass the Capabilities of Evolution”: (<http://vixra.org/pdf/1504.0130v1.pdf>):

Johdannossa he toteavat, että artikkelin otsikko saattaa kuulostaa paradoksaaliselta tai ongelmalliselta. Näin siksi, että myös tiedemiesten, siinä kuin muidenkin eliöiden, voidaan ajatella olevan itse evoluution tuotteita. Miten he siis olisivat voineet ylittää sen kyvyt, vaikka eivät ole pystyneet luomaan edes yhtä ainutta uutta organismia? Artikkelin tarkoitus on osoittaa, että näin kuitenkin on: Keefe ja Szostak ovat ylittäneet sattumaan ja *luonnolliseen* valintaan perustuvan evoluution kyvyt tuomalla peliin *älykkään* valinnan ja teleologian eli *päämäärähakuisuuden*:

Ensiksi: Keefe ja Szostak käyttivät lähtöpopulaationa suurta joukkoa sattumanvaraisia DNA-jaksoja (240 emäsparia), joita monistettiin kopiointivirheille alttiilla PCR-tekniikalla. Niistä lähetti-RNA:n kautta luodut 80 aminohapon mittaiset peptidiketjut eivät kuitenkaan olleet ”syntyperältään” täysin sattumanvaraisia: Tutkijat näet *suunnittelivat* ”lähtökirjaston” menetelmällä, joka lisäsi avoimien lukukehysten määrää satakertaisesti. (Avoin lukukehys tarkoittaa proteiinia koodaavaa DNA-jaksoa, jossa on sekä aloitus- että lopetuskodoni.) Jos tämä huomioidaan, ATP:tä sitovan proteiinin sattumanvaraisen synnyn mahdollisuus ei olekaan yksi 10^{11} :sta, vaan sata kertaa epätodennäköisempi, yksi 10^{13} :sta.

Toiseksi: 6 biljoonaa (6×10^{12}) molekyyliä 80 aminohappoketjun teoreettisessa yli 10^{104} proteiinin kirjastossa on häviävän pieni määrä. Kriitikot sanoisivat, että otanta on liian pieni eli tilastollisesti merkityksetön. Induktiivisen yleistyksen tekeminen tällaisesta pienestä joukosta ei ole millään tavalla perusteltua. Kukaan ei tiedä, olisiko jostain toisesta, tai kolmannelta, tai neljännestä kuuden biljoonan proteiinin joukosta löytynyt yhtäkään ATP:tä sitovaa muotoa.

Wagnerin väite ”Yli 10^{93} proteiinia voi sitoa ATP:n. ATP:hen tarttumisen ongelmalla on tähtitieteellisen monta ratkaisua”, ei siis ole perusteltu. (Tosin kukaan ei voi todistaa sitä vääräksi.)

Kolmanneksi: ATP:tä sitovat proteiinit ovat tämän hetkisen tiedon mukaan kaikkein suurin ja yleisin proteiinijoukko, yli 363 000. ATP on siis kaikkein yleisin proteiineihin sitoutuva molekyyli (ligandi), joka pystyy tarttumaan 35 erilaiseen laskokseen. Niinpä Keefen ja Szostakin valitsema proteiinifunktio ei ole tyypillinen, vaan erittäin epätyypillinen eli yleinen. Ollaksemme realistisia, meidän olisi ATP:n sijasta otettava lähtökohdaksi jokin tyypillinen molekyyli X, joka voi sitoutua ehkä kymmeneen, korkeintaan 30 erilaiseen proteiinimolekyyliin (yli 360 000 sijasta). Tällöin todennäköisyys löytää uusi, molekyyliä X sitova proteiini, pienenee neljä kertaluokkaa ($300\,000/30$ eli 10^4). Silloin mahdollisuus löytää sattumalta uusi, tyypillistä molekyyliä X sitova proteiini ei olekaan enää $1/10^{11}$ eikä $1/10^{13}$, vaan $1/10^{17}$.

Neljänneksi: Keefen ja Szostakin 80 aminohapon pikkuproteiinit ovat harvinaisia: proteiinien keskimääräinen aminohappomäärä on noin 300, ja ihmisen lihaproteiini titiinin n. 50 000. 80 aminohapon sekvenssiavaruus on siis vain 10^{104} , mutta keskimääräisen proteiinin 10^{390} eli 20 kerrottuna itsellään 300 kertaa (jos jokaisessa proteiinissa on kaikki 20 erilaista aminohappoa). Toiminnallisen sekvenssin löytyminen tästä sekvenssiavaruudesta on siis lähes 200 kertaluokkaa epätodennäköisempää eli tilastollisesti ja fyysisesti mahdotonta (ilman Wagnerin ”genotyyppiverkoston poimuajoa”?).

Viidenneksi: Proteiini, joka on todettu toiminnalliseksi *in vitro* (=koelaboratoriossa) ei välttämättä ole sitä *in vivo* eli elävässä solussa: Biologisten systeemien keskeisin ominaisuus on *säätely*. Solussa jokaisen proteiinin toimintaa säätelee monta tekijää ja melkoinen osa niistä on myös proteiineja tai proteiini muodostaa ainakin osan säätelytekijästä. Usein proteiini, joka sitoo jonkin molekyylin, kuten hormonin, tarvitsee toisen proteiinin avun ennen kuin se pystyy irrottamaan otteensa ko.

molekyylistä. Keefen ja Szostakin kokeissa ei tällaista lisävaatimusta huomioitu. Tätä ilmiötä kutsutaan proteiini-proteiini –vuorovaikutukseksi (PPV) ja se *määrittää proteiinin toiminnallisuuden*. Solussa saattaa olla tuhansia erilaisia proteiineja, joten niiden teoreettinen vuorovaikutusavaruus on ”superhypertähtiteellinen”. Tompa ja Rose* arvioivat sen koon olevan välillä 10^{7200} ja $10^{5,4 \times 10^{exp7}}$. Niinpä mahdollisuus, että uusi proteiini reagoi ei-toivotulla tavalla jonkin solun luonnollisen proteiinin kanssa, on paljon suurempi kuin että se reagoisi ”positiivisesti” luomalla jotain uutta. On arvioitu, että jokainen ihmissolun proteiini vuorovaikuttaa 4 – 5 muun proteiinin kanssa, p53** jopa yli sadan. Näin ollen ihmissolun ”interaktomin” eli vuorovaikutusverkoston on arvioitu koostuvan 130 000 – 600 000 erilaisesta PPV:stä. Kun siis puhutaan proteiinin funktiosta, sillä tarkoitetaan useimmiten sen kykyä säädellä solun muiden osien, kuten toisten proteiinien toimintaa. Fyysisesti PPV tarkoittaa sitä, että jossain kohtaa proteiinien ulkopinnat (eli yksittäiset aminohapporyhmät) reagoivat keskenään. Tällöin ainakin toisen proteiinin muoto tai sähkövaraus muuttuu siten, että esim. ATP:n itseensä sitonut proteiini voi irrottaa otteensa siitä silloin kun sen energia on käytetty (eli ATP on ”palanut” ADP:ksi). Anand ym. (viite 33) totesivat, että keskikoinen PPV alue sisältää 15 – 20 aminohappoa. 15 aminohapon vuorovaikutusalueen kaikkien mahdollisten aminohappoketjujen määrä on silloin 20^{15} , jolloin jonkin tietyn ketjun syntymisen todennäköisyys sattumalta on $1/3,3 \times 10^{19}$. Mutta mitä tulee ATP:tä sitovien proteiinien vuorovaikutuspisteisiin niin joissain on vain 12 aminohappoa. Jotta Keefen ja Szostakin ATP:tä sitovasta uudesta proteiinista ei tulisi myrkyllistä, sillä tulisi olla sitoutumispaikka proteiinille, joka vapauttaa ATP:n sitten kun se on palanut ADP:ksi.*** Tällaisen vuorovaikutuspisteen syntymisen todennäköisyys on $1/4,2 \times 10^{15}$. Yllä totesimme, että Keefen ja Szostakin esittämä todennäköisyys $1/10^{11}$ on epärealistisen optimistinen, ja että ilman PPV-vaatimustakin realistisempi todennäköisyys on $1/10^{17}$. Mutta kun myös PPV on huomioitava, todennäköisyys on $1/10^{17+15}$ eli $1/10^{32}$.****

*Viite 26 Kozulicin ja Leisolan artikkelissa.

**p53 on solusykliä kontrolloiva avainproteiini. Jos solun DNA on vaurioitunut korjauskelvottomaksi, p53 estää solun jakautumisen kontrollipisteessä G_1 ja saa aikaan apoptoosin eli ohjelmoidun solukuoleman. Mutta jos solun DNA on vaurioitunut ja p53 ei toimi, solu jatkaa kasvuaan muuttuen syöpäsoluksi. (Solusykliä kontrolloivien proteiinien geeneistä käytetään englanninkielisiä nimityksiä *oncogenes* tai *tumor-suppressor genes*.)

***Stomel ym. testasivat tätä vuonna 2009 ja totesivat, että Keefen ja Szostakin keinotekoisista ATP:tä sitovaa proteiinia sisältävät bakteerit kuolivat (Kozulic ja Leisola, viite 23: A man-made ATP-binding protein evolved independent of nature causes abnormal growth in bacterial cells).

****Szostak itse on sitä mieltä, että epätodennäköisen ja mahdottoman tapahtuman raja on $1/10^{30}$ (Lorsch JR, Szostack JW 1994. Chance and necessity in the selection of nucleic acid catalysis. *Acc Chem Res* 29;2:103-110. doi:10.1021/ar9501378).

Kuudes ongelma ovat ns. uniikkiproteiinit (engl. *singletons*): Nyt kun tuhansien eliölajien genomit on kartoitettu, yllätys on ollut melkoinen, kun on havaittu, että jokainen niistä sisältää satoja tai jopa tuhansia ainutkertaisia, singletoneja koodaavia geenejä. (Tutkijat puhuvat orpogeenistä, engl. *orphan genes*.) Näiden proteiinien aminohappojärjestykset eivät muistuta mitään ns. yleisiä proteiineja (kuten globiinit tai p53) yhtään sen enempää kuin mitä tahansa sekvenssiavaruuden sattumanvaraista proteiinia. Jos esim. verrataan keskenään lähisukulaisina pidettyjen simpanssin ja ihmisen genomia, on havaittu, että ihmisen genomi sisältää ainakin yli 600 sellaista geeniä, jota ei löydy serkkumme perimästä. Vastaavasti simpanssilla on tietääkseni yli 700 orpogeeniä, siis sellaisia, joita ei ole tavattu muiden eliöiden genomeista. Jo tämä yksin tyrmää Wagnerin tarjoaman selityksen kelpoisimman synnylle: Verkottuneet, hypertähtiteelliset metabolia- ja

genomikirjastot. Wagnerin mukaan kehittyvät populaatiot voivat kirjaston ”turvallisia oikopolkuja” pitkin löytää sieltä itselleen uusia geenejä tai siirtyä omien geeniensä neutraalien mutaatioiden kautta uuteen, toisen funktion omaavaan geeniin. Mutta miten hakea kirjastosta tekstiä, jota siellä ei ole?

Olkaamme armollisia Wagnerin kelpoisimman syntyteorialle ja olettaamme, että Kozulicin ja Leisolan arvio $1/10^{32}$ uuden toiminnallisen proteiinisekvenssin synnyn todennäköisyydestä on biljoona kertaa (10^{12}) liian pieni ja että oikea olisi $1/10^{20}$. Mikä on silloin kokonaistodennäköisyys sadan uuden uniikkiproteiinin synnylle?* Se on $1/10^{2000}$. Näin siksi, että jokaisen uniikkiproteiinin täytyy syntyä *samalle sukulinjalle* ja jokaisen proteiinin synty on muista riippumaton. Epätodennäköisyytenä luku on 500 kertaluokkaa suurempi kuin Wagnerin hypertähtitieteellinen proteiini kirjasto (10^{1500}).

*Muistanette, että jokaisessa eliössä on satoja, jopa tuhansia uniikkiproteiineja, singletoneja.

Kun universumikaan ei riitä:

Kozulic ja Leisola siteeraavat **Wein** ja **Hechtin** esittämää vertausta (Kozulic ja Leisola, viite 47: Enzyme-like proteins from an unselected library...): ”Jos haluttaisiin syntetisoida testausta varten kaikki sadan aminohapon pituiset proteiini kirjaston molekyylit, miten monta atomia koe vaatisi? Siihen tarvittaisiin monien meidän maailmankaikkeutemme kokoisten maailmankaikkeuksien kaikki atomit, tarkemmin sanottuna universumeita atomeineen tarvittaisiin 10^{23} kpl.”

Wagner siis toteaa, että ”ATP:hen tarttumisen ongelmalla on tähtitieteellisen monta ratkaisua”, ja jatkaa:

”Massachusettsin Institute of Technologyssa työskentelevät John Reidhaar-Olson ja Robert Sauer tarttuivat samaan ongelmaan toisella tavalla. He keskittyivät säätelyproteiineihin, jotka voivat kytkeä pois päältä bakteereihin tarttuvan viruksen genejä. Viruksen eli bakteriofagi lambda DNA koodaa proteiineja, jotka auttavat sitä replikoimaan ja tappamaan isäntäbakteerinsa.

--Reidhaar-Olson ja Sauer tutkivat viruksen kytkimen lähellä olevan proteiini kirjaston ympäristöä. He loivat siihen monia satunnaisia aminohappoketjuja ja kysyivät, mikä niistä tuottaa toimivan kytkimen, joka estää viruksen geenien toiminnan. Tästä tiedosta he laskivat, että kirjastossa on yli 10^{50} tekstiä, jotka koodaavat toimivan kytkimen. Kun he kokeilivat menetelmäänsä erilaiseen proteiiniin eli aminohappojen tuottamisessa tarpeelliseen entsyymiin, he totesivat, että noin 10^{96} aminohappoketju tekee saman työn kuin tämä entsyymi” (111-112).*

*Oikeampi käännös: ”erääseen toisenlaiseen proteiiniin”.

Oikein laskostuneiden proteiinien osuus mahdollisten proteiini rakenteiden universumissa on kuin pölyhiukkanen Saharassa:

Reidhaar-Olson ja Sauer siis totesivat, että ”noin 10^{96} aminohappoketju tekee saman työn kuin tämä entsyymi”. Tämä on harhaanjohtavasti ilmaistu, koska tutkijat eivät ole mitenkään voineet todeta (*in vivo*), että 10^{96} aminohappoketju tekee saman työn (koska kyseiset ketjut eivät edes mahtuisi maailmankaikkeuteemme). –Eivätkä he edes voineet laskeakaan tekisivätkö nuo 10^{96} aminohappoketjuja saman työn, koska he eivät pelkän aminohappojärjestyksen perusteella voi

tietää, laskostuuko proteiini tarvittavaan 3-ulotteiseen muotoonsa. Artikkelin, johon viitataan, on Reidhaar-Olson JF, Sauer RT: Functionally Acceptable Substitutions in Two Alpha-Helical Regions of Lambda Repressor. *Proteins* 7, 1990, sivut 306-316. Itse en ole sitä lukenut, mutta Kozulic ja Leisola siteeraavat samaa artikkelia. Siinä kirjoittajat ovat heidän mukaansa päätyneet siihen, että tietyn funktionaalisen proteiinin (=oikein laskostuneen) sattumanvaraisen synnyn mahdollisuus on noin 10^{-63} (siis *funktionaalisten* proteiinien osuus *kaikkien mahdollisten*, määrätyn pituisen aminohappoketjun proteiinien joukossa, ”sekvenssiavaruudessa”). Tätä Wagner ei kerro. Niin kuin ei sitäkään, että jo vuonna 1979 elämänsynnyn tutkija **H. Yockey**, tutkittuaan sytokromi C:tä, laski funktionaalisten osuudeksi 10^{-65} . – Tai **Douglas Axe**, joka tutki beetalaktamaasi-entsyymien 153 aminohapon domeenia*. Hän arvioi, että vain noin $1/10^{77}$:stä ketjusta laskostuu riittävän hyvin omataksen biologista aktiviteettia (kirjassa *Undeniable*, HarperOne 2016). **Durston** ja **Chiu** arvelivat todennäköisyydeksi alle 10^{-100} . (Suurin osa polypeptidiketjuista, joiden aminohappojärjestys on summittainen, ei laskostu lainkaan.) Mutta: Neula löytyy heinäsuovasta, kun päästään wagnerilaiseen ”valoa nopeampaan” evoluutioon eli avaruusseikkailusarja *Star Trekistä* meille kaikille tuttuun tähtilaiva Enterprisen poimuajoon, joka onnistuu genotyyppiverkoston ”turvallisia oikoteitä pitkin”.

*Bakteerien tuottama beetalaktamaasi hajottaa penisilliiniä. Se koostuu kahdesta alayksiköstä, domeenista, joissa toisessa on 110 ja toisessa 153 aminohappoa. Jos Axe olisi arvioinut myös todennäköisyyden, jolla 110 aminohapon ketjusta saadaan *toimiva laskos*, kokonaistodennäköisyys olisi ollut vielä pienempi kuin 10^{-77} . Jotta laskostumisen epätodennäköisyydestä saisi edes jonkinlaisen käsityksen, sitä voisi verrata galaksiimme, jossa on arvioitu olevan ”vain” 10^{65} atomia – tai kaikkien koskaan eläneiksi arvioitujen eliöiden lukumäärään (10^{40}) viimeisen 3,5 miljardin vuoden aikana. (Palaan Axen kokeeseen tuonnempana, s.68-69.)

Pienin askelin uuteen funktioon. Uusia proteiineja joka päivä?

ATP:tä sitovien proteiinien suuresta perheestä kirjoittaja siirtyy toiseen suureen proteiinijoukkoon, globiineihin (joista oli puhetta jo aikaisemmin). Nimensä mukaisesti ne ovat kookkaita pallomaisia, happea sitovia molekyyliä, joita on sekä eläimissä että kasveissa. Samalla hän väittää, että *luonto* ”tuottaa uusia proteiineja joka päivä lukemattomissa biljoonissa elävissä eliöissä” (s.112). Tämä kuulostaa harhaanjohtavalta/johdattelvalta – mikäli sillä tarkoitetaan uusia *funktionaalisia* proteiineja, joiden geenit siirtyvät seuraaville sukupolville. Mutta uusien geenimutaatioiden tuottamia viallisia proteiineja syntyy varmasti päivittäin. Mielenkiintoista, että vajaan pari vuotta Wagnerin kirjan ilmestymisen jälkeen ym. biokemisti Douglas Axe julkaisi omansa. *Undeniable*, jossa kanta tähän kysymykseen on päinvastainen: *Luonto* ei tuota uusia funktionaalisia proteiineja. (Luvussa 6 ”Why Proteins Don’t Evolve (Anymore)”. (Tästä enemmän pamfletin lopussa.)

”Miljoonissa muissakin eliöissä on globiineja eikä vain tasalämpöisissä selkärangkaisissa, vaan myös matelijoissa, sammakoissa, kaloissa, meritähdissä, nilviäisissä, kärpäsissä, madoissa ja jopa kasveissa. Jotkin näistä eliöistä ovat samalla elämän jättimäisen puun oksalla ja niillä oli yhteinen esi-isä lähimenneisyydessä. Niillä on ollut yhteinen globiiniteksti suurimman osan ajasta, ne erkanivat toisistaan vasta viime aikoina ja ne ovat edelleen samankaltaiset. Muut ovat eri oksilla, yhteinen esi-isä on kauempana menneisyydessä ja niiden globiinien tekstit ovat erilaiset. Kuitenkin tekstien erilaisuudesta riippumatta kukin niistä toimii hienosti, sillä muuten ne eivät olisi säilyneet. Kukin säilynyt teksti koodaa erilaisen ratkaisun hapen sitomista koskevaan ongelmaan. Ja jokaista jatkumisensa tulevaa tuhatta vuotta kohti elämä vaelttaa yhä pidemmälle proteiinikirjastoon keksien alati uusia tekstejä haparoidessaan sokeasti evolutiivisella matkallaan” (114).

