

Jan Kozłowski  
Uniwersytet Jagielloński

# Czy teorię ewolucji można zmatematyzować?

## Wstęp

Zarówno Karol Darwin, jak i Alfred Wallace sformułowali teorię doboru naturalnego w języku opisowym bez użycia matematyki, chociaż zmatematyzowana teoria Malthusa dotycząca potencjału do wykładniczego wzrostu populacji leży u podstaw teorii Darwina. Gdy po odkryciu zasad dziedziczenia darwinizm był silnie zagrożony, w pierwszych dekadach XX w. w sukurs przyszła genetyka populacji, zaksjomatyzowana teoria posługująca się w przypadku doboru prostymi równaniami różnicowymi. Nieco później opisano dryf genetyczny z pomocą teorii procesów stochastycznych, powstała też ewolucyjna wersja genetyki ilościowej. W latach 70. zastosowanie teorii gier pozwoliło zrozumieć utrzymywanie się w populacjach altruizmu odwzajemnionego i ograniczonej agresji. Stosuje się także od lat podejście optymalizacyjne dla wyjaśniania adaptacji. Tak więc darwinowska teoria ewolucji jest zmatematyzowana niemal od początku, ale są to próby cząstkowe i na pewno brak jest uniwersalnego języka matematycznego do opisu ewolucji. Trwają próby opisu dynamiki procesów ewolucyjnych za pomocą dynamiki adaptacyjnej (*adaptive dynamics*) czy dynamiki replikatorowej. Ze względu na ogromny stopień skomplikowania układów

biologicznych naturalnym podejściem matematycznym może okazać się teoria dużych gier, nie można jednak wykluczyć, że teoria ewolucji nie będzie w sposób jednorodny zmatematyzowana, ale będzie podobnie jak w chwili obecnej posługiwać się „modelikami” tworzonymi *ad hoc* dla rozwiązywania konkretnych zagadnień.

Pytanie o możliwość matematyzacji teorii ewolucji jest ważne. Gdyby nie dało się jej zmatematyzować, oznaczałoby to, że w gruncie rzeczy nie jest ona prawdziwą teorią, a raczej używając sformułowania Ernsta Rutherforda, zbieraniem znaczków pocztowych. Wskazywać by to mogło na to, że albo teoria zawiera wewnętrzne sprzeczności, albo jest luźną opowieścią o świecie zawierającą elementy mitów, bez ambicji bycia teorią naukową zbliżającą się do wytworów nauk humanistycznych.

1. Twórczość Darwina przypadła na okres zaawansowanego stadium rewolucji przemysłowej. Rewolucja ta została poprzedzona eksplozją demograficzną wynikającą przede wszystkim ze zmniejszenia śmiertelności powodowanej przez choroby, a więc z poprawy warunków higienicznych w miastach i zmniejszenia głodu dzięki rewolucji agrarnej. Populacja świata wynosiła zaledwie około 300 mln w roku 1000, potrzebowała aż 600 lat do podwojenia się, a po zaledwie 200 latach, a więc mniej więcej w chwili urodzin Darwina, dochodziła już do jednego miliarda<sup>1</sup>. Darwin nie posługiwał się matematyką, ale rozumiał dzieło Thomasa Malthusa (1798, drugie rozszerzone wydanie 1803<sup>2</sup>) mówiące o zagrożeniach wynikających z geometrycznego przyrostu ludzkości, który musi doprowadzić do wyczerpania zasobów. Przeniósł to rozumowanie na świat organizmów żywych w takim mniej więcej rozumowaniu. Jeśli gatunki trwają długo (nikt rozsądny nie wierzył już wtedy w historię świata liczącą 6000 lat) i mają ogromny potencjał rozrodczy, a nie wypełniają szczelnie Ziemi, to widocznie istnieje w populacjach konkurencja o przeżycie i pozostawienie potomstwa. Jeśli równocześnie występuje zmienność pomiędzy osobnikami, a tej Darwin poświęcił w swym najważniejszym dziele<sup>3</sup> bardzo wiele miejsca, to nieuniknione jest, że osobniki lepiej dostosowane do aktualnych warunków środowiska

<sup>1</sup> Według Wikipedii. W 2008 r. wielkość populacji ludzkiej ocenia się na ponad 6700 mln.

