

kaikkien muiden toisenlaisten yksilöiden kuolemaa samassa populaatiossa. Opimme kohdassa IV.7.2 tuntemaan tällaisia prosesseja bakteerien kohdalla. Siksi ei ole epäilystäkään siitä, että tietty proteiinifunktio voidaan tietyissä olosuhteissa evoluutiivisesti optimoida, kunhan on ensin olemassa primitiivinen perusfunktio. Sellaista prosessia nimitämme myös mikroevoluutioksi. Toisin sanoen:

MIKROEVOLUUTIO ON OPTIMOINTITAPAHTUMA

Meidän on siis ensiksi selvitettävä, voiko ja miten uusi primitiivinen funktio syntyä toisesta funktiosta ensimmäisen kerran. Oletamme, että geeni a koodaa proteiinia, jolla on funktio A (kuva 7.35). Tämän geenin pitäisi nyt evoluutioprosessin kautta muuttua geeniksi b, joka koodaa proteiinia, jolla on funktio B. Funktioiden A ja B tulee olla erilaisia. Oletamme myös, että geeni a ei voi muuttua geenin b suuntaan menettämättä funktiota A. Myös geeni b ei voi muuttua kohti geeni a:tä ilman että funktio B häviää. Tällaisessa tapauksessa nimitämme geneejiä a ja b perustoimintatilaksi, koska niiden välistä eroa ei voida ylittää vallinnan suosimilla välimuodoilla.

Kaksi perustoimintatilaa määritellään siten, että niiden välistä kuviteltua evoluutiivista muutosta ei voida enää jakaa valintaposiitivisiin välivaiheisiin.

Geenien a ja b välinen etäisyys täytyy siis kulkea evoluutioaskelin, joilla ei ole positiivista valintaetua. Opimme bakteerimoottorin tapauksessa, että oletetut makroevoluutiiviset tapahtumat ovat luonteeltaan juuri tällaisia evoluutiohyppyjä (joilla on tietty vähimmäiskoko). Niin kauan kuin uutta funktiota ei ole olemassa, ei myöskään mikään tätä funktiota optimoiva valinta voi toimia. Uudenlaisten funktioiden syntymistä nimitämme makroevoluutioksi.

MAKROEVOLUUTIO ON UUDEN RAKENTAMISTA

Kaikki oletetut evoluutiotahtumat täytyy ensin purkaa perustilojen ketjuiksi. Sen jälkeen voidaan määritellä tarvittavat välttämättömät geneettiset muutokset kahden

perustilan yhdistämiseksi ja arvioida niiden todennäköisyydet kertomalla yksittäistapahtumien todennäköisyydet keskenään. Vain tällä tavoin on mahdollista arvioida onko ehdotettu evoluutiotahtuma ollenkaan realistinen.

7.4.4 Escherichia colin sähkörotaatiomoottori

Bakteerien täytyy ottaa ravinteita ympäristöstään voidakseen kasvaa. Solulle voisi olla edullista, jos se kykenisi pitoisuusgradientissa liikkumaan kohti ravintolähdettä. Bakteerit joutuvat myös tekemisiin myrkkujen kaltaisten negatiivisten ympäristötekijöiden kanssa. Siksi kyky liikkua vaaran lähteestä pois päin on edullinen. Lukuisat bakteerit kykenevät liikkumaan aktiivisesti (kuva 7.36). Monilla niistä on tätä tarkoitusta varten rotaatiomoottori. Kaikki moottorit tarvitsevat ohjausjärjestelmän. Tähän kuuluvat sensoriproteiinit, jotka voivat tunnistaa esimerkiksi sokerin kaltaisia ravintomolekyylejä solun ympäristöstä. On kyse bakteerien nenästä, signaalinvälitysproteiineista, jotka kuljettavat moottoriin siirtyvää signaalia ja kytkinproteiineista, joita tarvitaan moottorin suoraan ohjaukseen. Bakteerien maailmasta on löytynyt hyvin erilaisia moottorikonstruktiota. Parhaiten geneettisellä tasolla on kuitenkin tutkittu *E. coli*n moottoria. Nykyisin tiedetään, että se koostuu rakenneproteiinien (joista moottori rakentuu) mukaanlukien yli 40 eri proteiinista. Ohjausjärjestelmään (kemotaksis) tarvitaan noin 7 proteiinia (taulukko 7.1). Näitä proteiineja ja niihin liittyviä säätelyelementtejä koodaaviin geeneihin kuuluu yli 60 000 emäspäriä. Molekyylibiologisten tutkimusten avulla on pystytty rekonstruoimaan moottorin perusrakenne (kuva 7.37). Ensin kuvaamme sen rakenteen ja toiminnan. Sen jälkeen pohdimme mitä molekyyli-tason evoluutioprosesseja täytyy olettaa, että tällainen moottori syntyy ja kuinka todennäköistä sellaisten prosessien tapahtuminen on.