Hypoteettinen yhteinen esi-isä selittää melkein mitä tahansa:

Siis se, että miljoonissa eliöissä on samankaltaisia molekyyliä, kuten globiineja, johtuu siitä, että niillä on ollut yhteinen esi-isä, kantaglobiinin kantaja! Moni katsoo asiaa toisesta vinkkelistä: Miljoonilla eliöillä on samankaltaisia molekyyliä, kuten globiineja siitä yksinkertaisesta syystä, että jokaisella on oma erityislaatuinen *tehtävä** elämän suuressa kokonaisuudessa, riippuvuuksien ja vuorovaikutuksien verkostossa. Sitä varten ne tarvitsevat mm. globiineja. Jotta elämän orkesteri toimisi, se tarvitsee soittajansa ja yksi instrumentti on globiini. Sinfonia edellyttää, että jokainen soitin antaa oman erityislaatuisen äänensä: Palkokasvin juurinystyrän globiinin täytyy sitoa happi paljon tiukemmin kuin ihmisen hemoglobiinin, koska juurinystyrässä ilman tyypeä sitova anaerobinen bakteeri ei siedä happea. Siksi ihmisen ja herneen globiinit ovat erilaisia. Tämä tulkinta ei ole yhtään vähemmän tieteellinen kuin hypoteesi elämän sokeasta hapuilusta jossain proteiinikirjastossa.

*Eliöiden ehkä tärkein piirre on se, että jokaisella on jokin tietty tehtävä/funktio ja siksi jokainen on rakentunut siten, että se voi toteuttaa tuon tehtävän. Rakenne tai molekyyli on tehtävän mukainen; se ei ole se mikä se on siksi, että "sen polku alkoi eliöiden yhteisestä esi-isästä":

"Näiden globiinien aminohappojen erot ovat äärimmäiset, mutta eivät epätavalliset. –Eroista huolimatta näitä ja tuhansia muita, muiden eliöiden globiineja yhdistää proteiinikirjastossa kulkevien katkeamattomien polkujen verkosto. Polut alkoivat eliöiden yhteisestä esi-isästä, ne etenivät yhden aminohapon muuttavan askeleen kerrallaan tekstin merkitystä muuttamatta. Huomannet teeman, jonka kohtasimme jo metabolisessa kirjastossa, jossa evoluutio pääsi kulkemaan pitkälle ja laajasti menettämättä metabolisen fenotyypin merkitystä. Evoluution proteiinikirjastossa ottamat askeleet ovat erilaisia, yhden aminohapon muutoksia horisontaalisen geenisiirron asemasta, mutta periaate on sama. Genotyyppiverkosto yhdistää globiinit ja ulottaa lonkeronsa pitkälle proteiinikirjastoon. Evoluutio tutkii kirjastoa tätä verkostoa pitkin joutumatta molekyyliä hönköilyyn kuolemanvaaralliseen lentohiekkaan" (116).

"Tuhannet luonnon laboratorion proteiinit kertovat saman tarinan: kun ongelma voidaan ratkaista uusilla proteiineilla, olivatpa ne entsyymejä, säätelytekijöitä tai globiinien kaltaisia kuljettajia, ratkaisujen lukumäärä on niin suuri, että sitä ei voida laskea. Ja kaikkia näitä yhdistää valtava aminohapotekstien verkosto, joka levittäytyy koko proteiinikirjastoon... Elämän valtava puu kaikkine proteiineineen on laajuudestaan ja kauneudestaan huolimatta vain suttuinen heijastuma likaisessa peilissä, heikko varjo valtavasta platonisesta maailmasta, jossa genotyyppiverkostot asuvat" (117).

Kun RNA:lle luotiin uusi funktio: kelpoisimman syntyä ohjatuissa laboratorio-olosuhteissa:

Wagnerin mukaan evoluutio (ainakin proteiinien) on ollut mahdollista, koska se on ottanut askeleen kerrallaan ja edennyt neutraalien mutaatioiden turvallisia polkuja pitkin ensin pisteestä A pisteeseen B, jossa se on säilyttänyt funktionsa. Mutta useiden neutraalien mutaatioiden kumuloituessa askel askeleelta, proteiini lopulta saa uuden funktion pisteessä Z. Näitä yhden askeleen turvallisia polkuja pitkin myös RNA voi saada uuden, jopa täysin päinvastaisen funktion. Siitä todisteena kirjoittaja esittää **Schultesin** ja **Bartelin** kokeen vuodelta 2000: S. ja B. "raivasivat

RNA-kirjaston läpi johtavan polun” (s.121-123): Kokeeseen valittiin kaksi alle sadan emäksen mittaista RNA-juostetta, jotka sijaitsivat kaukana toisistaan genotyypikirjaston eri osissa eli niiden ”kirjaimet” olivat erilaiset, mutta eivät mielivaltaiset. Ne olivat RNA-entsyymejä eli *ribotsyymejä*. Kumpikin värähtelee vesimolekyylien lämpöliikkeen vaikutuksesta kolmiulotteiseen muotoonsa ja katalysoi eri reaktion. Ne kiinnittyvät kohde-RNA –molekyyliinsä, jonka jälkeen toinen leikkaa sen kahdeksi pätkäksi ja toinen tekee päinvastoin eli yhdistää kaksi RNA-pätkää:

”Jos käytössä olisi jakaja, olisiko liittäjän löytäminen kirjastosta helppo vai vaikea tehtävä? Entä päinvastainen, jakajan luominen liittäjästä? Toisin sanoen voidaanko näistä molekyyleistä luoda erityinen molekyyli-innovaatio tutkimalla kirjastoa evoluution tapaan? Tehtävää voi pitää mahdottomana, jos ei tunne genotyypiverkostoa, koska molekyylit ovat kovin erilaiset. Ja vaikka se olisi mahdollinen, se voisi olla kohtuuttoman vaikea, sillä yksikin viallisen molekyylin tuottava harha-askel merkitsee kuolemaa evoluutiossa.

Schultes ja Bertel eivät tästä säikähtäneet, vaan aloittivat yhdestä molekyylistä ja kävelivät toista kohti muuttaen edellisen tekstiä kirjain kerrallaan askel askeleelta siten, että kukin askel säilytti molekyylin toiminnon, kuten luonnonvalinta edellyttää. Kemiallisen tiedon perusteella he ennustivat kirjaston läpi johtavat toteuttamiskelpoiset askeleet, valmistsivat kunkin ehdokasmutantin RNA-ketjun ja kysyivät, katalysoiko se edelleen saman reaktion kuin edeltäjänsä. Jos ei, he kokeilivat erilaista askelta.”

Tulos oli kieltämättä mielenkiintoinen ja kokeena hatunnoston arvoinen: Noin 40 askeleen päässä leikkaaja saatiin muuttamaan liittäjäksi ja liittäjä leikkaajaksi siten, että siihen saakka kumpikin molekyyli säilytti alkuperäisen funktionsa! Näin darvinistisen evoluutionkin pitäisi kyetä etenemään. Mutta kuten jo huomautin, tämän luvun 4 otsikon olisi pitänyt kuulua ”proteiinien ja RNA:n jalostus laboratorioissa” eikä ”sirot kaunottaret”. Yo. siteerauksen alleviivauksista käy ilmi, että tätä koetta ei voida millään tavalla rinnastaa darvinistiseen ”sokeaan haparointiin”. Niin tai näin: koe oli joka tapauksessa mielenkiintoinen ja osoittaa sen, että tarkassa ohjauksessa molekyylejä on mahdollista manipuloida ja ”opettaa” niille uusia tehtäviä. Ja näinhän mm. lääketieteellisyys on toiminut jo pitkään laajentaakseen mm. luonnollisten antibioottien vaikutuskirjoa. Schultesin ja Bartelin koe on järjestelyiltään melko saman kaltainen kuin Keefen ja Szostakin: Tutkijat keinotekoisesti nopeuttivat uusien mutanttien syntyä, jonka jälkeen valinta sataprosenttisen tehokkaasti eliminoi kaikki ei-toivotut ja sataprosenttisesti valitsi (ja *säilytti*) kaikki toivotut *tiedon perusteella ennustaen*. Mutta entä sokean haparointi ja hypyt hänen yrittäessään ylittää rotkoa hyppimällä neljänkymmenen pylvään päästä toiseen?

Sitä hän itsekin epäilee:

”Kokeessa kirjastoa tutkittiin yhdellä lukijalla, ei niinkään suurilla populaatioilla, jotka toimivat todellisessa evolutiivisessa ajassa. Lisäksi tämä lukija ei käyttänyt sokeita, satunnaisia askeleita, vaan sitä ohjasi asiantuntevien tiedemiesten kemiallinen tieto: sen askeleet oli suunniteltu siten, että ne pysyvät genotyypiverkostossa. Tästä syntyi pieni epäily. Auttaako genotyypiverkosto myös todellista evoluutiota, sokeasti kehittyviä RNA-populaatioita innovoimaan? Vastauksen saamiseen kului kymmenen vuotta ja se tuli Zürichin laboratorion evoluutiokokeesta.

Monet ajattelevat, että evoluutio etenee hitaasti kuin jäätikkö ja sen tulokset näkyvät paljon pitemmässä aikaskaalassa kuin lyhyen elämämme kuluessa. Tämä pätee ihmisen evoluutioon, jossa tuhannessa vuodessa on vain 50 sukupolvea, mutta monien eliöiden sukupolvet ovat paljon lyhyempiä, esimerkiksi E. colin, joka lisääntyy kahdenkymmenen minuutin välein. 50 sen

sukupolvea elää alle vuorokaudessa. Ja RNA-molekyylit replikoituu muutamassa sekunnissa samankaltaisella molekyylin kopiokoneella, jolla DNA replikoituu. Tuhansia sen sukupolvia mahtuisi yhteen päivään.

Nopeasti replikoituvat eliöt ja molekyylit mahdollistavat kunnianhimoiset kokeet, joilla evoluutio toistetaan laboratoriossa. Nämä laboratorion evoluutiokokeet seuraavat, miten evoluutio muuntaa kokonaisia populaatioita monien sukupolvien mittaan. RNA-molekyylit ovat erityisen kiehtovia samasta syystä kuin ne olivat keskeisiä varhaisessa elämässä. Niissä on sekä genotyyppi, joka replikoituu ja mutatoituu, että valikoituva molekyylitason fenotyyppi yhtenä erittäin tiiviinä, kehittyvänä pakettina” (123).*

*”Varhainen elämä” RNA-molekyyleineen taitaa siis olla mielikuvitusta, kuten jo totesimme luvun kaksi yhteydessä.

Toistan:

”Tästä syntyi pieni epäily. Auttaako genotyyppiverkosto myös todellista evoluutiota, sokeasti kehittyviä RNA-populaatioita innovoimaan? Vastauksen saamiseen kului kymmenen vuotta ja se tuli Zürichin laboratorion evoluutiokokeesta.”

Evolutiivista poimuajoa Zürichin laboratoriossa:

Miten sokea tuo Zürichin koe sitten oikeasti oli? Se selvinnee kokeen kuvauksesta:

”Ryhmässäni Eric tutki ribotsyymiä, RNA-entsyymiä, jonka ansioista jotkin bakteerit ilmentävät geenejään. Tämä entsyymi (isoleusiinin siirtäjä-RNA, jossa on noin 200 ”kirjainta”) tunnistaa RNA-ketjut erityisestä kirjainjaksosta, katkoo ne ja yhdistää toisen ketjun paloista itseensä. (Monissa eliöissä on molekyylejä, jotka tunnistavat ja katkovat erityisiä DNA- ja RNA-tekstejä niinkin erilaisiin tarkoituksiin kuin infektoivan viruksen vieraan DNA:n tuhoamiseen ja lyhyiden DNA-pätkien yhdistämiseen suuremmiksi merkitykselliseksi teksteiksi.) Esitin tälle entsyymille yksinkertaisen kysymyksen: voivatko genotyyppiverkostot muuntaa sen tunnistamaan uuden RNA-molekyylin?” (124).

Kopiointivirheille alttiilla ”molekyylitason kopiokoneella” tästä entsyymistä luotiin yli miljardi kopiota. Näin molekyylipopulaation siroteltiin mutaatioita. Mikä tuo kopiokone oli, sitä ei kerrota. Oliko se PCR:n kaltainen menetelmä, joka tekee 10 000 – 1 000 000 kertaa enemmän kopiointivirheitä kuin solu? Jos oli, koejärjestely ei imitoinut luonnollisen evoluution muuntelun syntyä (vrt. Keefen ja Szostakin koe).

Sitten:

”Tämän jälkeen Eric käytti kemiallista temppua, jonka ansioista vain ne mutaatiot replikoituivat, jotka pystyivät edelleen reagoimaan RNA-kohteensa kanssa. (Siis tämän suhteen neutraali mutaatio?) Temppu tyydytti luonnonvalinnan keskeisen edellytyksen, että molekyylin toiminto siirtyy seuraavalle sukupolvelle” (124).

Näin siis tässä laboratoriojalostamossa. Entä reaaliologiassa? Miten usein ja miten mutaatiot, tässä tapauksessa *neutraalit*, siirtyvät muuttumattomine toimintoineen seuraavalle sukupolvelle? Kaikesta ”päättävät” sattuma, olosuhteet, hyvä tai huono onni eli ns. kohina. Darwinistisen evoluution keskeisin dogmi on käsittääkseni se, että luonnonvalinta ei voi millään tavalla vaikuttaa

näkymättömiin neutraaleihin mutaatioihin. Tässä kokeessa Eric valitsi, mutta molekyyli evoluution neutraaliteoriassa (Kimura) evoluutiota ohjaa pelkkä geneettinen ajautuminen eli sattuma. Onko tämä jäänyt Wagnerilta huomiotta? [Toisaalta, geneetikot (kuten Sanford), ovat sitä mieltä, että neutraaleja mutaatioita ei ole olemassakaan; mutaatioilla on aina jokin vaikutus, todennäköisesti hyvin lievästi haitallinen (vaikka emme vielä tunne niitä).] Keefen ja Szostakin työn ruotimisen yhteydessä puhuin proteiini-proteiini –interaktioista. Entä lievästi muuntunut ribotsyymi? Elävässä solussa silläkin on todennäköisesti interaktioita. Rupeaako se kenties tunnistamaan myös kohdemolekyyliinsä ulkopuolisia RNA-jaksoja ja kiinnittymään niihinkin – tai tarttumaan (ja sakkautumaan) joihinkin muihin ribotsyymeihin?

Kymmenen sukupolven jälkeen ”eloon jääneissä” molekyyliissä oli jo 5 – 10 mutaatioita. (Massiivinen määrä solun tuottamiin RNA-kopioihin verrattuna!) Tässä vaiheessa ”miljardi lukijaa oli levittänyt kirjastoon”.

”Populaatiossa oli nyt monta erilaista RNA-molekyyliä, jotka kytkeytyivät vanhempiinsa yhden kirjaimen muutosten sarjalla. Valinnan pakottamina molekyylit olivat säilyttäneet fenotyyppinsä (=funktionsa), vaikka niiden genotyyppi oli muuttunut. Koska populaatio levittäytyi kirjastoon, Ericin koe osoitti, että tämän fenotyypin RNA-entsyymeillä on genotyyppiverkosto” (125).

Huomaa: ”Valinnan pakottamina” (=älykkään valinnan), vaikka kyseessä piti olla neutraalievoluutio. Edellinen, Schultesin ja Bertelin RNA-koe herätti siis epäilyjä Wagnerissakin:

”...tämä lukija ei käyttänyt sokeita, satunnaisia askeleita, vaan sitä ohjasi asiantuntevien tiedemiesten kemiallinen tieto: sen askeleet oli suunniteltu siten, että ne pysyvät genotyyppiverkostossa. Tästä syntyi pieni epäily. Auttaako genotyyppiverkosto myös todellista evoluutiota, sokeasti kehittyviä RNA-populaatioita innovoimaan?”

Totta on, että Ericin RNA-populaatiot ”kehittyivät (mutatoituivat) sokeasti” (evolutiivisella poimuajolla), mutta entä sen jälkeen? Eikö ”sokeus” päättynyt ”pakottavaan ja ennakoivaan valintaan”?

Kokeen toisessa osassa otettiin verrokkipopulaatioksi alkuperäinen RNA-kanta (jossa oli vain identtisiä molekyyliä). Molempia populaatioita kehitettiin (ja valikoitiin) erillään monessa replikaation ja valinnan kierroksessa, jossa niille annettiin katkaistavaksi uusi RNA-molekyyli (jossa yksi fosforiatomi oli korvattu rikillä, joka tekee entsyymien työstä vaikeamman). Kierrosten lopussa kantapopulaatiossa oli tietysti vähemmän mutaatioita, koska se oli käynyt läpi vähemmän kierroksia. Nyt katsottiin, kumpi populaatio oli oppinut uuden tehtävän nopeammin, alkuperäinen, ”kirjaston” yhteen pisteeseen keskittynyt, vai ”kirjastoon jo laajasti levittäytynyt” mutanttikanta. Tuloksena oli, että vm. mainittu oppi homman *kahdeksan kertaa nopeammin* kuin alkuperäinen ”tiukasti paikallaan oleva populaatio”.

”Genotyyppiverkoston ansiosta populaatio keksii tämän ratkaisun nopeammin. Ja tämä ennuste oli kohdallaan. Osaamme ennustaa innovabiliteetin vaikkamme osaa ennustaa yksittäisiä innovaatioita” (126). – Vakuuttavaa?

Luku 5: Johtamisen salaisuudet

Geenien säätelypiirit uusien innovaatioiden lähteenä?

Tässä ja seuraavissa luvuissa kuvataan geenien säätelypiirejä, joita kirjoittaja horisontaalisen geenisiirron ja monipuolisten ympäristöjen lisäksi pitää kolmantena suurena ”modernin” innovaation lähteenä. Viimeistään 1960-luvulla alkoi käydä ilmeiseksi, että geenimutaatiot, jotka ovat enemmänkin haitallisia kuin hyödyllisiä, eivät voi selittää makroevoluutiota. Vuonna 1970 ilmestyneessä kirjassaan *Evolution by Gene Duplication* **Susumo Ohno** esitti, että evoluutio etenee geenien säätelyn (ja geenien kahdentumisien) kautta. Sitten kun ns. isäntägeenit oli löydetty, säätelyteoria sai lisää tuulta purjeisiinsa ja ajatusta popularisoi mm. jo mainitsemani Sean Carroll *Cell*-lehden artikkelissaan *Endless forms: the evolution of gene regulation and morphological diversity* (*Cell* 2000, 101; 6: 577-580).

Klassista rappeuttavaa mutaatioita esitellään evoluution innovaationa:

Wagner aloittaa tutulla esimerkillä, laktoositoleranssin aiheuttavilla mutaatioilla: *”Ne kuuluvat vahvimpiin evoluution viime aikoina genomiimme jättämistä nimikirjoituksista.”* – Vaikka todellisuudessa *aikuisen* laktoositoleranssi on sairaus, kuten kansainvälisesti arvostettu geneetikkomme **Leena Palotie** totesi: *”Minusta on ironista, että niin kutsuttu sairaus onkin normaali tila.”* (*New Scientist* 2002, 173;2326:13). (Lääkärinä olen täysin samaa mieltä: Maito on imeväisten ravintoa, mutta sitä ruokajuomana litkimällä jopa litran – kaksi päivässä aikuinen suomalaismies lihottaa itsensä kakkostyyppin diabeteskuntoon.) Wagnerille laktoositoleranssi on kuitenkin merkittävä ”innovaatio”:

”Ehkä yllättäen laktoosista johtuvalla ruuansulatushäiriöllä on syvälinen yhteys innovaation. Niitä yhdistävä tekijä on säätely, laktaasigeenin kaltaisten molekyylien toiminnan viritys. Säätely ulottuu paljon suolistovaivoja laajemmalle, sillä se vaikuttaa loputtomasti muunteleviin eliöihin meduusan kauniisti aaltoilevasta sateenvarjosta hain kuolemanvaaralliseen torpedoruumiiseen...Säätely on kehittynyt valtavasti hämärästä synnystään ensimmäisissä soluissa, joissa se tasapainotti kalvosäiliön RNA-genomin kasvua. Yli kolme miljardia vuotta myöhemmin säätely muovaa jokaisen planeetan elävän ruumiin. Ja innovabiliteetin selitys on täydellinen vasta, kun ymmärretään, miten uusi säätely ilmaantuu ” (128).