<sup>2</sup> T.R. Malthus, *An Essay on the Principle of Population; or, a View of its Past and Present Effects on Human Happiness; with an Enquiry into our Prospects Respecting the Future Removal or Mitigation of the Evils which it Occasions*, printed for J. Johnson by T. Bensley, London 1803.

<sup>3</sup> K. Darwin, *O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego, czyli o utrzymywaniu się doskonalszych ras w walce o byt*, Wyd. UW, Warszawa 2009.

pozostawiać będą w ciągu życia przeciętnie więcej potomstwa. Mechanizm ten nazwał Darwin doбором naturalnym poprzez przyrównanie do doboru sztucznego prowadzonego przez hodowców.

2. Darwin nie znalazł zasad dziedziczenia, chociaż oczywiście wiedział, że pewne cechy się dziedziczą. Stąd pewna zawilość jego wywodów. Na początku XX w. odnalezione zostały i zrozumiane publikacje morawskiego mnicha Grzegorza Mendla opisujące podstawowe prawa dziedziczenia w populacjach rozmnażających się płciowo. Początkowo wydawało się, że skoro cechy odziedziczone po rodzicach rozchodzą się przy produkcji gamet, ewolucja drogą darwinowskiego doboru naturalnego nie może działać<sup>4</sup>. Być może dobór ograniczałby się do organizmów nierozmnażających się płciowo, ale jest to margines przyrody.

3. Przelomu dokonała genetyka populacyjna. Na początku XX w. sformułowane zostało prawo Hardy'ego i Weinberga – odpowiednik I zasady dynamiki Newtona. Oparte jest ono na zasadach elementarnego rachunku prawdopodobieństwa i kombinatoryki, a opisuje, co się dzieje, gdy nic się nie dzieje (brak jest doboru, mutacji, migracji, krzyżowanie jest losowe, a populacja tak duża, że można zaniedbać fluktuacje stochastyczne). W takiej sytuacji częstości alleli (wersji genów) nie zmieniają się, a częstości poszczególnych genotypów (kombinacji alleli w dwóch homologicznych chromosomach, jednym pochodzącym od matki, drugim od ojca), które z tego prawa można łatwo wyliczyć, ustalają się już w następnym pokoleniu. Co więcej, jeśli któraś z wymienionych sił występuje, częstości genotypów przewidywanych przez prawo Hardy'ego i Weinberga będą występować w stadium zapłodnionej komórki<sup>5</sup>.

4. W drugiej i trzeciej dekadzie XX w. prawo Hardy'ego i Weinberga umożliwiło modelowanie zmian częstości alleli, czyli alternatywnych form genów, pod wpływem doboru i presji mutacyjnej. Modele stosowały równania różnicowe, jednostką czasu było pokolenie. Formalnie opisywane

---

<sup>4</sup> H. Szarski w artykule *Tło sowieckiego „twórczego darwinizmu”*, „Kwartalnik Filozoficzny” 1999, nr 27, z. 1, s. 65-81, podaje jako przykład wypowiedzi duńskiego botanika Wilhelma Johannsena z 1909 r.: „jest rzeczą zupełnie oczywistą, że genetyka pozbawiła podstaw Darwinowską teorię doboru naturalnego”, i brytyjskiego uczonego Williama Batesona z 1913 r.: „przekształcenie populacji przez drobne zmiany kierowane doбором jest tak sprzeczne z faktami, że możemy podziwiać adwokacką zręczność, dzięki której tłumaczenie to mogło przez jakiś czas uchodzić za możliwe do przyjęcia”.

<sup>5</sup> Dziś znamy pewne wyjątki, ale świadczą one o niezachowaniu praw Mendla wynikającym z bratobójczej wojny prowadzonej przez gamety.

były populacje o niezachodzących na siebie pokoleniach trwających równie długo, a współczesna analiza wskazuje, że całkowicie poprawnie wyniki można interpretować tylko dla nieograniczonego wzrostu populacji. Ciągłe utrzymywane było założenie o wielkości populacji uprawniającej do ignorowania fluktuacji stochastycznych. Najważniejszym osiągnięciem było wykazanie, że darwinowska ewolucja drogą losowych mutacji i doboru może, a nawet musi zachodzić. Pośrednim wnioskiem było to, że adaptacje, czyli przystosowania organizmów do warunków środowiskowych, mogły i zapewne powstały drogą doboru naturalnego. Późniejsze prace starały się uogólnić modele na zachodzące na siebie pokolenia, chociaż są z tym do dziś pewne problemy techniczne<sup>6</sup>.