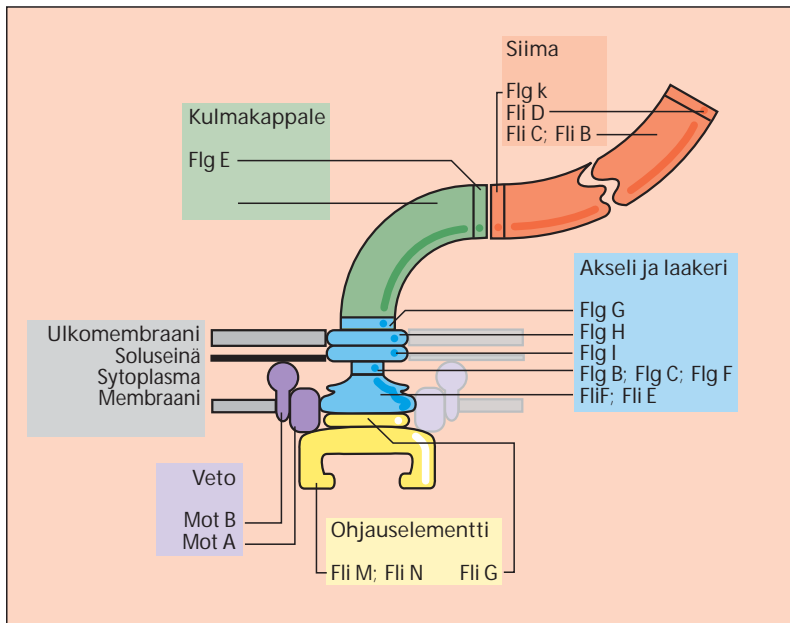
Bakteerimoottori koostuu viidestä toimivasta perusosasta. Siima (flagelli) vastaa laivan potkuria. Joustavan siiman pyöriminen synnyttää bakteerin työntövoiman. Siima rakentuu ennen kaikkea flagelliini ni-



Kuva 7.36 Kaavakuva bakteerisolun rotaatiomoottorista ja siimasta. Bakteerin etupää kuvaa sytoplasman aluetta, jossa on tiheästi kemosensoireita. Näitä voidaan nimittää bakteerin nenäksi. Sieltä tulee ohjaussignaali (nuolet) moottoreille, jotka käynnistävät siimat Työntövoima syntyy siimojen (flagellien) pyörimisestä. (Maddock & Shapiro, 1993 ja Parkinson & Blair 1993, muunneltu)

Taulukko 7.1 Bakteerimoottorin proteiini-komponenttien lukumäärä

| | |
|---------------------|----|
| Moottori | 19 |
| Kokoonpano | 12 |
| Geenisäätely | 7 |
| Sensorit | 8 |
| Tuntematon toiminto | 6 |



Kuva 7.37 Kaavakuva bakteerimoottorin pääkomponenteista. Siiman, kulmakappaleen, akselin ja laakerin, vetokompleksin sekä ohjauselementin osien nimet on esitetty vastaavien geenien lyhennetyillä nimillä. Gram-negatiivisilla bakteereilla moottori sijaitsee ulkomembraanin, soluseinän ja sytoplasmamembraanin välissä. (Falke et al. 1995, muokattu)

Taulukko 7.2 E. colin rotaatiomoottorin mitat ja biofysikaaliset ominaisuudet.

misestä proteiinista. Tämä proteiini taas koostuu yli 400 aminohaposta. Aminohap-
po- ja vastaava geenisekvenssi tunnetaan. Siima liittyy kulmakappaleen avulla rotaatioakseliin, jonka laakeri pitää paikallaan solukalvossa ja bakteerin seinässä. Geenit, jotka koodaavat akselin ja laakerin proteiineja tunnetaan myös. Rotaatioakseli ja sen kautta siima alkaa pyöriä vetoproteiinin avulla. Ei ole vielä varmaa miten se tarkalleen tapahtuu, vaikka vastaavan proteiinin geenisekvenssi tunnetaan.

