

Ewaluacja ewolucjonistycznych rozwiązań problemu nieredukowalnej złożoności

Dariusz Sagan*

Nadesłano: 4 września 2008. Przyjęto do publikacji: 18 grudnia 2008.

Streszczenie

Koncepcja nieredukowalnej złożoności układów biochemicznych, wchodząca w skład tzw. teorii inteligentnego projektu, jest promowana jako naukowa alternatywa dla naturalistycznych teorii ewolucji, a zwłaszcza dla dominującego w biologii neodarwinizmu. Koncepcja ta głosi, że pewne cechy struktur biochemicznych wskazują na to, iż zostały zaprojektowane przez istotę inteligentną. Skupiam się tu na analizie ewolucjonistycznych scenariuszy powstania układów nieredukowalnie złożonych. Mimo iż niektóre z nich opisują materialne procesy, które teoretycznie są w stanie wytworzyć nieredukowalną złożoność, zgadzam się ostatecznie z teoretykami projektu, że są one wysoce spekulatywne, co nie pozwala aktualnie ocenić, czy stanowią adekwatne wyjaśnienie pochodzenia takich układów. Tym samym uzasadniona wydaje się teza, że układy te nie zostały jak dotąd wyjaśnione w ramach darwinizmu, zaś hipoteza projektu – wbrew opinii większości biologów, że dawno już została wykluczona – nadal może być realnym, bardziej adekwatnym wyjaśnieniem omawianych układów.

Spis treści

1	Wstęp	90
2	Koncepcja nieredukowalnej złożoności	90
2.1	Definicja nieredukowalnej złożoności	90
2.2	Przykłady układów nieredukowalnie złożonych	91
2.3	Nieredukowalny rdzeń	92
2.4	Płaszczyzny argumentu z nieredukowalnej złożoności	92
2.5	Nieredukowalność funkcji a nieredukowalność pochodzenia	94
3	Nieredukowalna złożoność oczami ewolucjonistów	95
3.1	Duplikacja genu i homologie	95
3.2	Kooperacja	99
3.3	Narastająca niezbędność	103
3.4	Łuk rzymski i redundantna złożoność	104
3.5	Samoorganizacja	106
3.6	Argument Richarda Dawkinsa	107
4	Podsumowanie	109

*Adres elektroniczny: darsag@wp.pl; strona internetowa: <http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=onas&id=7>

1 Wstęp

Już od ponad stu lat w biologii dominuje ewolucjonistyczny pogląd na pochodzenie życia i jego licznych, obserwowanych współcześnie postaci. Akceptacja takiego ujęcia w nauce stała się możliwa dzięki wydanej w 1859 roku książce Karola Darwina, *O powstawaniu gatunków*, w której przedstawił on teorię głoszącą, że obserwowana obecnie ogromna różnorodność organizmów żywych wywodzi się od wspólnego przodka i powstała w wyniku procesu stopniowej ewolucji drogą doboru naturalnego, działającego na rezultaty przypadkowych zmian. W XX wieku odkryto, że owe zmiany są mutacjami w materiale genetycznym. Z połączenia genetyki z teorią Darwina powstała teoria nosząca miano neodarwinizmu – choć zamiennie nazywana jest też syntetyczną teorią ewolucji, ewolucjonizmem darwinowskim lub po prostu darwinizmem. Jest to teoria naturalistyczna, przyczyny inteligentne nie odgrywają w niej żadnej roli.

Sto lat po wydaniu *O powstawaniu gatunków* sukcesy paradygmatu darwinowskiego pozwoliły Julianowi Huxleyowi – wnukowi Thomasa Henry’ego Huxleya, nazywanego „buldogiem” Darwina – stwierdzić, że teoria ewolucji „[...] nie jest już teorią, lecz faktem [...]”. Nie musimy już zwracać sobie głowy ustaleniem faktu ewolucji” [1]. Dziś zgadza się z tym zdecydowana większość biologów. Na przykład w *National Geographic* David Quammen napisał: „[Teoria ewolucji jest] bardzo przekonująca – to teoria pewna jak szwajcarski bank” [4, str. 8].

Jednakże na początku lat dziewięćdziesiątych XX wieku niewielka grupa intelektualistów amerykańskich, pod przewodnictwem prawnika Phillipa E. Johnsona, zaczęła rozwijać tzw. teorię inteligentnego projektu. Najogólniej mówiąc, teoria ta głosi, że w świecie przyrody można wykrywać i są wykrywane ślady inteligentnej aktywności i że można to robić metodami naukowymi. Teoria inteligentnego projektu najwyraźniej zaznacza się na gruncie nauk biologicznych, gdzie znajduje najbogatsze źródło swoich argumentów. Ma stanowić ona naukową alternatywę dla naturalistycznych wyjaśnień pochodzenia życia i jego form, które uznaje za nieadekwatne.

Jedną z części składowych teorii inteligentnego projektu jest koncepcja nieredukowalnej złożoności układów biochemicznych. Autorem argumentu z nieredukowalnej złożoności jest Michael J. Behe,

profesor biochemii pracujący w Uniwersytecie Lehigh w stanie Pensylwania. Swoją koncepcję Behe wyłożył w książce *Czarna skrzynka Darwina. Biochemiczne wyzwanie dla ewolucjonizmu* [5].

W niniejszym artykule przedstawiam tę koncepcję, jak również dokonuję analizy i oceny ewolucjonistycznych scenariuszy powstania nieredukowalnych złożonych układów biochemicznych. Uważam, że należy zgodzić się ze zwolennikami teorii inteligentnego projektu, iż dotychczasowe próby rozwiązania przez ewolucjonistów problemu nieredukowalnej złożoności nie są udane. Fakt nieistnienia wiarygodnych scenariuszy ewolucjonistycznych oraz argumentacja Behe’ego na rzecz hipotezy projektu przekonują mnie natomiast o braku empirycznych podstaw dla tezy głoszonej przez większość współczesnych biologów, w myśl której teoria inteligentnego projektu dawno już została zdyskredytowana i nie może posłużyć do wyjaśnienia żadnego aspektu świata biologicznego. Oczywiście, nie oznacza to, że już w tej chwili, o ile w ogóle, naturalistyczne teorie pochodzenia należy porzucić na rzecz teorii inteligentnego projektu – dyskusja najprawdopodobniej potrwa jeszcze bardzo długo.

Jako że Behe uznaje swoją koncepcję za naukową, w podsumowaniu pobieżnie rozpatruję także zagadnienie jej statusu poznawczego oraz roli, jaką mogłaby pełnić w nauce.

2 Koncepcja nieredukowalnej złożoności

2.1 Definicja nieredukowalnej złożoności

Koncepcja nieredukowalnej złożoności spełnia dwa podstawowe zadania: (1) jest krytyką ewolucjonizmu darwinowskiego oraz (2) stanowi próbę opracowania kryterium wykrywania inteligentnej aktywności w przyrodzie, czyli projektu. Behe sugeruje, że zarówno w świecie wytworów ludzkich, jak i w przyrodzie występuje wiele struktur, które charakteryzują się nieredukowalną złożonością, w związku z czym nie można ich wyjaśnić za pomocą mechanizmów darwinowskich. Zgodnie z definicją Behe’ego układ nieredukowalnie złożony to

[...] pojedynczy system, złożony z poszczególnych dobrze dopasowanych, oddziałujących ze sobą części, które wspólnie pełnią podstawową funkcję układu, a usunięcie jakiegokolwiek

z tych części powoduje, że system przestaje sprawnie funkcjonować. (Behe [5, str. 43])

Pojawia się tutaj problem dla ewolucjonizmu darwinowskiego, ponieważ

Układu nieredukowalnie złożonego nie można wytworzyć bezpośrednio (czyli nieustannie doskonaląc początkową funkcję, której mechanizm się nie zmienia) poprzez liczne, następujące po sobie, drobne przekształcenia układu będącego jego prekursorem, ponieważ każdy prekursor systemu nieredukowalnie złożonego, któremu brakuje jakiejś części, jest z definicji нефunkcjonalny. (Behe [5, str. 43])

Innymi słowy, Behe sugeruje, że nie mogą istnieć prostsze wersje danego układu nieredukowalnie złożonego, które spełniałyby tę samą funkcję. Systemy prostsze w ogóle nie byłyby funkcjonalne, gdyż brakowałyby im części niezbędnych do odpowiedniego działania. Przy braku form pośrednich dobór naturalny nie miałby czego selekcjonować, więc układ nieredukowalnie złożony musiałby powstać od razu jako w pełni ukształtowana, zintegrowana jednostka. Co prawda, nie jest logicznie niemożliwe, by zaszło wiele równoczesnych przypadkowych mutacji, dających w jednym skoku nowy, funkcjonalny układ, ale wiąże się to z małymi prawdopodobieństwami. Poza tym, nie dość, że takie zdarzenia są niezgodne z gradualizmem darwinowskim, to teza o ich zachodzeniu jest nieobalalna – przyczyną byłby w takich przypadkach szczęśliwy traf, który trudno odróżnić od cudu. Behe dopuszcza także możliwość, że nieredukowalna złożoność mogła powstać jakąś okrężną drogą ewolucyjną. Jednakże – jego zdaniem – im system bardziej złożony, tym mniejsze prawdopodobieństwo jego ukształtowania się w ten sposób [5, str. 43].

W tym miejscu należy odróżnić bezpośredni proces darwinowski od procesu pośredniego. *Bezpośredni* proces darwinowski to taki, w którym układ ewoluuje drogą doboru naturalnego, ulepszając stopniowo swoją funkcję. W takim procesie ewoluuje jedynie system – funkcja jest od początku taka sama i ulega tylko stopniowemu udoskonalaniu. W procesie *pośrednim* natomiast dana struktura mogła – stopniowo ewoluując i pełniąc jakąś funkcję – uzyskać nową funkcję. Funkcja zmienia się wraz ze strukturą. Nieredukowalna złożoność

mogła więc pojawić się stąd, że *dopiero* do pełnienia *nowej* funkcji wymagane są wszystkie części *nowej* struktury systemu.

2.2 Przykłady układów nieredukowalnie złożonych

Ulubionym przykładem systemu nieredukowalnie złożonego, którym Behe posługuje się w celu zilustrowania swojej tezy, jest standardowa, pięcioczęściowa pułapka na myszy. Wszystkie części pułapki – podstawa, sprężyna, młoteczek, drążek przytrzymujący i zapadka – są niezbędne do jej funkcjonowania jako urządzenia do łapania myszy. Gdyby zabrakło choćby jednego składnika, pułapka na myszy nie mogłaby działać. Według Behe'ego podobne – choć znacznie bardziej skomplikowane – układy znajdują się w komórce. Są to m.in. wić bakteryjna, rzęska eukariotyczna, kaskada krzepnięcia krwi, transport wewnątrzkomórkowy czy system immunologiczny. Ograniczę się do omówienia jednego przykładu.

Niektóre bakterie poruszają się za pomocą wici. Można powiedzieć, że wić jest biochemicznym odpowiednikiem silnika zaburtowego, wykorzystywanego w motorówkach, w tym sensie, że jest to mechanizm obrotowy. Jest to długie włoskowate włókno zwane filamentem, wystające z błony komórkowej. Filament jest utworzony z białka zwanego flageliną. Styka się on z płynem otaczającym bakterię i poruszając się przemieszcza ją w wybranym kierunku. Filament jest przymocowany za pomocą molekuly zwanej „białkiem haka” do wału obrotowego, mieszczącego się tuż przy powierzchni komórki. Wał obrotowy (rotor) jest przytwierdzony do silnika, który zasila obroty za pomocą przepływu kwasu lub jonów sodu z zewnątrz do wnętrza komórki. Silnik wici znajduje się w jej podstawie, co oznacza, że odizolowany filament jest bezużyteczny. Stator utrzymuje natomiast wszystkie te elementy w stanie stacjonarnym w płaszczyźnie błony. Wić potrzebuje do funkcjonowania przynajmniej tych trzech składników – filamentu, rotora i silnika – jest więc, zdaniem Behe'ego, nieredukowalnie złożona [5, str. 67-69].

Wić bakteryjna to przykład konkretnego rodzaju systemu pływającego. Aby mógł spełniać swoje zadanie, każdy taki układ – biochemiczny, czy jakkolwiek inny – musi składać się z co najmniej trzech części: elementu popychającego, silnika z zapewnionym źródłem zasilania oraz łącznika, który przenosi energię z silnika do elementu popy-

chającego. (W przypadku wici jest to filament, silnik i wał obrotowy). Koniecznym warunkiem funkcjonowania tego typu układów jest równoczesna obecność wszystkich tych składników. W rzeczywistości układy pływające mogą być bardziej złożone i do sprawnego działania mogą wymagać więcej części. Wic bakterijną konstituuje około 50 rodzajów białek, z których co najmniej 20 składa się na ukończoną strukturę wici, zaś reszta jest potrzebna do jej zbudowania, funkcjonowania i utrzymania [6]. (Podawana jest różna liczba części składowych wici bakteryjnej. Bardzo często mówi się o 40 białkach. Podawana przez mnie liczba będzie uzależniona od tego, o jakiej liczbie pisze autor danego tekstu). W celu określenia roli i znaczenia wielu z tych białek trzeba przeprowadzić dalsze badania. Behe sugeruje jednak, że im większa liczba części niezbędnych do funkcjonowania, tym mniejsze prawdopodobieństwo powstania układów nieredukowalnie złożonych na skutek darwinowskiej ewolucji.

Należy także pamiętać – mówi Behe – że składniki układów pływających muszą być do siebie odpowiednio dopasowane. Element popychający nie może mieć zbyt dużej powierzchni w stosunku do silnika i łącznika, bo te mogłyby nie wytrzymać naprężenia w trakcie pracy i ulec zniszczeniu. Element popychający musi mieć jednak na tyle dużą powierzchnię, by można było dzięki niemu pokonać pożądaną odległość we właściwym czasie. Oprócz tego coś musi kontrolować tempo i kierunek ruchu:

W bezwzględny świat przyrody organizm tracący energię na bezradne wymachiwanie w wodzie nie miałby żadnej przewagi nad organizmem dryfującym łagodnie obok.” (Behe [5, str. 57])

2.3 Nieredukowalny rdzeń

Z czasem okazało się, że podana przez Behe’ego definicja nieredukowalnej złożoności ma pewne wady. Inny zwolennik teorii inteligentnego projektu, William Dembski, wskazuje, że definicja Behe’ego jest za wąska: nie obejmuje systemów, które oprócz wielu składników niezbędnych do utrzymania swojej podstawowej funkcji posiadają także składniki zbędne. Niektórzy krytycy twierdzą właśnie, że we wskazywanych przez Behe’ego ukła-

dach istnieją składniki nadmiarowe, a więc są one redukowalnie złożone. W ich mniemaniu fakt ten obala koncepcję nieredukowalnej złożoności¹. Zdaniem Dembskiego pierwotna definicja nieredukowalnej złożoności wymaga tylko niewielkiego dopracowania, aby nie przegapić układów, w których nie wszystkie, lecz podzbiór elementów zapewnia funkcjonalność – układów, które również stanowią problem dla ewolucjonizmu darwinowskiego. Dembski proponuje następującą definicję:

System pełniący daną podstawową funkcję jest *nieredukowalnie złożony*, jeśli obejmuje zbiór dobrze dopasowanych, oddziałujących ze sobą, niearbitralnie wyodrębnionych części, taki że każda część tego zbioru jest niezbędna do utrzymywania podstawowej, a tym samym głównej funkcji systemu. Zbiór tych niezbędnych części jest znany jako *nieredukowalny rdzeń* systemu. (Dembski [17, str. 285])

W skład podstawowej funkcji wchodzi trzy rzeczy [18, str. 3-4]:

1. to, do czego system służy w swoim naturalnym środowisku, czyli główna funkcja układu;
2. minimalny poziom funkcjonalności, umożliwiającej systemowi sprawne działanie w jego naturalnym otoczeniu; oraz
3. sposób, w jaki układ pełni swoją główną funkcję.

Zgodnie z definicją Dembskiego z danego systemu można więc usunąć jakiś element bez uszkodzenia jego podstawowej funkcji, ale istnieje podzbiór składników niezbędnych do jej utrzymania, z których nie można usunąć ani jednego, nie powodując całkowitego zaprzestania działania układu. Ten podzbiór to właśnie nieredukowalny rdzeń systemu. Należy jednak pamiętać, że mogą istnieć układy, w których tylko obecność wszystkich części zapewnia funkcjonalność.

2.4 Płaszczyzny argumentu z nieredukowalnej złożoności

Jak wskazuje Dembski, argument z nieredukowalnej złożoności operuje na trzech płaszczyznach:

¹Por. np. Doolittle [8], Miller [9], Ussery [10,11], Coon [12], Inlay [13,14] i Miller [16, str. 107-108].