Koska tiedämme, *a priori*, että evoluutio (eli kehitys ”alkeellisesta kypsään tilaan”) on totta, ja koska nykyinen elämä on niin moninaista ja monimutkaista, on muinainen elämä ilman muuta ollut paljon yksinkertaisempaa. Koska ensimmäinen eliö oli pelkkä kalvosäiliö, joka sisälsi RNA:ta, on säätelyn täytynyt kehittyä valtavasti. Olemmeko nyt löytäneet innovabiliteetin täydellisen selityksen ja ymmärryksen: miten uusi säätely ilmaantuu? Katsotaan:

Ymmärrys alkaa laktaasigeenin allosterisen säätelyn kuvauksella, jonka selvittämisestä **Monod**, **Jacob** ja **Lwoff** saivat lääketieteen Nobelin v. 1965. (Monodista tuli tämän jälkeen yksi niistä, joka kuvitteli selvittäneensä elämän salaisuuden, ”syvän yksinkertaisuuden” ja hehkutti sitä paatoksellisessa eepoksessaan *Sattuma ja välttämättömyys* (*Chance et nécessité*). Ja periaate onkin ”nerokkaan yksinkertainen”: Laktaasientsyymi (beeta-galaktosidaasi) on kookas proteiini, jossa on yli tuhat aminohappoa. Se pilkkoo maitosokerin kahdeksi ”perussokeriksi”, glukoosiksi ja galaktoosiksi. Sen tuotanto kuluttaa energiaa, eikä solun kannata syntetisoida sitä, jos maitoa ei ole saatavilla. Tällöin geenin yläpuolelle (”vastavirtaan”), alueelle, josta DNA:n transkriptio RNA:ksi alkaa, on kiinnittynyt *säätelytekijäproteiini*, joka muodostaa tiesulun estäen RNA-polymeraasin eli

DNA:n kopiokoneen toiminnan. Sääteilyproteiinissa (transkriptiotekijässä) on laskos, joka sopii laktaasigeenin sääteilyalueen eli promoottorin DNA-kirjaimiin kuin avain lukkoon. Mutta jos laktoosia on paikalla, laktoosi tarttuu sääteilytekijään ja muuttaa sen muotoa niin että sen ote DNA-kirjaimista kirpoaa ja näin laktaasin tuotanto käynnistyy. Kun kaikki laktoosi on hajotettu, sääteilytekijän alkuperäinen muoto palautuu ja se tarttuu promoottoriin uudelleen lopettaen laktaasin tuotannon.

Laktaasin promoottorialueelle voi tulla mutaatioita eli muuttunutta DNA:n emäsjärjestystä. Tällöin geenin luentaa estävä sääteilytekijä ei ehkä voikaan kiinnittyä siihen ja geeniä kopioidaan jatkuvasti RNA:ksi ja siitä laktaasiksi. Laktaasin jatkuva tuotanto kuluttaa solun energiavarastoja, mutta jos laktoosia on jatkuvasti tarjolla, luonnonvalinta ei karsi mutantteja. Näin on käynyt esimerkiksi Suomessa, jossa suurin osa meistä on mutantteja. Normaalisti ihmisen laktaasin tuotanto loppuu vähitellen 5 – 12 vuoden iässä, aikana jolloin kuuluu siirtyä aikuisten ruokavalioon. 90 % maailman aikuisväestöstä ei siedäkään maitoa. Maito on siis imeväisten ravintoa ja mutanttien janojuomaa. Maito ei ole välttämätöntä varttuneempien lasten eikä varsinkaan aikuisten luuston terveydelle, vaikka kotimainen markkinointi niin väittääkin. Aikuisten ruokajuomana käyttämällä maidolla lienee merkittävä yhteys suomalaisten lihavuuteen. Lisäksi moni luulee, että rasvaton maito on *kaloritonta*. (Tämä perustuu omaan tutkimustietoon: olen vuosikymmenien aikana haastatellut tuhansia ylipainoisia potilaitani. Aika monet ovat tunnustaneet litkivänsä valkoista janojuomaa jopa 2 – 3 litraa päivässä!)

Melkein kaikki on yhteydessä melkein kaikkeen. Jos jokin yhteys muuttuu, muuttuuko samalla moni muu? Jos kyllä, mihin suuntaan?

Laktaasigeeniä ilmennetään vain ohuensuolen limakalvon soluissa, mutta on paljon geenejä, joita ilmennetään monissa eri solutyypeissä ja eri tavoin. Siksi geenien ilmentymisen sääteilyalueet koostuvat usein monista on-off –kytkimistä ja vielä sillä tavalla, että sääteily (on tai off) voi olla erittäin heikkoa, heikkoa, keskinkertaista, vahvaa tai erittäin vahvaa. Sääteilytekijät ovat proteiineja tai lyhyitä RNA-jaksoja ja niitä koodaavat geenit saattavat sijaita kaukana säädettävästä geenistä. Wagnerin mukaan Ihmissoluista on löydetty yli 2000 erilaista sääteilytekijää, jotka toimivat kymmenissä erilaisissa sääteilypiireissä. (Tieto vuodelta 2004. Sen jälkeen niitä lienee löytynyt lisää ns. roska-DNA:sta?). Ja kun säädeltäviä eli proteiineja koodaavia geenejä on noin 23 000, syntyy niistä sellainen ”orkesteri”, jota ei hallita edes ns. ”kehittyneillä tietokoneohjelmilla”. Lisäksi sääteilygeeneillä on omat säätelijänsä ja niillä taas omansa: Geeniä D säätelee tekijä C, sitä B ja sitä A. Tätä kutsutaan *sääteilykaskadiksi*. Sääteilytekijät eivät kuitenkaan muodosta lineaarisia ketjuja, vaan monimutkaisia, *integroituja sääteilypiirejä*, joissa ne säätelevät toisiaan. Tilannetta monimutkaistaa vielä se, että säätelijä A, joka säätelee D:tä, voi lisäksi säädellä jopa satoja muita geenejä, kuten ns. isäntägeeni *Pax6*, joka vaikuttaa alkion kehityksen varhaisvaiheessa (monissa eliöissä ihmisestä karpäsiin).

Geenin sääteilyalueen mutaatio = innovaatio?

Kirjan kuvassa 16 on kuvattu yksinkertainen viiden geenin sääteilypiiri. Nämä geenit voivat joko aktivoita tai estää (repressio) toisiaan. Jos geeni A ilmentää sääteilytekijäproteiinia, joka kääntää geenin B luennan on-asentoon, sanotaan, että niiden välillä on toimiva ”johdin”. – *Piirin johdin on siis yhden geeniparin välinen säätö*. Toimiva johdin on olemassa myös silloin, jos esim. geeni C kääntää jatkuvasti aktiivisen geenin D väliaikaisesti off-asentoon. Voi syntyä myös *uusi johdin* (=uusi

toiminto, ”innovabiliteetti”), jos geenin E promoottorissa tapahtuu mutaatio, joka vastoin aikaisempaa, sallii geenin A tuottaman säätelytekijän kiinnittyä siihen. Tämä on siis innovabiliteettia ja sillä saattaa olla tärkeä rooli sopeutumisessa, mikroevoluutiassa. Vastaavasti mutaatio voi muuttaa promoottorialueen DNA-järjestyksen siten, että säätelytekijä ei voikaan enää kiinnittyä siihen ja geenin ilmentyminen jää pysyvästi esim. off-tilaan. Tällöin piirin johdin on katkennut (ja sekin voi olla innovabiliteettia).

Piirin tila voi siis muuttua ja kutakin tilaa kutsutaan sen *ilmentymisen hahmoksi*. Yksi ilmentymisen hahmo voi olla sellainen, että A aktivoi geenit B ja E, mutta estää geeniiä D, B aktivoi geenit C ja D, mutta geenit E ja C estävät sitä. Hahmo on samalla myös piirin *fenotyyppi* (ilmiasu).

Näiden viiden geenin säätelypiirien teoreettinen kokonaismäärä on jo yli 800 miljardia, jos jokaisella geenillä on *vain kolme* vaikutusmahdollisuutta: aktivaatio, repressio tai ei vaikutusta. (Geenipareja on 5x5 eli 25 ja kun jokaisella parilla on kolme mahdollista vaikutusta, 3 kerrotaan itsellään 25 kertaa, josta tulos on yli 800 miljardia.) *In vivo* eli luonnossa piirejä on paljon enemmän: Selkärankaisten alkionkehitystä säätelee noin 40 isäntä- eli Hox-geeniä, joita ilmentetään eri solukoissa eri tavalla. Jos jokaisella on vain kolme mahdollista vaikutusta, piirien *teoreettista* määrää kuvaa luku, jossa ykkösen perässä on 700 nollaa (s.146)!

Kaikkein aktiivisimmillaan nämä piirit lienevät alkion kehityksen varhaisvaiheessa, silloin kun hedelmöittynyt munasolu, tsygootti alkaa jakaantua. Huomautan jo nyt lyhyesti, että *suurin osa alkion kaavoittumiseen tarvittavasta informaatiosta vaikuttaa sijaitsevan tuman ja geenien ulkopuolella, jättimäisessä, polaarisessa munasolussa, sen mikroarkkitehtuurissa ja ”lokeroitumisessa”*.

Geenisäätely ja ns. isäntägeenit ovat tässä prosessissa silti olennaisen tärkeä tekijä. Esimerkiksi hyönteisalkion segmentaatiota, ruumiin kaavoittumista ohjaa ensin ”pääsäätelygeeni” nimeltään *engrailed*. Tätä geeniä ilmentetään vuorotellen seitsemässä alkion osassa ja seitsemässä sitä ei ilmentetä. Näin muodostuu yhteensä 14 segmenttiä. Niistä joka toinen on säädetty on- ja joka toinen off-tilaan siinä mitä tulee ruumiin ulokkeisiin, jalkoihin, siipiin ja tuntosarviin. Tämän jälkeen Hox-geenejä aletaan ilmentää on-tilassa olevissa segmenteissä. Kuitenkin, jos joku isäntägeeni ilmentyy väärässä segmentissä, siihen kasvaa väärä ruumiinuloke, esim. jalka tuntosarvien asemasta:

”Segmentaatiopiiri määrittää segmenttien lukumäärän ja sen jälkeen Hox-piiri määrittää segmenttien identiteetin eli mihin segmenttiin kasvavat jalat, mihin siivet ja niin edelleen” (138).

”Geenien säätelytanssi” ei yksin muovaa ruumiita – geeni/mutaatio-keskeinen moderni synteesi on vanhanaikainen:

”Jos osattaisiin ennustaa säätelytanssi, joka muovaa kärpäsistä ihmisiin ulottuvat ruumiit, osattaisiin ennustaa, miten elimet, kudokset ja solut muodostuvat ja miksi eri elimillä on hyvin erilaiset rakenteet. Se olisi melkoinen saavutus. –Lisävaikutena on, että monissa piireissä on paljon enemmän geenejä kuin tässä (kuva 16, jossa siis viisi geeniä), kymmeniä säätelytekijöitä, joista syntyy ihmismielen kykyjen ulottumattomissa oleva tiheä, keskinäisen säätelyn pitsi. On kuitenkin toiveita, että tietokoneet pystyvät kuvaamaan piirin koreografian matemaattisilla yhtälöillä, käsittelemään yhtälöitä piiaivoillaan ja ennustamaan piirin geenien ilmentymisen hahmot” (139).

Mutta koska geenit eivät ole se keskeisin tekijä, joka määrää ruumiin kaavan ja anatomian, yritykset ennustaa taustalla pyörivät geenien tanssit ovat turhia (jos ruumiin muovaakin jokin muu "tanssi").

"Yhteisen selkärangan lisäksi yli 60 000 selkärankaislajilla, kuten kaloilla, nisäkkäillä, liskoilla ja linnuilla on uskomattoman monimuotoiset ruumiit. Monimuotoisuus perustuu kuitenkin samankaltaisiin rakenteisiin, koska kaikilla selkärankaisilla on yhteinen esi-isä yli 500 miljoonaa vuotta sitten" (140-141).

Tämä ei ole kovin hyvä argumentti ja se voidaan kääntää pääläelleen (tai "kyljelleen") eikä vastaargumentti ole yhtään sen vähemmän looginen tai "tieteellinen": Selkärankasilla on samankaltaisia rakenteita a), koska niillä on sama suunnittelija, b) koska niiden toiminnallisuus (eloonjääminen) edellyttää juuri näitä rakenteita: maamyyrä tarvitsee kaivuuryäpyläänsä ja lepakko siipensä. Yhteinen esi-isä argumentti ei silti ole epälooginen. Monet seikat tekevät sen kuitenkin vähemmän uskottavaksi, mm. yllä mainitut sadat, jopa tuhannet singletonit, "uniikkiproteiinit" ja orpogeenit. Design selittää ne paremmin.

"Raajat ovat maalla elävien selkärankaisten keskeisiä innovaatioita. –Muuttamalla niiden kokoa evoluution tapaan saadaan esiin monia erikoistuneita toimintoja, kuten juoksemiseen mittatilaustyönä kehittyneet ohuet hevosen jalat ja lentämistä varten hioutuneet siivet.

Vanhat ja uudet raajat ovat syntyneet säätelytekijäperheestä, jota meduusasta ihmiseen ulottuvat tuhannet eliöt käyttävät ruumiissaan. Vaikka nämä säätelytekijät ovat ruumiin normaalissa kehityksessä olennaisia, niitä koodaavien geenien nimi homeobox- eli Hox-geeni tulee niiden osuudesta homeoosissa. Tämä prosessi tuottaa epämuodostuneita eliöitä, kun näitä geenejä mutatoidaan...elämän reseptien muuttamisella on dramaattisia vaikutuksia sekä hyvässä että pahassa. – Hox-geenien piiri ilmentää erilaisia geenien yhdistelmiä niskan, rintakehän ja vatsan alueilla, kun selkärankamme kehittyy kohdussa. Kukin yhdistelmä on geenin ilmentymisen koodi. Yksi on-off –hahmo määrittää niskan nikamat, toinen rintakehän nikamat ja niin edelleen.

-- Eikä evoluutio päättynyt tähän. Vuosimiljoonien mittaan se muunsi evät raajoiksi muuttamalla, hiomalla ja erilaistamalla evien Hox-koodia" (141-142).

Hox-koodien "hiominen" ei muuta evää jalaksi: Evän ja jalan "hahmot" on munasolussa koodattu Hox-geenien ulkopuolelle. (Tästä tarkemmin tuonnempana.)

Dilemma: Ruumiinkaavan ja anatomian säätämiseen osallistuvien "päägeenien" ja Hox-geenien piti olla olemassa ennen ruumiita:

"Hox-perhe" todennäköisesti selittää *lajityyppien* (esim. kanalinnot) nopeaa muuntelua/sopeutumista suku- ja heimotasolla, mutta täysin uusien rakenteiden ja ominaisuuksien syntyyn tarvitaan siis muutakin. (Seikka, johon on jo muutaman kerran viitattu eli munasolun eigeeneettiseen informaatioon, josta lisää tuonnempana.) Ja huomaa, että päägeenien (kuten *engrailed*) ja isäntägeenien (*Hox*) on täytynyt olla olemassa jo *ennen ruumiita* eli yksisoluisissa eliöissä! Mistä ja miten tämä perhe syntyi? Se ei voinut syntyä vasta silloin kun ruumiita jo oli. Ja mitä ne tekivät yksisoluisissa eliöissä muuta kuin kuluttivat energiaa (ja haittasivat muita solutoimintoja)? Selkärankaisilla on siis noin 40 erilaista Hox-geeniä, meduusalla muistaakseni

kaksi. Meduusan kaltaisten eliöiden piti kuitenkin edeltää selkärankaisia. Mistä 38 lisä-geeniä? Geenien kahdentumistako? Tuskin, sillä geenin kahdentuminen vain *nopeuttaa* haitallisten mutaatioiden kumuloitumista molempiin (Sanford, s.157-161).

*”Hox-piirit olivat keskeisiä raajojen kaltaisten uusien **ruumiinosien** synnyssä, samoin käärmeiden kaltaisten uusien **ruumiinrakenteiden**. Näiden innovaatioiden synnyn yksityiskohdat ovat kenties kadonneet ikiajoiksi historian hämärään, mutta yksi periaate on kristallinkirkas: niiden synty perustui säätelyn muutokseen” (143).*

Hox-geeneissä ei ole ”piirustuksia, rakennusohjeita”:

Onkohan kirjoittaja tarkoituksella jättänyt kertomatta, että Hox-piirit ovat vain *sallivia* tai *estäviä*, eivät *ohjeellisia*? Ne eivät synnytä mitään uutta. Ne vain mahdollistavat tai estävät muualla piilevän informaation ilmentämistä tai lukemista (”transkriptiota” ja ”translaatiota”). Eli ne kontrolloivat vain raaka-aineiden tuotantoa ja metaboliaa.

”Nämä ja sadat muut esimerkit osoittavat säätelyn kyvyn innovoida” (145).

Wagnerin kaksi esimerkkiä kuvaavat kuitenkin kovin vaatimattoman tasoista ”innovaatiota”, ns. mikroevoluutiota: perhosen siipitiplän syntyä ja mäkilitukan lehtien liuskoittumista! Entä miten evoluutio löysi liuskottumiseen tarvittavat innovaatiot, piirit ja kytkentäkaavat? Vastaus: säätelyalueiden mutaatioilla: Metabolia- ja proteiinikirjastojen tapaan kullakin geneettisellä piirikirjastolla on naapurit, eli ne piirit, joissa vain yksi tai muutamat johtimet ovat erilaiset:

”Evoluutio pystyy helposti tutkimaan ympäristön muutamalla askeleella, DNA:n muutoksilla, jotka muuttavat vain yhden DNA-sanan ja luovat tai tuhoavat kahden geenin välistä säätelyä” (147-148).

Tällä viitataan rakennegeenien säätelyalueiden, kuten promoottorien ja *tehostajajaksojen* (engl. *enhancer*) mutaatioihin, joihin säätelyproteiinit ja -RNA:t kiinnittyvät. Mutaatio saattaa siis muuttaa säätelytekijöiden kiinnittymiskykyä. Yksi askel on siis yhtä kuin säätelyalueen yksi pistemutaatio:

”Evoluutio tutkii piirikirjastoa satunnaisten selaavien lukijoiden joukolla, eläinpopulaatioilla, joissa piirit muuntuvat ajoittaisten DNA:n kopiointivirheiden seurauksena, ja ne syntyvät, kun vanhemmalta lapselle siirtyvä geeni luetaan väärin. Kullakin mutaatiolla voi olla kahdenlaisia seurauksia. Se voi vääristää säätelytekijän (säätelyproteiinin tai –RNA:n) muodon, jolloin se ei tunnista DNA:ta. Tai se voi muuttaa jonkin säätelytekijän tunnistamista DNA:n ”sanoista”, joko katkaisemalla yhden johtimen piiristä tai, oikeastaan häiritsemällä säätelytekijän vaikutusta geeniin, tai luomalla uuden johtimen, uuden molekyyllisanan, jonka jokin (toinen) säätelytekijä tunnistaa” (149).