Bakteerimoottorin mittoja

| | |
|------------------------|---------------------------|
| Solun pituus | n. 2 µm |
| | 500 solua ≈ 1 mm |
| Siiman pituus | n. 10 µm |
| Siiman läpimitta | n. 15 nm |
| Moottoriakselin pituus | n. 30 nm |
| Varustus | 35 000 moottoria ≈ 1 mm |
| | jopa 15 moottoria/solu |
| | tavallisesti: 8 moottoria |

Bakteerimoottorin teknisiä tietoja

| | |
|-----------------------|--|
| Jännite | 25 - 200 mV; lineaarinen välillä 25 - 125 mV |
| Energiankulutus | n. 1200 protonia/kiertos |
| | 0,1% solun energiankäytöstä |
| Korkein kierrosnopeus | 100 rpm |
| Vääntömomentti | n. 3×10^{-18} newtonia |
| Teho | n. 10^{-16} W kun 20 rpm |
| Huippunopeus | n. 25 µm/sekunti |
| | Vastaa auton nopeutta 180 km/h |
| Tuotantokustannukset | 2% solun biosynteesi-kapasiteetista |

Varmaa on vain se, että moottoria pyörittää energia, jonka synnyttää solukalvon yli vaikuttava protonigradietti. Tämä protonigradietti synnyttää ulkopuolelle sytoplasmassa nähdyn positiivisen varauksen. Jännite-ero (= membraanipotentiali) on noin 0,2 V. Kuvaannollisesti sanottuna bakteeri on 0,2 V paristo, joka pyörittää super-nano-sähkömoottoria. Moottorin tärkeät mitat ja tekniset tiedot on annettu taulukossa 7.2.

7.4.5 Bakteerin rotaatiomoottorin minimivaatimukset

Biologit ovat yksimielisiä siitä, että evoluution aikaisemmassa vaiheessa bakteereilla ei ollut moottoria. Miten oletetun evoluutioprosessin kuluessa syntyi moottori? Ei ole epäilystä myöskään siitä, että moderni bakteerin rotaatiomoottori ei ole voinut syntyä yhdellä makroevoluutiohyppäyksellä. Sama pätee myös paljon yksinkertaisempaan rakenteeseen, kuten esimerkiksi yhteen proteiiniin.

Miltä ensimmäinen, hyvin primitiivinen bakteerimoottori on voinut näyttää ja mistä sitä edeltäneistä osista se on voinut syntyä? Ongelman käsittelemiseksi yksinkertaisempaan tilannetta radikaalisti ja teemme tätä varten osittain hyvin epärealistisia oletuksia makroevoluutiohypoteesin hyväksi:

1. Ensimmäinen moottori tarvitsee jokaisen viidestä mainitusta peruselementistä: siima, kulmakappale, rotaatioakseli, laakeri ja moottoriproteiini (kuva 7.38). Jos yksikin näistä perusosista puuttuu, ei syntyvä rakenne enää kykene toimimaan moottorina, kuten voi helposti havaita, vaan kuluttaa ainoastaan tarpeettomasti aineenvaihduntaenergiaa. Sellainen bakteeri ei selviä valintaprosessissa, vaan kuolee sukupuuttoon. Se ei siis olisi enää käytettävissä tulevaan evoluutioprosessiin. Molekulaarista perustaa ei ole olemassa oletukselle, että nämä viisi osaa kykenisivät edes epätäydellisesti hoitamaan tehtävän, johon nykyisin tarvitaan yli 40 proteiinia.

2. Toimiva moottori on haitallinen, jos sitä ei kyetä ohjaamaan. Alusta lähtien on sik-

si täytynyt olla olemassa ohjaussysteemi, joka on vähintään koostunut yhdestä sensoriproteiinista ja yhdestä signaalinvälitysproteiinista, vaikka ei olekaan olemassa mitään molekyylibiologista perustetta olettaa, että nämä kaksi proteiinia voisivat hoitaa tehtävän, johon nykyisin tarvitaan noin 8 proteiinia.