²Por. Dembski [19, str. 293], [20] i [18, str. 11-12].

logicznej, empirycznej i eksplanacyjnej². Dwie pierwsze dotyczą krytyki darwinizmu, natomiast płaszczyzna eksplanacyjna jest związana z wykrywaniem projektu. Płaszczyzna logiczna polega na następującym wnioskowaniu: pewne sztuczne struktury są nieredukowalnie złożone i dlatego nie mogą być wytworzone stopniowo w rezultacie działania procesów podobnych do bezpośrednich procesów darwinowskich; pewne struktury biologiczne także są nieredukowalnie złożone, więc one też nie mogły powstać w bezpośrednim procesie darwinowskim³. Podczas gdy płaszczyzna logiczna wyklucza bezpośrednie procesy darwinowskie, płaszczyzna empiryczna eliminuje procesy pośrednie, stwierdzając brak ewolucjonistycznych wyjaśnień powstania nieredukowalnie złożoności, przywołujących takie procesy. Zdaniem Behe'ego, literatura naukowa całkowicie milczy na temat takich wyjaśnień:

Ewolucja molekularna nie jest poparta żadnym autorytetem naukowym. W literaturze naukowej [...] nie istnieje żadna publikacja, która opisywałaby, jak przebiegała lub mogła przebiegać ewolucja molekularna jakiegokolwiek istniejącego, złożonego układu biochemicznego. Zapewnia się, że taka ewolucja nastąpiła, ale żadnego z takich zapewnień nie popiera się istotnymi eksperymentami czy obliczeniami. (Behe [5, str. 163]; por. też Behe [7, str. 138])

Jak już wspomniałem, płaszczyzna logiczna i płaszczyzna empiryczna argumentu z nieredukowalnej złożoności ograniczają się jedynie do negocjowania ewolucjonizmu darwinowskiego jako teorii, będącej w stanie wyjaśnić powstanie biochemicznych układów nieredukowalnie złożonych. Nic jednak nie mówią one o tym, dlaczego istnienie takich systemów przemawia na rzecz proponowanej przez Behe'ego alternatywy dla neodarwinizmu:

Aktualnie żadne [neodarwinowskie wyjaśnienie układów nieredukowalnie złożonych] nie istnieje. Sam ten fakt nie usprawiedliwia wniosku o inteligentnym projekcie, do którego ja dochodzę. (Behe [21])

³Por. Dembski [19, str. 293] i [18, str. 12].

W tym punkcie pojawia się pozytywna część argumentu z nieredukowalnej złożoności – płaszczyzna eksplanacyjna.

Behe wnioskuje, że skoro układy nieredukowalnie złożone nie mogły mieć funkcjonalnych prekursorów i w związku z tym nie mogły powstać stopniowo poprzez dodawanie kolejnych, ulepszających funkcję części, to musiały powstać względnie szybko jako zintegrowana, składająca się z wielu elementów jednostka [5, str. 165]. Innymi słowy, wykluczona jest możliwość uformowania się nieredukowalnej złożoności w bezpośrednim procesie darwinowskim. Choć pozostaje możliwość okrzężonej drogi powstania układów nieredukowalnie złożonych, zdaniem Behe'ego nikt nie wie, jak mogły one powstać drogą jakiegokolwiek ślepego procesu naturalnego.

Czy nie istnieje zatem żadne rozwiązanie problemu nieredukowalnej złożoności? Czy może jednak da się w jakiś sposób wyjaśnić złożenie licznych, precyzyjnie dopasowanych do siebie części w całość, sprawnie działający system? Behe daje odpowiedź twierdzącą. Jego zdaniem czynnikiem, który potrafi tego dokonać, jest inteligencja. Człowiek nieustannie konstruuje układy nieredukowalnie złożone, takie jak na przykład pułapka na myszy. Projektant rozmyślnie zaplanował, jaką budowę ma mieć to urządzenie, jak powinno funkcjonować oraz szczegółowo określił, co trzeba zrobić, aby je skonstruować, i na podstawie tego projektu (on lub ktoś inny) mógł wykonać i połączyć odpowiednie części, realizując swój plan. Żaden prostszy, funkcjonalny system nie mógł przekształcić się w standardową pułapkę na myszy stopniowo; została ona celowo zaprojektowana do pełnienia pewnej funkcji – łapania natrętnych gryzoni – i zmontowana od razu jako całość złożona z licznych współdziałających składników. Nieredukowalna złożoność układów biochemicznych również świadczy – w mniemaniu Behe'ego – o tym, że zaprojektował je jakiś inteligentny czynnik.

Teoretycy projektu nie utożsamiają jednak projektanta z Bogiem chrześcijańskim. Przed Darwinem tradycyjnie uważano, że obiekty biologiczne zaprojektowano i że ich projektant ma nadprzyrodzoną, boską naturę. Jeden z najsłynniejszych argumentów z projektu biologicznego wysunął dziewiętnastowieczny teolog i biolog William Paley po to, by udowodnić istnienie dobrego i mądrego Boga. Pamięć o tej tradycji sprawia, że gdy obecnie

mówi się o projekcie układów biologicznych, naj- silniej nasuwa się myśl o nadprzyrodzonym, boskim projektancie. Naukowe stwierdzenie istnienia projektu nie gwarantuje jednak uzyskania wiedzy o naturze projektanta:

Chociaż biochemia komórki dostarcza wyraźnego świadectwa projektu, zidentyfikowanie projektanta metodami naukowymi może być nadzwyczaj trudne. (Behe [5, str. 218])

2.5 Nieredukowalność funkcji a nieredukowalność pochodzenia

Jeszcze jeden aspekt koncepcji Behe'ego wymaga wyjaśnienia. Do czego właściwie odnosi się termin nieredukowalna złożoność w definicji podanej przez Behe'ego? Można odpowiedzieć, oczywiście, że to jakiś system, biochemiczny lub jakikolwiek inny, może być nieredukowalnie złożony. Ale co to znaczy? Behe mówi, że jeżeli dany układ jest nieredukowalnie złożony, to usunięcie z niego choćby jednej części (odłóżmy zagadnienie nieredukowalnego rdzenia na bok, gdyż nie jest ono istotne dla mojej analizy w tym punkcie) spowoduje zaprzestanie jego funkcjonowania. Odejmij jakiś składnik pułapki na myszy, a nie złapie już ani jednego gryzonia; usuń jakieś białko z wici bakteryjnej, a nie będzie napędzała ruchu bakterii. Układy te musiały powstać w jednym kroku, aby mogły się nadawać do wykonywania tych zadań. Można jednak zapytać, czy stwierdzenie, że dany system jest nieredukowalnie złożony, oznacza, iż wszystkie jego części musiały powstać jednocześnie, czy też poszczególne części mogły istnieć wcześniej, a tylko później połączyły się ze sobą (jest to tylko jedna z możliwości), tworząc układ o danej funkcji, w którym wszystkie części są niezbędne do jej pełnienia?

Określić, czy system jest nieredukowalnie złożony, można w dwojaki sposób [18, str. 5]:

1. przy pomocy analizy empirycznej, poprzez usuwanie części pojedynczo lub grupami z układu, stosując na przykład technikę nokautowania genów; oraz
2. dzięki analizie konceptualnej, która umożliwia wyróżnienie podstawowych elementów systemu i stwierdzenie, czy któregoś z nich może zabraknąć, a układ nadal będzie pełnił swoją funkcję.

Obie te metody uzupełniają się. Można najpierw konceptualnie wykazać, że aby – dajmy na to – wic mogła służyć bakterii do pływania, musi składać się z silnika, filamentu i rotora. Dzięki analizie empirycznej można zaś dalej (w miarę) precyzyjnie określić, które białka wici faktycznie są konieczne do tego, aby mogła ona umożliwić bakterii poruszanie się. Łatwo jednak zauważyć, że metody te mogą być przydatne wyłącznie do określenia, które i ile części jest absolutnie niezbędnych do pełnienia danej funkcji i do jakiego stopnia można zredukować złożoność układu, zachowując tę jego funkcję. Innymi słowy, da się za ich pomocą stwierdzić co najwyżej *nieredukowalność funkcji*.

Użycie tych metod nie dostarcza bezpośredniej wiedzy na temat powstania badanego układu. Jak pisze jeden z krytyków Behe'ego: „Zaproponowane przez [Behe'ego] podejście może być przydatne do określenia funkcji systemu i roli każdego jego składnika, ale wyraźnie nie przydaje się do ustalania jego pochodzenia” [14]. Samo usuwanie części nie mówi nic o tym, jak, kiedy i z jakiej przyczyny połączyły się one ze sobą w układ o danej funkcji. Nie informuje też o czasie i okolicznościach powstania poszczególnych części. Z perspektywy ewolucjonizmu systemy obserwowane współcześnie najpewniej nie zawsze miały taką postać. Mogły składać się one z mniejszej ilości części, które same nie musiały mieć takich właściwości, jakie posiadają obecnie. Z założenia proces ewolucji polega przecież na zmianie. Usuwanie części ze współcześnie istniejących układów biochemicznych nie ukazuje „odwrotnego biegu ewolucji” [22]. Skąd na podstawie samych przedstawionych powyżej metod określania nieredukowalnej złożoności wiadomo, czy niezbędne elementy obecnych systemów zawsze były niezbędne, wzięwszy pod uwagę hipotezę istnienia prekursorów tych układów? W ciągu milionów lat rozwoju organizmów żywych części mogły być do układów biochemicznych dodawane, odejmowane lub same mogły się zmieniać. Możliwe również, że układy na różnych etapach swojej ewolucji pełniły inne funkcje niż dzisiaj. Być może układy te wraz z ich składnikami zostały ukształtowane przez jakieś stopniowo działające procesy darwinowskie i – cofając się w czasie – da się wykazać ich redukowalność, a może jakaś inteligencja stworzyła je od razu w całości i nie da się znaleźć dla nich fizycznych prekursorów? Aby dowiedzieć się, jak one powstały, trzeba przeprowadzić dalsze badania. W najlepszym jednak razie tech-

niki, takie jak nokautowanie genów, są pomocne w określaniu nieredukowalności funkcji, lecz nie mogą wykazać *nieredukowalności pochodzenia*.

Rozważmy jeszcze przykład pozwalający lepiej zrozumieć różnicę między nieredukowalnością funkcji a nieredukowalnością pochodzenia. David Ussery zauważył, że jeżeli do funkcjonowania wici bakteryjnej konieczne są co najmniej trzy części – filament, rotor i silnik – to teoretycznie każda z nich z osobna może być zbudowana z tylko jednego rodzaju białka. Do utworzenia funkcjonalnej wici wystarczyłyby zatem w sumie trzy typy białek, nie zaś czterdzieści [23, str. 50-51]. Znalezienie takiej najprostszej wici oraz ciągu wici coraz bardziej złożonych mogłoby (choć, jak się później przekonamy, nie musi) wskazywać, że te bardziej złożone wyewoluowały ze struktury najprostszej, czyli sugerowałyby, iż nie są one nieredukowalne ze względu na pochodzenie. Nie musiałyby to jednak oznaczać, że poszczególne rodzaje wici, składające się z różnej ilości białek, nie charakteryzują się nieredukowalnością funkcji. Na przykład usunięcie jakiegoś białka ze zbudowanej z czterdziestu rodzajów białek wici bakteryjnej nadal może spowodować jej niefunkcjonalność jako systemu pływającego.

3 Nieredukowalna złożoność oczami ewolucjonistów

Jak wspomniałem, niektórzy ewolucjoniści próbują udowodnić, że układy, którymi posiłkuje się Behe, naprawdę nie są nieredukowalnie złożone. Inni zgadzają się jednak, że pewne współcześnie istniejące systemy charakteryzują się tym, co nazwałem nieredukowalnością funkcji, lecz uważają, iż mogły one powstać w procesie stopniowej ewolucji, a więc nie są nieredukowalne ze względu na pochodzenie. W istocie nawet ci pierwsi uważają, że gdyby układy wskazywane przez Behe'ego faktycznie były nieredukowalnie złożone ze względu na funkcję, i tak dałoby się je wyjaśnić w ramach ewolucjonizmu. W tej części prześlę debatę nad różnymi ewolucjonistycznymi scenariuszami powstania układów nieredukowalnie złożonych.

3.1 Duplikacja genu i homologie

Jako wyjaśnienie powstania układów nieredukowalnie złożonych ewolucjoniści najczęściej przywołują *duplikację genu*. Duplikacja genu to po-

dwojenie odcinka chromosomu – powstanie dwóch kopii tego samego genu lub części genu – albo podwojenie całego chromosomu czy też nawet całego genomu. Uważa się, że duplikacja genu jest kluczowym mechanizmem ewolucyjnym. Podczas gdy jedna kopia genu spełnia swoje zwykłe zadania, druga może stopniowo przechodzić zmiany, nie wyrządzając szkody organizmowi i uzyskiwać nową, podlegającą działaniu doboru naturalnego funkcję [24]. Ważną rolę odgrywa tutaj analiza różnych sekwencji DNA i białek, dzięki której można określić ich *homologiczność* rozumianą jako stopień wzajemnego pokrewieństwa. Im większe podobieństwo sekwencji, tym bliższe ich pokrewieństwo, a to świadczy – jak twierdzą ewolucjoniści – o tym, że struktury te wyewoluowały od wspólnego przodka.

W sporze o nieredukowalną złożoność duplikacją genu najczęściej tłumaczy się powstanie kaskady krzepnięcia krwi. Czyni tak m.in. Russell Doolittle, najsłynniejszy badacz układu krzepnięcia. Jego zdaniem analiza sekwencji białek procesu krzepnięcia wykazuje, że są one podobne (homologiczne) do siebie oraz do białek niewystępujących w kaskadzie i da się rozrysować drzewo genealogiczne rodziny takich białek. Scenariusz Doolittle'a przewiduje, że nowe geny kaskady powstały z genów starych za pomocą duplikacji. W wyniku duplikacji genu dany organizm jest wyposażony w starą kopię genu kodującego jakiegoś białko oraz nową kopię genu, która zazwyczaj do niczego się nie przydaje. Większość tak powstałych białek jest z biegiem czasu eliminowana, gdyż liczne mutacje uniemożliwiają im funkcjonowanie i nie stanowią one żadnej wartości selekcyjnej. Niekiedy jednak zdarza się, że w wyniku mutacji punktowych, na skutek których następują zastąpienia aminokwasów, tworzy się nowe, funkcjonalne, dające przewagę białko i dobór naturalny może je zachować [8, str. 58-59].

Jak pisze Doolittle, „[...] mamy już długą listę białek, które wyraźnie są produktami duplikacji genów” [8, str. 59]. Na przykład hemoglobina kręgowców składa się z dwóch rodzajów łańcuchów białkowych zwanych alfa i beta, których sekwencje aminokwasów są w 45% identyczne. W płodzie występuje jeszcze inny typ hemoglobiny, którą tworzy taki sam rodzaj łańcucha alfa jak w pierwszej hemoglobinie oraz drugi łańcuch zwany gamma. Łańcuchy alfa i gamma są do siebie podobne w 45%, ale łańcuch gamma jest już w 70%

identyczny z łańcuchem beta. Sugeruje to ich bliższe pokrewieństwo niż łańcuchów gamma i alfa. Według Doolittle'a nikt nie wątpi, że te łańcuchy powstały na skutek duplikacji genu⁴. Utrzymuje on, że podobnie jest w przypadku białek kaskady krzepnięcia krwi, z tą różnicą, że wiele z nich podlega także podobnemu do duplikacji genów procesowi tasowania eksonów, w którym na poziomie DNA przedstawiają się poszczególne domeny białek, odpowiedzialne za określone funkcje i kodowane przez odrębne eksony. Różne kombinacje domen mogą dawać nowe białka o różnych funkcjach. Uważa się, że tasowanie eksonów tworzy nowe białka szybciej niż pojedyncze zastąpienia aminokwasów. Zdaniem Doolittle'a proces ten, dzięki któremu powstają geny, przypominające swą strukturą mozaikę kopii pojedynczych eksonów pochodzących z innych genów, jest szczególnie pomocny przy kształtowaniu kaskad. Rozwój układu krzepnięcia krwi można prześledzić, porównując kaskady o różnej złożoności u organizmów, które ewoluowały w różnym czasie, a zwłaszcza u tych stworzeń, które pojawiły się w historii życia wcześniej [8, str. 55], ponieważ

jednym z głównych dążeń ewolucjonistów molekularnych jest rozrysowanie drzewa genealogicznego rodziny białek w celu zidentyfikowania małej liczby genów, które musiały posiadać wcześniej żyjące organizmy. (Doolittle [8, str. 59])

Enzymy kaskady należą do klasy enzymów odcinających białka zwanych proteazami serynowymi. Proteazy serynowe występują w dużych ilościach w komórkach i tkankach organizmu, służąc do różnych celów niezwiązanych z procesem krzepnięcia. Kiedy naczynia krwionośne zostaną przerwane i białka występujące w osoczu dostaną się do nowego środowiska, proteazy tkankowe tną wiele z nich na kawałki nieprecyzyjnie. Niektóre z tych kawałków są w mniejszym stopniu rozpuszczalne niż białka, z których się wywodzą, i gromadzą się razem, by uformować prymitywną postać skrzepu. Taki rodzaj prostego i niespecyficznego mechanizmu krzepnięcia krwi funkcjonuje u wielu bezkręgowców i – zdaniem Kennetha Millera, cytobiologa z Uniwersytetu Browna – był on ewolucyjnym prekursorem systemu krzepnięcia u przodków dzisiejszych kręgowców. Miller argumentuje, że milio-

ny lat temu pewne proteazy serynowe zduplikowały się i jedna z nich przedostała się do krwiobiegu, pozostając w formie nieaktywnej, dopóki – po przerwaniu naczynia krwionośnego – nie aktywowała jej proteaza tkankowa. Odtąd – twierdzi Miller – każde udoskonalenie tego mechanizmu mogło być selekcjonowane przez dobór naturalny. Kolejne poziomy złożoności, zwiększające efektywność kaskady, również powstały dzięki duplikacji proteazy krzepnięcia [9, str. 156-157].