”Ensimmäisen lajin muutos (säätelyproteiinin tai –RNA:n mutaatio) johtaa tuhoon, koska kukin säätelytekijä vaikuttaa niin moniin muihin geeneihin. Säätelytekijän DNA:n tunnistuskyvyn tuhoaminen muistuttaa monimutkaisen reseptin raaka-aineiden sekoittamista väärin, jolloin koko annos epäonnistuu. -- Toisen lajin (DNA-sanan) kopiointivirhe muistuttaa kuitenkin reseptin painovirhettä. – Voidaan ajatella, että toisen lajin muutokset ovat siedettävämpiä ja ne voivat

tästä syystä kasautua evolutiivisen ajan mittaan. Jos näin on, ne muuttavat piirin kytkentäkaaviota hitaasti” (149).

Geenin säätelyalueen mutaatio, uuden johtimen synty tai vanhan katkaisu on siis yhtä kuin ”innovaatio”:

”Vertaamalla miljoonien vuosien mittaan erillään kehittyneitä, esimerkiksi joidenkin yli tuhannen erilaisen banaanikärpäslajin piirejä, havaitaan, että siedettävimmät muutokset ovat kohdistuneet johtimiin, evät niinkään piirin geeneihin itseensä. Evoluutio muuttaa useampia piirejä johdin kerrallaan, koska piirigeeneihin koskeminen on tuholla leikkimistä. Lisäksi nämä pienet kytkennän muutokset todella kasautuvat ja muuttavat piirejä, mutta prosessi ei suinkaan ole hidas. Syynä on se, että säätelytekijän DNA:n avainsana voi olla vain viiden kirjaimen mittainen ja tuhansien kirjainten päässä geenistä. Pelkästään sattumalta eli satunnaisin muutoksin voidaan helposti luoda uusia avainsanoja ja uusia johtimia piiriin” (149-150).

”Havainto” perustunee uskoon jonkin tietyn molekyylikellon tarkkuuteen, joka on antanut ajaksi ”miljoonia vuosia”. Toinen välttämätön uskomus on yhteinen kantamuoto, jonka jälkeläiset ovat noiden miljoonien vuosien saatossa molekyyliin erilaistuneet. Entä, jos kello ei olekaan tarkka (tai, jos kärpäsiä jo alun perin oli useamman sorttisia)?

Toinen dilemma: Geenien säätelyalueiden piti syntyä yhtä aikaa säädettävien geenien kanssa:

Wagner: DNA:n avainsana voi olla vain viiden kirjaimen mittainen: Näin on, mutta moni on pidempi; ”satunnaisin muutoksin” uusia avainsanoja voidaan helposti luoda vain 5 – 8 DNA-kirjaimen mittaisiin pätkiin, siis sellaisiin DNA-jaksoihin, joihin säätelytekijä kiinnittyy kuin avain lukkoon. Uuden (ja spesifoidun, tarkoin vaadittavan) viiden kirjaimen mittaisen avainsanan syntymisen todennäköisyys on 4^{-5} eli 1/1024 mutta kymmenen kirjaimen mittaisen jo alle 1/1000 000 puhumattakaan 18 – 20 kirjaimen mittaisesta jaksosta. Promoottorien sekä toisen tyyppisten säätelyalueiden eli tehostajajaksojen olemassaolo lisää toiminnallisten rakennegeenien naturalistisen synnyn epätodennäköisyyttä huomasti, sillä niiden täytyi syntyä yhtä aikaa säädettävien geeniensä kanssa. Säätely on geenitoiminnan ydin, kuten Wagnerkin toteaa. Ilman säätelyä geeni on kuin tehtaan liukuhihna, joka on koko ajan joka on- tai off-tilassa.

Jean O’Micks (Ph.D. in biology) on osoittanut ProMute simulaatio-ohjelmalla, että pidempiä promootoreita ei voi syntyä satunnaisten mutaatioiden kautta (Promoter evolution is impossible by random mutations, *Journal of Creation* 2016, 30;2:60-66).

Wagner mainitsee geenipiirin yksittäisten geenien monet piirin ulkopuoliset vuorovaikutukset melkein kuin ohimennen, vaikka kyseessä on yhtä huomioon otettava seikka kuin proteiini-proteiini –vuorovaikutukset, joista oli puhetta aikaisemmin. Geenipiirin uudelleen johdotuksesta seuraavilla ilmiöillä voi olla ennalta arvaamattomia vaikutuksia muihin piireihin.

”Kahdessa miljoonia vuosia sitten toisistaan eronneessa (olut)hiivalajissa tämä piiri on saanut täysin uudet johdotukset ja jopa niiden säätelytekijät ovat nykyään erilaiset. Kumpikaan piireistä ei ole kehnempi, sillä muuten se ei olisi säilynyt. Luonto on ratkaissut saman säätelyongelman kahdella erilaisella, mutta yhtä pätevällä tavalla. Lisäksi pienten mutaatioaskelten polku yhdistää nämä ratkaisut toisiinsa, koska lajeilla on yhteinen esi-isä. –

Tasapainon saavuttaminen ehkä vaikuttaa hienovaraiselta asialta, johon on vain yksi paras ratkaisu, mutta nytkin kaksi eri hiivalajia on keksinyt yhtä tehokkaita ratkaisuita, jotka säätelevät näitä geenejä täysin eri tavoin” (154). (Tästä enemmän tuonnempana, sivulla 66.)

Samaan ongelmaan täytyy olla useita ratkaisuja ainakin siksi, että eliöt, vaikka niillä onkin solubiologian tasolla paljon yhteistä (standardisointi), niillä tuppaa olemaan sitäkin enemmän eroavaisuuksia, ja ne elävät mitä erilaisimmissa ympäristöissä. Koska ympäristöjä on kuin ”tähtiä taivaalla”, täytyy ”kirjastoissakin” olla piirejä vähintään yhtä paljon. – Ja jälleen kerran kirjoittajan logiikka on degeneroitunut samaan vanhaan kaavaan: ”Koska lajeilla on yhteinen esi-isä, niin...”. Kirjoittaja sortuu myös toistuvasti samaan, sanoisinko naivin oloiseen allegorisointiin, josta jo **Thomas Huxley** moitti Darwinia: Populaatioita ja luonnonvalintaa kuvataan ikään kuin älykkäinä, suunnittelevina toimijoina (jotka kuitenkin vaeltavat kirjastoissaan vailla päämäärää):

”Samanlaisen geenin ilmentymisen piirit fenotyypin ovat järjestäytyneet valtaviksi ja pitkälle ulottuviksi genotyyppiverkostoiksi. Ja se vaikuttaa verkostossa päämäärättä vaeltavaan lukijoiden joukkoon, joka kuvainnollisesti hakee jotain luettavaa, mutta todellisuudessa siirtyy paikasta tasaisen, suuntaamattoman mutaation voiman ajamana, ja se muuttaa piirejä hitaasti säätelyvuorovaikutus kerrallaan: vaikka jotkin askeleet sotkevat piirin ilmentymisen koodin, monet muut säilyttävät sen ja näin lukijat pääsevät kulkemaan genotyyppiverkostossa. Vaeltaessaan lukijat saapuvat uusiin ympäristöihin, joiden teksteillä on alati uusia merkityksiä ja ilmentymisen fenotyyppijä, joista yksi voi käynnistää seuraavan suuren asian elämän arkkitehtikilpailussa. Nytkin genotyyppiverkostot ja niiden monimuotoiset ympäristöt luovat innovabiliteetin” (155).*

*Muuttuvatkohan ne nyt hitaasti vai ei-hitaasti, koska sivuilla 149 ja 150 sanotaan, että ”hitaasti” tai ”prosessi ei suinkaan ole hidas, koska DNA:n avainsana voi olla vain viiden kirjaimen mittainen”?

”Kirjastojen samankaltaisuudet ovat salaperäisiä. Miten metabolisen, proteiini- ja säätelykirjastojen innovabiliteetilla on sama lähde, kemiallisen merkityksen kirjasto, jolla on yhteinen luokittelujärjestelmä? Vastaus on näkymättömässä kädessä, joka ohjasi maailmaan kauan ennen niiden syntymää: itseorganisaatiossa, vieläpä sen oudossa lajissa. Tartumme siihen seuraavaksi” (155-156).

Kolmas dilemma: Why Proteins Don't Evolve (Anymore)? (Miksi proteiinit eivät kehity – enää?)

Tämä dilemma liittyy ”johtamisen salaisuuksiin”, mutta esittely on loogisempaa vasta pamflettini lopussa, sivulla 69.

Luku 6: Piilotettu arkkitehtuuri

Elämä on kuin Lego-laatikko:

Kirjan tämä luku kuvaa aluksi systeemibiologien, Marc Kirschnerin ja John Gerhartin popularisoimaa evo-devoa (kirjassaan *The Plausibility of Life: Resolving Darwin's dilemma*, 2005). Tästähän oli puhetta jo alussa:

”Tuolloin syntyi evolutiivinen kehitysbiologia eli ”evo-devo” uutena tutkimusalana, jonka tavoitteena oli yhdistää alkion kehitys, evoluutio ja genetiikka. Evo-deosta saatiin huikeita näkymiä siihen, miten geenit mahdollistavat alkion kehityksen yhteistyössä kuin orkesterin muusikot.

Toistaiseksi näistä näkymistä ei kuitenkaan ole syntynyt kilpailevaa teoriaa modernille synteisille” (24).

Sean Carrollin kehittämästä evo-devo -teoriasta Kirschner ja Gerhart johtivat ”sovellutuksen”, josta he käyttävät nimitystä *facilitated variation* (”helpotettu”, tai ”helpoksi tehty/herkistetty” muuntelu). Muuan biologi, kirjan luettuaan, totesi, että sehän on kuin olisi kreationistien kirjoittama (vaikka K ja G eivät sitä ole).

Kirschnerin ja Gerhartin kirjassa elämä (aivan oikein) kuvataan systeeminä, joka koostuu kolmen perustavaa laatua olevan komponentin yhdistelmästä:

- ”Lujatekoiset/vankat” (pysyvät) solurakenteet ja funktiot sekä ruumiinkaavat,
- modulaariset säätelymekanismit, jotka voidaan purkaa helposti (kuin Lego-palikat) ja järjestää uusiksi piiri- ja kytkinyhdistelmiksi, jotka luovat muuntelua aktivoimalla alkionkehityksen aikana eri komponentteja uusin ajoituksin, määrin ja paikoituksin,
- viestijärjestelmät tätä kaikkea koordinoimaan.

Ensimmäinen (*robust core processes*) käsittää solujen ja eliöiden muuttumattomat eli koko oletetussa evoluutioprosessissa ”säilyneet” (engl. *conserved*) perusrakenteet (kuten lipidikalvot ja ruumiinkaavat) sekä ydintoiminnot (kuten ATP-pohjainen energian tuotanto). Toinen (Lego-palikat) käsittää geenit ja niihin linkittyneet säätelyjärjestelmät, jotka toimivat toisistaan helposti irroteltavina ja uudelleen liitettävänä moduuleina, mutta joita itseään ei voida hajottaa. Lapsi kuvaa kolmatta tekijää eli viestijärjestelmää, joka luo mahdollisuuden löytää uusia tapoja rakentaa merirosvolaiva:

”Merirosvolaiva voidaan rakentaa monella muullakin tavalla kuin Lego-paketin kuvaamalla. Biologiassa tämä yksinkertainen tosiasia ilmenee luonnon genotyyppiverkoston ansiosta löytäminä moninkertaisina ratkaisuina esimerkiksi eliön jäätymiseltä suojaamisen ongelmaan” (158).

Lapsen on kuitenkin tyydyttävä leikkimään niillä palikoilla, jotka laatikko antaa. Itse laatikko on elämän kolmesta peruskomponentista ensimmäinen: Pysyvät solurakenteet, funktiot ja ruumiinkaavat.

Palaan Kirschnerin ja Gerhartin teoriaan vielä tuonnempana, mutta pysytään nyt tässä luvussa kuusi: Vielä toistetaan elinvoimaisuuden merkitystä, sitä, että eliöillä on mitä erilaisimpia metabolisia ja geneettisiä ratkaisuja samoihin ongelmiin, koska eliöt ovat niin erilaisia ja joutuvat sopeutumaan mitä erilaisimpiin ympäristöihin. Innovabiliteetin salaisuus siis piilee tässä elinvoimaisuudessa – elinvoimaisissa ”kirjastoissa”, joissa vaeltavat etsijät saattavat löytää kaikenlaista hyödyllistä lukemista. – Eikä tämä kaikki tietenkään ole aivan tuulesta temmattua, vaikka kirjastoista ei löydykään kaikkea sitä, mitä makroevoluutio tarvitsisi. Esimerkkinä Waddingtonin elinvoimaiset kärpäset, jotka tästä kaikesta huolimatta ovat pysyneet kärpäsinä:

*”Ajatus elämän elinvoimaisuudesta syntyi viimeistään 1940-luvulla, kun biologi ja filosofi C. H. Waddington tutki genotyypiltään erilaisia kärpäsiä, ja havaitsi, että niiden ruumiit olivat samanlaiset siipiensä suonituksen ja selkäpuolensa karvoituksen pienintä yksityiskohtaa myöten. Hän sanoi ilmiötä, jossa kehitys tuottaa yhden määrätyn lopputuloksen olosuhteiden pienistä vaihteluista riippumatta **kanalisaatioksi**, joka on elinvoimaisuuden synonyymi. – ruumiinrakenteet olivat elinvoimaisia geneettisten muutosten suhteen” (158).*

Saman on osoittanut oluthiivalla tehdyt geenien poistokokeet (engl. *knock-out*): Laboratorio-olosuhteissa hiivat jäävät usein henkiin, vaikka jotain geenejä poistettaisiinkin, koska olosuhteet ovat vakaat, ympäristö ei juurikaan muutu, joten hiiva voi hylätä tässä ympäristössä tarpeettomat geenit.

Elinvoimaisilla metabolioilla ja genomeilla saattaa siis olla paljon lähinaapureita yhden askeleen eli yhden mutaation (neutraalin) päässä. Niihin ”tutustumalla” eliö voi turvallisesti edetä evolutiivisella retkellään, jota Wagner kutsuu ”genotyypiverkostojen selailuksi”: eliö voidaan ”johdottaa uudella tavalla” ilman haitallisia seuraamuksia.

”Genotyypiverkostot ovat jälleen yksi esimerkki luvussa 2 kohtaamastamme kattavasta itseorganisaatiosta. Sama ilmiö kattaa sekä elävän että elottoman maailman galaksien muodostumisesta kalvojen kokoonpanoon. Genotyypiverkostot ovat kuitenkin omintakeinen itseorganisaation esimerkki. Ne eivät ilmaannu ajan mittaan ja tässä suhteessa ne poikkeavat galakseista, joiden itseorganisaatio perustuu kosmisen aineen painovoimaan**, tai biologisista kalvoista, joiden itseorganisaatio syntyy veden lipidimolekyylien viha-rakkaus –suhteesta. Genotyypiverkostot ovat luonnon kirjastojen ajattomassa*, ikuisessa maailmassa. Niillä on kuitenkin varmasti järjestyksen muoto, joka on niin monimutkainen, että olemme vasta oppimassa ymmärtämään sitä ja tämä järjestys syntyy itsestään (tietokoneissa, in silico?) Galaksien ja kalvojen tapaan kirjastojen itseorganisaation periaate on yksinkertainen: elämä on elinvoimaista. Elinvoimaisuus on sekä genotyypiverkostojen kannalta välttämätöntä, sillä muuten merkitykseltään samat tekstit olisivat erityyksissä toisistaan, että riittävää. (Huonoa käännöstä: parempi: ”Elinvoimaisuus on g-verkostojen kannalta sekä välttämätöntä, sillä... että riittävää.”) Genotyypiverkostot ilmaantuvat, kun metaboliat, proteiinit ja säätelypiirit ovat elinvoimaisia** (163).*

*Genotyypiverkostot eivät ilmaannu ajan mittaan, ne ovat ajattomassa, ikuisessa maailmassa, mutta ilmaantuvat vasta sitten, kun metaboliat, proteiinit ja säätelypiirit ovat elinvoimaisia?

**Painovoima (+pimeä aine) tosin pitää galaksit koossa, mutta ei voinut synnyttää niitä oletetun alkuräjähdyksen vety- ja heliumpilvestä, koska atomien liike-energia oli monta kertaluokkaa suurempi kuin painovoima. Kun kaasupilvi tiivistyy, se kuumenee ja tällöin painovoima/liike-energia –suhde entisestään pienenee. ”Klassisesta alkuräjähdyksestä” olisi voinut syntyä korkeintaan yhä laajeneva vety-heliumpilvi (Williams-Hartnet: *Dismantling the Big Bang*, Master Books 2005). Laitoin sulkuihin ”pimeä aine”, koska painovoima yksin – sellaisena kuin se tunnetaan, ei riitä pitämään galakseja koossa. Siksi kosmologit ovat joutuneet turvautumaan tuntemattomaan: pimeään aineeseen (ja pimeään energiaan).

”Elinvoimaisuus riittää genotyypiverkostojen luomiseksi, mutta genotyypiverkostot yksinään eivät riitä evoluution kannalta. Syynä on, että evoluution on täytettävä kaksi vaihtoehtoa, jotka vaikuttavat keskenään ristiriitaisilta. Evoluution on oltava samanaikaisesti säilyttävää ja edistyksestä... Säilyttäminen on luonnonvalinnan tehtävä. Se on evoluution muisti ja sen kyky

säilyttää pienetkin parannukset riittävän ajan mittaan on niin suuri, että se tuntuu käsittämättömän uskomattomalta" (163-164).

Kelpoisuuden eli fenotyypin periytyvyys on lähes olematon:

Kummastuttaa, että eikö kirjoittaja tiedä luonnonvalinnan ominaisuuksista muuta kuin sen mitä on lukenut *Lajien synnystä*:

"Kuvaannollisesti puhuen voimme sanoa luonnollisen valinnan joka päivä ja hetki kaikkialla maailmassa tähystelevän pienempiäkin muunteluja, hyläten huonot, säilyttäen ja kartuttaen hyviä, äärettömästi ja huomaamatta työskennellen, milloin ja missä suinkin tilaisuutta tarjoutuu, jokaisen eliön kehittämiseksi suhteessa orgaanisiin ja epäorgaanisiin elinehtoihinsa" (Lajien synty, s. 117).

Totuus on toinen: **Kimura** arvioi, että fenotyypin kelpoisuuden periytyvyysarvot voivat olla jopa niin alhaisia kuin 0,004. Tämä johtuu siitä, että kokonaiskelpoisuus, johon valinta vaikuttaa, sulkee sisäänsä kaiken tyyppistä *kohinaa*, joka on peräisin sekä yksilön että sen ympäristön erilaisista piirteistä/lähteistä. Esim. **Merilla** ja **Shelton** sekä **Kruuk** ym. vahvistivat vuonna 2000, että kokonaissopeutuvuuden periytyvyysarvot ovat tavallisesti liian pieniä mitattaviksi luonnollisissa populaatioissa. Tästä enemmän geneetikko **John Sanfordin** kirjassa *Eliömaailma rappeutuu*, luvussa 6, Kohinan lähempi tarkastelu.

Ensimmäiset silmät olivat kaikkein kehittyneimmät:

Luonnonvalinnan ihmeellistä säilytyskykyä korostettaessa on tapana kertoa tarina silmän evoluutiosta:

"Vaikka Darwin ei tiennyt proteiinikemiasta mitään, hän uumoili, ja nykyään me tiedämme, että selkärankaisten monimutkaiset silmät hienostuneine linseineen ovat pitkän, asteittaisten muutosten sarjan viimeinen tulokas" (165).