3. Tarvittavien proteiinien on täytynyt syntyä toisista hyvin samankaltaisista proteiineista, joilla oli aikaisemmin jokin toinen funktio. Emme tiedä mitä genejä tähän on ollut käytettävissä.

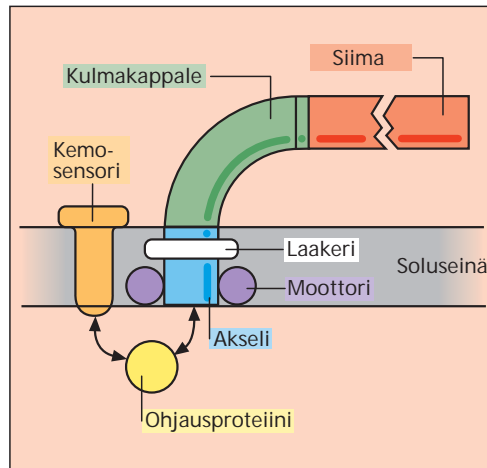
4. Oletamme lisäksi, että nämä edeltäjäproteiinit, huolimatta siitä, että niillä olikin toinen funktio aikaisemmin, tarvitsivat vain 3 mutaatiota muuttuakseen moottorin proteiineiksi (esimerkiksi rotaatioakseli). Tämä oli tapahtunut tuntemattoman esiadaptaation kautta. Tällainen on jälleen hyvin epätodennäköistä, koska proteiini, jossa on tapahtunut vain kolme muutosta pysyy lähes aina samana. Vilkaistu moderneihin tietopankkeihin osoittaa, että proteiinit, jotka poikkeavat toisistaan jopa 50%, toimivat lähes identtisesti.

5. Uusiin rakenteisiin tarvittava muutos tapahtuu esiadaptoituneiden geenien kopioissa. Kuten Osche on osuvasti todennut, ei elävä olento voi oletetun evoluutio-prosessin vuoksi "väliaikaisesti lopettaa toimintaansa".

Nyt olemme määritelleet perustilan. Lähtökohtatilanne on bakteeri ilman moottoria. Siinä on kuitenkin 7 tuntemattonta geeniä, jotka tuntemattomasta syystä ovat esisopeutuneet ja jotka voidaan muuttaa kolmella tuntemattomalla muutoksella kyseiseksi moottoriproteiiniksi. Pienimmillä mahdollisilla muutoksilla saavutettava seuraava perustila koskee 7 muutettua proteiinia, joista yhdessä muodostuu ensimmäinen, vielä hyvin primitiivinen mutta kuitenkin toimintakykyinen moottori.

7.4.6 Primitiivisen bakteerimoottorin synnyn todennäköisyys

Mutaatiotapahtuma on bakteerien tapauksessa hyvin helppo mitata. Bakteerien pis-



Kuva 7.38 Hypoteettisen primitiivisen bakteerin rotaatiomoottorin välttämättömät komponentit. Jokainen komponentti on välttämätön, jotta ensimmäinen valintakelpoinen rakenne voi syntyä. Tarkemmin tekstissä.

| Osa | edeltäjägeenin duplikaatio | rakennegeenin mutaatioiden määrä |
|-----------------------|----------------------------|----------------------------------|
| Siima | 1 | 3 |
| Kulmakappale | 1 | 3 |
| Akseli | 1 | 3 |
| Laakeri | 1 | 3 |
| Moottori | 1 | 3 |
| Ohjaus | 1 | 3 |
| Sensori | 1 | 3 |
| Duplikaatioiden määrä | 7 | |
| Mutaatioiden määrä | | 21 |

temutaatiotiheys on nukleotidia kohti noin 10^{-9} . Kun seuraavassa puhumme mutaatioista, emme rajoitu pistemutaatioihin. Kaikki muutkin mahdolliset mutaatiolajit otetaan huomioon (IV.7.1). Teemme jälleen yksinkertaistuksen ja oletamme, että kaikki mutaatiot tapahtuvat yhtä suurella todennäköisyydellä kuin pistemutaatiot. Oletamme kuitenkin evoluutiohypoteesin hyväksi, että mutaatiotiheys oli kymmenen kertaa suurempi maapallon varhaisaikoina kuin nykyisin eli 10^{-8} . Jos geeni koostuu 1000 emäsparista, niin minkä tahansa mutaation todennäköisyys tässä geenissä on

$$P_{(1)} \approx 1000 \times 10^{-8} = 10^{-5}.$$

Tämä tarkoittaa sitä, että todennäköisyydellä 0,63 (IV.7.4.2) 100 000 bakteerisolun joukosta löytyy ainakin yksi mutanti, jossa juuri tässä geenissä on jossakin kohdassa yksi mutaatio.