Scenariusz ten można – zdaniem Millera – łatwo przetestować. Trzustka produkuje dużo proteaz serynowych w celu trawienia pokarmu. Narząd ten ma wspólne pochodzenie embrionalne z wątrobą, w której, jak się okazuje, produkowane są proteazy krzepnięcia. Powstanie proteaz krzepnięcia wymaga więc duplikacji proteazy trzustkowej, która zostaje włączona w wątrobę. Taki scenariusz przewiduje, że enzymy krzepnięcia powinny być bardzo podobne, a przynajmniej jeden musi być homologiczny do enzymu trzustkowego. I rzeczywiście, trombina jest homologiczna do proteazy trzustkowej trypsyny, a sześć innych enzymów kaskady kręgowców jest homologicznych względem siebie. Podobnie, jak utrzymuje Miller, współczesny fibrynogen jest kopią genu charakteryzującego się podobną sekwencją, ale niezwiązanego z krzepnięciem krwi, który występuje u jednego z przedstawicieli bezkręgowców – ogórka morskiego. Dla Millera jest jasne, że wszystkie białka kaskady krzepnięcia krwi u kręgowców powstały poprzez duplikację i modyfikację istniejących wcześniej genów⁵.

Behe zgadza się, że w przypadku białek kaskady krzepnięcia krwi istnieją mocne świadectwa następowania duplikacji genów i tasowania eksonów. Przyznaje, że białka te są podobne do siebie i do innych białek, a to wyraźnie sugeruje, że powstały one poprzez duplikację genu. Jego zdaniem jest to rozsądna hipoteza. Jednakże zduplikowane geny to nic więcej jak tylko kopie starych genów, posiadające te same własności [27, 28]. Ewolucjoniści muszą wyjaśnić, jak owe kopie uzyskały nowe własności na drodze doboru naturalnego lub jakiegoś innego mechanizmu przyrodniczego. Podobnie jak duplikacja genu, homologiczność białek również nie daje żadnych wskazówek na temat przebiegu ewolucji. Homologie stanowią jedynie świadectwo na rzecz wspólnego pochodzenia, czyli przemawiają za zajściem ewolucji. Nic jednak

⁴Por. Doolittle [8, str. 59-60] oraz Futuyma [25, str. 66].

⁵Por. Miller [9, str. 157-158] oraz [26].

nie mówią o mechanizmie ewolucji, jaki oferuje na przykład darwinowska teoria doboru naturalnego. Doolittle wnioskuje zaś, że kaskada krzepnięcia powstała właśnie drogą doboru naturalnego, ale nie opiera tego wniosku na niczym innym jak tylko na homologiach między białkami kaskady [29].

Wiedza o homologii jest z pewnością użyteczna, może rozjaśnić ścieżkę pochodzenia i pohamować nasze hipotezy. Niemniej jednak sama znajomość sekwencji, struktury i funkcji istotnych białek nie wystarczy do uzasadnienia twierdzenia, że ewolucja jakiegoś poszczególnego złożonego systemu nastąpiła drogą doboru naturalnego. Duplikacja genu nie jest wyjaśnieniem darwinowskim, gdyż wskazuje jedynie na wspólne pochodzenie, nie zaś na mechanizm ewolucji⁶.

Behe akceptuje ideę wspólnego pochodzenia:

uważam teorię wspólnego pochodzenia (głoszącą, że wszystkie organizmy mają wspólnego przodka) za dość przekonującą i nie mam żadnego szczególnego powodu, by w nią wątpić. (Behe [5, str. 15]; por. też [30, str. 3]).

Niektórzy krytycy Behe'ego uważają, że on sam sobie przeczy, gdyż popierając ideę wspólnoty pochodzenia, odrzuca makroewolucję, czyli ewolucję na poziomie ponadgatunkowym⁷. Jeden z nich stwierdza nawet żartobliwie, że „Nie można wierzyć w jedno, nie wierząc w drugie, tak samo jak nie można wierzyć w piwo, nie wierząc jednocześnie w browarnictwo” [31, str. 45]. Behe nie twierdzi jednak, że teoria wspólnego pochodzenia jest na pewno prawdziwa (wcale by mu nie przeszkadzało, gdyby była fałszywa), a jedynie sądzi, że jest ona naukowo uzasadniona, jeśli chodzi o wyjaśnienie podobieństw między organizmami. O wspólnym pochodzeniu świadczy na przykład, zdaniem Behe'ego, obecność podobnych pseudogenów, czyli „błędów” genetycznych, u różnych organizmów. Zgoda na tę teorię nie oznacza jednak konieczności uznania, że istoty żywe wyodrębniły się od wspólnego przodka w procesie doboru naturalnego⁸. Podobnie, strukturalne czy genetyczne podobieństwo

może wskazywać na to, że pewne białka lub geny pochodzą od wspólnego prekursora, ale nie mówią, jaki mechanizm kierował ich różnicowaniem się – wspólnota pochodzenia tłumaczy tylko podobieństwa, a mechanizm ewolucji powinien wyjaśniać różnice⁹. Potwierdza to na przykład Gert Korthof, który bynajmniej nie jest zwolennikiem teorii inteligentnego projektu. Jego zdaniem nie ma sprzeczności w akceptowaniu teorii wspólnego pochodzenia i odrzucaniu mechanizmu ewolucji, ponieważ są to dwie odrębne teorie, które wspierają się odmiennymi świadectwami [35]. Korthof dodaje:

Wspólnota pochodzenia jest wnioskiem z danych niezależnych od mechanizmu ewolucji. Sama z siebie niczego nie implikuje na temat tempa, stopniowości czy względnego znaczenia doboru w ewolucji”. (Korthof [36, str. 45]).

Co ciekawe, Korthof krytykuje jednak Behe'ego za jednoczesne utrzymywanie koncepcji nieredukowalnej złożoności i akceptację teorii wspólnego pochodzenia. Korthof twierdzi, że każde wprowadzenie przez projektanta nowego układu nieredukowalnie złożonego jest pogwałceniem wspólnoty pochodzenia, ponieważ nie został odziedziczony zgodnie z prawami genetyki [36, str. 43]. Zarzut ten najwyraźniej przeczy jednak tezie Korthofa, że wspólnota pochodzenia jest niezależna od mechanizmu ewolucji. Raz pisze on, że wspólnota pochodzenia oznacza, iż „każdy organizm odziedziczył wszystkie swoje geny po wcześniejszym pokoleniu (z drobnymi modyfikacjami)” [36, str. 43], co jest przecież równoznaczne z mechanizmem wyjaśniającym, skąd biorą się podobieństwa pomiędzy różnorodnymi formami życia, a przy innej okazji twierdzi, że o wspólnocie pochodzenia świadczy samo istnienie tych właśnie podobieństw, układających się we wzorzec rozrastającego się drzewa życia, co ma skłaniać do wniosku, że wywodzą się one (w jakiś nieokreślony automatycznie sposób) od wspólnego przodka [36, str. 42]. Mówiąc o pogwałceniu wspólnoty pochodzenia przez brak dziedziczenia zgodny z prawami genetyki, Korthof milcząco zakłada naturalny mechanizm zmian genetycznych, który ma tłumaczyć pochodzenie podobieństw obserwowanych u odrębnych organizmów. Z góry odrzuca także koncepcję, według której po-

⁶(Behe [27]; por. też [30, str. 74])

⁷Por. Orr [31, str. 45] i Coyne [32].

⁸Lopez [33] oraz Behe [30, str. 12, 70-72 i 95] i [34].

⁹Por. Behe [30, str. 2 i 72] oraz [5, str. 84].

dobieństwa są wynikiem wykorzystania tych samych rozwiązań przez projektanta, gdyż zdaniem Korthofa nie jest to żadne wyjaśnienie, lecz stwierdzenie pewnego niezrozumiałego faktu [36, str. 40 i 47]. Wydaje się jednak, że nie ma on racji. Nie ma żadnej logicznej przeszkody, by projektant zbudował najpierw prostą strukturę i z czasem wprowadzał struktury nowe i bardziej złożone, bazując na podobnych rozwiązaniach. Z doświadczenia wiemy również, że wytwory ludzkie, na przykład samochody lub komputery, charakteryzują się podobieństwami, choć nie powstały w wyniku niekierowanej ewolucji, lecz na skutek trwającego wiele lat procesu projektowania. Poza tym, gdybyśmy odkryli różnorodne i w różnym stopniu podobne do siebie struktury wytworzone przez jakąś nieistniejącą już cywilizację ludzką lub pozaziemską i nie mielibyśmy bezpośredniej ani pośredniej wiedzy, że są to wytwory inteligencji, czy mielibyśmy wtedy potraktować je jako produkt ewolucji naturalistycznej, abyśmy mogli uznać, że jesteśmy w posiadaniu autentycznego wyjaśnienia? Oczywiście, że nie. Byłoby ono fałszywe, poprawnym wyjaśnieniem byłby natomiast projekt. Tak samo może być ze strukturami biologicznymi – podobieństwa między nimi rzeczywiście mogą być wynikiem długotrwałego i postępującego procesu projektowania.

Wróćmy jednak do duplikacji genu jako wyjaśnienia nieredukowalnej złożoności. W przypadku kaskady krzepnięcia – twierdzi Behe – zduplikowane białko aktywowałoby ten sam cel, co stare białko, i byłoby włączane przez to samo białko, co zawsze. Trzeba jednak szczegółowo wyjaśnić, jak duplikaty białek krzepnięcia zmieniły swoje właściwości, tworząc nowy etap kaskady, w którym muszą być obecne także nowy cel i nowy aktywator dla wcześniej zduplikowanego białka. Poważny model ewolucji procesu krzepnięcia powinien, zdaniem Behe'ego, obejmować:

- ilościowy opis stanu wyjściowego przy uwzględnieniu systemów oddziałujących ze sobą pośrednio;
- ilościowy opis stopniowego przejścia do kolejnego etapu;
- szczegółowy opis dostosowania się mechanizmów regulacyjnych do tych zmian;
- wpływające na układ naciski selekcyjne;
- problemy, jakie zmiany ewolucyjne mogą sprawić organizmowi;

- szacowany czas nastąpienia zmian; prawdopodobne rozmiary populacji gatunku ancestralnego na każdym etapie rozwoju,

i tak dalej. Bardzo mile widziane byłoby, oczywiście, eksperymentalne wykazanie, że dobór naturalny potrafi utworzyć kaskadę krzepnięcia lub system o podobnej złożoności [27].

Ani scenariusz Doolittle'a, ani Millera nie dostarcza takich wyjaśnień – twierdzi Behe. Według niego Miller w ogóle nie porusza kluczowego dla procesu krzepnięcia zagadnienia regulacji i ignoruje potencjalne trudności, jakie mogą wynikać z jego scenariusza [27]. Miller w odpowiedzi argumentuje, że Behe błędnie podkreśla rolę regulacji kaskady krzepnięcia krwi u współczesnych kręgowców, ponieważ prymitywny system krzepnięcia u wczesnych kręgowców najprawdopodobniej działał przy niskim ciśnieniu krwi i brak precyzyjnej regulacji nie był aż tak wielkim problemem jak teraz. Poza tym, Miller uważa, że to, co Behe krytykuje w jego scenariuszu, nie stanowi prawdziwej trudności dla ewolucji [26,37]. Jest jednak faktem, że Miller w swoim modelu bierze pod uwagę tylko pozytywne możliwości i nie dostarcza ilościowych wyjaśnień, których domaga się Behe.

Warto wspomnieć jeszcze o jednej kwestii. Behe wraz z Davidem Snoke'iem z Wydziału Fizyki i Astronomii Uniwersytetu w Pittsburghu opublikowali artykuł, w którym przedstawili wyniki symulacji stochastycznej czasu utrwalania nowych cech białek, wymagających dwóch lub więcej reszt aminokwasowych, w najprostszym procesie ewolucyjnym: poprzez następowanie mutacji punktowych przy braku rekombinacji zduplikowanego genu, który jest wolny od nacisku selekcyjnego (neutralna duplikacja genu) [38]. Autorzy piszą, że

w większości modeli rozwoju ewolucyjnej nowości poprzez duplikację genu milcząco zakłada się, że pojedyncza, aczkolwiek rzadka mutacja może nadać zduplikowanemu genowi jakąś nową, podlegającą doborowi własność. (Behe i Snoke [38, str. 265])

Istnieją jednak pewne cechy białek, takie jak na przykład wiązanie dwusiarczkowe czy miejsce wiązania ligandu, które potrzebują udziału dwóch lub więcej reszt aminokwasowych. Potrzebne może być kilka mutacji, zanim owe cechy staną się podatne na działanie doboru naturalnego, nie ulegając wyciszeniu. Symulacja przeprowadzona przez Be-

he'ego i Snoke'a wykazała, że na utworzenie nawet minimalnej cechy wieloresztowej, wymagającej dwóch zmian w nukleotydach w obrębie 10^8 pokoleń, potrzeba populacji liczącej 10^9 lub więcej osobników. Autorzy wyciągają wniosek, że

... sam mechanizm duplikacji genu i mutacja punktowa są nieskuteczne, przynajmniej w przypadku wielokomórkowych gatunków diploidalnych, ponieważ niewiele gatunków wielokomórkowych osiąga wymagane rozmiary populacji. (Behe i Snoke [38, str. 2661])

Ich zdaniem, ten najprostszy scenariusz ewolucji cech wieloresztowych, które mogą być selekcjonowane przez dobór naturalny, jest nieprzekonujący i trzeba poszukać innego wyjaśnienia, uwzględniającego bardziej złożone mechanizmy „insercji, delecji, rekombinacji, selekcji stanów pośrednich i inne” [38, str. 2661].

Praca ta nie uniknęła krytyki. Krytycy wskazują, że wnioski Behe'ego i Snoke'a są nieistotne dla tego, co się dzieje w przyrodzie. Ich model przyjmuje zbyt wiele restrykcyjnych założeń, których brak uniemożliwiłby im dojście do takiego wniosku, do jakiego doszli. Zdaniem krytyków, Behe i Snoke chcą wykazać, że ewolucja drogą duplikacji genu jakiejś *jednej* nowej funkcji w *jednym* genie przy *jednym* zbiorze mutacji w jakiejś *jednej* populacji zajmuje wiele czasu, ale wyciągają stąd nieuzasadniony wniosek, że tak samo długo ewolucja musiałaby trwać w *każdym* przypadku. W zbyt wielkim stopniu upraszczające rzeczywistość założenia tego modelu wpływają na zaniżenie szacunków i ukazują zbyt pesymistyczny obraz darwinizmu. Behe i Snoke uznają, że utworzenie się pewnych cech wymaga kilku mutacji, zanim dobór naturalny będzie mógł je selekcjonować, ale przyroda działa inaczej. Ewolucja nie dąży ku jakemuś konkretnemu celowi. Wyjściowe białko wcale nie musi przechodzić przez mutacje neutralne na drodze do uzyskania funkcji, która wymaga kilku reszt aminokwasowych, ponieważ w trakcie swojej ewolucji mogło uzyskiwać szereg innych podatnych na dobór naturalny funkcji. Poza tym, określoną funkcję można otrzymać na wiele sposobów, zaś ewolucja zachodzi jednocześnie w wielu populacjach, a nie tylko w jednej. Przyjęcie bardziej realistycznych założeń pokazuje, że ewolucja cech wieloresztowych jest całkiem prawdopodobna, nawet

¹⁰Por Miller [16, str. 110] oraz [43, 86].

gdyby w grę wchodziły mniejsze populacje i większe zmiany, a czas wymagany do tego zgadza się z czasem dywergencji oszacowanym na podstawie zapisu kopalnego. Zdaniem autorów tej krytyki, Behe i Snoke nie wykazali niemożliwości powstania cech wieloresztowych w procesie duplikacji genu i następowania mutacji punktowych [39–42].

3.2 Koopcja

Mechanizm koopcji jest propozycją pośredniego procesu darwinowskiego. Koopcja polega na tym, że pojedyncze białka lub kompleksy białek, pełniące pewną funkcję w jakichś istniejących już układach, mogą być przejmowane i formować nowe systemy, w których wykonują inne zadania niż dotychczas. W odniesieniu do sporu o nieredukowalną złożoność układów biochemicznych mechanizmem tym wyjaśnia się głównie powstanie wici bakteryjnej.

Scenariuszem z koopcji posiłkuje się na przykład Kenneth Miller. W swoim argumente skupia się on na definicji nieredukowalnej złożoności. Według niego definicja ta mówi, że systemy nieredukowalnie złożone nie mogą funkcjonować, zanim zgromadzą się wszystkie ich części, gdyż dobór naturalny nie miałby na co oddziaływać. Żaden prekursor lub żadna część takich układów nie może więc pełnić jakiegokolwiek podatnej na dobór naturalny funkcji poza tą, jaką pełnią w tych systemach. Aby obalić argument Behe'ego, wystarczy zatem – jak twierdzi Miller – sprawdzić, czy w jakichś innych układach biochemicznych występują funkcjonalne białka takie same lub podobne do białek z rzekomo nieredukowalnie złożonych systemów [16, str. 113-114].