Mistä he sen tietävät? Siitä, että ne ovat olemassa! (Ja siitä syystä niiden on täytynyt kehittyä.)

"Pienet, asteittaiset parannukset ovat säilyttämisen arvoisia ja niin luonnonvalinta tekikin. Tiedämme sen, koska ne ovat edelleenkin monilla eläimillä: joillain laakamadoilla on silmäkuppi, joillain etanoilla on silmäkuoppa ja mustekalojen sukulaisella, monikammioisia kotiloita rakentavalla helmiveneellä on neulasilmäkamera ja yksinkertaisia linsejä on niinkin primitiivisillä eliöillä kuin meduusoilla" (165).

Mutta me tiedämme, että laakamadoilla on silmäkuppi, etanoilla silmäkuoppa, helmiveneellä neulasilmäkamera, koska ne tarvitsevat juuri sellaista silmää, ja jokaisella eliöllä on oma paikkansa ja oma *erityistehtävänsä* biosfäärissä, vuorovaikutusten, palveluiden ja vastapalveluiden laajassa verkostossa. Laakamadoilla, sekä nykyisillä että menneillä, on aina ollut silmäkuppi, koska se on niiden eloonjäämisen kannalta tarpeellinen, mutta helmivene tuskin pärjäisi sillä. Wagnerin logiikka on kehäpäättelyä: koska tiedämme, että kehitys yksinkertaisesta monimutkaiseen on totta, silmienkin täytyi kehittyä. Koska on olemassa sekä yksinkertaisia että kehittyneitä silmiä, evoluutio on totta. Suunnitteluargumentti ei ole yhtään sen epäloogisempi/epätieteellisempi. Ja kaiken lisäksi, yksi kaikkein vanhimmista silmistä, trilobiitin silmä, oli myös kaikkein kehittynein,

selkärankaissilmääkin tarkempi. Tiedämme tämän, koska monet trilobiittifossiilit ovat niin hyvin säilyneitä:

Trilobiiteilla oli kolmenlaisia silmiä. Ensimmäinen oli *holokroaalinen*. Siinä oli yli 10 000 yhteen sulautunutta kaksoislinssiä. Näkö oli erittäin tarkka ja pienenkin liikkeen havaitseminen helppoa. Näkökyky maalla ja vedessä oli hyvä. Toinen tyyppi oli *skitsokroaalinen*. Siinä oli muutama sata erillistä isoa linssiä. Kolmas oli *abathokroaalinen*, jossa oli muutamia kymmeniä pieniä kalsiittilinssejä.

Trilobiitit olivat jo ratkaisseet yksikerroksiseen linssiin liittyvän pallopoikkeaman ongelman kahdella eri tavalla. Mitä taas tulee lajiin *Homo sapiens*, heistä vasta René Descartes ja Christian Huygens pystyivät samaan. Trilobiitit näkivät maailman kolmiulotteisena – jopa yhdellä silmällä tavalla, mihin muunlaiset silmät eivät kykene. Millään muulla eliöllä ei ole näin nerokkaita optisia järjestelmiä (ks. Pekka Reinikainen: *Eläimet opettavat*, TV7 kustannus 2016 tai www.trilobites.info/eyes.htm).

Neutraalien mutaatioiden voimaa?

”Paremmat, eliöitä pienin askelin parantavat muutokset ovat tärkeitä innovaation kannalta, mutta ne eivät ole ainoa DNA:han vaikuttava muutoksen laji. Monet mutaatiot eivät vahingoita tai ole avuksi syntyessään.

Aina ei ollut selvää, että neutraalit muutokset saattavat vaikuttaa innovaatioon. Ei myöskään miksi. Oikeastaan luonnonvalinnan ja neutraalin muutoksen suhde oli keskeisessä asemassa historiallisessa kiistassa, joka käytiin darwinismin luonteesta 1900-luvun viimeisen kolmanneksen mittaan. Molekyylibiologian mullistus, joka oli tuolloin jo käynnissä, oli paljastanut, että nisäkkäistä banaanikärpäsiin ja bakteereihin ulottuvissa luonnonvaraisten eliöiden populaatioissa oli hämmästyttävän paljon geneettistä muuntelua: saman lajin jäsenten DNA:n tuhansien geenien tekstit muuntelivat. Hyvinä darwinisteina useimmat tiedemiehet uskoivat, että luonnonvalinta määrittäi useimpien muunnosten kohtalon: yleisimmät muunnokset väistämättä paransivat eloonjäämistä tai lisääntymistä.

Valinnan kannattajien vastustajat olivat äänekkäitä neutralisteja, joiden mielestä useimmat muutokset eivät vaikuta eliöön eikä valinta näe niitä. Ne ovat neutraaleja ilmaantuuksaan ainakin ensimmäisen kerran.

*...neutralistien kovaäänisin kannattaja oli japanilainen tutkija Motoo Kimura. Hän kehitti hienostuneen ja toimivan matemaattisen teorian selittämään neutraalien mutaatioiden evolutiivisen kohtalon. Kimura väitti, että **suurin osa** luonnossa esiintyvistä geneettisestä muuntelusta on neutraalia. Genomin tutkimuksen kausi on opettanut, että hän oli tässä suhteessa väärässä: neutraalit muunnokset ovat yhtä yleisiä kuin ne, jotka tuottavat edun*. Kuitenkin hänen aavistuksensa neutraalien muutosten tärkeydestä oli täysin oikea, vaikka syyn ymmärtämiseen kului muutama vuosikymmen” (166-167)*

*Eivät ole; neutraalit ovat paljon yleisempiä kuin ne aniharvat, jotka ”tuottavat edun”. Populaatiogeneetikot tietävät, että **mutaatiot ovat voimakkaasti painottuneet neutraalia kohti** (ks. Sanford s.29).

”Yksi syy on, että neutraali muutos on ratkaisevaa genotyypiverkostossa liikkumisen kannalta. Luonnon kirjastoja selaavat saavat neutraalista muutoksesta turvallisen tien kulkea merkityksettömien tekstien vaarallisen alueen läpi kohti innovaatiota. Ilman

genotyyppiverkostoja ja niiden sallimia neutraaleja muutoksia luonnon kirjastojen tutkiminen olisi likimain mahdotonta.

Toinen syy on, että neutraalina ilmaantunut muutos ei välttämättä pysy sellaisena. Aikanaan neutraaleista muutoksista voi tulla innovaatioiden olennaisia osia.... Ja näin käy, kun luonnonvalinta säilyttää ne.* –Kun neutraalit muutokset ovat avanneet tien innovaatioon, valinta säilyttää innovaatioon vaikuttaneet neutraalit muutokset”* (167).

*Väärin käännetty: Alkuteksti: "Once- neutral changes can turn into essential parts of innovations... And once they do, natural selection can preseve them". Eli: "Aikanaan neutraaleista muutoksista voi tulla innovaatioiden olennaisia osia... **Ja kun näin käy**, luonnonvalinta, voi säilyttää ne." Valinta siis ei säilytä neutraaleja muutoksia, vaan ne ovat alttiita *kohinalle*, sattumalle eli geneettiselle ajautumiselle. Valinta säilyttää muutokset vasta sitten, kun niistä on tullut sellaisia ei-neutraaleja muunnoksia, joilla on jokin valintaetu. Pietiläisen käännöksen mukaan neutraaleista mutaatioista tulee innovaatioita vasta sitten kun luonnonvalinta säilyttää ne (siis neutraalit muutokset).

Hammerhead ribotsyymi (ja muut RNAt) kiihdytysajossa virtuaalisten genotyyppiverkostojen neutraaleilla valtateillä:

"Jo yksi esimerkki, perusteellisesti tutkittu hammerhead-ribotsyymi –niminen RNA-entsyymi, kuvaa, missä määrin neutraalius ja genotyyppiverkostot kiihdyttävät innovaatioiden etsintää. Tämän RNA-entsyymin tehtävä on pilkkoa RNA erityisessä nukleotidiketjun pisteessä. Ribotsyymi sai nimensä vasarahaita (englanniksi hammerhead shark)) muistuttavasta muodostaan, jonka ansiosta se hoitaa tehtävänsä riittävän hyvin, muttei välttämättä optimaalisesti. Jossain RNA-molekyylin valtavassa kirjastossa voi olla uusia muotoja, uusia fenotyypejä, joiden ansiosta ribotsyymi toimisi tehokkaammin.

Jos genotyyppiverkostoja ei olisi, RNA-kirjaston lukijoiden joukko eli kehittyvä RNA-populaatio, joutuisi kokoontumaan tätä RNA:ta koodaavan 43 kirjaimen mittaisen tekstin ympärille ja se voisi tutkia vain ne muodot, jotka ovat siitä yhden kirjaimen muutoksen päässä (=yhden "askeleen" päässä). Tällä RNA-entsyymillä sattuu olemaan 129* naapurua ja koska osamme laskea niiden muodot**, voimme määrittää, että tässä ympäristössä (=lähinaapuristossa) on 46 uutta muotoa. Se on muotojen määrä, jonka evoluutio pystyy tutkimaan ilman genotyyppiverkostoja" (168).*

[Tarkennettuna: kun ensimmäisen askeleen päästä löytyi *laskennallisesti* 46 uutta muotoa (sekundaarirakennetta), tarkoittaa se, että 83 (129 – 46) muutosta oli neutraalia eli sama sekundaarirakenne säilyi.]

*Kirjastossa 43 kirjaimen mittaisella RNA-tekstillä on 129 naapurua, koska naapurissa jokaiselle RNA-kirjaimelle on kolme muuta vaihtoehtoa.

**Ribotsyymien sekundaarirakenne osataan laskea sen emäsjärjestyksestä, koska se syntyy itseorganisaation vaikutuksesta: RNA laskostuu, kun ketju veden lämpöliikkeen ja RNA-molekyylien sähköisten ominaisuuksien vaikutuksesta vääntyy ja jotkin sen nukleotideista tarttuvat toisiinsa muodostaen molekyyliin lyhyitä kaksoiskierteen pätkiä. Toiminnan kannalta tärkeitä tertiäärirakenteita ei kuitenkaan osata laskea. Tätä vaikeuttaa mm. se, että saavuttaakseen vakaita rakenteita, RNA-ketjut edellyttävät lisäreaktioita metallionien kanssa. (Tässä viite Schuster P. ym 1994: From Sequences to Shapes and Back –A Case-Study in RNA Secondary Structures... ja maininta, että "Ei tiedetä, päteekö tämä tertiäärirakenteisiin ja niiden toimintoihin". s. 233.)

”Entä genotyypiverkostojen kanssa? Jos astumme vain tekstin neutraaleihin naapureihin (83 kpl.), joilla on sama hammerhead-muoto ja määritämme niiden naapureiden muodon” (168):

Näillä 83:lla neutraalilla naapurilla on *jokaisella erikseen* 129 sellaista omaa naapuria, jotka poikkeavat niistä yhdellä kirjaimella eli $129 \times 83 \times 83 = 10\,175\,781$. Niiden joukosta löytyi jo 962 uutta muotoa eli *laskennallista sekundaarirakennetta*. Kun nämä pudotettiin pois ja laskettiin jäljelle jääneiden $10\,174\,819$ neutraalien muutosten lähinaapureiden muodot, löytyi niistä jo 1752 uutta muotoa. Eli kun tietokoneen genotyypiverkoston ”turvallisten neutraalien muutosten oikopoluilla” edettiin vain kaksi lisäaskelta, uusia muotoja löytyi 40 kertaa enemmän kuin ribotsyymien välittömässä läheisyydessä. Ja jokin näistä *saattaa toimia paremmin*, tai sillä voi olla jopa jokin uusi funktio.

Me emme kuitenkaan tiedä, voiko hammerhead-ribotsyymin saada tällä tavalla uusia (haitallisia?) funktioita. Ylläesitetty on teoriaa: uudet muodot (lasketut *sekundaarirakenteet*) löytyivät virtuaalisen *in silico*-maailman neutraaleilta poluilta. Esimerkki on silti mielenkiintoinen.

Wagnerin mukaan genotyypiverkosto nopeutti hammerhead-ribotsyymien ”evoluutiota” 40-kertaiseksi* ja tämä ”muistuttaa *Star Trekin* poimuaajoa, tieteiskirjallisuuden ratkaisua valoa nopeampaan tähtien väliseen matkustamiseen” (s.168). Onko tämä sitä itseorganisaation outoa lajia, jota tässä luvussa luvattiin esitellä?

*Välittömässä (virtuaalisessa) naapuristossa oli vain 46 uutta muotoa, mutta kaksi askelta kauempana 1752 ($1752:46 \approx 40$).

Ja kun genotyypiverkoston neutraaleja haamupolkuja edetään vielä pidemmälle, vauhti vain kiihtyy:

”Kekseliäät tieteiskirjailijat ovat olettaneet ”madonreikien” kaltaisia teknologioita, joiden ansioista tuhansien valovuosien päässä oleviin paikkoihin voidaan siirtyä silmänräpäyksessä. Genotyypiverkostot vaikuttavat toimivan samalla tavalla. Ne kutistavat metabolioiden, makromolekyylien ja säätelypiirien tekstien välistä etäisyyttä” (169).

Neula löytyy helposti heinäkasasta

Madonreikien jälkeen Wagner siirtyy heinäkasaa ja kuvittelee, että ”joukko evoluution lukijoita, eliöpopulaatioita (ja niiden geneettisiä säätelytekijöitä) on kerääntyneenä lähelle tekstiä, joka kuvaa erityisen ilmentymisen koodin piiriin, joka muovaa jotain ruumiinosaa, kuten linnun siipeä”:

”Seuraavaksi kuvitellaan, että jossain säätelypiirien kirjaston osassa on uusi koodi, joka muuntaa siipeä hieman aerodynaamisemmaksi tai kevyemmäksi. Mitä pidemmälle lukijoiden on kuljettava löytääkseen sen, sitä enemmän aikaa ne tarvitsevat tämän innovaation löytämiseksi. Ensi näkemältä tällaisen valtavan kirjaston seikkailu on kuin tietyn neulan etsimistä heinäkasasta” (169).

Neula löytyy kuitenkin helposti, koska tässä oudossa heinäkasassa (=kirjastossa) niitä on monta: ”Saman ilmentymisen koodin sisältäviä piirejä on lukematon määrä eli heinäkasassa on monta neulaa.”

Heinäkasa on kuitenkin vieläkin oudompi, koska sen neutraalien polkujen päistä voi löytyä myös *uusia ilmentymisen koodeja*. Tässä hän viittaa vuonna 2008 tekemäänsä tietokonesimulaatioon (RNA:lla) (viite 30), jonka mukaan ”kun aloittaa mielivaltaisesta kirjaston paikasta, *mistä tahansa*, on käveltävä lyhyt matka, vain 15 askelta (=neutraalia mutaatiota) pois genotyyppiverkostosta löytääkseen *minkä tahansa* toisen piirin genotyyppiverkoston. On kuin etsittävä neula olisi *aina* lähellä riippumatta siitä, mistä etsinnän aloitti”. – Näin *in silico*. Entä reaali maailman vaaroja ja kuoppia täynnä olevissa genotyyppiverkostoissa? Nämä kuopat saattavat aiheuttaa haitallisia mutkia RNA-molekyyliden kolmiulotteisiin tertiäärirakenteisiin, rakenteisiin, joiden muotoja ei tietääkseni pystytä laskemaan. (Ks. yllä oleva viite: ”Ei tiedetä, päteekö tämä tertiäärirakenteisiin ja niiden toimintoihin”).

Elinvoimaisuus - innovaation edellytys:

Luvun 6 loppuosa käsittelee eliöiden elinvoimaisuutta (alkukielessä siis *robustness*), (nykyisen) innovabiliteetin ehkä tärkeintä lähdeä:

”Elinvoimaisuus on erittäin arvokasta innovaatiolle, koska genotyyppiverkostot ja niiden kangas ovat elinvoimaisuuden seuraus. Yleensä arvokkaat asiat eivät kuitenkaan ole ilmaisia, eikä elinvoimaisuus ole poikkeus. Sen kallis hinta on monimutkaisuus” (172).

*”Elämä tuntuu monin tavoin tarpeettoman monimutkaiselta. Hyönteiset 14 jaokkeeseen jakavissa säätelypiireissä on kymmeniä molekyyliä, mutta tutkijat ovat tienneet monien vuosien ajan, että vain **kaksi** oikealla tavalla vuorovaikuttavaa molekyyliä johtaisi samaan tulokseen. Kun kiusataksaan meitä tuhannet hyönteiset muodostavat jaokkeensa tavalla, jonka ymmärtämiseen meni vuosikymmeniä, mutta jollaista yksikään järkevä insinööri ei suunnittelisi. Ja muistanet metabolian tieverkostot, jotka ovat täynnä ylimääräisiä kujia, vaihtoehtoisia reittejä ja käyttämättömiä polkuja. Niistäkin on kysyttävä miksi. Miksei häikäilemättömän tehokas luonto hävittänyt niistä aiheutuvaa monimutkaisuutta?*

*Vastaus on ympäristö, tai pikemminkin ympäristöt. Haaskaavan monimutkaiselta vaikuttava geenijoukko onkin oikeastaan eloonjäämisen salaisuus **useammassa kuin yhdessä ympäristössä**.*

*Niukkaravinteissa ympäristössä, jossa *E. coli*lla on vain yksi hiilen lähde muun muassa aminohapot ja DNA:n nukleotidit sisältävän 60 olennaisen biomassan molekyylin valmistamiseksi, lähes kolme neljästä bakteerin metabolisesta reaktiosta on täysin tarpeettomia. Ne voi poistaa ja elämä jatkuu: elinvoimaisuutta.*

*Ympäristöt kuitenkin muuttuvat. Jos ainoa hiilen lähde muuttuu glukoosista etanoliksi, jotkin ”tarpeettomat” reaktiot saattavat pitää biomassatehtaat käynnissä. Jokainen 80 hiilen lähteestä, joista *E. coli* pystyy tuottamaan biomassaa, edellyttää erityisreaktioita. Ja hiili ei ole ainoa välttämätön alkuaine, joten muiden alkuaineiden lähteiden metabolia edellyttää lisäreaktioita. Suuren metabolisten reaktioiden kokoelman ansiosta eliö on toteuttamiskelpoinen monenlaisissa ympäristöissä. Biologiassa lisääntynyt monimutkaisuus tarkoittaa lisääntynyttä elinvoimaisuutta ympäristön muutosten suhteen” (174).*

”Ajan mittaan muuttumattomat ympäristöt johtavat monimutkaisuuden vähenemiseen, koska elinvoimaisuuden merkitys vähenee” (175).

(Näin kävi mm. niille kuuluisille Lenskin bakteereille, joita vielä muutama vuosi sitten hehkutettiin esimerkkinä ”evoluutiosta silmiemme edessä”. Tässä tapauksessa ”evoluutio” oli sitä, että bakteeri käytti sitraattia myös hapen läsnä ollessa, koska sitraatin sisäänottoa säätelevään systeemiin kerääntyi mutaatioita ja systeemi jäi pysyvästi on-tilaan. Nämä bakteerit pärjäisivät muita paremmin happi/sitraattiliemessä, mutta menettivät samalla mutaatioiden kautta elinvoimaisen metaboliinsa. Luontoon palautettuina ne todennäköisesti kuolisivat melko pian.)

Kehäpäättelyä? Ympäristö innovaattoreina?

”Ympäristön muutos edellyttää monimutkaisuutta, joka synnyttää elinvoimaisuutta, joka synnyttää genotyyppiverkostoja, jotka mahdollistavat juuri sellaiset innovaatiot, joiden ansiosta elämä selviää ympäristön muutoksesta, kasvattaa monimutkaisuuttaan ja niin edelleen alati kasvavan innovabiliteetin nousevana kierteenä. Innovabiliteetin ytimessä on genotyyppiverkostojen itseorganisoituva moniulotteinen kudos, joka piileksii elämän näkyvän loiston takana, mutta luo tämän loiston. Se on elämän piilossa oleva arkkitehtuuri” (179).