Taulukko 7.3 Ensimmäisen yksinkertaisen bakteerimoottorin syntyyn tarvittavat hypoteettiset mutaatiotapahtumat (vrt kuva 7.38).

Oletamme myös, että mutaatiotapah- tumat ovat toisistaan riippumattomia (IV.7.4.2). Tilanne on tällainen, kun yksi ai- noa mutaatio ei riitä synnyttämään uutta, ensimmäistä, yksinkertaista ja kuitenkin valinnan tunnistamaa funktiota geeniin. Kun haluamme muuttaa yhden edellä mai- nituista esivalikoiduista geeneistä kolmen mutaation kautta hyvin yksinkertaiseksi bakteerimoottoriproteiiniksi, on tapahtu- man todennäköisyys

$$P_{(3)} \approx (10^{-5})^3 = 10^{-15}.$$

Kommentoimme edellä olevaa arviota hie- man myöhemmin. Sen perustana olevat oletukset ovat suorastaan uhkarohkeita - yhdessä geenissä pitäisi kolmen täysin mie- livaltaisessa paikassa tapahtuvan mutaati- on tuloksena syntyä uusi funktio! Oletus on ristiriidassa kaiken kokeellisen tiedon kans- sa, joka selvästi osoittaa, että tällaiseen muutokseen tarvitaan paljon enemmän mutaatioita määrättyissä paikoissa. Nämä oletukset valittiin kuitenkin, koska ei tark- kaan tiedetä kuinka monta mutaatiota to- della tarvitaan ja mitkä näiden mutaatioiden kombinaatiot synnyttävät toivotun funktion. Siksi oletamme suoraviivaisesti - evoluutionäkemyksen eduksi, että kaikki mahdolliset yhdistelmät tuottavat toivotun tuloksen.

Yhden ainoan moottoriproteiinin syn- ty ei kuitenkaan johda toimivaan mootto- riin, jolla olisi valintaetu. Bakteerisolun, jos- sa olisi yksi tällainen proteiini, karsiutuisi valinnan vaikutuksesta, koska se vain tuh- laisi kallisarvoista aineenvaihduntaenergi- aa hetkellisesti turhalta näyttävään prote- iiniin. Selvään valintaettuun tarvitsemme, kuten edellä jo todettiin, viisi moottoripro- teiiniä ja kaksi ohjausproteiinia, sillä ohja-

uskyvytön moottori on bakteerille vain haitaksi. Seitsemän esisopeutuneen prote- iinin muuttamiseksi tarvitsemme siis yh- teensä $3 \times 7 = 21$ mutaatiota. Näiden mu- taatioiden on tapahduttava duplikoituneis- sa geeneissä, ettei normaali solun toimin- ta estyisi. Siksi tarvitaan vielä lisäksi 7 gee- niduplikaatiota (taulukko 7.3).

$21+7$ toisistaan riippumatonta muutos- ta tapahtuu todennäköisyydellä

$$P_{(28)} \approx (10^{-5})^{28} = 10^{-140}.$$

Tämä luku on käsittämättömän pieni. Se viittaa kuitenkin yhteen bakteeriin ja yh- teen ainoaan solunjakautumiseen (gene- raatioaika). Evoluutioteoreetikot huomaut- tavat, että maapallolla on ollut lähes neljä miljardia vuotta valtava määrä bakteereita evoluutiokokeita varten. Näin pitkänä aikoi- na ja suurissa bakteerimäärissä jopa hyvin epätodennäköinenkin tapahtuma esiintyi- si joskus ainakin yhden kerran. Tämä argu- mentti on ymmärrettävä ja haluamme testata sen todellisilla luvuilla. Kuinka monta bakteeria olisi voinut elää radioaktiivi- siin määrityksiin perustuvan maan iän ai- kana? Taulukossa 7.4 olemme arvioineet maapallolla eläneiden bakteerien kokonais- määrän ylärajaksi 10^{46} .