I rzeczywiście, badania wykazały, że około 10 typów białek aparatu wydzielinowego typu III, występującego u takich bakterii jak *Yersinia Pestis*, które wstrzykują do komórki żywiciela śmiertelne toksyny, jest homologicznych do białek tworzących podstawę wici bakteryjnej¹⁰. Skoro podzbiór białek wici pełni jakąś inną funkcję w innym miejscu komórki, to może być faworyzowany przez dobór naturalny i argument z nieredukowalnej złożoności upada. Zdaniem Millera, aparat wydzielinowy *Yersinia Pestis* jest jak najbardziej funkcjonalnym i podlegającym doborowi naturalnemu prekursorem, z którego wyewoluowała wic. Bakteria kształtująca wic mogła przejąć białka aparatu

wydzielinowego, dostosowując je do nowej funkcji. Powstanie wici bakteryjnej można więc wytłumaczyć w kategoriach ewolucjonistycznych i argument Behe'ego zostaje podważony. Podobnie – mówi Miller – jest z pułapką na myszy. Jej części mogą pojedynczo lub w zespołach pełnić inne funkcje niż łapanie myszy. Na przykład z podstawy, sprężyny i młoteczka można zrobić spinkę do krawata lub dziadka do orzechów; drążek przytrzymujący może posłużyć za wykałaczkę, haczyk na ryby, itp.¹¹.

Ian F. Musgrave dodaje, że aparat wydzielinowy typu III pod względem budowy wygląda identycznie do połączonej czymś w rodzaju nitów struktury kompleksu wału obrotowego i pierścieni S, M i C, tworzącej podstawę wici bakteryjnej. Zauważył też, że pierwotną funkcją wici bakteryjnej jest wydzielanie, nie zaś zdolność ruchowa: bez układu wydzielinowego wic nie mogłaby w ogóle powstać; to układ wydzielinowy wysyła białka budujące filament na zewnątrz komórki bakteryjnej [46, str. 74 i 80].

Musgrave zarysowuje – jak sam go określa – spekulatywny scenariusz ewolucyjnego powstania wici bakteryjnej. Jego zdaniem najpierw pojawił się system wydzielinowy, który był wspólnym przodkiem aparatu wydzielinowego typu III i wici. W dalszej kolejności uformował się protowiciowy filament jako część struktury wydzielającej białka, a na końcu pompa jonowa, która u eubakterii utrzymuje zrównoważony poziom jonów w komórkach, połączyła się z tą strukturą i przypadkowo wytworzyła się pewna forma słabej zdolności ruchowej. Zdolność ruchowa została później uwydatniona, a układy regulacji oraz włączania i wyłączania ruchu mogły powstać w jeszcze późniejszym czasie, za czym przemawia fakt, że niektóre dzisiejsze eubakterie funkcjonują pomimo ich braku. Jest to – wedle Musgrave'a – przykład powstania funkcji ruchu poprzez przejście istniejącego już systemu, który wcześniej pełnił inną rolę w komórce¹².

Podobny, lecz znacznie bardziej szczegółowy i – jak twierdzi jego autor – testowalny model ewolucji wici bakteryjnej, zaproponował Nicholas J. Matzke. Swój model Matzke opiera na dwóch głównych argumentach:

1. analiza wykazuje, że nawet prymitywna zdolność ruchowa może być korzystna dla dużych bakterii;

2. homologie między białkami wiciowymi i niewiciowymi sugerują, że wic wywodzi się z systemów ancestralnych, które pełniły inną funkcję niż ruch.

Główne etapy przejściowe to:

1. aparat eksportujący białka z cytoplazmy do przestrzeni periplazmatycznej;
2. system wydzielniczy, który przechodzi przez błonę komórkową i transportuje białka z cytoplazmy na powierzchnię komórki lub jakies pozakomórkowe podłoże;
3. układ adhezyjny, służący komórkom do przylegania do powierzchni innych ciał;
4. pile – puste w środku włoski komórkowe, które łączą komórki o odmiennym typie płciowym, a następnie transportowany jest przez nie materiał genetyczny z jednej komórki do drugiej;
5. protowic, która umożliwia komórce niekierowany ruch; oraz
6. współczesna wic, która porusza się na zasadzie taksji, czyli reagując na fizyczne bodźce kierunkowe.

Główną rolę w tym modelu odgrywa mechanizm koopcji. Następuje jedna duża zmiana funkcji na poziomie systemu (przejście od pili do protowici) i pięć zmian subsystemowych, które można uważać za dodanie nowej funkcji, podczas gdy wcześniejsze funkcje są nadal zachowane. Narastanie złożoności wici wyposażonej w zdolność do prymitywnej formy ruchu da się wytłumaczyć duplikacjami genów, zaś każdy etap przejściowy wymagał wyewoluowania pojedynczego, nowego miejsca wiązania, łączącego dwa istniejące już podukłady i będącego skutkiem koewolucji składników tych podukładów. Potwierdzenie tego modelu wymaga dalszych badań, ale – zdaniem Matzke'ego – sama możliwość skonstruowania gradualistycznego scenariusza ewolucji wici świadczy o zbędności alternatywnych wyjaśnień [48].

Ewolucjoniści twierdzą, że na różnych poziomach organizacji życia ewolucja dostarcza licznych przykładów, potwierdzających działanie mechanizmu koopcji (egzaptacji). Na poziomie makromolekularnym, na przykład, pewne małe teropody w celach izolacyjnych rozwinęły pióra, które znalazły później zastosowanie w skrzydłach. Zapis kopalny dobrze dokumentuje koopcję dwóch

¹¹Por. Miller [16, str. 114-116] oraz [45].

¹²Por. Musgrave [47] oraz [46, str. 82-83].

kości dolnej szczęki pewnego gada, które w ciągu milionów lat ewolucji zmniejszały się i przesuwały do tyłu, aż dotarły do ucha środkowego, gdzie u współczesnych ssaków służą do przenoszenia wibracji do ucha wewnętrznego. Podczas trwania tego przejścia zwierzęta mogły zarówno jeść, jak i słyszeć¹³. Uważa się, że na poziomie mikromolekularnym cyjanobakterie przejęły układ eksportujący węglowodany, by móc wykonywać ruch szybujący [47]. Przypuszcza się też, że glikoproteina występująca we krwi antarktycznych ryb i zapobiegająca ich zamarzaniu w mroźnych morzach, wyewoluowała z trzustkowej, podobnej do trypsynogenu proteazy, która brała udział w procesach trawiennych [51, str. 114].

Scenariusz z koopcji napotyka jednak różne trudności. Behe wskazuje, że homologiczność dwóch różnych białek nie oznacza ich identyczności. Zanim białka aparatu wydzielinowego mogłyby być przydatne dla wici bakteryjnej, ich powierzchnie musiałyby przekształcić się tak, by były zdolne do wiązania się z pozostałymi białkami nowego układu. Dopiero komplementarność powierzchni wszystkich białek zapewnia funkcjonalność nowemu, nieredukowalnie złożonemu systemowi¹⁴. Aby więc wyjaśnić powstanie wici w kategoriach darwinowskich, nie wystarczy wykazać istnienia w komórce podobnych białek, które pełnią inne funkcje niż w rozpatrywanym układzie, i stwierdzić jedynie, że stanowią one funkcjonalne prekursorzy dla nowego systemu. Trzeba ponadto pokazać, jak przypadkowe mutacje i dobór naturalny przekształciły wcześniej istniejące białka tak, by mogły utworzyć układ nieredukowalnie złożony o nowej funkcji. Znalezienie jednej „oazy” ewolucyjnej (lub kilku) i wnioskowanie na tej podstawie o prawdziwości ewolucji jest według teoretyków projektu jak twierdzenie, że

możemy przedostać się piechotą z Los Angeles do Tokio, ponieważ odkryliśmy Hawaje”. (Dembski [18, str. 23]; por. też [55, str. 3])

Teoretycy projektu podają dalsze trudności:

1. Wici bakteryjna ma tylko 10 typów białek homologicznych do białek aparatu wydzielinowego, natomiast pozostałe białka wici nie ma-

ją swoich odpowiedników gdzie indziej w komórce. (Twierdzenie to jest przedmiotem krytyki ewolucjonistów [56, str. 4]¹⁵). Skąd więc się one wzięły? Jeśli ich homologi rzeczywiście niegdyś istniały, to w jakich systemach, jakie mogły pełnić w nich funkcje i dlaczego nie pozostał po nich żaden ślad?

2. Nawet gdyby owe homologi istniały, to – jak argumentuje Scott A. Minnich, profesor mikrobiologii z Uniwersytetu w Idaho – musiałyby one złożyć się w wici w odpowiedniej kolejności, podobnie jak składa się samochody na taśmie produkcyjnej. Do tego potrzebny jest skomplikowany system instrukcji genetycznych oraz inne mechanizmy białkowe, które kontrolują czas wyrażania się tych instrukcji, a wszystko wskazuje na to, że ten układ sam jest nieredukowalnie złożony.
3. Analiza sekwencji genów nasuwa wniosek, że wici bakteryjna powstała wcześniej od aparatu wydzielinowego typu III. Aparat wydzielinowy występuje u bakterii gramujemnych, które pojawiły się dopiero po powstaniu eukariontów – bardziej złożonych komórek, będących celem ataków owych bakterii. Wynika z tego, że co najwyżej to aparat wydzielinowy wyewoluował z wici (w rezultacie jej degradacji), nie zaś na odwrót. Oznaczałoby to, że mamy wyjaśnienie ewolucji systemu prostszego z bardziej złożonego, natomiast neodarwinizm potrzebuje wyjaśnienia ewolucjonistycznych od prostoty do złożoności¹⁶.

Ian Musgrave wskazuje jednak, iż ewolucjoniści nie twierdzą, że wici wywodzi się ze współczesnego aparatu wydzielinowego typu III, lecz z jego ancestralnej wersji, która dopiero później została przystosowana do pełnienia funkcji broni drapieżnika [46, str. 82]. Być może ma rację, ale nie wykazuje, że taki układ kiedykolwiek istniał. Mimo to słuszna wydaje się uwaga Musgrave’a, że również wiele wici eubakteryjnych służy do atakowania eukariontów, lecz żaden biolog nie utrzymuje, że eukarionty powstały wcześniej od wici. Podobnie może być w przypadku aparatu wydzielinowego typu III.

¹³Por. Miller [9, str. 138-139], Flank [49], oraz Young [50, str. 20-31].

¹⁴Por. Behe [52, str. 78-79], Gene [53] i Bracht [54].

¹⁵Według Iana Musgrave’a, 80 do 88 procent białek wici ma swoje homologi w innych układach biochemicznych, por. [46, str. 81].

¹⁶Por. Minnich [57], Meyer [59], Dembski [18, str. 24] i [55, str. 4], Luskin [60, 61] i Behe [30, str. 267-268].

Choć Dembski uważa model Matzke'ego za jak dotąd najlepszą próbę zrekonstruowania ewolucyjnego powstania wici bakteryjnej, nie sądzi, że jest ona udana. Matzke zapewniał, że jego model jest szczegółowym i testowalnym wyjaśnieniem stopniowej ewolucji wici. Wedle Dembskiego jest to nieprawda. Jego zdaniem szczegółowy, darwinowski model powstania wici powinien zająć tysiące stron, a opis modelu Matzke'ego liczy zaledwie 20 stron. Aby typowy darwinista mógł się przekonać o prawdziwości ewolucji wici, wystarczy, że znajdzie kilka form pośrednich między bakterią bez wici a bakterią posiadającą tę strukturę. W mniemaniu Dembskiego Matzke nie odbiega od tego schematu. Dwie trzecie z 20 stron Matzke poświęca opisowi homologów dla struktur składających się na wicę, ale w wielu przypadkach takich homologów w ogóle nie ma (powtórzmy jeszcze raz, że ewolucjoniści nie zgadzają się z tą tezą [56]), brakuje więc świadectwa, że wszystkie wymagane przez scenariusz z koopcji białka były kiedykolwiek dostępne – model Matzke'ego tylko *zakłada* ich istnienie. Dlatego postulowane przez Matzke'ego formy pośrednie są w większości hipotetyczne i nie obserwuje się ich w naturze czy w laboratorium. Jego model staje się nietestowalny, ponieważ nie da się określić ilościowo, czy sugerowane przejścia od jednej formy pośredniej do drugiej są na tyle prawdopodobne, by mogły rzeczywiście mieć miejsce. Poza tym, nieznaną warunek środowiskowych, w których zachodziła ewolucja wici, uniemożliwia rozstrzygnięcie, jakie cechy miały wartość selekcyjną, a jakie nie. W takim wypadku łatwo można doszukiwać się argumentów zarówno za tym, że dana cecha jest korzystna, jak i za tym, że jest niekorzystna. Model Matzke'ego w dużym stopniu nadal pozostaje więc w królestwie niepotwierdzonych spekulacji [62–65].

Behe właściwie już w *Czarnej skrzynce Darwina* uwzględnił scenariusz z koopcji. Pisał tam na przykład, że części wykorzystane do zbudowania pułapki na myszy mogły już wcześniej mieć inne zastosowania (np. sprężyna pułapki mogła być wcześniej częścią starego nakręcanego zegara, drążek przytrzymujący mógł służyć jako igła do cerowania), ale przekształcenie i zmontowanie tych części w funkcjonalną pułapkę na myszy wymaga udziału inteligencji [5, str. 63-64]. Podobnie, dopóki darwińscy nie będą potrafili przekonująco wykazać, że ślepe procesy ewolucyjne mogą wytworzyć dany układ, scenariusz z koopcji z łatwością moż-

na również wpasować w ramy teorii inteligentnego projektu, gdyż ludzie, wymyślając i wprowadzając w życie nowe pomysły, nieustannie wykorzystują stare rozwiązania technologiczne. Kosiarki do trawy i samochody, na przykład, mają świece zapłonowe, lecz nie oznacza to, że samochody wyewoluowały z kosiarek na drodze mechanizmu darwinowskiego. Samo wykazanie podobieństw między białkami z różnych układów biochemicznych nie stanowi świadectwa na rzecz darwinowskiego mechanizmu koopcji, ponieważ projekt wcale nie musi zakładać, że każda część danego układu jest jedyna w swoim rodzaju. Oczywiście, istnienie homologii i różnorodności struktur, ułożonych w ciągu od prostych do bardziej złożonych, to pomocny, a nawet wymagany element darwinizmu, ale nie rozstrzyga na jego korzyść. Teoria inteligentnego projektu nie wyklucza, że jakaś inteligencja projektowała na podobieństwo czegoś w rodzaju – będącej rezultatem ludzkiej inwencji – ewolucji technologicznej, w której nowsze i zazwyczaj lepsze projekty wypierają stare, ale pewne stare rozwiązania są na tyle dobre (przynajmniej w danym czasie), że w dalszym ciągu stosuje się je jako podsystemy nowych projektów [62, 66].

Co ciekawe, okazuje się, że nie tylko przeciwnicy ewolucjonizmu darwinowskiego uważają, że koopcja nie wyjaśnia nieredukowalnej złożoności. Po części zgadza się z nimi biolog ewolucyjny z Uniwersytetu Rochester, H. Allen Orr. Według niego powstanie układów nieredukowalnie złożonych poprzez przejmowanie części, pełniących pierwotnie inne funkcje w innych systemach, jest mało prawdopodobne:

Równie dobrze można oczekiwać, że połowa skrzyni biegów samochodu stanie się nagle pomocna dla schowka na poduszkę powietrzną. Coś takiego może się zdarzyć bardzo rzadko, ale na pewno nie stanowi to ogólnego rozwiązania dla problemu nieredukowalnej złożoności. (Orr [31, str. 40])

Orr przyznał jednak ostatnio, że „dysponujemy obecnie przekonującymi świadectwami empirycznymi”, przemawiającymi za koopcijnym scenariuszem ewolucyjnego powstania wici bakteryjnej [67], choć chyba nadal podtrzymuje swoją opinię, że mechanizm koopcji „nie stanowi [...] ogólnego rozwiązania dla problemu nieredukowalnej złożoności”.

3.3 Narastająca niezbędność

Zamiast scenariusza z koopcji, Orr proponuje formę bezpośredniego procesu darwinowskiego, którą Dembski nazwał wyjaśnieniem z *narastającej niezbędności* [17, str. 256]. Orr uważa, że układy nieredukowalnie złożone powstały poprzez stopniowe dodawanie części, które początkowo nie były niezbędne, stanowiły tylko pomoc, ale z czasem stały się konieczne do pełnienia danej funkcji.