Haiskahtaa kehäpäättelyltä: Ympäristön muutokset, kuten kuivuus, voi yllättää äkisti, mutta monimutkaisuuden, joka synnyttää elinvoimaisuutta, pitäisi edeltää ympäristön muutosta? – Vai kuinka?

Yllä siteerattua kappaletta edelsi toinen, jossa verrattiin ympäristön muutoksille altistuvaa kolibasillia (*E.coli*) ja kirvan suoliston muuttumattomissa oloissa elävää *Buchnera*-bakteeria ja todettiin, että ”elämän elinvoimaisuus ja monimutkaisuus (*E.colin*) lisääntyvät kun se altistuu ympäristön muutoksille. Ympäristön muutos voi tosin *epigeneettisten* mekanismien kautta laukaista sopeutumisreaktioita, mutta niiden täytyy olla jo valmiiksi ohjelmoituina eliön perimään: *fysikaalinen ympäristön muutos ei synnytä uutta informaatioita; vain informaatio voi synnyttää informaatiota – toiminnallista informaatiota!* Näin väittää ainakin informaation säilymisen laki. Se (kuten Darwin), joka väittää, että *ympäristön muutos synnyttää uutta*, sitä kutsutaan ”environmentalistiksi”: Ympäristö on ikään kuin personoitu aktiiviseksi toimijaksi!

Luku 7: Luonnosta teknologiaan

Uutta vanhojen keksintöjen yhdistelyistä

Peptidisidos – merkittävä innovaatio, standardi? (jonka atomit löysivät?)

Kirjoittaja vertaa evoluution kulkua teknologiaan ja kuvaa sitä termillä *eksaptaatio*, jossa uusi innovaatio, kuten Gutenbergin painokone tai suihkumoottori, perustuvat vanhojen keksintöjen yhdistelemiseen. Biologinenkin innovointi on yhdistelevää, esimerkiksi geenien säätelypiireissä vuorovaikuttavien säätelijöiden uusia kombinaatioita. **Tämä on kirjan pääajatus:**

”Kaikki evoluution innovaatiot keksitään lähes äärettömien kirjastojen hauissa, ja ne ovat kombinatorisia samaan tapaan kuin uusi kirja yhdistää vanhat kirjaimet uusiksi merkityksiksi. Yritys ja erehdys. Populaatiot. Moninkertainen synty. Kombinaatio. Nämä ovat sekä teknologian että luonnon rinnakkaisia ominaisuuksia, joten ei ole yllättävää, että teknologit pyrkivät matkimaan luonnon innovabiliteettia” (185).

”Teknologit ottivat ensimmäisen suuren, vastausta tavoittelevan askeleen, kun he oivalsivat, että evoluutio noudattaa **algoritmia**, niin yksinkertaista ja stereotyyppistä reseptiä, että se voidaan toteuttaa koneella. DNA:ta muuttamalla mutaatiot* luovat eliöitä, joilla on uusia fenotyyppisiä, ja valinnan ansiosta niitä jää eloon ja lisääntyy. Mutatoidu. Valikoidu. Yhä uudelleen. Automaattinsa tuntevat teknologit eli tietojenkäsittelytieteilijät loivat oivalluksestaan kokonaan uuden tutkimusalan, joka keskittyy **evolutiivisiin algoritmeihin**: resepteihin, jotka perustuvat jonkinlaiseen mutaatioon ja valintaan ja ratkaisevat vaikeita tosimaailman ongelmia vain tietokoneella

Erityisen maineikas ja vaikea tämän luokan ongelma on nimeltään kauppamatkustajan ongelma, matemaattinen arvoitus, jonka irlantilainen matemaatikko William Rowan Hamilton esitti ensimmäisenä 1800-luvun puolivälissä. Se on perusteiltaan yksinkertainen: kauppamatkustaja joutuu käymään säännöllisesti kymmenen, potentiaalisesti ostavien asiakkaiden luona. Kukin asuu eri kaupungissa. – Voidakseen olla enemmän perheensä kanssa, hän haluaa, että kukin myyntikierron on mahdollisimman lyhyt.

– Ongelma on vaikeampi kuin miltä se kuulostaa. – Tästä ongelmasta on kirjoitettu tuhansia artikkeleita, koska se ei rajoitu kauppamatkustajiin. – Jopa kimalaiset kohtaavat sen...

Kauppamatkustajan ongelman **täydellinen** ratkaisu voidaan laskea jopa tuhansille ‘kaupungeille’ hienostuneilla matemaattisilla tekniikoilla... Ja autoinsinöörit muuttavat niillä moottorin toimintaa optimoimalla, missä paineessa ja minä ajanhetkenä polttoaine ruiskutetaan moottoriin. Ja algoritmit todella parantavat moottorin hyötysuhdetta.

Ne eivät kuitenkaan mullista moottorin rakennetta.

-- Biologista evoluutiota matkivat evolutiiviset algoritmit ovat tehokkaita työkaluja, mutta niistä puuttuu edelleen jotakin. Ne ovat edelleen puutteellisia biologisen innovaation kannalta keskeisessä uudelleen yhdistelyssä. Luonto on parempi yhdistelijä, paljon parempi yhdestä yksinkertaisesta syystä: standardit.

Kuten luvussa 2 todettiin, universaalien energiastandardin ATP:n ja universaalien geneettisen koodin kaltaiset standardit ovat merkki elämän yhteisestä alkuperästä. Teknologiassa ei ole tällaisia standardeja ja siksi uudelleen yhdistely on sen piirissä vaikeampaa, joten teknologia korvaa ne usein nerokkuudella. –Luonto tarvitsee näitä standardeja, koska sillä ei ole keksivän ihmisen nerokkuutta. (Mistä lähteestä ihmisen nerokkuus tuli?)

Proteiinien erilaiset toiminnot, kuten... ilmaantuivat samalla tavalla yhdistyneiden rakenneosien ketjuista eli standardisoidusta kemiallisesta kytkennästä nimeltään **peptidisidos**, jossa yhden aminohapon tyypiatomi tarttuu naapurinsa hiiliatomiin. –Ja tämä kaikkien eliöiden standardi on mahdollistanut elämän sellaisena kuin me sen tunnemme. Sen ansiosta luonto pystyy kokoonpanemaan sokeasti ilman minkäänlaista nerokkuutta tähtitieteellisen määrän genotyyppisiä**, jota innovaation löytäminen edellyttää

Helpon, mielettömän uudelleen yhdistämisen standardit eivät ole vain proteiinien ominaisuus. Myös RNA-ketjuilla on standardoitu kemiallinen sidos... Elämän informaation tallentamisen standardi DNA mahdollistaa bakteerien geenien vaihdon ja luo uusia metabolioita... Lisäksi säätelypiireillä on standardoitu tapa säädellä geenejä, jossa periaatteena on, että säätelyproteiinit tarttuvat erityisiin DNA:n lyhyihin sanoihin, jolloin luonto voi näitä sanoja muuttamalla yhdistää vanhat säätelijät lukemattomilla tavoilla uusiksi piireiksi”*** (186 – 189).

*On arvioitu, että korkeintaan yksi mutaatio miljoonasta saattaa olla jollain tavalla hyödyllinen. On myös arvioitu, että jonkin uuden, hyödyllisen ominaisuuden ilmestyminen vaatii vähintään viisi mutaatiota. Sen todennäköisyys, $1/10^{30}$, on liian pieni huomioon otettavaksi. – Ja samaan aikaan olisi syntynyt 10^{30} haitallista mutaatiota.

**Mutta genotyyppi ja yksi ainoa geneettinen koodi eivät määrää fenotyyppiä, genotyyppi on vain pieni osa eliön ”tyyppiä” (ks. alle, elämän monet koodit ja munasolu perimän perusyksikkönä.)

***Uudet piirit koostuvat säätelytekijöiden vuorovaikutusten uusista kombinaatioista.

Peptidisidos, RNA-ketjun standardoitu kemiallinen sidos ja säätelypiirien standardoitu tapa säädellä geenejä mahdollistavat siis ”itsestään järjestäytymisen”, joka selittää koko elollisen maailman (ja ihmisen nerokkuuden)? Kuitenkin, moni, joka haluaa ymmärtää/ottaa huomioon koko biologian olemuksen, on eri mieltä. He tunnustavat, että kaikkea pyörittää hyvin monimutkainen ja moniasteinen informaatio ja metainformaatio. – Ja kirjoittaja itsekin, ikään kuin vahingossa mainitsee sanan ”informaatio”. Onko informaation ilmentäminen siis aineen ominaisuus, materiaan piilevä kyky? Entä mitä sanoo informaation säilymisen laki? Tässä kirjoittaja on ajautunut kauas luonnontieteistä metafysiikan hämärille poluille. Kaipa uutta informaatiota syntyy itsestään vielä tänäkin päivänä? Ja myös uutta elämää ”alkutekijöistään” ”itsestään järjestäytymisen pakosta”?

Vanhojen keksintöjen yhdistely uudella tavalla voi toki synnyttää uutta, kuten ruuvipuristimen, paperin ja musteen yhdistämisen painokoneeksi. Mutta Canonin väritulostinta ei sillä aikaan saada. Itsestään järjestäytyminen ilmeisesti synnytti sellaiset uudet komponentit kuten aitotumaisten solujen tarvitsemat histoniproteiinit, mikrotubulukset, tumakalvot ja metaboliat kuten kollageeni- ja steroidisynteesin jne.?

Datakirjat kustannuksen *Evoluutio ja biologinen informaatio* (2014) on hyvä aihetta käsittelevä suomenkielinen teos, joka on käännetty saksalaisten biologien kirjoittamasta teoksesta *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*, 2013. Samana vuonna ilmestyi myös aihetta käsittelevä englanninkielinen teos *Biological Information – New Perspectives* (Marks ym.). Sen voi ladata ilmaiseksi osoitteesta worldscientific.com.

Ennen loppuhuipennusta ”Platonin luolaa”, kirjoittaja esittelee Boolean loogisia piirejä ja niiden funktioita, kuten ON/OFF, AND ja OR. Myös geenien säätelypiirit toimivat samalla periaatteella, mutta ovat paljon hienostuneempia kuin yksinkertainen on/off-kytkin. Biologiset kytkimet voidaan kääntää ainakin viiteen asentoon: pois, vähän päällä (=vähän toimintaa), keskinkertaisesti päällä, reilusti päällä ja erittäin paljon päällä (=erittäin paljon toimintaa kuten tietyn proteiinin tuotantoa).

Geenien kytkiminä toimivat tavallisesti proteiinit tai RNAt, joita kutsutaan säätelytekijöiksi (engl. *transcriptionfactors*) ja ne siis säätelevät geenien luentaa. Transkriptiotekijöitä koodaavien geenien ja säädettävien geenien välistä yhteyttä/vuorovaikutusta kutsutaan *säätelypiirien johtimiksi* (joka ei siis ole mikään fyysinen ”johto/piuha”). Säätelytekijä kiinnittyy säädettävän geenin lähelle, erityiseen lyhyeen DNA-jaksoon, kuten ns. promoottoriin, joka joko aktivoi tai estää geenin, kuten laktaasigeenin luennan. Jos promoottorissa tapahtuu mutaatio, jonka johdosta säätelytekijä ei voi enää tarttua siihen, johdin ”katkeaa”. Mutta jos mutaatio aiheuttaa sen, että siihen tarttuukin jokin toinen, toisella tavalla vaikuttava säätelytekijä, piiri on saanut uuden johtimen. Näin mutaatiot voivat ”johdottaa” piiriä uudelleen. Tavallisesti mutaatiot ovat haitallisia eli ne katkovat johtimia. Biologiset säätelypiirit ovat kuitenkin ”älykkäitä”, tarpeettoman runsailta vaikuttavina ja moneen kertaan varmistettuja. Tästä käytetään nimitystä redundanssi, engl. *redundancy*, liiallinen, tai *robust*, lujateknen (siis elinvoimainen): Se on kuin Internet: jos yksi kaapeli katkeaa, viesti ohjataan eteenpäin muita kanavia pitkin. Ilman liiallisuuden runsautta, redundanssia, piirien johtimia katkovat mutaatiot olisivat tappaneet meidät jo ajat sitten:

Evoluutio vaatii monimutkaisia säätelypiirejä: mistä ne tulivat?

”Tosimaailman ohjelmoitavien piirien ominaisuudet muistuttavat luonnon innovaatiokykyä siinä määrin, että ne viittaavat syvälliseen kysymykseen: ovatko kokonaiset digitaalisten piirien kirjastot eli valtavat piirien kokoelmat, jotka saadaan yhdistämällä loogiset portit kaikilla mahdollisilla tavoilla, järjestäytyneet samalla tavalla kuin biologisten piirien kirjastot?

– Karthik Raman vastasi tähän. – Kun Karthik analysoi monimutkaisuudeltaan eli loogisten porttien lukumäärältään erilaisia loogisia piirejä, hän totesi, että yksinkertaisempia piirejä ei voi johdottaa uudelleen tuhoamatta niiden toimintoa. Kun tällaisessa piirissä muutetaan yksi johdin, koko piirin toiminto katoaa. Jokainen portti ja johdin on tärkeä. Näin yksinkertaisilla piireillä ei ole innovabiliteettiä, koska ne eivät pysty tutkimaan uusia rakenteita ja laskutoimituksia. Uudelleen johdottaminen edellyttää monimutkaisempia piirejä. Mitä monimutkaisempia ne ovat, sitä enemmän uudelleen johdottamista (eli mutaatiota) ne sietävät. –Biologian tapaan innovabiliteetti syntyy näennäisen tarpeettomasta, mutta todellisudessa elintärkeästä monimutkaisuudesta. –Öljyn ja veden tapaan yksinkertaisuus ja innovabiliteetti eivät sovi yhteen.

Tämä ei tarkoita, että tehokkaissa, innovoivissa teknologioissa ei olisi yksinkertaisuutta ja eleganssia. Päinvastoin. Mutta ne ovat piilossa näkyvän maailman alla. Niiden peruseriaate on itse yksinkertaisuus: kokonainen maailma voidaan luoda rajoitetusta määrästä rakenneosia, jotka voidaan kytkeä toisiinsa rajoitetulla määrällä tapoja. –Innovoivien teknologioiden yksinkertaisuus ja eleganssi ovat piilossa näkyvän maailman takana samaan tapaan kuin luonnon kirjastot, joiden heikko kajo näkyy elämän puussa kuin Platonin luolan varjo” (195-198).

Heti alussa piti siis olla monimutkaisia piirejä, sillä ensimmäinen ei-toivottu mutaatio olisi tuhonnut yksinkertaisen. Miten monimutkaiset piirit syntyivät? Tässä Wagner huomaamattaan kumoaa oman teoriansa, joka vaatii innovabiliteettiä jo alkeelliselta ensimmäiseltä elämältä. – Vai piilekö innovabiliteetti jo ”alkuliemessä”, materian itsensä olemuksessa, kuten yllä mainitussa peptidisidoksessa? – Tiedettä?

Mutta: monisoluisten eliöiden monimutkaisia, integroituja piirejä ei voi johdottaa uudelleen:

Toistan yllämainitun:

”Uudelleen johdottaminen edellyttää monimutkaisempia piirejä. Mitä monimutkaisempia ne ovat, sitä enemmän uudelleen johdottamista ne sietävät.”

Näin Karthikin *in silico* maailmassa, mutta ei reaalibiologian kehittyneimmissä, monimutkaisissa ja integroituneissa säätelypiireissä. Kerrataan kuitenkin sivua 154, jossa esiteltiin pari ”uudelleen johdotusta:

”Kahdessa miljoonia vuosia sitten toisistaan eronneessa hiivalajissa tämä piiri on saanut täysin uudet johdotukset ja jopa niiden säätelytekijät ovat nykyään erilaiset. Kumpikaan piireistä ei ole kehnempi, sillä muuten se ei olisi säilynyt. Luonto on ratkaissut saman säätelyongelman kahdella erilaisella, mutta yhtä pätevällä tavalla. Lisäksi pienten mutaatioaskelten polku yhdistää nämä ratkaisut toisiinsa, koska lajeilla on yhteinen esi-isä. –Tasapainon saavuttaminen ehkä vaikuttaa hienovaraiselta asialta, johon on vain yksi paras ratkaisu, mutta nytkin kaksi eri hiivalajia on keksinyt yhtä tehokkaat ratkaisut, jotka säätelävät näitä geenejä täysin eri tavoin”.

Kahdella nykyisellä oluenpanijan hiivalajilla on siis erilaiset johdotukset. Mutta ajatus niiden muinaisuudessa tapahtuneesta ”uudelleen johdotuksesta” perustuu pelkkään hypoteettiseen, kaksi miljoonaa vuotta sitten eläneen esihiivan ”primaarisen piirin uudelleen johdotukseen”.

Samalla sivulla kuvataan laboratoriokoetta, jossa Mark Isala johdotti *E. coli*n transkriptiota säätelevän piirin uudelleen lisäämällä uusia johtimia eli geeniparien välisiä säätöjä. Isala totesi, että säätelypiirit olivat niin vakaita, että ne kestävät uudelleen johdottamisen. 95 % hänen uudelleen johdottamistaan piireistä toimi normaalisti. (Bakteerit siis jäivät henkiin vakaisissa *laboratorio-olosuhteissa*.)

Tällaiset *in silico*-työt, bakteerikokeet ja hiivahavainnot vievät helposti ajatukset siihen, että monisoluisien eliöiden, kuten eläinten varhaisen alkionkehityksen aikana toimivien säätelypiirien (*developmental gene regulatory networks*, dGRNs) uudelleen johdottaminen saattaa synnyttää uusia innovaatioita eli luonnon valinnan tarvitsemia kelpoisimpia. Näin ei kuitenkaan taida olla – niin ainakin asioihin paremmin perehtyneet uskovat: Näiden geenien integroituneet verkostot ja niiden tuottamat säätelytekijät, proteiinit ja RNAt säätävät paitsi koodaavien geenien ilmentymisen tarkkaa tasoa, myös niiden *tarkkaa ajoitusta*.

Eric Davidson, joka on ehkä eniten tutkinut eläinten alkionkehityksen aikaisia geenien säätelyverkostoja (*in vivo*), on teoreetikko (*in silico*) Wagnerin kanssa eri linjoilla: Mutaatiot, jotka vaikuttavat näihin verkostoihin, ovat aina katastrofaalisia; verkostojen joustavuus on minimaalista. Verkostoa ei voi ”kehittää” luomalla jokin uusi johdin tai katkaisemalla vanha. Piirit ovat ainutlaatuisia; uusi innovaatio vaatii kokonaan uudenlaisen piirin. Ja sitä paitsi: Pelkkä uusi säätelypiiri ei voi synnyttää aivan uudenlaista, monimutkaisempaa eliötä, sillä se tarvitsee myös täysin uusia ”osia”, uudenlaisia solutyypppejä, jotka puolestaan tarvitsevat uusia proteiineja ja muita molekyyliä, joiden synty vaatii uusia koodaavia geenejä.*

*Stephen Meyer, kirjassa *Theistic Evolution – A Scientific, Philosophical, and Theological Critique*. Crossway 2017, luku 2: Neo-Darwinism and the Origin of Biological Form and Information.