5. Na początku lat 30. XX w. Sewall Wright po raz pierwszy osłabił założenie o wielkości populacji pozwalającej zaniedbać fluktuacje stochastyczne<sup>7</sup>. Dopiero w 1968 r. opublikowana została przez ucznia Wrighta, Motoo Kimurę<sup>8</sup> dojrzała teoria dryfu genetycznego (takim terminem nazywa się losowe fluktuacje częstości alleli, tym silniejsze, im mniejsza jest populacja) oparta na teorii procesów stochastycznych. Losowe zmiany częstości alleli mogą dotyczyć nie tylko cech neutralnych, a więc takich, na które nie działa dobór, ale także alleli powodujących cechy niezbyt silnie szkodliwe, co wykazał kilka lat później Tomoko Ohta<sup>9</sup>. Ewolucja nie zawsze prowadzi do poprawy adaptacji, przynajmniej w małych populacjach.

6. W połowie XX w. opracowano teorię dyfuzji będącą pewnym zapożyczeniem teorii dyfuzji fizycznej. Teoria ta pozwala równocześnie rozpatrywać procesy kierunkowe takie jak dobór i presję mutacji<sup>10</sup> z siłami stochastycznymi takimi jak dryf genetyczny. Stosowany aparat matematyczny to równania różniczkowe cząstkowe. Nie można przewidzieć, jaki będzie konkretny stan, ale można przewidzieć rozkład w sensie probabilistycznym możliwych stanów<sup>11</sup>.

<sup>6</sup> Najwięksi badacze tego okresu posługujący się metodami matematycznymi to R.A. Fisher, J.B.S. Haldane i S. Wright. Wyniki zostały przedstawione syntetycznie w opublikowanej po raz pierwszy w roku 1930 przez Ronalda Fishera książce *The Genetical Theory of Natural Selection*, Clarendon Press, Oxford.

<sup>7</sup> S. Wright, *Evolution: Selected Papers*, University of Chicago Press, Chicago 1986.

<sup>8</sup> M. Kimura, *Evolutionary Rate at the Molecular Level*, „Nature” 1968, no. 217, s. 624-626.

<sup>9</sup> T. Ohta, *Slightly Deleterious Mutant Substitutions in Evolution*, „Nature” 1973, no. 246, s. 96-98.

<sup>10</sup> Siła praktycznie deterministyczna w dużych populacjach, losowa w małych.

<sup>11</sup> Patrz R.H. Rice, *Evolutionary Theory. Mathematical and Conceptual Foundations*, Sinauer Associates, Massachusetts 2004.

7. Genetyka ilościowa zajmuje się cechami determinowanymi przez wiele współdziałających genów i środowisko. Jądro teorii stanowi statystyczna relacja między cechami rodziców i potomstwa. Podstawowym aparatem matematycznym genetyki ilościowej jest algebra. Teoria wywodzi się z hodowli roślin i zwierząt, jej implementacja do biologii rozpoczęła się w latach 30., a rozkwit nastąpił w latach 70. XX w. Genetyka ilościowa odgrywa do dziś ogromną rolę w empirycznych badaniach ewolucyjnych.