[...] system nieredukowalnie złożony można stopniowo zbudować, dodając części, które – początkowo dające tylko nieznaczną przewagę – stają się istotne wskutek późniejszych zmian. Ta logika jest bardzo prosta. Pewna część (A) początkowo wykonuje jakąś pracę (i być może robi to niezbyt dobrze). Później zostaje dodana inna część (B), która ma być pomocna dla części (A). Ta nowa część nie jest istotna, stanowi tylko ulepszenie. Lecz jeszcze później część (A) (lub coś innego) może zmienić się w taki sposób, że część (B) stanie się teraz niezbędna. Proces ten trwa dalej wraz z dokładaniem kolejnych części do układu. W końcu wymaganych może być wiele części. (Orr [31, str. 40]; por. też [67])

Orr argumentuje, że przekształcenie pęcherza pławnego w płuco umożliwiło zwierzętom oddychanie powietrzem atmosferycznym, dając im przewagę nad innymi zwierzętami, gdyż mogły penetrować nisze, które wcześniej były dla nich niedostępne. Kiedy jednak zaczęły one prowadzić tryb życia wyłącznie lądowy, płuca stały się im niezbędne do przeżycia. Powstała nieredukowalna złożoność, mimo iż proces był w pełni darwinowski. Z podobną sytuacją mają do czynienia programiści komputerowi. Wprowadzana linijka kodu, która ma ulepszyć wydajność programu, może po wprowadzeniu następnej linijki stać się niezbędna do sprawnego działania programu [31, str. 41]. W tej propozycji układ ulega zmianom strukturalnym, ale funkcja pozostaje ta sama, jest tylko stopniowo udoskonalana.

Orr nie przypisuje tego odkrycia sobie. O takim scenariuszu ewulucjonistycznym wspominał już w 1918 roku, a szczegółowo opracował go w

1939 roku, Hermann J. Muller, laureat Nagrody Nobla z 1946 roku. Zdaniem Orra, Muller błyskotliwie dowiódł, że ewulucja układów nieredukowalnie złożonych jest wręcz spodziewana. Gdy następuje duplikacja genu, jedna kopia pełni swą normalną funkcję, a druga może uzyskać nowe własności i w wyniku dalszej ewulucji stać się konieczna do funkcjonowania systemu. Nieredukowalna złożoność oznacza w tym kontekście *nieodwracalność* procesów ewulucyjnych¹⁷.

Teoretyków projektu taki scenariusz nie zadowala. Behe zauważa, że Orr błędnie definiuje system nieredukowalnie złożony. Płuca nie stanowią systemu nieredukowalnie złożonego, który odpowiadałby definicji Behe'ego (można tu pominąć zagadnienie nieredukowalnego rdzenia). Definicja ta mówi, że usunięcie choćby jednej części z układu powoduje zaprzestanie jego sprawnego działania. Wydaje się, że według Orra płuca miałyby być niezbędnym składnikiem całego organizmu. Z organizmu można jednak usuwać różne części, nie powodując żadnych szkód w płucach. Amputowanie nogi nie sprawi, że płuca przestaną funkcjonować. Ludzie mogą oddychać nawet po wycięciu jednego z płuc. Problem w tym, że Behe przez nieredukowalnie złożony rozumie pojedynczy układ, którego wszystkie składniki są konieczne do pełnienia pewnej dobrze określonej funkcji. Płuca natomiast składają się z licznych systemów molekularnych, które nie są konieczne do oddychania.

Orr najwyraźniej zmienił definicję nieredukowalnej złożoności. U niego odjęcie jakiejś części oznacza, że organizm albo umiera, albo przegrywa w konkurencji z innymi organizmami¹⁸. Dembski zwraca uwagę, że bakteria pozbawiona jakiejś części swojej wici nie będzie miała funkcjonalnej wici, ale może być zdolna do reprodukcji, rozwoju itp., wobec tego brakująca część nie jest bynajmniej niezbędna do życia bakterii [17, str. 305, przyp. 34].

Proponując swój scenariusz, Orr w ogóle nie odnosi się do podanych przez Behe'ego przykładów nieredukowalnej złożoności. Nie określa, czy część (A), która ma początkowo wykonywać zadanie systemu, to na przykład sam drążek przytrzymujący, filament czy cokolwiek innego. Orr twierdzi, że co prawda żadna część w swojej współczesnej postaci prawdopodobnie nie mogła pełnić funkcji dzisiejszych układów nieredukowalnie złożonych, ale

¹⁷Orr [31, str. 42]; por. też Ruse [68] oraz Futuyama [25, str. 67-68].

¹⁸Por. [69, str. 691-695], [70, str. 122-125] i [5, str. 227-229]

wszystkie części mogły się zmieniać, być dodawane w czasie oraz stawać się coraz bardziej zależne od siebie. Jak zdaje się sugerować Orr, jest zatem całkiem prawdopodobne, że jakaś pierwsza część w swojej *pierwotnej* formie mogła pełnić funkcję współczesnego układu [71]. Scenariusz Orra pozostaje jednak czystą spekulacją, która nie jest w stanie przekonać osób nastawionych sceptycznie wobec neodarwinizmu¹⁹.

Co ważniejsze, założenie, że jakaś jedna, być może zmieniona część mogłaby w przeszłości spełniać funkcję dzisiejszego systemu nieredukowalnie złożonego, jest niezgodne z definicją nieredukowalnej złożoności. Definicja ta mówi, że układ nieredukowalnie złożony składa się z kilku części potrzebnych do tego, aby mógł on funkcjonować. Behe przyznaje, że scenariusz Orra ukazuje pewną niejednoznaczność w tej definicji. Nie rozróżnia ona między dwoma kategoriami systemów:

1. systemem, którego zadanie teoretycznie mógłby wykonywać jeden składnik, lecz w rzeczywistości wykonuje je większa liczba elementów; oraz
2. układem, w którym do pełnienia funkcji konieczne potrzeba więcej niż jednej części.

Behe miał na myśli tę drugą kategorię, więc definicja nieredukowalnej złożoności powinna podkreślać, że układ nieredukowalnie złożony z *konieczności* musi się składać z więcej niż jednego składnika, by mógł w ogóle funkcjonować [69, str. 694-695]. Żaden prekursor systemu pływającego, takiego jak wić bakteryjna, nie mógłby działać bez co najmniej trzech części: elementu popychającego, silnika i elementu łączącego te dwa składniki. Coś musi poruszać, coś musi być poruszane i coś musi łączyć te dwie części, by funkcja pływania mogła w ogóle zaistnieć. Sam odpowiednik silnika lub wału obrotowego, bądź filamentu, nie mógłby zapewnić bakterii możliwości pływania.

Niektórzy teoretycy projektu dodają ponadto, że scenariusz z narastającej niezbędności jest całkowicie niezdolny do wyjaśnienia pochodzenia układów nieredukowalnie złożonych w sensie proponowanym przez Behe'ego, natomiast może być przydatny w wytłumaczeniu, jak istniejące już systemy nieredukowalnie złożone ulegały dalszej ewentualnej modyfikacji, kiedy postulowana przez Orra „część (A)” jest układem kilku współzależnych składników [53, 73, str. 17].

¹⁹Behe [72] oraz Dembski [20] i [18, str. 22-23].

3.4 Łuk rzymski i redundantna złożoność

Do wyjaśnienia ewolucyjnego powstania układów nieredukowalnie złożonych stosuje się również analogię do *łuku rzymskiego*. Analogię tę po raz pierwszy, w 1986 roku, zaproponował biochemik Alexander Cairns-Smith [74].

Łuk rzymski układany jest z kamieni bez użycia cementu czy jakiegokolwiek innego spoiwa. Żeby jednak kamienie nie zapadały się w trakcie budowy, należy umieścić pod nimi rusztowanie. Gdy wszystkie kamienie będą już na swoim miejscu, można zdemontować rusztowanie i powstanie nieredukowalnie złożona struktura – usunięcie jednego kamienia spowoduje zapadnięcie się wszystkich kamieni.

Richard Thornhill i David Ussery uważają, że eliminacja rusztowania jest analogiczna do eliminowania biologicznej redundantności. System jest redundantnie złożony, jeśli posiada więcej składników niż jest konieczne do jego funkcjonowania. Po usunięciu nadmiarowych elementów może powstać układ nieredukowalnie złożony, tak jak w przypadku łuku rzymskiego. Twierdzą oni ponadto, że łuk rzymski może powstać w innym miejscu niż jego punkt docelowy – dajmy na to, w fabryce – przy użyciu cementu i zostać następnie przeniesiony. Jest to scenariusz zgodny z procesem koopcji (Thornhill i Ussery nazywają go „adopcją”) [51, str. 114-115]. Oprócz łuków rzymskich konstruowanych przez ludzi istnieją także ich naturalne odpowiedniki, które powstają na skutek erozji gleby lub materiału skalnego [76].

Niall Shanks i Karl Joplin uważają, że

prawdziwe systemy biochemiczne [...] ukazują *redundantną złożoność* – charakterystyczny rezultat procesów ewolucyjnych. (Shanks i Joplin [77, str. 268], podkreślenia autorów)

Sugerują oni, że ważną rolę w powstawaniu redundantnej złożoności odgrywa proces egzaptacji, w którym wcześniej istniejące struktury i procesy zaczynają pełnić nowe funkcje (czyli jest to właściwie koopcja). W procesie tym dobór naturalny najpierw oddziałuje na nową funkcję i skuteczność układu, następnie zaś na regulację funkcji. Źródłem redundantnej złożoności jest również duplikacja genu. Charakterystyczne dla układów

redundancie złożonych jest to, że gdy jakaś ich część zostanie usunięta lub uszkodzona, inne części kompensują tę stratę, wspierając system w dalszym funkcjonowaniu, choć być może już nie tak sprawnym jak dotychczas [77, str. 276-280]. Wiąże się to z faktem, że procesy biochemiczne często nie są prostymi reakcjami, w których strata jednego elementu powoduje zaprzestanie funkcjonowania systemu, lecz obejmują wiele zachodzących na siebie i nieco odmiennych reakcji, które mogą się uzupełniać. Czasem układ redundancie złożony może w wyniku zmian stracić jakąś część lub cały podsystem (odpowiedniki rusztowania), prowadząc do utworzenia nieredukowalnej złożoności [78]. Teraz istnieje tylko układ nieredukowalnie złożony, ale nie mógłby on powstać, gdyby wcześniej na drodze ewolucji nie pojawiły się utracone obecnie części [79]. Redundancie złożoność stanowi całkowicie naturalistyczne wyjaśnienie powstania układów nieredukowalnie złożonych i – zdaniem zwolenników tego wyjaśnienia – nie ma żadnej potrzeby przyjmować, że z ich utworzeniem miały coś wspólnego jakiegokolwiek przyczyny inteligentne.

Zwolennicy teorii inteligentnego projektu zwracają, przede wszystkim, uwagę na to, że analogia do łuku rzymskiego czy naturalnego nie odpowiada pojęciu nieredukowalnej złożoności w rozumieniu Behe'ego. Łuki naturalne nie są bowiem złożone w tym sensie, co biochemiczne układy nieredukowalnie złożone. Ich części nie są wyspecjalizowane w pełnieniu danej funkcji – nie można na ich podstawie wnioskować o działaniu inteligencji. Stopień złożoności pozwala natomiast wnioskować o inteligentnym zaprojektowaniu łuku rzymskiego, ale i tak nie podpada on pod definicję nieredukowalnej złożoności.

Można powiedzieć, że części łuku rzymskiego są w pewnym sensie dobrze do siebie dopasowane i współdziałają w pełnieniu pewnej funkcji, a łuk przestałby spełniać swoje zadanie, gdyby usunięto jakąś jego część. Behe'emu chodzi jednak o układy, będące takimi mechanizmami, które:

reagują na pewne rodzaje sytuacji, angażując się w pewne rodzaje aktywności lub procesy związane z tymi sytuacjami, w sposób przynoszący korzyść danemu organizmowi. (Griffith [73, str. 13])

Łuk rzymski nie jest takim mechanizmem, gdyż pełniąc swoją funkcję, jest zupełnie nieaktywny i qnb między jego składnikami nie dochodzi do tak specyficznych interakcji, jak w przypadku systemów biochemicznych.

Behe nie zgadza się z twierdzeniem Shanksa i Joplina, że prawdziwe systemy biochemiczne są redundancie złożone. Odpowiada on, że faktycznie w niektórych układach występują składniki redundancie, ale nie wszystkie systemy są takie. Jeśli zabraknie na przykład któregoś czynnika kaskady krzepnięcia krwi, to nie będą się formować skrzepy – kaskada przestanie więc spełniać swoją funkcję [80, str. 160-161]. Nawet niektórzy krytycy Behe'ego przyznają, że Shanks i Joplin nie wykazali, iż omówione przez niego układy charakteryzują się redundancie złożonością [35,81, str. 5]. Łatwo jednak zauważyć, że w wyjaśnieniu z redundancie złożoności chodzi o to, że układy, takie jak wic bakteryjna czy kaskada krzepnięcia krwi, miały kiedyś nadmiarowe składniki, ale je utraciły, stając się nieredukowalnie złożone. Mimo wszystko – jak wskazuje Dembski – nawet jeśli tak było, to nie potwierdzają tego żadne świadectwa empiryczne i trudno uznać koncepcję redundancie złożoności za coś więcej niż czystą spekulację²⁰.

Nie zgadza się z tym Thomas D. Schneider, według którego istnieje wiele form pośrednich danego układu (Schneider mówi o oczach) [76], ale najprawdopodobniej myli on świadectwo ewolucji w kierunku większej złożoności ze świadectwem ewolucji poprzez eliminację złożoności. Oczywiście, ta druga postać ewolucji również powinna tworzyć formy pośrednie, jednak raczej nie uważa się, że oczy ewoluowały w tym kierunku (chyba że chodzi o zanikanie zdolności widzenia). Warto przy tym zauważyć, że duży problem może stanowić ocena, na jaki kierunek ewolucji formy pośrednie faktycznie wskazują.

Mike Gene sądzi, że w swoich wyjaśnieniach darwiniści częściej odwołują się do scenariuszy, których punkt wyjściowy jest prostszy, nie zaś bardziej złożony od obserwowanego układu, jak to jest w przypadku scenariusza z redundancie złożoności. Trudno się temu dziwić, ponieważ jeżeli najbardziej skomplikowana, nieredukowalnie złożona wic bakteryjna, na przykład, składa się z 50 typów białek, to należałoby najpierw wyjaśnić stopniowe powstanie wici składającej się z 51, 60 lub większej ilości białek – nie wiadomo, jaka mo-

²⁰Por. Dembski w [17, str. 252-254], [18, str. 18-20] i [64, str. 39-41], oraz Anderson w [82, str. 2]

gła być ich liczba, gdyż nie ma żadnych świadectw istnienia owych nadmiarowych białek [66]. Mike Gene sugeruje, że redundantna złożoność nie może stanowić wyjaśnienia powstania nieredukowalnej złożoności, gdyż przed usunięciem nadmiarowych składników układ musi już posiadać (wyewoluowany lub zaprojektowany) nieredukowalny rdzeń, który jest konieczny do jego funkcjonowania [66]. Eliminacja nadmiarowych składników może doprowadzić co najwyżej do powstania układu ściśle nieredukowalnie złożonego, tzn. takiego, w którym wszystkie części są konieczne do funkcjonowania układu, i to tylko wtedy, gdy zbiór dostosowanych do siebie, niezbędnych części (nieredukowalny rdzeń) już istnieje i prawdopodobnie spełnia swoją funkcję. Gdyby nieredukowalny rdzeń wcześniej się nie uformował, usunięcie części bez żadnych dalszych lub równoczesnych zmian pozostałych składników nie spowodowałoby utworzenia układu nieredukowalnie złożonego. Samo utworzenie się nieredukowalnego rdzenia wymaga zatem innego wyjaśnienia. Nie należy także wykluczać możliwości, że z jakiegoś powodu projektant przeprojektował stworzony przez siebie początkowo redundantnie złożony system w układ o złożoności nieredukowalnej.

Pojawiają się nawet sugestie, że redundantna złożoność, podobnie jak nieredukowalna złożoność, jest charakterystyczną cechą inteligentnego projektu [83, str. 20-21].

3.5 Samoorganizacja

Kolejnym wyjaśnieniem ewolucjonistycznym, choć nie darwinowskim, jakie tutaj omówię, jest odwołanie się do procesu *samoorganizacji*, o którym mówi teoria złożoności. Jest to proces, w którym system posiada pewne „skłonności” do komplikowania swojej wewnętrznej organizacji i dzieje się to bez udziału jakiegoś zewnętrznego źródła. Shanks i Joplin argumentują, że istnieje pewien spontanicznie samoorganizujący się system chemiczny zwany reakcją Biełousowa-Żabotyńskiego, który spełnia wyznaczone przez Behe’ego kryterium nieredukowalnej złożoności. W reakcji tej występuje wiele kluczowych składników; jeśli zabraknie jednego z nich, system przestanie się zachowywać w charakterystyczny sposób. Piszą oni, że nieredukowalna złożoność systemów samoorganizacyjnych

jest rezultatem mechanizmów naturalnych, które można z powodzeniem wyjaśnić bez potrzeby odwoływania się do projektanta. Wzorce zachowania obserwowanego w takich układach powstają w wyniku działania jedynie praw chemii i warunków początkowych²¹. Jak twierdzą Shanks i Joplin, zachowania podobne do reakcji Biełousowa-Żabotyńskiego można znaleźć także w systemach biochemicznych i biologicznych.