Epilogi – Platonin luola

Kun Wrightin ja Fischerin populaatiogenetiikka pelasti Darwinin teorian luonnolliselta kuolemalta:

”Samaan tapaan kuin Sallie Gardnerin neljä vuotta ennen Darwinin kuolemaa kuvannut zoopraskooppi, Darwinin työkin käynnisti mullistuksen, mutta vaikka hän olisi ollut matemaatikko, hän ei olisi päässyt näkemään elämän piilossa olevaa arkkitehtuuria. Hän ei olisi edes tiennyt, että se on olemassa. Luonnon jättimäisten kirjastojen valaisemiseksi tämän mullistuksen lieskat tarvitsevat enemmän polttoainetta kuin Darwinin teorian. Biologian ja matematiikan oli ensinnäkin yhdistyttävä perusteellisesti ja siihen kului sata vuotta. Se alkoi Sewall Wrightin ja R.A. Fischerin matematiikasta, joka yhdisti perinteisin darwinismin ja Mendelin genetiikan. Se vuorostaan johti moderniin synteisiin, jonka ansioista voitiin ensimmäistä kertaa täsmäävästi ennustaa, kuinka luonnonvalinta nopeuttaa innovaatioiden leviämistä” (199 – 200). *Zoopraskooppi: alkukielellä zoopraxiscope.*

”Täsmäävästi ennustaa” – tämä tuskin pitää paikkaansa. Siteeraan populaatiogenetiikkaan ja sen sudenkuoppiin perehtyneen John Sanfordin jo yllä mainitsemaani kirjaa *Genetic Entryopy (Eliömaailma rappeutuu)*:

”Kun Mendelin geneettiset periaatteet ´löydettiin uudestaan´ lähes 50 vuotta Darwinin jälkeen, geneetikot alkoivat ymmärtää, että kussakin populaatiossa on oltava hyvin suuri määrä erillisiä perinnöllisiä yksiköitä. Näihin aikoihin syntyi populaatiogenetiikka. Populaatiogeneetikot oivalsivat, että heillä oli ongelma, jos periytyvien yksiköiden määrä kasvaa hyvin suureksi. Vaikka he eivät sitä näin ilmaisseetkaan, kyseessä oli pohjimmiltaan Prinsessa ja Nukleotidi-paradoksi” (s.49).

[Prinsessa ja Nukleotidi-paradoksi on vertaus: Luonnonvalinta (prinsessa) vaikuttaa aina *yksilöihin* (eli fenotyyppiin), ei geeneihin (eikä populaatioihin). Luonnonvalinta eli prinsessa, joka makaa paksun patjapinon päällä, ei kykene huomaamaan pieniä, runsaslukuisia, mutta vähävaikutuksellisia (ja lähes aina haitallisia) mutaatioita eli herneitä patjapinon alta. Patjapino kuvaa *kohinaa* eli valintaa häiritseviä tekijöitä kuten sattumaa, hyvää ja huonoa tuuria. Näitä tekijöitä on niin paljon, että Kimura arvioi, että **kelpoisuuden eli fenotyypin periytyvyys on vain 0,004** eli vain 0,4% fenotyypin muuntelusta on valinnan ulottuvilla. Niinpä wagnerilaisen evoluution genotyyppiverkostosta löytämä uuden funktion omaava ribotsyymi on vain yksi pieni herne prinsessan patjapinon alla. **Jopa 99,6% kaikesta fenotyypin kelpoisuuteen kohdistuvasta valinnasta joutuu Kimuran mukaan hukkaan.**]

Sanford:

”Filosofisesti darvinismiin sitoutuneet ensimmäiset populaatiogeneetikot tajusivat, että heidän täytyi keksiä keino selvittää Prinsessa ja Nukleotidi-paradoksista saadakseen darvinistisen teorian vaikuttamaan geneettisesti uskottavalta. *He toimivat ovelasti ja siirsivät valinnan kohteen organismista geneettiseen yksikköön (eli nukleotidiin tai geeniin)*. Tämä tapahtui siten, että he määrittivät populaation niin, ettei se ollut muuta kuin geenien varasto (geenipooli eli populaation yksilöiden geenit yhteenlaskettuina). Näin he pystyivät väittämään, että *valinta toimii nukleotidin tasolla geenivarastossa, eikä yksilön tasolla*. Jokaisen nukleotidin voitiin kuvitella tulevan itsenäisesti valituksi tai hylätyksi (tai ei kumpaakaan). Tämä perusteella oli hyvin helppoa kuvitella lähes minkälainen evolutiivinen valintatapahtuma tahansa, riippumatta sen biologisesta monimutkaisuudesta. Tämä käytännössä poisti patjat prinsessan alta, joten hän pystyi hyvinkin nopeasti havaitsemaan herneen tai lukemaan sokeankirjoitusta suoraan! Tämä oli äärimmäisen tehokas tapa peittää koko ongelma. Darwinismi olisi tässä vaiheessa saattanut kokea luonnollisen kuoleman ilman tätä merkittävää ja älykstä sepitelmää” (Provine 1971) (s.50, 73).

Lisäksi populaatiogeneettiset algoritmit on Sanfordin mukaan säädetty liian optimistisiksi: lähes äärettömän suuria*, nopeasti lisääntyviä populaatioita ja epärealistisia valintaetuja, epärealistisen tehokasta valintaa: Populaatiogeneetikoiden käyttämä *Avida*-ohjelma on Sanfordin mukaan pikemminkin tietokonepelisimulaatio kuin biologisesti realistinen geneettinen työkalu. *Avida* kehitettiin kuvaamaan *digitaalista evoluutiota*. Sen väitetään osoittavan, että mutaatio ja valintajärjestelmät voivat luoda uutta informaatiota virtuaalisessa ympäristössä. *Avidan* tärkein ominaisuus on sen keinotekoinen palkinto- ja rangaistusvalintajärjestelmä. Yksittäinen mutaatio, joka määritellään *Avidassa* hyödylliseksi, on ohjelmoitu kaksinkertaistamaan lisääntymisvauhti! Yksittäinen vahingollinen mutaatio on määritelty välittömästi puolittamaan lisääntyminen. Kun mutaatioita on useampia, palkinnot ja rangaistukset moninkertaistuvat. Tällainen digitaalinen

evoluutio on äärimmäisen tehokasta näillä radikaalin liioitelluilla palkinnoilla ja rangaistuksilla, jotka ovat monia kertaluokkia liian suuria biologiseen todellisuuteen verrattuna.

*Populaatioiden pitää olla suuria, jotta valinnan jälkeen jäisi riittäviä jäännöspopulaatioita sukua jatkamaan: *Mutatoidu. Valikoidu. Yhä uudelleen!*

Onko wagnerilainen elämä (ja sen innovabiliteetti) geenien ja mutaatioiden vapaata ja nopeaa, ruuhkautumatonta ja turvallista liikennettä äärettömien (*in silico*) kirjastojen valtateillä?

Vaikuttaa vahvasti siltä, että Wagner on saanut universaalien kirjastonsa idean populaatiogeneetikkojen geenipoolista. Näin evoluutio on siirtynyt yksilöistä ja suuren maailman häiritsevästä taustakohinasta suojattuihin pooleihin ja universaaleihin, kaikille eliöille yhteisiin ”kirjastoihin”. Elämä on geenien ja mutaatioiden vapaata marssia, kohtaamisia ja eroamisia kaiken kattavassa megakirjastossa, jossa voi syntyä mitä erilaisimpia tarinoita, merkityksellisiä tai merkityksettömiä:

*”Systeemibiologian matemaattisen perspektiivin ansiosta pystyimme purkamaan luonnon kirjastojen häkellyttävän monimutkaisen fenotyyppimerkityksen, joka on ratkaisevaa innovabiliteetin ymmärtämisen kannalta. Se johti myös genotyyppiverkostojen tunnistamiseen ja näkemykseen, että genotyyppiverkostot ovat **erilaisten** metabolian, säätelyn ja makromolekyylien innovaatioiden yhteinen alkuperä ja niistä syntyi tuntemamme elämä. – Lisäksi matemaattisen biologian ansiosta totesimme, että kirjastot itseorganisoituvat yksinkertaisen periaatteen mukaan, yhtä yksinkertaisen kuin painovoima... Tämän periaatteen mukaan eliöt ovat elinvoimaisia sen seurauksena, että monimutkaisuuden ansiosta ne säilyvät elossa muuttuvassa maailmassa... Kirjastot... ovat matemaattisia käsitteitä, joihin vain ihmisen mieli voi tarttua” (200 - 201).*

Why Proteins Don't Evolve (Anymore)?

Nyt siihen, mitä lupasin luvun 5 analyysin lopussa: Miksi proteiinit eivät kehity – enää: Lukuisat kokeelliset työt (laboratorioissa, ei pelkästään *in silico*) ovat osoittaneet, että:

*”Proteiinin rakennetta voidaan muunnella, mutta sen perusrakenteen rikkominen johtaa evoluution kannalta umpikujaan eikä edes systemaattinen pyrkimys muuttaa rakenne tai funktio toiseksi ole onnistunut. On todisteiden vastaista väittää, että uusdarwinistinen mekanismi synnytti uusia entsyymejä eliökunnan historiassa. Darwinin kuvitteleva innovaatiokone ei toimi, kun se pannaan testiin.”**

*Leisola M., *Evoluutiouuskon ihmemaassa*, Datakirjatkustannus 2016, s. 213.

Ja tuskin niitä synnyttää edes wagnerilainen ”poimuajo”, innovaation kiihdytys – muualla kuin *in silico*-universumissa – tai jossain kontrolloiduissa laboratoriokokeissa, jossa muuan ribotsyymi (RNA, ei proteiini) saatiin muuntumaan leikkaajasta liittäjäksi ja toinen päinvastoin.

Douglas Axe ei siis saanut beetalaktamaasi-entsyymiään* (eikä muuatta toistakaan entsyymiä**) millään muotoa omaksumaan uutta funktiota. Hänen kollegansa **Dan Tawfik** kuitenkin argumentoi, että väite, että funktion muuttaminen ei luonnistu, on väärä. Miksi? Siksi, että *nykyiset entsyymit ovat liian pitkälle erikoistuneita*; ne eivät voi enää erikoistua. Mutta: joskus silloin, kauan kauan sitten, entsyymit olivat ”yleisentsyymejä”, ”laajakirjoisia”! Mutta nyt – nyt ”luonnonvalinta on

pelannut itsensä ulos” – nykyinen eliökunta on niin erikoistunut, että sen evoluutio on pysähtynyt, umpikujaan juuttunut! (Sama koskee geenien säätelyjärjestelmiä: ks. alle.)

Tämä on pelkkä *argumentum ad ignorantum* (tuntemattomaan vetoamista). Tulee mieleen oikeustieteen professori **Philp Johnsonin** kommentti: ”Kaikki selitykset, jopa absurdit, ovat sallittuja, kunhan jotakin vain selitetään”.

*Axe DD (2004) Estimating the prevalence of protein sequences adopting functional enzyme folds. *Journal of Molecular Biology* 341: 1295–1315. doi:10.1016/j.jmb.2004.06.058.

**Gauger A, Axe D. The Evolutionary Accessibility of New Enzyme Functions: A case study from Biotin pathway. *Bio-Complexity*, open access: <http://bio-complexity.org/ojs/index.php/main/article/view/BIO-C.2011.1.1>.) (Näistä kokeista siis Axen kirjassa *Undeniable*, joka on kirjoitettu Wagnerin kirjan jälkeen, ja jossa Wagnerin kirjaa myös kommentoidaan.)

Eliöt muka kehittyivät tarvitsematta uusia proteiineja:

Biokemisti **Stephen Meyer** kirjoitti vuonna 2013 suurta huomiota herättäneen kirjan *Darwin's Doubt* (Darwinin epäily) (Harper-One). Siinä hän väitti, että darvinistinen evoluutio ei voi luoda uusia elämänmuotoja, osittain siksi, että se ei kykene saamaan aikaan uudenlaisia proteiineja. Berkeleyyn yliopiston paleontologi **Charles Marshall** laati kirjasta kriittisen analyysin.* Hän esitti, että eliöt kehittyivät tarvitsematta uusia proteiineja.** Uudentyyppisiä eliöitä syntyi, kun geenien säätelyverkostojen kytkennät muuttuivat alkionkehityksen aikana. Hän kuitenkin myöntää, että kun näitä verkostoja on keinotekoisesti manipuloitu, on huomattu, että alkio kuolee. Hänen mielestään tämä johtuu siitä, että viimeisten 500 miljoonan vuoden innovaatioiden johdosta nykyiset säätelyverkostot ovat ”ylikuormittuneet”, liian pitkälle erikoistuneet siten, että niiden kytkentöjä ei voi enää muuttaa pilaamatta niitä! – Mutta aikaisemmin tilanne oli toinen, kambrikaudella, jolloin eliöiden pääjaksot syntyivät, silloin säätelypiirit eivät vielä olleet niin ”kuormittuneita”! Tiedettä?

*When Prior Belief Trumps Scholarship, *Science* 341:1344, 2013.

**Täysin väärä väite: uudet, täysin eri lajityypin eliöt, tarvitsevat uusia proteiineja.

Tämä on evolutionistien tavallinen virhepäätelmä nimeltään tuntemattomaan vetoaminen (*argument from ignorance*). Sen torjuminen edellyttäisi aikamatkailua menneisyyteen.

Maailman vanhimmat eliöt pysyivät entisinä uusista proteiineista huolimatta:

Marshallin hypoteesi ”eliöt kehittyivät tarvitsematta uusia proteiineja”, vaikuttaa toimivan yhtä hyvin nurinpäinkin: ”eliöt eivät kehity, vaikka ne saisivatkin uusia proteiineja”. (Ja Wagner siis esitti, että eliön kehittyminen vaatii uusia molekyylejä. Ketä uskoa?):

Syanobakteerien pitäisi olla maailman vanhimpia eliöitä, jopa yli 3500 miljoonan vuoden ikäisiä. Saksalaiset tutkijat sekvensoivat hiljattain 16 eri syanobakteerikannan genomit.* Koska kaikki olivat syanobakteereja, ne olivat ulkoisilta piirteiltään kovin samalaisia. Mutta olivat silti geneettisesti hyvin erilaisia: Kaikilla oli sama 660 geenin perussetti, mutta jokaisella oli keskimäärin 869 omaa geeniä, ns. orpogeeniä, joita ei ollut millään muulla kannalla (ja siten ilmeisesti myös uusia proteiineja?). Yhteensä koko joukosta löytyi yli 14 000 ainutlaatuisia geeniä, vain jollekin tietylle kannalle kuuluvia. ”Vertailevat genomianalyysit ovat osoittaneet, että jokaisen taksonomisen ryhmän geneeistä 10 – 20 % on sellaisia, joita ei löydy mistään muusta ryhmästä.**

Mielenkiintoista: joidenkin mielestä tämä on vahva todiste modernia synteesiä vastaan; evoluution on mahdotonta luoda ne kaikki. Mutta Wagnerin mielestä se on vahva todiste evoluution innovabiliteetista: Koska on niin paljon erilaisia molekyylejä, jotka toimittavat saman asian, evoluution oli helppo keksiä ne eli löytää ne ”universaalista genomikirjastosta”. Vastakkaisten väitteiden esittäjät ovat kuitenkin kaikki saman alan eksperttejä, mutta he tulkitsevat aineistoa täysin eri tavalla: laki on niin kuin se luetaan. Inhimillistä – tieteen tavoittamattomissa. (Ns. loogiset positivistit puhuivat vielä 1900-luvun alkupuolella demarkaatiokriteereistä – siitä, miten tiede mukamas pystyy rajaamaan piiristään pois tutkijoiden omat toiveet, ennakoasenteet ja maailmankatsomukset. Loogisen positivismin väitettiin kuolleen viimeistään 1970-luvun alussa, mutta epäilen...)

*Beck ym. The diversity of cyanobacterial metabolism. *BMC Genomics* 2012,13:56.

**Khalturin ym. More than just orphans: Are taxonomically restricted genes important to evolution? *Trends in Genetics* 2009,25;9:404-413.

Evoluutio ei voi pelata yhdellä kortilla, geneettisellä koodilla (aminohappo kodonilla):

Douglas Axen johtopäätös on, että evoluution, jos sitä on tapahtunut, oli opittava valmistamaan myös uusia molekyylejä siinä kuin meidän on opittava uusia sanoja, jos haluamme kehittää vieraan kielen taitojamme. Uudet sanat eivät kuitenkaan riitä. On opittava myös oikeinkirjoituksen, kieliopin, lauseopin, tyyliopin ja ääntämisen monet säännöt. Samoin evoluution olisi pitänyt oppia, miten, missä ja milloin käyttää uusia molekyylejään. – Sekä miten, missä ja milloin niitä ei pidä käyttää. Pelkkä uusi molekyyli, tai joku yksittäinen ”uusi kytkentä” ei ole juuri mitään. Ne toimivat vasta oikeassa kontekstissa, toimintaympäristössä, jonka evoluution pitäisi myös kyetä luomaan. Uusien sanojen oppimisesta ei ole hyötyä, jos muut eivät ymmärrä niiden merkitystä. Siksi evoluution olisi pitänyt luoda monia muitakin koodeja kuin myös niiden purkajia ja kääntäjiä. Wagnerin digitaalisella, yhdellä koodilla pelaavalla *in silico* evoluutiolla ei liene paljoakaan tekemistä reaalibiologian ja suuren maailman kanssa. Elämän muista koodeista pikapuoliin.

Evo-devon mukaan innovaatiot ja uudet fenotyytit (kelpoisimpien synty) eivät perustu uusiin molekyyleihin:

Meille jo tuttu Sean Carroll, johtava evo-devo –tutkija, ei usko, kuten Wagner, että evoluutio perustuisi uusiin molekyyleihin.*[Wagner: ”Innovaatio perustuu uusiin molekyyleihin ja niiden luomiin reaktioihin. Innovabiliteetin ymmärtämiseksi on ymmärrettävä näiden molekyylien synty” (s.42).] *Carroll S.B., *Endless Forms Most Beautiful: The new science of Evo-Devo*, Norton, New York, 2005.

Proteiineja eli molekyylejä koodaavien geenien mutaatiot ovat lähes poikkeuksetta joko haitallisia tai ”neutraaleja”: proteiinin funktio joko huononee tai se menetetään kokonaan (tai pysyy samana, jos mutaatio on neutraali). Funktion säilyminen riippuu keskeisesti siitä, laskostuuko proteiini oikein. (Jos muistatte, Axe totesi kokeissaan, että ehkä vain noin $1/10^{77}$ vaikuttaa laskostuvan toimivaan muotoon). Lisäksi *pleiotropia* aiheuttaa valtavan ongelman. Pleiotropia tarkoittaa sitä, että yksi geeni on monessa mukana: vaikka mutaatio parantaisi sen koodaaman proteiinin funktioita kohteessa A, vaikutus olisi todennäköisesti haitallinen kohteissa B,C,D,E,F jne.

Uutta *geneettisesti periytyvää* muuntelua* syntyy sukupolvien välillä *ituradan geneettisistä muutoksista* kuten mutaatioista, tekijäinvaihdunnasta ja geenien konversioista sekä rekombinaatiosta hedelmöityksen yhteydessä. Se on ”elämän geneettisten Lego-palikkoiden” eli kiinteiden nukleotidiryppäiden,** geenien ja niiden säätelyalueiden, moduulien uudelleen

järjestäytymistä. Mutta itse Legoja eli moduuleita ei voi purkaa ja koota uudella tavalla. Tämä osaltaan varmistaa *eliötyypin pysyvyyden*: geneettisillä, kelpoisuuden säilyttävillä muutoksilla on rajansa, jotka on ”piirretty moduuleihin”. Moduulien uudelleen järjestäytyminen sukupolven vaihdoksen yhteydessä luo siis muuntelua, ei ns. makroevoluutiota. Lisäksi: ”Ja voimme lähes vuorenvarmasti sanoa, että mitään muutosta ei tapahdu solun molekyyli-tason arkkitehtuurissa ja koneistoissa, koska ne peritään suoraan fyysisesti ja kokonaisuudessaan *äidin munasolusta* (ei siis geneistä, oma lisäys)”.*** Muuntelu (evoluutio?) ei siis synny ”uusista molekyyleistä”, kuten Wagner esittää. Uusien molekyylien syntyä voisi sanoa eräänlaiseksi ”vahvistusharhaksi” (*confirmation bias*) –tai kehäpäätelyksi: Koska esimerkiksi selkärangkaisilla on ”enemmän molekyyliä” kuin esitumaisilla, on täytynyt syntyä ”uusia molekyyliä”, koska selkärangkaiset ovat syntyneet esitumaisista. Tämä on kuitenkin pelkkä ”kuvittelusta elämän historiasta johdettu *post hoc*-argumentti”, ei tieteellistä johtopäätelyä.