Todennäköisyys sille, että yhdessä ai- noassa näistä bakteereista olisi joskus esiin- tynyt toivotut 28 mutaatiota on

$$P_{(28, \text{maa})} \approx 10^{-140} \times 10^{46} = 10^{-94}.$$

Tämä luku on edelleen käsittämättö- män pieni. Laskelmamme lähtökohtaole- tukset valittiin evoluutionäkemyksen kan- nalta niin edullisiksi, että ne olivat jyrkäs- sä ristiriidassa nykyisen biologisen tietä- myksen kanssa. Yksinkertaistuksista huo- limatta ei bakteerimoottorin kaltaisen moni- mutkaisen biologisen rakenteen evoluti- vista syntyä kyetä selittämään tunnettujen molekulaaristen evoluutiomekanismien avulla.

Teoreettinen maksimaalinen bakteerimäärä maapallon historian aikana

| | |
|--|-------------------------|
| Valtamereiden kokonaistilavuus | $1,4 \times 10^{24}$ ml |
| Solutiheys (vakio ajan suhteen) | 10^8 / ml |
| Sulumäärä tietynä hetkenä | 10^{32} |
| Generaatioaika | 20 min |
| Sukupolvien määrä 4×10^9 vuodessa | 10^{14} |
| Solujen maksimaalinen kokonaismäärä maan historian aikana ($10^{32} \times 10^{14}$) | 10^{46} |

Taulukko 7.4 Arvio prokaryoottien maksimaalisesta kokonaismäärästä maapallon historian aikana. Kaikkissa tapauksissa on kyse suuruusluokista.

Todennäköisyyslaskun tarkempi arviointi

Todellisuus on yksinkertaista laskelmaamme monimutkaisempi. Jätimme huomioimatta esimerkiksi geneettisen ajautumisen, epätäydellisten moottorin osien periytymisen, moottorimutaatioiden liittymisen muihin mutaatioihin ja valinnan (paitsi täydellisen moottorin). Konkreettisesti tämä tarkoittaa, että:

- Todennäköisyys kasvaa valtavasti ajautumisen seurauksena, koska puolivalmiit moottorin osat säilyvät populaatiossa. Moottorin valmistamiseen tarvitaan siksi vähemmän mutaatioita. Jos huomioimme vain tämän tekijän, saattaa alkeellisia moottorin osia syntyäkin makroevoluutiivisessa aikaskaalassa.

- Moottorimutaatiot ovat kuitenkin hyödyllisiä vain jos moottori on täysin valmis. Siihen mennessä monia lievästi haitallisia mutaatioita tapahtuu hiljaisissa geeneissä, joista pitäisi tulla moottorin osia. Nämä haitalliset mutaatiot todennäköisesti haittaisivat moottorin evoluutiota, koska ne periytyvät samalla lailla kuin moottorimutaatiotkin. Tämä tekee jälleen moottorin evoluutiosta hyvin epätodennäköistä, koska valinta ei voi karsia näitä hiljaisia geenejä. Näiden vaikutusten arvioimiseksi tarvitsemme tietokonesimulaatioita, koska ei ole olemassa mitään yksinkertaista tapaa arvioida asiaa. Lievästi haitallisten mutaatioiden suuri määrä kaikissa moottoriin liittyvissä geeneissä tekee bakteerimoottorin synnyn vieläkin monimutkaisemmaksi.

- Bakteeripopulaatiossa tapahtuu myös geeninvaihtoa. Tämä helpottaisi oikeiden mutaatioiden kohtaamista samassa solussa, mutta on epäselvää miten paljon tämä lisäisi moottorievoluution todennäköisyyttä.

- Populaation koko ja rakenne vaikuttavat myös evoluutioon, mutta tällä hetkellä on epäselvää miten. Mitä suurempi populaatio on, sitä tehokkaampaa on valinta (ja ajautuminen vähemmän tehokasta). Uudet mutaatiot vaativat kuitenkin pitkän ajan levittäytyäkseen populaatioon.

- Ehdottamamme alkeellinen moottori on lisäksi liian yksinkertainen toimiakseen. Jää arvailun varaan kuinka monta mutaatiota ja/tai transposiitiota todella tarvittaisiin.