Bruce H. Weber uważa, że samoorganizacja, dobór naturalny i przypadek mogą ze sobą współdziałać w tworzeniu układów złożonych:

Dobór nie musi robić wszystkiego czy tylko stopniowo, ponieważ w generowaniu porządku i organizacji może wspomagać go samoorganizacja. Jest jasne, że samoorganizacja również nie musi robić wszystkiego sama. Żadna racjonalna osoba nie powinna oczekiwać, że sam przypadek mógłby utworzyć porządek z chaosu. Aby dać dobre wyjaśnienia zjawiska emergencji, należy brać pod uwagę wszystkie te trzy czynniki jako do pewnego stopnia w specyficznych przypadkach działające razem. (Weber [85, str. 128])

Choć teoria samoorganizacji biologicznej znajduje się wciąż w „stadium niemowlęctwa”, według Webera badania nad nią podejmują liczni naukowcy i być może wkrótce za jej pomocą wyjaśnią oni kwestię emergencji wskazywanych przez Behe’ego układów nieredukowalnie złożonych. Jedno jest pewne, twierdzi Weber: zjawisko samoorganizacji to trzecie wyjaśnienie dla powstawania złożoności biologicznej, nie ma bowiem – jak zdaniem Webera sugeruje Behe – wyboru tylko pomiędzy doбором naturalnym a projektem [86, str. 175]. David Usseery dopuszcza nawet możliwość, że samoorganizacja jest boskim sposobem stwarzania [10].

Według Behe’ego, omawiana przez Shanksa i Joplina reakcja Biełousowa-Żabotyńskiego nie spełnia jego kryterium nieredukowalnej złożoności, gdyż składniki tego układu – choć liczne – nie są do siebie *dobrze dopasowane*. Zadania wykonywane przez te składniki mogą być spełniane również przez inne reagenty, niezwiązane z omawianym tu systemem. Charakteryzują się one niewielką specyficznością względem siebie.

²¹ Por. Shanks [77, str. 272-273] oraz [84, str. 96-97].

Shanks w innym artykule zarzuca Behe'emu, że w takim razie rozpatrywane przez niego układy również nie są nieredukowalnie złożone. Przede wszystkim, pisze Shanks, części tych układów mają różne zastosowania w innych kontekstach, jak na przykład czynniki kaskady krzepnięcia krwi – plazminogen i plazmina [84, str. 98]. Przy okazji omówienia mechanizmu koopcji przekonaliśmy się jednak, że Behe dopuszcza, aby części układów nieredukowalnie złożonych pełniły inne funkcje w innych systemach. Behe'emu chodzi raczej o to, że w danym układzie nieredukowalnie złożonym istotne składniki nie mogą być zastąpione przez inne [80, str. 158].

Shanks odpowiada, że w pułapce na myszy, na przykład, drewnianą podstawę można przecież zastąpić podstawą plastikową albo zastosować części zrobione z innego rodzaju metalu. Niestety myli on to, co w układzie nieredukowalnie złożonym ma być dopasowane. Nie chodzi o to, jakiego dokładnie użyto materiału, lecz jak ukształtowane i ułożone są części systemu, aby współdziałać ze sobą w pełnieniu określonej funkcji (materiał musi mieć jednak odpowiednie właściwości: gdyby na przykład pułapka na myszy była zrobiona z czegoś wiotkiego, nie mogłaby spełnić swojego zadania).

Shankowi można postawić także inny zarzut. Pisze on, że jednym z warunków, jakie układ musi spełnić, aby był nieredukowalnie złożony w świetle definicji Behe'ego, jest pełnienie funkcji. Funkcją reakcji Bielousowa-Żabotyńskiego jest, w jego mniemaniu, oscylowanie [84, str. 97]. Czy jednak samo oscylowanie może być funkcją? To tak, jakby powiedzieć, że na przykład funkcją krwi jest płynięcie w żyłach. Przez to, że dana struktura lub proces pełni funkcję, rozumiemy, że one coś robią i w ten sposób prowadzą do jakiegoś skutku. Krew nie płynie w żyłach tak po prostu, lecz robiąc to, dostarcza organizmowi substancje potrzebne do życia. Podobnie, czynniki kaskady krzepnięcia nie uruchamiają się nawzajem nie wywołując żadnego skutku w organizmie, lecz ich skoordynowane działanie prowadzi do utworzenia się skrzepów krwi, dzięki czemu organizm nie wykrwawia się na śmierć. W przypadku reakcji Bielousowa-Żabotyńskiego nic takiego się nie dzieje. System oscyluje, okresowo zmieniając barwę, ale do żadnego skutku to nie prowadzi (chyba, że za skutek tej reakcji mielibyśmy uznać wywołanie przyjemnych doznań estetycznych).

²²Por. Behe [70, str. 129] oraz [30, str. 159].

Behe wskazuje ponadto, że reakcja Bielousowa-Żabotyńskiego przypomina raczej tornado niż wyspecjalizowany, nieredukowalnie złożony układ biochemiczny. Jest to system nieposiadający dobrze dopasowanych do siebie części i Behe woli nazywać go układem „łatwo wchodzącym w reakcje”. Przytacza słowa pewnego badacza, który stwierdza, że zachodzenie reakcji Bielousowa-Żabotyńskiego „jest niezmiernie łatwym zadaniem, gdyż następują one w szerokim zakresie koncentracji i warunków” [87, str. 308].

Behe sugeruje też, że nawet jeśli jakiś system biologiczny wykazuje zachowanie samoorganizacyjne, to jego powstanie i tak pozostaje niewyjaśnione. Należy odróżnić te dwie kwestie. Zjawisko samoorganizacji jest opisywane przez modele matematyczne, które dotyczą tylko zachowania różnych systemów, gdy w pewnych warunkach osiągnięty zostanie określony stopień koncentracji ich składników, lecz nic nie mówią na temat ich powstania [80, str. 159-160].

Wkład teorii samoorganizacji do wyjaśnienia emergencji nieredukowalnie złożonych układów biochemicznych podsumowuje Behe następująco:

Mimo iż wytwarza pewną złożoność, obserwowane w świecie fizycznym zjawisko samoorganizacji nie wytworzyło do tej pory złożonych i wyspecjalizowanych układów porównywalnych do nieredukowalnie złożonych systemów biochemicznych. Nie ma obecnie poważnych powodów, by sądzić, że zjawisko to może wyjaśnić układy biochemiczne, takie jak więc bakteryjna czy kaskada krzepnięcia krwi. (Behe [70, str. 128])

Behe nie wyklucza, że teoria samoorganizacji wyjaśni kiedyś problem nieredukowalnej złożoności, ale nie jest w stanie tego zrobić w dzisiejszej swojej postaci. Ponadto, jego zdaniem, aktualne dane naukowe silniej przemawiają za hipotezą projektu²².

3.6 Argument Richarda Dawkinsa

W odróżnieniu od omówionych powyżej ewolucjonistycznych wyjaśnień nieredukowalnej złożoności, argument Richarda Dawkinsa nie ma charakteru naukowego, lecz filozoficzny.

Dawkins dopuszcza możliwość, że w przyrodzie istnieje autentyczna nieredukowalna złożoność, którą wyjaśnić można tylko poprzez odwołanie się do hipotezy projektu. Przyznaje też, że jej istnienie obaliłoby teorię Darwina, jednak jego zdaniem nikt do tej pory struktury takiej nie znalazł. Co więcej – i tu kryje się istota argumentu Dawkinsa – znalezienie jej podważyłoby samą teorię inteligentnego projektu.

Według Dawkinsa Bóg lub jakkolwiek inny inteligentny projektant musi być bardziej złożony niż jego wytwory, sam jest zatem strukturą znacznie bardziej nieprawdopodobną i nieredukowalną złożoną, której istnienie domaga się dalszego wyjaśnienia [88, str. 160, 172 i 179]. Dawkins stwierdza, że

Projekt nie jest dobrym wyjściem, ponieważ odwołanie się doń rodzi pytanie jeszcze trudniejsze niż to, na które poszukujemy odpowiedzi: kto zaprojektował projektanta? Przypadek i projekt nie zdają egzaminu jako rozwiązanie problemu nieprawdopodobieństwa, gdyż pierwszy sam jest problemem, drugi zaś poprzez regres bezpośrednio zwraca nas do punktu wyjścia. (Dawkins [88, str. 173-174])

Wyjaśnianie powstania projektanta za pomocą jeszcze bardziej złożonej przyczyny, a tej za pomocą kolejnej, prowadzi do regresu w nieskończoność. Jedynym skutecznym rozwiązaniem, przekonuje Dawkins, jest teoria doboru naturalnego. Zapewnia ona trzecią drogę wyjaśnienia nieredukowalnej złożoności, obok przypadku i projektu: pokazuje, że nieredukowalna złożoność mogła powstać poprzez stopniowe i powolne narastanie złożoności [88, str. 163].

Dobór naturalny nie tylko wyjaśnia fenomen życia; uświadamia nam również potęgę nauki, która potrafi pokazać, jak złożone układy mogą wyłaniać się z prostych początków bez odwołania się do jakiegokolwiek projektu czy inteligentnego konstruktora. (Dawkins [88, str. 166])

Ostateczną przyczyną wszechrzeczy, w tym nieredukowalnej złożoności, musi być coś bardzo prostego, a skoro Bóg czy inny projektant nie mo-

że być prosty, nie może też stanowić ostatecznego wyjaśnienia. Dla Dawkinsa wyjaśnieniem nie jest także sugestia, że projektant pojawił się tak po prostu, ni stąd, ni zowąd, albo że istniał od zawsze – musi być efektem stopniowej ewolucji; zapewne jakiegoś wariantu ewolucji darwinowskiej²³.

Dawkins podkreśla, że dobór naturalny to

jedyny (przynajmniej spośród dotąd poznanych) proces, który może doprowadzić do wyłonienia się złożoności z prostoty. (Dawkins [88, str. 213-214])

Argument Dawkinsa spotkał się z ostrą krytyką. Odrzucana jest przede wszystkim teza, że projektant musi być bytem złożonym – i to nieredukowalnie. Jeśli projektant jest Bogiem chrześcijańskim (czego teoretycy projektu na podstawie samej tylko naukowej argumentacji nie przesądzają), to z punktu widzenia klasycznej teologii, reprezentowanej np. przez poglądy św. Tomasza z Akwinu, Bóg jest prosty:

nie ma w nim rozróżnienia na przedmiot i własność, akt i potencję, istotę i istnienie i tym podobne. (Platinga [90])

Bóg nie jest prosty w tym samym sensie, co obiekty materialne – jest duchem, a więc nie jest złożeniem części, któremu można by przypisać prawdopodobieństwo przypadkowego powstania [90, 91]. Co więcej, Bóg nie musi charakteryzować się prostotą, żeby jego powstanie było prawdopodobne, gdyż jest bytem koniecznym i istnieje wiecznie, bez żadnej poprzedzającej jego zaistnienie przyczyny. Jeśli już mielibyśmy mówić o prawdopodobieństwie w przypadku Boga, to zdaniem teistów prawdopodobieństwo jego istnienia wynosi 1, zaś nieistnienia – 0. Zdaniem krytyków Dawkins w istocie nie wykazuje, że taki wieczny byt nie istnieje, a tylko odgórnie, w świetle światopoglądu naturalistycznego, przyjmuje założenie, że on nie może istnieć. Bezasadnie zakłada zatem prawdziwość naturalizmu i na tej podstawie wyklucza niezgodne z nim możliwości [90, 91].

Według Dawkinsa twierdzenie, iż ostateczny projektant istniał od zawsze, nie jest autentycznym wyjaśnieniem, ale najwyraźniej nie widzi żadnego problemu w tym, że sam nawet nie próbuje wyjaśnić istnienia materii czy praw przyrody. Albo musi przyjąć, że materia, na przykład, jest wieczna, narażając się tym samym na własny zarzut,

²³Dawkins [88, str. 219-220]; por. też [89, str. 116-122].

albo wyjaśnić, jak najprostsza forma materii powstała z czegoś jeszcze prostszego, czyli w tym wypadku – z niczego, z absolutnej nicości, a tego nikt dotychczas nie dokonał i być może nigdy się to nie uda [92].

Dawkins niepotrzebnie też domaga się ostatecznego wyjaśnienia nieredukowalnej złożoności. Dlaczego wniosek, że jakaś struktura biologiczna została zaprojektowana, miałby w gruncie rzeczy niczego nie wyjaśniać? To tak, jakby twierdzenie, że samochód został zaprojektowany przez człowieka, można było uznać za odpowiedź na pytanie o powstanie samochodu dopiero wtedy, gdybyśmy wiedzieli, jak powstał sam człowiek, a potem może i jego projektant i tak dalej. Pytanie, „kto zaprojektował projektanta?” można zadać przy każdym wnioskowaniu o projekcie, ale czy w takim razie należałoby również czekać na ostateczne wyjaśnienie powstania człowieka, aby sędzia mógł skazać mordercę? Byłby to oczywisty absurd. Wystarczy wiedzieć, kto zabił (a co więcej, do wyciągnięcia zasadnego wniosku o samym morderstwie wiedza o tożsamości mordercy w ogóle nie jest potrzebna). Podobnie, wniosek o zaprojektowaniu danej struktury biologicznej byłby zadowalającym wyjaśnieniem, nawet gdyby nie wyjaśniono pochodzenia jej projektanta (albo nawet gdyby jego tożsamość pozostawała nieodgadniona).

Poza tym, wyjaśnienia gdzieś muszą się kończyć. Dla teistów chrześcijańskich, na przykład, ostateczną rzeczywistością jest Bóg, którego istnienie nie wymaga dalszych wyjaśnień [90–92]. Nie jest jednak jasne, czy Dawkins uznaje istnienie takiej niewymagającej wyjaśnienia, ostatecznej rzeczywistości i co nią jest.

I wreszcie, Dawkins nie wykazuje, że dobór naturalny faktycznie potrafi wytworzyć nieredukowalną złożoność, a tylko gołosłownie przypisuje mu taką zdolność i co najwyżej powtarza krytykowane scenariusze z koopcji (chodzi konkretnie o wyjaśnienie Millera) i łuku rzymskiego [88, 91, str. 185 i 188-189].

4 Podsumowanie

Nadszedł czas, by jasno i wyraźnie określić, jaki jest zasięg argumentu z nieredukowalnej złożoności ze względu na jego stronę krytyczną wobec ewolucjonizmu – zwłaszcza darwinowskiego, ponieważ to on dominuje we współczesnej biologii. Co argu-

ment ten odrzuca z zasady, a w jakich punktach dopuszcza dyskusję?

Teoretycy projektu sami przyznają, że argument z nieredukowalnej złożoności nie wyklucza i nie może wykluczyć wszystkich możliwych procesów ewolucyjnych na drodze do powstania układów nieredukowalnie złożonych [53]. W *Czarnej skrzynce Darwina* Behe dokonał znanego nam już podziału na bezpośrednie i pośrednie procesy darwinowskie [5, str. 43]. To do tych pierwszych odnosi się logiczna płaszczyzna argumentu z nieredukowalnej złożoności, całkowicie eliminując możliwość stopniowej ewolucji prostej struktury, która spełnia swoją funkcję w sposób prymitywny, w bardziej złożony układ, pełniący tę samą funkcję, ale znacznie lepiej.

Próbę wyjaśnienia powstania układów nieredukowalnie złożonych za pomocą bezpośrednio procesu darwinowskiego podjął Orr (scenariusz z narastającej niezbędności), jednak nie jest to dobre rozwiązanie, ponieważ pewne struktury koniecznie muszą posiadać kilka składników, by mogły pełnić tę funkcję, jaką pełnią teraz, podczas gdy Orr twierdzi, że można zacząć od jednej części. Na przykład trzyczęściowość wici bakteryjnej jest absolutnie wymaganym minimum nieredukowalności funkcji tego układu, a jeśli chcemy uznać więc za rezultat stopniowej ewolucji, to musimy odwołać się do innych procesów darwinowskich niż bezpośrednie. Nie można jednak wykluczyć, że układy nieredukowalnie złożone powstały w bezpośrednim procesie w jednym kroku na skutek równoczesnych mutacji, ale im bardziej system złożony, tym mniejsze prawdopodobieństwa wchodzą w rachubę i jego powstanie w ten sposób przeczyłoby gradualizmowi darwinowskiemu.

Argument z nieredukowalnej złożoności nie może na gruncie logicznym wykluczać możliwości uformowania się układów nieredukowalnie złożonych w jakimś procesie pośrednim, w którym wraz ze strukturą zmienia się funkcja – z logicznego punktu widzenia takich procesów można wymyślić nieskończenie wiele. Taką możliwość przewiduje scenariusz z koopcji i z redundantnej złożoności, ale ten pierwszy boryka się obecnie z problemem potwierdzenia empirycznego, a drugi jest nieakceptowalny, gdyż wynika z niego, że nieredukowalny rdzeń musi istnieć przed usunięciem nadmiarowych składników. Zasięg argumentu z nieredukowalnej złożoności najlepiej podsumowuje William Dembski:

Logiczna płaszczyzna sformułowanego przez Behe'ego argumentu z nieredukowalnej złożoności wyklucza bezpośrednio procesy darwinowskie, odrzucając tym samym najlepiej potwierdzoną formę ewolucji darwinowskiej. Co więcej, odrzuca ona jedyną postać ewolucji darwinowskiej, którą można przeanalizować na gruncie logicznym. Pośrednie procesy darwinowskie są natomiast tak elastyczne, że żadna analiza logiczna nie jest w stanie ich ograniczyć. (Wyjaśnienia odwołujące się do nich są niemal zawsze niesprecyzowane, przez co nie są ani falsyfikowalne, ani testowalne). Logiczna płaszczyzna argumentu Behe'ego angażuje logikę, jak dalece to możliwe, aby ustalić ograniczenia mechanizmu darwinowskiego, zaś rozważaniom empirycznym pozostawia do odrzucenia całą resztę. A skoro wnioski logiczne są z natury bardziej kategoryczne od wnioskowań empirycznych, Behe krytykuje mechanizm darwinowski w możliwie najbardziej kategoryczny i ścisły sposób. Nie chodzi tylko o to, że pewne układy biologiczne są tak złożone, że nie możemy sobie wyobrazić, jak wyewoluowały one w procesach darwinowskich. Chodzi raczej o to, że możemy konkluzywnie wykazać, iż nie mogły one wyewoluować w bezpośrednich procesach darwinowskich i że pośrednie procesy darwinowskie, które zawsze miały chwiejne podstawy, nie mają żadnego empirycznego potwierdzenia²⁴.