8. Do lat 60. XX w. teoria dobrze wyjaśniała ewolucję cech, które pozytywnie wpływają na oczekiwaną liczbę potomstwa poprzez zwiększanie prawdopodobieństwa przeżycia lub intensywności rozrodu. Nie była ona jednak w stanie wyjaśnić altruizmu czy ograniczonej agresji, gdyż za jednostkę doboru przyjmowała osobnika. Błędnie odwoływano się do dobra gatunku, co spowodowało swoistą schizofrenię nauk ewolucyjnych – dla jednych cech odwoływano się do klasycznego darwinowskiego mechanizmu, dla innych do źle zdefiniowanego pojęcia dobra gatunku. Konieczna była zmiana perspektywy i spojrzenie na problem z punktu widzenia genu. W 1964 r. powstała teoria doboru krewniaczego sformułowana przez Williama Hamiltona<sup>12</sup> z pomocą mało interesującej i niezbyt porządnej matematyki. Hamilton zwrócił uwagę na to, że dla propagacji naszych genów nie jest niezbędny własny rozród. Możemy pomagać naszym krewnym w zwiększaniu liczby ich potomstwa, które będzie nosić także nasze geny, z prawdopodobieństwem proporcjonalnym do stopnia pokrewieństwa. Nie jest niezbędna całkowita rezygnacja z rozrodu występująca tylko u stosunkowo nielicznych gatunków eusocjalnych takich jak pszczoła miodna (istnieją też pszczoły samotne), mrówki, termity, a także pojedyncze gatunki w innych grupach, także ssaków (afrykańskie golce żyjące w podziemnych norach). Możliwe jest częściowe ograniczenie rozrodu lub pewne zwiększenie ryzyka śmierci, jeśli zostanie to skompensowane zwiększeniem produkcji potomstwa przez krewnych. Popularnie ujął to Hamilton, stwierdzając, że z punktu widzenia genów można zginąć, jeśli uratuje się dwóch braci rodzonych lub czterech przyrodnych.

9. Mniej więcej 20-25 lat od ukazania się prac Johna Nasha i sformułowania tzw. dylematu więźnia, do biologii ewolucyjnej wkroczyła teoria gier. Pozwoliła ona wyjaśnić ewolucję pozostałych cech dawniej wyjaśnianych

---

<sup>12</sup> Podstawowe prace dotyczące doboru krewniaczego, w tym oryginalne prace W. Hamiltona, zostały zebrane w książce G.C. Williamsa, *Group Selection*, Aldine – Atherton, Chicago – New York 1971.

dobrem gatunku, takich jak kooperacja niespokrewnionych osobników należących niekiedy do różnych gatunków<sup>13</sup> czy ograniczona agresja<sup>14</sup>. Teoria gier pozwoliła także zrozumieć istotę konfliktów między rodzicami i potomstwem, a więc istot bardzo silnie spokrewnionych, ale nie identycznych genetycznie. Paradoksalnie, chociaż to podejście przyjmuje gen, a nie osobnika jako jednostkę doboru, nie rozpatruje się zwykle bezpośrednio genów, lecz raczej porównuje strategie, zakładając, że strategia dająca większe wypłaty pozostawia więcej potomków reprezentujących taką samą strategię, a strategie mają podłoże genetyczne.

10. Pewien aspekt modeli biologii ewolucyjnej wart jest rozpatrzenia ze względu na konotacje z termodynamiką równowagową i nierównowagową. John Maynard Smith wprowadził formalnie do nauki w latach 70. XX w. pojęcie strategii ewolucyjnie stabilnej (ESS), rozpatrując konflikty między osobnikami. W sposób opisowy, bez użycia takiego terminu posługiwał się tą metodą Ronald Fisher<sup>15</sup>, rozpatrując ewolucję stosunku płci w populacji. Strategia ewolucyjnie stabilna to taka, że jeśli jest jedynie ona reprezentowana w populacji, żadna inna strategia nie może się w tej populacji rozprzestrzeniać. Mamy więc tu analogię do stanu równowagi w termodynamice – układ nieco z niej wytracony do niej powraca. Nie ma jednak jakiegokolwiek gwarancji, że układ dojdzie do takiego stanu równowagi z warunków początkowych dalekich od równowagi. Niekiedy zamiast ESS wystąpi ewolucyjnie stabilny stan składający się z więcej niż jednej strategii występujących w określonych proporcjach. Jest tak zresztą w przypadku ewolucyjnie stabilnego stosunku płci wynoszącego *fifty-fifty*<sup>16</sup>. Jeśli stosunek ten jest utrzymany, z punktu widzenia propagowania genów danej samicy jest wszystko jedno, jakiej płci potomstwo produkuje<sup>17</sup>. W niektórych przypadkach, już niezwiązanych ze stosunkiem płci, lecz konfliktami, ewolucyjnie stabilnym stanem może

<sup>13</sup> R.L. Trivers, *The Evolution of Reciprocal Altruism*, „Quarterly Review of Biology” 1971, no. 46, s. 35-57.