Parantaisko vai heikentäisikö näiden tekijöiden yhteisvaikutus bakteerimoottorin synnyn todennäköisyyttä? Emme tiedä vastausta tällä hetkellä ja tarvitsemme lisää teoreettisia malleja ja simulaatioita tuodaksemme valoa tähän populaatiogeneettiseen pimeyteen. Toistaiseksi meillä ei ole mitään tieteellistä selitystä bakteerimoottorin alkuperälle. Se, tuoko populaatiogenetiikka näitä vastauksia, jää kunkin henkilökohtaisten uskomusten varaan.

7.4.7 Yhteenveto

1. Jos erilaisia mutaatiotapahtumia ei yhdistä valintaposiitivinen välivaihe, voidaan tapahtumien samanaikaisen esiintymisen kokonaistodennäköisyys laskea kertomalla yksittäistapahtumien todennäköisyydet keskenään.

2. Voidaksemme analysoida oletettua evoluutiotietä, meidän on jaettava se ensin perustilojen pareiksi, joita ei yhdistä mikään valintaposiitivinen välivaihe. Silloin voidaan tiettyjen yksinkertaistettujen ehtojen avulla arvioida todennäköisyys tilasta toiseen siirtymiselle.

3. Kun sovellamme tätä menetelmää konkreettiseen biologiseen esimerkkiin (bakteerin rotaatiomoottorin synty), osoittautuu monimutkaisten rakenteiden evolutiivinen synty äärimmäisen epätodennäköiseksi. Sama tulos on odotettavissa analysoitaessa myös muita biologisia rakenteita, joissa tarvitaan useiden komponenttien yhteistoimintaa.

4. Nykyisen biologisen tiedon valossa meidän on tehtävä se johtopäätös, että emme tiedä miten monimutkaiset biologiset rakenteet voivat syntyä tunnettujen evoluutioprosessien kautta. Emme siis tunne makroevoluution mekanismeita.

5. Tässä kappaleessa pyrimme määrittelemään termin makroevoluutio molekyyllitasolla. Teimme valtavien yksinkertaistuksen, jonka mukaan makroevoluutioksi voidaan kutsua kaikkia niitä tapahtumia, joiden perustilat bakteereilla ovat 4-5 mutaation päässä toisistaan. Tämä määritelmä voidaan periaatteessa testata kokeellisesti.

7.5 Makroevoluutio: biologisen tiedon raja

Edellisissä kappaleissa määrittelimme esimerkkien avulla eliöiden muuntelun molekulaariset perusteet. Pohdimme mitkä mikroevoluutiiviset prosessit ovat niiden

Makroevoluutio: tieteen tuolla puolen

Luvuissa III ja IV olemme osoittaneet, että tunnetut empiiriset havainnot viittaavat vain rajalliseen lajin muunteluun. Lisäksi monet tulokset osoittavat, että muuntelumahdollisuuksilla on periaatteelliset rajat (II.5.2.4). Makroevoluution teoriat ovat siksi spekulatiivisia, eikä niitä voida toistaiseksi riittävästi testata. Tunnetut muuntelumekanismit synnyttävät muutoksia vain perusryhmän sisällä. Bogard ja Deem (1999) toteavat: "Moderni uus-darwinismi ja neutraalit evoluutioteoriat... epäonnistuvat elämän monimuotoisuuden alkuperän tyydyttävässä selittämisessä." Luomisnäkemys mukainen oletus elävien olentojen muuntelun periaatteellisista rajoista on sopusoinnussa kausaalien evoluutiotutkimuksen havaintojen kanssa, mutta edellyttää näiden rajojen luonteen parempaa ymmärtämistä.

valossa mahdollisia. Testasimme myös väitettä, jonka mukaan myös makroevoluutio olisi näiden prosessien kautta mahdollinen, jos aikaa olisi riittävästi. Olemme lisäksi määritelleet makroevoluutiiviseksi askeleeksi perusryhmän rajan ylittämisen. Molekyyllitasolla määrittelimme makroevoluutiiviseksi askeleeksi kahden perustilan välisen etäisyyden (kts kuva 7.35).

Todellista makroevoluutiota, uusien fysiologisten ja anatomisten rakenteiden syntyä, ei tietääksemme ole evoluutioteoreettisessa kirjallisuudessa kvantifioitu. Teimme tällaisen analyysin bakteerimoottorin synnyn tapauksessa ja päädyimme siihen, että tunnetut mekanismit eivät voi selittää sen syntyä.