Choć argument z nieredukowalnej złożoności nie jest destrukcyjny dla ewolucjonizmu darwinowskiego jako takiego, pozbawia neodarwinistów najwygodniejszego wyjaśnienia pewnych cech układów biologicznych. Tam, gdzie uda się wykazać nieredukowalną złożoność układów, nie będzie już można odwoływać się do tego typu wyjaśnień, jakie stosuje się do wytłumaczenia udoskonalania się funkcjonalności oka czy wydłużania szyi żyrafy [66]. Przyszłą to nawet niektórzy ewolucjonści, twierdząc, że – jak go nazywają – seryjny bezpośredni proces darwinowski, czyli zmiana wzdłuż jednej osi, nie może tworzyć układów nieredukowalnie złożonych [51, str. 112].

²⁴Dembski [19, str. 298]; por. też Dembski i Wells [63, str. 160].

Po rozpatrzeniu najczęściej wysuwanych argumentów przeciw koncepcji Behe'ego oraz kontrargumentów ze strony jej zwolenników dochodzę do wniosku, że problem nieredukowalnej złożoności daleki jest od jednoznacznego rozwiązania. Argument z nieredukowalnej złożoności nie wyklucza z góry wszystkich możliwych procesów darwinowskich, jak również ewentualnych procesów wykraczających poza tradycję neodarwinowską, takich jak na przykład zjawisko samoorganizacji, lecz mieszczących się w ramach wyjaśnień naturalistycznych. Jednakże niski poziom szczegółowości tych wyjaśnień, które z logicznego punktu widzenia rzeczywiście można uznać za dobry trop dla rozwiązania kwestii nieredukowalnej złożoności, sprawia, że pozostają one niemal wyłącznie w sferze spekulacji, a więc hipoteza projektu wciąż jest realną możliwością i nie ma empirycznych podstaw do wykluczenia jej jako lepszego (w sensie ustalenia adekwatnej przyczyny) wyjaśnienia problemu nieredukowalnej złożoności. Samo wskazanie możliwej drogi, jaką mogła podążać ewolucja, nie świadczy o tym, że ten scenariusz sprawdza się w realistycznych okolicznościach. Teza Behe'ego opiera się przynajmniej na wiedzy o śladach pozostawianych przez aktywność istot inteligentnych, czyli ludzi.

Należy zauważyć, że hipoteza projektu nie musi uwzględniać szczegółowego wyjaśnienia, jak dokładnie układy nieredukowalnie złożone zostały wytworzone przez projektanta. Jest to zagadnienie drugorzędne wobec uprzedniego wykrzyka, że coś zostało zaprojektowane. Natomiast wyjaśnienie naturalistyczne (o ile rozpatrywane zjawisko nie podlega bezpośredniej obserwacji) powinno obejmować teoretyczny model procesu przekształcania jednej struktury w inną, na tyle szczegółowy, by można było uznać go za wiarygodny.

Prawdą jest jednak, że wykluczając na gruncie logicznym jedynie najwygodniejsze dla darwinistów bezpośrednie procesy ewolucyjne, los argumentu z nieredukowalnej złożoności jest uzależniony od przyszłych odkryć naukowych, które mogą potwierdzić adekwatność przyczynową jakiegokolwiek pośredniego procesu ewolucyjnego w tworzeniu nieredukowalnej złożoności.

Można, oczywiście, zapytać, czy koncepcja nieredukowalnej złożoności jest w ogóle naukowa, a więc, czy jest sens, by naukowcy z nią dyskutowali? Większość współczesnych naukowców uzna-

je ją za nienaukową, a więc i niewartą uwagi na gruncie naukowym. Kwestię naukowości koncepcji nieredukowalnej złożoności omawiałem w innych publikacjach [93,94, str. 106-119]. Tu wystarczy poczynić kilka uwag, które częściowo jednak wykraczają poza treść tamtych artykułów. Przede wszystkim, nie ma czegoś takiego jak powszechnie przyjęta definicja nauki (w sensie *science* – odnoszącym się do nauk przyrodniczych). Istniejące kryteria demarkacji nie są w stanie jednoznacznie odróżnić nauki od tego, co nauką nie jest. Koncepcja nieredukowalnej złożoności część z tych kryteriów spełnia, innych – nie, ale podobnie jest z teoriami uznawanymi współcześnie za naukowe. Jeśli zaś uznać, że nauką jest ta działalność, którą w danym okresie uważa się za naukową, to koncepcja Behe'ego napotyka problem. U podstaw współczesnej nauki leży założenie naturalizmu metodologicznego, według którego w badaniach naukowych nie można odwoływać się do bytów nadprzyrodzonych, a wskazuje się, że Behe to robi, co świadczy o nienaukowym charakterze jego argumentacji. Ale, po pierwsze, na samej podstawie istnienia nieredukowalnie złożonych układów biochemicznych Behe wnioskuje jedynie, że w ich powstaniu miała udział istota inteligentna, lecz nie rozstrzyga i nie może rozstrzygać o naturze tej inteligencji. Do tego potrzeba więcej informacji. Po drugie, nawet gdyby projektantem układów nieredukowalnie złożonych była istota nadnaturalna, i tak – nie wiedząc o tym – (przynajmniej teoretycznie) można byłoby stwierdzić, że istnienie tych układów da się wyjaśnić tylko przez odwołanie się do przyczyn inteligentnych.

Aby wykluczyć koncepcję nieredukowalnej złożoności z nauki, naturalizm metodologiczny musiałby zakazywać wyjaśnień przywołujących jakiegokolwiek przyczyny inteligentne, a nie jedynie nadnaturalne. Wygląda na to, że tak właśnie się dzieje w tych dziedzinach naukowych (jak biologia czy kosmologia), w których teza o projekcie choćby sugeruje aktywność nadnaturalnego projektanta. Dokładna analiza wykazuje jednak, że naturalizm metodologiczny jest nie do utrzymania. Przeczy podstawowemu celowi nauki (a już na pewno nauk zajmujących się zagadnieniem pochodzenia): badaniu rzeczywistego świata. Podejmując badania nad historią przyrody, chcemy przecież dowiedzieć się, jak ona naprawdę przebiegała lub przynajmniej z wszelkim prawdopodobieństwem mogła przebiegać. Podczas gdy poszczególne teorie mo-

gą wykluczać z rozważań przyczyny inteligentne, rozciągnięcie tej zasady na całą naukę prowadzi do ograniczenia możliwych wyjaśnień. Jeżeli świat jest taki, że nie da się go wyjaśnić w pełni naturalistycznie, to naukowcy niewolniczo trzymający się naturalizmu metodologicznego z konieczności będą budować fałszywy obraz rzeczywistości. Przy braku kryterium mówiącego, kiedy odrzucić teorię naturalistyczną, zawsze będą dążyli do wypełnienia ewentualnych luk eksplanacyjnych wyjaśnieniem naturalistycznym i zignorują empiryczne świadectwa na rzecz projektu.

W dyskusji nad koncepcją nieredukowalnej złożoności pojawia się też pytanie, do jakich badań może ona prowadzić? W sensie pozytywnego wkładu w wiedzę naukową powinny być to próby wykazania nieredukowalności funkcji systemów biochemicznych oraz – w sensie negatywnym – nieredukowalności pochodzenia, tj. stwierdzanie braku istnienia prekursorów ewolucyjnych dla omawianych układów. Ponadto, wykrycie projektu jest tylko pierwszym krokiem w koncepcji nieredukowalnej złożoności; drugim może być zdobycie wiedzy o naturze i motywach projektanta oraz jego metodach projektowania (a być może nawet odnalezienie go). To wymaga jednak dalszych informacji. Jeśli jedyne, co w przyrodzie pozostało po ingerencji projektanta, to zaprojektowana struktura, uzyskanie takich informacji metodami naukowymi będzie niemożliwe.

Można w związku z tym postawić zarzut, że hipoteza projektu nie jest żadnym wyjaśnieniem, tylko zwykłą konstatacją faktu, i nic pozytywnego do nauki nie wnosi. Należy jednak zauważyć, że stwierdzenie faktu zaprojektowania daje pewną wiedzę o świecie, podobnie jak w przypadku, gdy stwierdzone jest morderstwo, mimo iż sprawca i jego motywy są nieznane. Można także zarzucić, że skoro Behe wnioskuje o projekcie układów biochemicznych wyłącznie na podstawie wiedzy o wytworach ludzkich, posiadających tę samą cechę, tj. nieredukowalną złożoność, to jego koncepcja, dotycząca struktur, które nie mogły być wytworem człowieka, jest w gruncie rzeczy argumentem z niewiedzy, sprowadzającym się po prostu do krytyki scenariuszy ewolucjonistycznych. Rzeczywiście, aktualnie koncepcja nieredukowalnej złożoności opiera się na krytyce wyjaśnień ewolucjonistycznych oraz na wiedzy o aktywności inteligencji ludzkiej, nie zaś o prawdziwym projektancie układów biochemicznych, ale trudno

uznać, że jest to argument z niewiedzy. Zdaniem Behe'ego jego koncepcja jest wnioskowaniem do najlepszego wyjaśnienia, polegającym na znalezieniu adekwatnej przyczyny dla określonego skutku. Nie wiemy, czy nieredukowalną złożoność mogą tworzyć procesy nieinteligentne, ale wiemy, że ludzie potrafią to robić i tę wiedzę można wykorzystać przy wnioskowaniu o projekcie układów biochemicznych, mimo iż natura ich projektanta może być innego rodzaju. Obecnie nic innego nie da się zrobić w kierunku pozytywnego wykazania projektu biochemicznego, a możliwe, że nigdy nie będzie się dało. Oczywiście, wniosek o takim projekcie może zostać obalony przez potwierdzenie tez ewolucjonistów, a więc jednym z głównych zadań teoretyków projektu jest krytykowanie scenariuszy ewolucjonistycznych.

Często uważa się, że krytyka nie stanowi pozytywnego wkładu w wiedzę. Zważywszy jednak, że mamy tu do czynienia z dychotomią: albo układy nieredukowalnie złożone powstały bez udziału inteligencji, albo przy jej pomocy – nawet gdyby nie znajdowano charakterystycznych oznak inteligencji w układach biochemicznych, odrzucenie wszystkich możliwych teorii naturalistycznych pozostawiłoby projekt jako jedyną alternatywę, zaś (co jest bardziej realistyczne) obalenie coraz to nowych scenariuszy naturalistycznych w pewnym sensie przybliżałoby akceptację hipotezy projektu. Zwolennicy tej koncepcji mogą też skupić się na wykazaniu, że struktury biochemiczne czy organizmy żywe mają ograniczoną zdolność do ewoluowania (zauważmy, że nie jest to tożsame z wskazywaniem niepoprawności scenariuszy ewolucjonistycznych). Można to uznać za wkład pozytywny, podobnie jak jest np. gdy stwierdzamy, że pułapki na myszy nie mogą samoistnie przekształcać się w coś innego.

Warto zwrócić uwagę na jeszcze jedną ważną sprawę. Nawet jeśli koncepcja nieredukowalnej złożoności okaże się fałszywa, nauka i tak może czerpać korzyści z jej istnienia. Równoczesne istnienie dwóch lub więcej współzawodniczących ze sobą teorii stymuluje rozwój nauki. Argument Behe'ego zmusza darwinistów (a może to dotyczyć także zwolenników innych wersji ewolucjonizmu naturalistycznego) do reakcji, przeciwników darwinizmu do odpowiedzi na tę reakcję, następnie darwińscy czują się zmuszeni do znalezienia kolejnych kontrargumentów i tak dalej. Efektem tego może być wzrost szczegółowości modeli ewolucjonistycznych, jaki można dostrzec choćby na przykładzie kooperacyjnych scenariuszy proponowanych przez Millera, Musgrave'a i Matzke'ego. Powstała też klasyfikacja możliwych dróg ewolucji, umożliwiającą określenie, które z nich potrafią tworzyć układy nieredukowalnie złożone, a które nie mają tej zdolności [51]. Wzajemna krytyka ułatwia ukazanie możliwości i wyraźniejsze wytyczenie granic konkurujących teorii. Przy braku głosów krytycznych łatwo można przypisać zbyt duży sukces utrzymywanej przez siebie teorii, przez co rozwój wiedzy o świecie – naukowej lub nie – jest co najmniej utrudniony, jeśli nie uniemożliwiony. Mimo iż teoria inteligentnego projektu ma aktualnie niezbyt okazałe zaplecze badawcze, zapewnienie jej pełnoprawnego udziału w naukowej debacie nad pochodzeniem Wszechświata, życia i jego różnorodnych form, może doprowadzić do jej szybszego rozwoju i – co za tym idzie – upadku neodarwinizmu, ale jak najbardziej może to doprowadzić także do sytuacji dokładnie przeciwnej. Możliwe też, że starcie tych dwu teorii ukaże potrzebę jeszcze innej teorii. Jest to wskazówka, że warto w nauce promować pluralizm teoretyczny, zwłaszcza wtedy, gdy nie istnieje jedno zadowalające wyjaśnienie jakiegось problemu w danej dziedzinie.

Literatura

- [1] J. Huxley, „The Emergence of Darwinism”, [w:] S. Tax (red.), *Evolution of Life. Volume I. Its Origin, History and Future* (University of Chicago Press, Chicago 1960), str. 1–21. Cyt. za Woodward [2, str. 34].
- [2] T. Woodward, *Doubts about Darwin: A History of Intelligent Design* (Baker Books, Grand Rapids, MI, 2003). Cyt. za Denton [3, str. 75].
- [3] M. Denton, *Evolution: A Theory in Crisis* (Adler and Adler, Bethesda, Md. 1986).
- [4] D. Quammen, „Czy Darwin się mylił?”, *National Geographic Polska* **11**, 2–33 (2004).
- [5] M. J. Behe, *Czarna skrzynka Darwina. Biochemiczne wyzwanie dla ewolucjonizmu*, Biblioteka Filozoficznych Aspektów Genezy, tom 4, przeł. Dariusz Sagan (Wydawnictwo MEGAS, Warszawa 2008).