Carrollin mukaan evoluution pitää jättää geenit (ja siten myös rakenne- ja metaboliaproteiinit/entsyymit) koskemattomiksi ja keskittyä säätelyyn avaamalla, sulkemalla, vahvistamalla tai heikentämällä tiettyjä funktioita säätelviä geenien kytkimiä siten, että itse geeni (pleiotrooppinen) voi toimia moitteettomasti lukuisissa muissa tehtävissään. Tämä siis kumoaa evoluution toisen *primus motorin*, geenimutaatiot makroevoluution raaka-aineena.

*Huomaa: 1) *Muuntelua*, ei geneettisen informaation määrällistä tai laadullista kasvua, 2) Läheskään kaikki periytyminen ei tapahdu geenien ja DNA:n välityksellä (ks. alle).

**Nämä ryppäät ovat tavallisesti noin 10 000 – 1 000 000 nukleotidin mittaisia DNA-jaksoja.

***Williams A. Molecular limits to natural variation. *Journal of Creation* 2008,22;2:97-107.

Kiinteiksi johdotetut, ei-koodatut piirit estävät makroevoluution:

Modulaarisia säätelypiirejä on kahdenlaisia: ”Hard-wired and soft-wired signaling networks”: Kiinteiksi johdotetut piirit varmistavat *staasin* eli perusmuotojen pysyvyyden eivätkä salli ns. makroevoluutiota.* Kiinteät piirit säätelivät *modulaarisesti* alkionkehitystä (ja kantasolujen erilaistumista) ja *varmistavat, että alkionkehitys kehittyy samankaltainen eliö* kuin mitä sen vanhemmat ovat. Modulaarisuus tarkoittaa toimimista yhtenä *kokonaisuutena* (purkamattomana) säätely-yksikkönä: Alkionkehityksen aikana *solu* (eivät geenit) antaa ensin start-signaalin yksikön *ensimmäiselle* (fyysiselle) ”dominolle”, molekyyli-tason reseptorille, jonka kaatuminen/laukeaminen automaattisesti kaataa seuraavan. Tätä kutsutaan ”dominokaskadiksi” (ketjureaktioksi). Jokaisen dominon kaatuminen laukaisee tietyt erilliset pienemmät kaskadit/piirit. Kun sykli on käyty läpi, mitään ei voi enää muuttaa ja piiri on kytketty pysyvästi pois päältä. Tämä tarkoittaa sitä, että solu on saanut tietyn identiteetin, käskyn jakaantua ja erikoistua juuri tietynlaiseksi solujoukoksi, kuten selkärangaisen luusoluiksi. Muut vaihtoehdot on suljettu pois; kehityksen suunta on päätetty. - Eikä dominoita voi muuttaa tuhoamatta niiden toimintaa. On tärkeää huomata, että tällaista säätelypiiriä ei säätelä mikään koodattu geneettinen informaatio; kaikki on piirretty dominojen malleihin/hahmoin. (”There is no coded information in this signal network because everything that has to be done has been designed into the pattern of dominoes.”)** Ja kun ei ole koodattua (geneettistä) informaatiota (”softaa”), ei voi olla myöskään mutaatioita eikä rekombinaatiota eli tällainen säätelypiiri määrää perinnöllisen muuntelun rajat. Tämä koskee siis ennen kaikkea alkionkehityksen varhaisvaiheita, jonka laukaisee *hedelmätyys*, ei jokin ”geeni”. Tällöin tsygootin eli hedelmätyyneen munasolun *koko genomi kytketään off-tilaan*, eli genomi (geenit, DNA) ei voi mitenkään vaikuttaa alkionkehityksen tärkeisiin varhaisvaiheisiin (ja siten makroevoluutioon). Esimerkiksi ihmisellä ja hiirellä alkion oma genomi alkaa käynnistyä pikkuhiljaa vasta ensimmäisten

solujakaantumisten jälkeen. Siihen saakka kehitystä ohjailevat munasolun transkriptiotekijät, solukoneistot ja solun mikroarkkitehtuuri, kuten mikrotubulukset ja kalvorakenteet.

Alkion ensimmäisiä soluja sanotaan *blastomeereiksi* ja niillä saattaa olla omia erityispiirteitä jo hyvin varhaisessa vaiheessa. Alkion solulinjat alkavat selvästi eriytyä (=erilaistua) 8 – 16 soluvaiheessa blastomeerien tiivistyessä palloksi, jota kutsutaan *kompaktioksi*. Keskeinen tekijä tässä on solupinnan adheesio- eli kadheriini-molekyylit. Tämä kompaktio siis johtaa solulinjojen lopulliseen eriytymiseen, mutta sen perimmäinen mekanismi on vielä puutteellisesti tunnettu. Kyseessä on kuitenkin tuo yllä mainittu ”hard-wired cellular networks”: genomin (ja tuman) ulkopuolinen tekijä laukaisee dominojen kaatumiset, dominojen, joita voitaisiin kutsua ”solutason mikroprosessorin komponenteiksi”, tiedonkäsittely- ja tiedonvälityslaitteiksi, josta käytetään englanninkielistä termiä *hardware* ”softan” eli ei-materiaalisen ohjelmiston (kuten DNA:han koodatun informaation) vastakohtana. Sukusolujen DNA-muutokset eli mutaatiot (evoluution raaka-aineet) eivät voi mitenkään vaikuttaa näihin alkionkehityksen käynnistäviin ”mikroprosessoreihin”. (Ks. alle: geenit eivät olekaan elämän piirustuksia.)

*Tästä, uudelleen järjestäytyneiden piirein kyvystä aiheuttaa myös makroevoluutiota, Carroll on ollut eri mieltä. Hän ei kuitenkaan ole pystynyt esittämään näyttöä sen puolesta; kaikki hänen esimerkinsä ovat muuntelua: Hän on hiljattain tuottanut Howard Medical Institutelle kaksi aihetta koskevaa opetusvideota (*The Making of the Fittest: Evolving Switches, Evolving Bodies* sekä *The Making of the Fittest: Natural Selection and Adaptation*). Ensimmäinen kuvaa sitä, miten piikkikalojen heimoon kuuluva, merestä jokiin kutemaan nouseva kolmipiikki, menettää ”lantiopiikkinsä” (*pelvic spines*), jos se joutuu eristyksiin, eikä pääse takaisin mereen. Toinen esimerkki on eräs vaalea hiiripopulaatio, jonka karvat mustuvat, jos populaatio ajautuu tuliperäiseen mustaan laavakivimaastoon.

**Williams (ks. ylle).

Soft-wired networks systeemi sen sijaa lähettää genomin koodaamia, ajallisesti, määrällisesti ja paikallisesti ilmentyviä signaali- eli viestimolekyylejä ja ne mahdollistavat sopeutumismuuntelun. Tällainen sopeutumismuuntelu saattaa olla erittäin nopeaa eikä millään tavalla selity vanhakantaisen uusdarwinismin olettamilla ”uusilla mutaatioilla” (joita odotellessa eliö ehtisi kuolla moneen kertaan).

Summa summarum: jotta muuntelua (evoluutiota?) voisi tapahtua (edes tietyissä rajoissa), pitää jo olla olemassa suuri määrä geenejä ja niiden säätelypiirejä.

Elämän monet koodit:

Tämä kappale perustuu geneetikko Royal Trumanin artikkeleihin ”Cells as Information Processors”, part I and part II (*Creation Research Society Quarterly* 52;4 ja 53;1, 2016).

Wagnerin teorian suuri heikkous lienee siinä, että geenisiirtoineen ja mutaatioineen se perustuu vain yhteen ainoaan koodiin, geneettiseen koodiin (kodoneihin, joissa tietty DNA-kirjain-kolmikko symbolisoi tiettyä aminohappoa.) Mutta, Trumanin mukaan:

”Solut käyttävät monia koodeja abstraktein symbolismein ja formaalisin säännöin. Tämän logiikkaan perustuvan järjestelmän käyttö edellyttää sitä varta vasten tarkoitettuja koodien käsittely- ja purkujärjestelmiä, prosessoreita, solulaitteistoja, joiden täytyy osata tulkita kukin muuntuja ja siihen liittyvät arvot. Koodien purkajiin kuuluvat mm. ribosomit, DNA-polymeraasit,

RNA-polymeraasit, spliseosomit, Hsp70 ja Hsp60-kaperonit, proteasomit [1], RNA-degradasomit [2], proteiinien translokaasit, käänteiskopioitsijat, aminohappo-tRNA-syntetaasit ja virheidenkorjaus koneistot.

Monet koodit ovat toinen toisistaan toiminnallisesti riippuvaisia eivätkä solut ole voineet kehittää kutakin koodin prosessoijaa yksitellen. Ribosomit tarvitsevat DNA:sta riippuvaisen RNA-polymeraasin tuottamaa lähetti-RNA:ta, mutta nämä polymeraasit koostuvat ribosomien tuottamista proteiiniyksiköistä. Molemmat koodinprosessojat tarvitsevat ATP:n energiaa, jota tuottaa ATP-syntetaasi, mutta kumpikaan ei voinut olla olemassa ennen ribosomeja ja RNA-polymeraaseja.

Koodiperusteisten informaatiojärjestelmien toiminta edellyttää lisäksi sellaisten solukomponenttien kuten solutukirangan, lipidilautojen (*lipid rafts*)[3], kalvorakenteiden, kanavien, kemiallisten gradienttien, oikein sijoitettujen synapsien (*positional information*), oikeiden kemiallisten sidosvoimien ja atomisten alayksiköiden[4] ohjausta.” (Mutta nämä välttämättömät ”ohjaavat järjestelmät” eivät perustu koodeihin.)

[1] Proteasomi on entsyymiyhdistelmä, jonka avulla aivotumaiset solut hajottavat omia proteiinejaan.

[2] RNA-degradasomi on RNA:ta pilkkova entsyymi

[3] Solukalvon mosaiikkimallinen piirre, jossa ”kaikkien lipidimolekyylien liike ei välttämättä ole vapaata; jotkut kalvolipidit näyttävät muodostavan yhdessä kalvoproteiinien kanssa lauttoja, joissa lipidien liike verrattuna kalvon muihin osiin on rajoittuneempaa” (Heino & Vuento, Biokemian ja solubiologian perusteet, WSOY 2002, s.159-160).

[4] Nämä atomiset alayksiköt (*nuclear subcompartments*) ovat käsittääkseni protoneja ja elektroneja.

Jokainen solun käyttämä koodi tarvitsee omanlaisensa prosessoijan. Osa näistä on koodipohjaisia, jotkut toimivat ilman koodeja. Esim. proteiinisynteesi ribosomeilla perustuu geneettiseen koodiin (3-kirjaimisiin kodoneihin). Mutta synteesi tarvitse tulkin, joka kääntää geneettisen koodin ”proteiinikielelle”, koska DNA:n ja ribosomin välillä ei voi olla suoraa fyysistä yhteyttä. Kääntäjän työn tekee aminohappo-tRNA-syntetaasi (aaRS), joka ei toimi geneettisellä koodilla. aaRs on monimutkainen solukone. Niitä on vähintään 20 erilaista ja jokainen niistä liittyy oikean aminohapon oikeaa siirtäjä-RNA:han.

Monista solun käyttämistä koodeista Truman mainitsee muun muassa seuraavat:

- Proteiinin DNA:n sitoutumiskoodi (*DNA binding protein code*), joka säätelee geenien ilmentymistä ja joka on geneettisestä koodista riippumaton,
- Histoni-koodi,
- Tubuliini-koodi,
- DNA:n silmukointi-koodi
- Nukleosomin asema-koodi,
- Hox-koodi,
- N-terminaali-koodi
- Fosforylaatio-koodi
- Mikro-RNA-koodi
- Epigeneettinen CpG-koodi

Mistä nämä solukoneistot ja rakenteet ovat peräisin? Ovatko ne alun perin syntyneet DNA:n ohjauksessa? Eivät ole; *Omni cellula e cellula*: kaikki solut syntyvät soluista (totesi Louis Pasteur). Myös *Lukion Biologia B1* (Otava 2009, s. 95) lainaa tätä todeten, että ”Luonnossa nykyisessä

hapettavassa ilmakehässä uusia soluja syntyy vain jo olemassa olevista soluista”. (“Hapeton ilmakehä” – mitä sillä sitten tarkoitetaan, on pelkkä ”pelastushypoteesi”.)

Kaikki nykyiset solukoneistot/rakenteet on kloonattu ensimmäisen solun koneistoista ja rakenteista (solukoneet ovat *todellisia koneita ja moottoreita*):

**Munasolu perimän perusyksikkönä: geenit eivät olekaan ”elämän piirustuksia”,
the shock of shocks:**

Ihmisen munasolu on siittiötä noin tuhat kertaa kookkaampi. (Monet muut ovat paljon suurempia.) Munasolu on polaarinen (epäsymmetrinen) jättiläinen, useisiin tiiviisti pakattuihin osastoihin jakautunut, erittäin järjestäytynyt kokonaisuus. Johnson G. *The Living World*, 4th edition, McGraw Hill 2006, sivu 667 kertoo, että “Tsygootti (hedelmöittynyt munasolu) jakaantuu aluksi moniksi pienemmiksi soluiksi* siten, että soluryppään koko ei kasva. Nämä jakaantumiset vaikuttavat tulevaan kehitykseen, koska eri solut perivät erilaisen osan sytoplasmaa ja siten erilaiset säätelytekijät ja signaalit”.

*Ihmisellä non kolmeensataan.

Munasolu on siis perimän perusyksikkö, ”elämän piirustukset”, eivät geenit. DNA:lla tuotetaan vain uudet raaka-aineet. Uuden yksilön solukoneistot ovat äidin solukoneistojen klooneja. Mitokondriot ovat syntyneet jakaantumalla äidin mitokondrioista. Solukalvostot ovat lisäraaka-aineella laajennettuja äidin solukalvostoja. Solutukiranka on lisäraaka-aineella laajennettua äidin solutukirankaa jne. Kromosomit ja DNA voivat mutatoitua melkein miten vain, mutta eliöt eivät silti muutu perustyypeiltään toisenlaisiksi eliöiksi.*

*Jakaantumalla lisääntyminen ei ole todiste siitä, että mitokondriot ovat muinaisia bakteereja.

Wagner viittaa ainoastaan kerran munasoluun luvussa 5:

“Ennen munimista kärpänen antaa munalle useita kemiallisia viestejä (ns. syöttösoluista)... Yksi niistä on RNA-kopio bicoid-nimisestä geenistä, josta muna valmistaa bicoid-proteiinia... Se asetetaan lähelle munan kärkeä, johon pää myöhemmin muodostuu ja se jakaantuu munaan kuin pieni siirappipisara vesilasissa. Proteiinin pitoisuus on suurin munan kärjessä ja pienenee takaosan suunnassa” (137).

Mutta mikä määrää bicoid-RNA:n tarkan jakaantumisen munasolussa (jota Wagner vertaa passiiviseen siirappipisaran leviämiseen vesilasissa)? – Solutukiranka, sen mikrotubulusverkosto. Se määrää myös *Oskar*-geenin tuottaman lähetti-RNA:n jakautumisen. *Oskar* kulkeutuu mikrotubuluksia pitkin kohti alkion tulevaa takapäätä, jossa se yhdessä *Nanos*-lähetti-RNA:n kanssa osallistuu alkion takapäähän määräytymiseen.* (Aktiivinen, koko ajan elävä ja tilanteiden mukaan muuttuva solutukiranka määrää paljon muutakin.)

*Sariola ym. *Kehitysbiologia*, Duodemim 2015, s.86.

Jotta makroevoluutiota, suuria innovaatioita, voisi syntyä, **jonkin luonnollisen, ohjaamattoman prosessin pitäisi voida manipuloida munasolua**. Wagnerilainen ”innovabiliteetti” universaalisine geneettisine piirikirjastoineen saattaa olla vain pienen pieni murunen ”munasolujen kirjastoissa”:

“Many still erroneously believe DNA contains a prescriptive language containing a complete blueprint or ‘Book of Life’ that specifies in detail the development of an organism. As Woodward

and Gills wrote recently, 'This is the shock of shocks: that the DNA alone does not play the part of the director' -- It is wrong to think DNA provides detailed instructions on how to assemble an organism. Oyama (2002) pointed out that 'gene initiates a sequence of events only if one chooses to begin analysis at that point: it occupies no privileged energetic position outside the flux of physical interactions'(p.40) and that 'gene transcription and translation in no way represent instructions for building a functional body' (p.69). She correctly mentioned that the instructions needed to define organisms are inherited as already functioning cells and in a similar environmental context as the parent. – Speculative neo-Darwinism is at best post-factostorytelling; it provides no insights into the big interesting biological questions" (Truman R.: Cells as Information Processors, part one. Creation Research Society Quarterly 2016, 275-308)

Kelpoisimman synty päättyy "metafyysisesti" – vai sanoisinko "raamatullisesti":

"Kun tutkimme luonnon kirjastoja, emme tutki vain elämän ja teknologian innovabiliteettia. Valaisemme myös uudella tavalla yhtä filosofian pitkäkestoisimmista ja kiehtovimmista aiheista. Ja opimme, että elämän luovuuden lähde on elämää itseään ja kenties jopa aikaa vanhempi."

Näin on – *ainoa* luovuuden lähde on äly/ informaatio (ei wagnerilainen, epämääräinen "itseorganisaatio"):

"Informaation alkuperä on ajan ja paikan tuolla puolen, tapahtumahorisontin takana - viimeinen mysteeri, jota ihminen ei voi selvittää" (Noam Chomsky, naturalisti, informaatioteorian pioneereja).

"Alussa oli Sana (*Lógos*). Sana oli Jumalan luona, ja Sana oli Jumala" (Johanneksen evankeliumi 1:1).

Uusi Testamentti kirjoitettiin kreikaksi, josta *Lógos* on käännetty sanaksi "Sana". Sanakirjan mukaan *lógos* = puhe, sana, tieto, ajatus, järki, informaatio tai tiede (vokaalin edellä *log-*, kuten *biologia*). Informaation/*Lógosin* alkuperän mysteeriä ihminen ei voi siis itse selvittää; siihen tarvitaan *ilmoitus*.

Vai onko *Logos* pelkkä *vaikutelma*, kuten Richard Dawkins on selittänyt: Elämä tosin vaikuttaa suunnitellulta. Mutta se on pelkkä inhimillinen vaikutelma, joka johtuu siitä, että suunnittelemaan kykenevinä olentoina, olemme tottuneet ajatukseen suunnittelusta, koska näemme sitä, kuten teknologiaa omassa maailmassamme joka päivä. Siksi myös biologiset rakenteet saattavat herättää vaikutelman suunnittelusta.

Mutta vertauksen voi kääntää toisinkin päin: Fossiileissa on havaittavissa joitain piirteitä, jotka *vaikuttavat* sopivan evoluutioon. Kyseessä on kuitenkin pelkkä inhimillinen vaikutelma. Todellisuudessa kyse ei ole evoluutiosta, vaan eliöiden rakenteet on suunniteltu niiden toiminnallisia tarpeita silmällä pitäen.