Molekyylikoneidenkin (yksittäiset proteiinit ja muutamien proteiinien muodostamat kompleksit) synnyn analyysi on hyvin rajallista. Voidaksemme esimerkiksi arvioida millä todennäköisyydellä tietty proteiini (esimerkiksi noin 100 aminohaposta koostuva sytokromi c) syntyy, täytyisi meidän tietää, kuinka moni sekvenssiavaruuden noin 10^{130} mahdollisesta muunnelmasta (vrt IV.7.4.3) sopisi sytokromi c:ksi, jolla olisi edes alkeellinen funktio, joka voisi sitten darwinistisen prosessin kautta optimoitua. Yockey on olemassa olevan tiedon perusteella arvioinut toimivan sytokromi c:n sattumanvaraisen synnyn todennäköisyydeksi teoreettisten laskelmien perusteella 10^{-65} , mikä on äärimmäisen pieni luku.

7.5.1 Geenit ja makroevoluutio

Uusien anatomisten ja fysiologisten kokonaisuuksien synty edellyttää suuria määriä uusia geenejä, jotka muodostavat hierarkisesti säädellyn toiminnallisen kokonaisuuden. Makroevoluutio edellyttää myös uusien solutyypin syntymistä. Ihmisellä on eri solutyyppejä 200-300. Ihmisen geenien kokonaisuudeksi on arvioitu noin 100 000. Aktiivisia geenejä on solutyypistä riippuen kymmeniä tuhansia. Jokaisessa solussa on lisäksi joukko geenejä, jotka on suljettu pois päältä. Solutyypille ominaisen geenipatteriston pito aktiivisena edellyttää monimutkaista säätelyjärjestelmää, jossa geenejä kytetään päälle ja sul-

jetaan pois päältä. Oma geenipatteristo ohjaa lisäksi solujen kehitystä ja erilaistumista, joka on ajallisesti tarkkaan ohjattu (kts homeoottisista geeneistä kohta 7.3.4).

Voiko makroevoluutio synnyttää uusia anatomisia ja fysiologisia kokonaisuuksia, joiden tulee rakenteeltaan ja toiminnaltaan olla riittävän kypsiä? Järjestelmä, joka vaatii toimiakseen esimerkiksi 50 erikoisgeeniä, ei toimi 10-20 geenin avulla. Mikäli jossain genomien sopukoissa tarvittavat 50 geeniä kehittyisivät kukin erikseen jostain toisesta geenistä, ja nämä sitten pitkän kehityksen jälkeen alkaisivat yht'äkkiä toimia yhdessä muodostaen uuden rakenteen, kyseessä olisi ns. "frozen accident". Teoreettisesti katsottuna tällainen monien osien toisistaan riippumaton muuntuminen kohti myöhemmin alkavaa saumatonta yhteistyötä on äärimmäisen epätodennäköinen tapahtuma.

Yleinen evoluutiokäsitys pyrkii pienentämään ongelmaa yrityksen ja erehdyksen kautta tapahtuvan pienten askelten prosessin avulla. Lukuisia anatomisia ja fysiologisia kokonaisuuksia ei teoriassa kuitenkaan ole mahdollista synnyttää pienten askelten periaatteella. Suuri määrä miljoonien vuosien kehityksestä koostuvia välivaiheita ei olisi toimivia ja valinta karsisi ne pois. Uusien geenien synty olisi nopeimmillaankin hyvin hidasta kuten bakteerimoottorin esimerkki osoitti.

Vähittäisten mutaatioiden kautta tapahtuvan geenien evoluution hitaus on tunnettu ongelma. Avuksi on tarjottu hyppiviä geenielementtejä, jotka voivat nopeasti muuttaa geenien rakennetta. Niiden sisältämä geneettinen informaatio on kuitenkin hyvin rajoitettua, eikä riitä selittämään suurten geenimäärien (kymmenien tuhansien erilaisten geenien) syntyä. Geenipalasten uudelleen yhdistelyä (domeenien vaihtoa) on ajateltu nopeana evoluutiotienä, mutta sekään ei ratkaise ongelmaa (kts. 7.3.3).

Voimme edelleen pitää kiinni väitteestämme, että emme tällä hetkellä ymmärrä monimutkaisten biologisten rakenteiden syntyä evoluutioprosessien kautta.