- [6] Por. L. Shapiro, „The Bacterial Flagellum: From Genetic Network to Complex Architecture”, *Cell* **80**, 525 (1995). Cyt. za Behe [7, str. 180].
- [7] M. J. Behe, „Intelligent Design Theory as a Tool for Analyzing Biochemical Structures”, [w:] W. A. Dembski (red.), *Mere Creation: Science, Faith & Intelligent Design* (InterVarsity Press, Downers Grove, Ill. 1998), str. 177–194.
- [8] R. F. Doolittle, „Subtelna równowaga”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* **1**, 55–64 (2004). Przeł. Dariusz Sagan. <http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst&id=52> (27.02.2008)
- [9] K. R. Miller, *Finding Darwin's God: A Scientist's Search for Common Ground Between God and Evolution* (Cliff Street Books, New York 1999), str. 140–142.
- [10] D. Ussery, „A Biochemist's Response to «The Biochemical Challenge to Evolution»”, *Bios* **70**, 40–45 (1999). <http://www.cbs.dtu.dk/staff/dave/Behe.html> (27.02.2008)
- [11] D. Ussery, „Darwin's Transparent Box: The Biochemical Evidence for Evolution”, [w:] Young i Edis [15], str. 50.
- [12] M. Coon, „Is the Complement System Irreducibly Complex?”, 4 Apr 2002. <http://www.talkorigins.org/faqs/behe/icsic.html> (28.02.2008)
- [13] M. Inlay, „Evolving Immunity: A Response to Chapter 6 of Darwin's Black Box”, 17 Jul 2002. http://www.talkdesign.org/faqs/Evolving_Immunity.html (28.02.2008)
- [14] M. Inlay, „New Discovery of Missing Link Between Adaptive Immune System and Transposons”, 8 Jan 2005. <http://www.pandasthumb.org/pt-archives/000715.html> (28.02.2008)
- [15] M. Young i T. Edis (red.), *Why Intelligent Design Fails: A Scientific Critique of the New Creationism* (Rutgers University Press, 2004).
- [16] K. R. Miller, „Odpowiedź na biochemiczny argument z projektu”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* **2/3**, 97–119 (2005/2006). przeł. Dariusz Sagan. <http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst&id=73> (27.02.2008)
- [17] W. A. Dembski, *No Free Lunch: Why Specified Complexity Cannot Be Purchased without Intelligence* (Rowman & Littlefield Publishers, Inc., Lanham – Boulder – New York – Oxford, 2002).
- [18] Por. W. A. Dembski, „Irreducible Complexity Revisited”, *Progress in Complexity, Information, and Design* **3.1.4**, 1–47 (2004).
- [19] Por. W. A. Dembski, *The Design Revolution: Answering the Toughest Questions about Intelligent Design* (InterVarsity Press, Downers Grove, Ill. 2004).
- [20] W. A. Dembski, „Evolution's Logic of Credulity: An Unfettered Response to Allen Orr”, . http://www.designinference.com/documents/2002.12.Unfettered_Resp_to_Orr.htm (02.12.2007)
- [21] M. J. Behe, „Darwinism and Design”, *Trends in Ecology and Evolution* **12**, 229 (1997).
- [22] Por. P. Dunkelberg, „Irreducible Complexity Demystified”, *Talk Design* (2003). <http://www.talkdesign.org/faqs/icdmyst/ICdmyst.html> (27.02.2008)
- [23] D. Ussery, „Darwin's Transparent Box: The Biochemical Evidence for Evolution”, [w:] Young i Edis [15], str. 48–57.
- [24] Por. J. Blamire, „Evolution, The World of Darwin, Sources of Variation”, 2001. http://www.brooklyn.cuny.edu/bc/ahp/LAD/C20/C20_Variation.html (06.03.2008)
- [25] D. J. Futuyma, „Cuda a molekuly”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* **1**, 65–69 (2004). Przeł. Dariusz Sagan. <http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst&id=36> (06.03.2008)
- [26] K. R. Miller, „The Evolution of Vertebrate Blood Clotting”, . <http://www.millerandlevine.com/km/evol/DI/clot/Clotting.html> (06.03.2008)
- [27] M. J. Behe, „In Defense of the Irreducibility of the Blood Clotting Cascade: Response to Russell Doolittle, Ken Miller and Keith Robison”, *Discovery Institute* (31 Jul 2000). <http://www.discovery.org/scripts/viewDB/index.php?command=view&id=442> (27.02.2008)
- [28] T. Abbey, „Interview with Michael Behe”, . <http://www.idurc.org/interviews/behe0803.htm> (06.03.2008)
- [29] „Can Irreducible Complexity Be Evolved Via Gene Duplication and Co-optation of Parts?”, . http://www.creationevolution.net/can_irreducible_complexity_be_ev.htm (06.03.2008)

- [30] M. J. Behe, *The Edge of Evolution: The Search for the Limits of Darwinism* (The Free Press, New York – London – Toronto – Sydney, 2007).
- [31] Por. H. A. Orr, „Ponownie darwinizm kontra inteligentny projekt”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* **1**, 33–48 (2004). przeł. Dariusz Sagan.
<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst&id=46> (06.03.2008)
- [32] J. A. Coyne, „God in the Details”, *Nature* **383**, 227–228 (1996).
http://pondside.uchicago.edu/cluster/pdf/coyne/Behe_review.pdf (06.03.2008)
- [33] Por. M. A. López, „An Interview with Dr. Michael J. Behe”, .
<http://www.ideacenter.org/contentmgr/showdetails.php/id/1449> (06.03.2008)
- [34] M. J. Behe, „A Letter to the Editor”, *Watchmaker* **4**, 2 (1997).
- [35] Por. G. Korthof, „Does Irreducible Complexity Refute Neo-Darwinism?”, 27 Feb 2004.
<http://home.wxs.nl/~gkorthof/korthof8.htm> (06.03.2008)
- [36] G. Korthof, „Common Descent: It’s All or Nothing”, [w:] Young i Edis [15], str. 32–47.
- [37] K. R. Miller, „Is the Blood Clotting Cascade «Irreducibly Complex»? : A Response to Behe’s Attempted Defense”, . <http://www.millerandlevine.com/km/evol/DI/Clotting.html> (06.03.2008)
- [38] M. J. Behe i D. W. Snoke, „Simulating Evolution by Gene Duplication of Protein Features That Require Multiple Amino Acid Residues”, *Protein Science* **13**, 2651–2664 (2004).
<http://www.proteinscience.org/cgi/reprint/13/10/2651> (07.03.2008)
- [39] Por. I. F. Musgrave, S. Reuland, i R. A. Cartwright, „Theory is as Theory Does”, 11 Oct 2004.
<http://www.pandasthumb.org/pt-archives/000480.html> (06.03.2008)
- [40] M. Hermodson, „Editorial and Position Papers”, *Protein Science* **14**, 2215–2216 (2005).
<http://www.proteinscience.org/cgi/reprint/14/9/2215> (07.03.2008)
- [41] M. Lynch, „Simple Evolutionary Pathways to Complex Proteins”, *Protein Science* **14**, 2217–2225 (2005).
<http://www.proteinscience.org/cgi/reprint/14/9/2217?ijkey=b23c53da2728833b6888f9611da960b190476046> (07.03.2008)
- [42] M. J. Behe i D. W. Snoke, „A Response to Michael Lynch”, *Protein Science* **14**, 2226–2227 (2005).
<http://www.proteinscience.org/cgi/reprint/14/9/2226> (07.03.2008)
- [43] K. R. Miller, „The Flagellum Unspun: The Collapse of «Irreducible Complexity»”, [w:] Dembski i Ruse [44], str. 81–97.
- [44] W. A. Dembski i M. Ruse (red.), *Debating Design: From Darwin to DNA* (Cambridge University Press, Cambridge 2004).
- [45] K. R. Miller, „The Flaw in the Mousetrap: Intelligent Design Fails the Biochemistry Test”, *Natural History* str. 75 (April 2002). <http://www.actionbioscience.org/evolution/nhmag.html> (07.03.2008)
- [46] Por. I. Musgrave, „Evolution of the Bacterial Flagellum”, [w:] Young i Edis [15], str. 72–84.
- [47] Por. I. F. Musgrave, „Evolution of the Bacterial Flagella”, 17 Mar 2000.
<http://www.health.adelaide.edu.au/Pharm/Musgrave/essays/flagella.htm> (07.03.2008)
- [48] Por. N. J. Matzke, „Evolution in (Brownian) Space: A Model for the Origin of the Bacterial Flagellum”, 10 Nov 2003. <http://www.talkdesign.org/faqs/flagellum.html> (07.03.2008)
- [49] L. Flank, „Is the «Intelligent Design» Argument a Scientific One?”, 1998.
<http://www.geocities.com/CapeCanaveral/Hangar/2437/design.htm> (07.03.2008)
- [50] M. Young, „Grand Designs and Facile Analogies: Exposing Behe’s Mousetrap and Dembski’s Arrow”, [w:] Young i Edis [15].
- [51] Por. R. H. Thornhill i D. W. Ussery, „A Classification of Possible Routes of Darwinian Evolution”, *Journal of Theoretical Biology* **203**, 111–116 (2000).
- [52] Por. M. J. Behe, „Nieredukowalna złożoność: problem dla ewolucjonizmu darwinowskiego”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* **2/3**, 67–96 (2005/2006). Przeł. Dariusz Sagan.
<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst&id=70> (25.02.2008)
- [53] M. Gene, „Irreducible Complexity ReVisited”, 20 Jun 2004. (09.03.2008)
- [54] J. Bracht, „The Bacterial Flagellum: A Response to Ursula Goodenough”, *ISCID Archive* (22 Sep 2002).
http://www.iscid.org/papers/Bracht_GoodenoughResponse_021203.pdf (09.03.2008)

- [55] W. A. Dembski, „Still Spinning Just Fine: A Response to Ken Miller”, ISCID Archive str. 1–15 (17 Feb 2003). http://www.iscid.org/papers/Dembski_StillSpinning_030403.pdf (09.03.2008)
- [56] Por. M. J. Pallen i N. J. Matzke, „From The Origin of Species to the origin of bacterial flagella”, *Nature Reviews Microbiology* 4, 784–790 (2006).
http://home.planet.nl/~gkorthof/pdf/Pallen_Matzke.pdf (09.03.2008)
- [57] S. A. Minnich i S. C. Meyer, „Genetic Analysis of Coordinate Flagellar and Type III Regulatory Circuits in Pathogenic Bacteria”, Discovery Institute (1 Sep 2004). Przedruk w [58, str. 221–222].
<http://www.discovery.org/scripts/viewDB/filesDB-download.php?id=389> (09.03.2008)
- [58] W. A. Dembski (red.), *Darwin's Nemesis: Phillip Johnson and the Intelligent Design Movement* (InterVarsity Press, Leicester, England 2006).
- [59] S. C. Meyer, „Verdict on the Bacterial Flagellum Premature: A Response to Begley's «Evolution Critics Come Under Fire...»”, Discovery Institute (19 Feb 2004).
<http://www.discovery.org/scripts/viewDB/index.php?command=view&id=1843> (09.03.2008)
- [60] C. Luskin, „Do Car Engines Run on Lugnuts? A Response to Ken Miller & Judge Jones's Straw Tests of Irreducible Complexity for the Bacterial Flagellum”, Discovery Institute (25 Oct 2006).
<http://www.discovery.org/scripts/viewDB/filesDB-download.php?command=download&id=747> (09.03.2008)
- [61] C. Luskin, „The Facts about Intelligent Design: A Response to the National Academy of Sciences' Science, Evolution, and Creationism”, IDEA Center (2008).
<http://www.ideacenter.org/contentmgr/showdetails.php/id/1452> (09.03.2008)
- [62] Por. W. A. Dembski, „Biology in the Subjunctive Mood: A Response to Nicholas Matzke”, Access Research Network (11 Dec 2003). http://www.arn.org/docs/dembski/wd_biologusubjunctive.htm (09.03.2008)
- [63] W. A. Dembski i J. Wells, *The Design of Life: Discovering Signs of Intelligence in Biological Systems* (Foundation for Thought and Ethics, Dallas 2008), str. 154–155.
- [64] W. A. Dembski i J. Wells, „General Notes”, [w:] *The Design of Life...*, [63], str. 1–62. Jest to dodatek na płycie CD, dołączony do książki. Patrz str. 41–42.
- [65] M. Gene, „Evolving the Bacterial Flagellum Through Mutation and Cooption: Part I–V”, .
<http://www.idthink.net/biot/flag1/index.html> (09.03.2008)
- [66] M. Gene, „Irreducible Complexity and Darwinian Pathways: Guest Response to Article by R.H. Thornhill and D.W. Ussery”, ARN Forum (16 Jun 2000).
http://www.arn.org/docs/behe/mb_mg1darwinianpathways.htm (09.03.2008)
- [67] Por. H. A. Orr, „Devolution: Why Intelligent Design Isn't”, *The New Yorker* (30 May 2005).
http://www.newyorker.com/fact/content/articles/050530fa_fact (06.03.2008)
- [68] M. Ruse, „Enough Speculation”, *Boston Review* (February/March 1997).
<http://www.bostonreview.net/BR22.1/ruse.html> (09.03.2008)
- [69] M. J. Behe, „Reply to My Critics: A Response to Reviews of Darwin's Black Box: The Biochemical Challenge to Evolution”, *Biology and Philosophy* 16, 685–709 (2001).
- [70] M. J. Behe, „Filozoficzne zarzuty stawiane hipotezie inteligentnego projektu: odpowiedź na krytykę”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* 1, 122–125 (2004). Przeł. Dariusz Sagan.
<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst&id=28> (26.02.2008)
- [71] Por. H. A. Orr, „H. Allen Orr Responds”, *Boston Review* (February/March 1997).
<http://www.bostonreview.net/BR22.1/orr.html> (09.03.2008)
- [72] Por. M. J. Behe, „The Sterility of Darwinism”, *Boston Review* (February/March 1997).
<http://www.bostonreview.net/BR22.1/behe.html> (09.03.2008)
- [73] S. Griffith, „Irreducible Complexity”, *Progress in Complexity, Information, and Design* 3.1.6, 1–29 (2004).
http://www.iscid.org/papers/Griffith_IrreducibleComplexity_052504.pdf (09.03.2008)
- [74] Por. A. G. Cairns-Smith, *Seven Clues to the Origin of Life: A Scientific Detective Story* (Cambridge University Press, Cambridge 1986), str. 59–60. Cyt. za Shanks [75].
- [75] N. Shanks i K. H. Joplin, „Behe, Biochemistry, and the Invisible Hand”, *Philo* 4 (Spring-Summer 2001).
http://www.philoonline.org/library/shanks_4_1.htm (10.03.2008).

- [76] Por. T. D. Schneider, „Refuting Michael Behe’s «Irreducible Complexity» with Roman Arches”, 16 Jun 2005. <http://www.lecb.ncifcrf.gov/~toms/paper/ev/behe/>
- [77] N. Shanks i K. H. Joplin, „Redundant Complexity: A Critical Analysis of Intelligent Design in Biochemistry”, *Philosophy of Science* **66**, 268–28 (1999).
<http://www.asa3.org/ASA/topics/Apologetics/POS6-99ShenksJoplin.html> (10.03.2008)
- [78] Por. N. Shanks i K. H. Joplin, „Shanks and Joplin Reply”, *Reports* **21**, 16 (2001).
- [79] Por. M. Ruse, „Darwin’s New Critics on Trial: Irreducible Complexity”, [w:] M. Ruse (red.), *Taking Darwin Seriously: A Naturalistic Approach to Philosophy* (Prometheus Books, New York 1999), str. 286–289. http://www.stephenjagould.org/ctrl/ruse_irredcomplex.html (27.02.2008)
- [80] Por. M. J. Behe, „Self-Organization and Irreducibly Complex Systems: A Reply to Shanks and Joplin”, *Philosophy of Science* **67**, 155–162 (2000).
<http://www.discovery.org/scripts/viewDB/index.php?command=view\&id=465> (10.03.2008)
- [81] Por. P. Draper, „Irreducible Complexity and Darwinian Gradualism: A Reply to Michael J. Behe”, *Faith and Philosophy* **19**, 3–21 (2002).
- [82] E. Anderson, „Irreducible Complexity Reduced: An Integrated Approach to the Complexity Space”, *Progress in Complexity, Information, and Design* **3.1.5**, 1–29 (2004).
http://www.iscid.org/papers/Anderson_ICReduced_092904.pdf (10.03.2008)
- [83] Por. P. Borger, „Genetic Redundancy: The Ultimate Evidence of the Design of Life”, *ISCID Archive* **19**, 1–24 (2006). http://www.iscid.org/papers/Borger_GeneticRedundancy_091506.pdf (10.03.2008)
- [84] N. Shanks i I. Karsai, „Self-Organization and the Origin of Complexity”, [w:] Young i Edis [15], str. 85–106.
- [85] B. H. Weber, „Złożoność biochemiczna. Emergencja czy projekt?”, *Filozoficzne Aspekty Genezy* **2/3**, 121–130 (2005/2006). Przeł. Dariusz Sagan.
<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst\&id=89> (10.03.2008)
- [86] Por. B. H. Weber i D. J. Depew, „Darwinism, Design, and Complex Systems Dynamics”, [w:] Dembski i Ruse [44], str. 173–190.
- [87] R. J. Field, „A Reaction Periodic in Time and Space”, *Journal of Chemical Education* **49**, 308–311 (1972). Cyt. za Behe [80, str. 159].
- [88] Por. R. Dawkins, *Bóg urojony*, przeł. Piotr J. Sz wajcer (Wydawnictwo CiS, Warszawa 2007).
- [89] R. Dawkins, „Inteligentni kosmici”, [w:] J. Brockman (red.), *Nauka a kreacjonizm. O naukowych uroszczeniach teorii inteligentnego projektu*, przeł. Dariusz Sagan i Sławomir Piechaczek (Wydawnictwo CiS, Warszawa 2007), str. 107–122.
- [90] A. Plantinga, „The Dawkins Confusion: Naturalism ad absurdum”, *Books & Culture* **13**, 21 (2007).
<http://www.christianitytoday.com/bc/2007/002/1.21.html> (12.03.2008)
- [91] P. S. Williams, „The Big Bad Wolf, Theism and the Foundations of Intelligent Design: A Review of Richard Dawkins’ «The God Delusion», (Bantam, 2006)”, *ISCID Archive* (1 Feb 2007).
http://www.iscid.org/papers/Williams_GodDelusionReview_02012007.pdf (12.03.2008)
- [92] Por. D. Groothuis, „Critical Review: The God Delusion”, *Multifaceted Christianity* (14 Jan 2008).
<http://multifacetedchristianity.blogspot.com/2008/01/critical-review-god-delusion.html> (16.01.2008)
- [93] Por. D. Sagan, „Spór o naukowość współczesnej teorii inteligentnego projektu na przykładzie Michaela Behe’ego koncepcji nieredukowalnej złożoności”, *Przegląd Filozoficzny – Nowa Seria* **51**, 37–54 (2004).
<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst\&id=8> (13.02.2008)
- [94] D. Sagan, „Teoria inteligentnego projektu a naukowa debata nad pochodzeniem”, [w:] K. Jodkowski (red.), *Teoria inteligentnego projektu – nowe rozumienie naukowości?*, Biblioteka Filozoficznych Aspektów Genezy, tom 2 (Wydawnictwo MEGAS, Warszawa 2007), str. 79–122.
<http://www.nauka-a-religia.uz.zgora.pl/index.php?action=tekst\&id=138> (20.03.2008)