<sup>14</sup> J. Maynard Smith, G.R. Price, *The Logic of Animal Conflict*, „Nature” 1973, no. 246, s. 15-18.

<sup>15</sup> R. Fisher, *op.cit.* W rzeczywistości problem ten sformułował matematycznie po raz pierwszy Carl Dötising już w 1884 r., jednak jego praca została kompletnie zapomniana.

<sup>16</sup> Ścisłej rzecz ujmując, stosunek taki stanowi stan ewolucyjnie stabilny tylko wtedy, jeśli koszt wyprodukowania potomka jednej i drugiej płci jest taki sam, a spokrewnione samce nie konkurują o te same samice.

<sup>17</sup> Problem ten omawiam w sposób popularny w artykule *Anizogametyczność, hermafrodytyzm, rozdzielność płci i ewolucyjnie stabilny stosunek płci*, „Kosmos” 1998, t. 47, s. 175-182.

być oscylacja częstości kilku strategii. Znacznie pewniejsze odpowiedzi uzyskalibyśmy, badając dynamikę układu, jednak ceną jest znaczna komplikacja opisu matematycznego.

11. W klasycznych modelach opartych na teorii gier kluczową rolę pełnią macierze wypłat określające wynik interakcji dwóch nosicieli różnych strategii. Dopóki liczba strategii i liczba graczy jest niewielka, takie podejście jest skuteczne. Problem zaczyna się wtedy, gdy liczba strategii jest bardzo duża, potencjalnie nawet nieskończona, jak w przypadku ciągłych cech morfologicznych. Jeśli mamy bardzo dużą, technicznie nieskończoną liczbę graczy (osobników), możemy mówić o tzw. dużych grach. Konieczne jest wtedy podejście dynamiczne, czyli zastosowanie równań dynamiki replikatorowej<sup>18</sup>. Poszczególne strategie lub ich klasy w przypadku zmiennych ciągłych są charakteryzowane przez częstości ich występowania. Układy równań dynamiki replikatorowej opisują tempo zmian częstości zależne od różnicy dostosowania między daną strategią i średnią strategią w populacji. Prostota tych równań jest jednak zwodnicza – cały problem polega na wyliczeniu dostosowania poszczególnych strategii, co nie jest zadaniem łatwym, jeśli występują interakcje między nosicielami różnych strategii. Niemniej jednak wykazano już, że wiele omówionych wcześniej modeli stanowi szczególne przypadki dużych gier opisywanych równaniami dynamiki replikatorowej<sup>19</sup>. Wydaje się, że potencjalnie można opisać wszystkie procesy ewolucyjne w tych kategoriach, chociaż nieuchronna komplikacja równań może uczynić taki zabieg mało przydatnym. Duży problem techniczny stanowią będą dwa zagadnienia – poprawne wkomponowanie w układ regulacji liczebności populacji i uwzględnienie struktury wiekowej populacji. Próbuje się atakować te zagadnienia poprzez dynamikę adaptacyjną<sup>20</sup> (*adaptive dynamics*), która dla uproszczenia zakłada, że populacja znajduje się w stanie równowagi ekologicznej, po czym ewolucja wytrąca ją nieco z tej równo-

<sup>18</sup> P.D. Taylor, L. Jonker, *Evolutionary Stable Strategies and Game Dynamics*, „Mathematical Biosciences” 1978, no. 40, s. 145-156. Dynamika replikatorowa jest też niezbędna dla analizy prostych przypadków, gdy nie ma stanu równowagi, lecz występuje oscylacja częstości kilku strategii jak w popularnym przypadku gry w „kamień, papier, nożycki”.

<sup>19</sup> R.H. Rice, *op.cit.*

<sup>20</sup> Podejście to zostało zaproponowane w 1987 r. przez J.S. Browna i T.L. Vincenta (*A Theory for the Evolutionary Game*, „Theor. Pop. Biol.” 1987, no. 31, s. 140-166), a rozwinięte w 1996 r. przez U. Dieckmanna i R. Lawa w pracy *The Dynamical Theory of Coevolution: A Derivation from Stochastic Ecological Process*, „J. Math. Biol.” 1996, no. 34, s. 579-612.

wagi, ale procesy populacyjne z powrotem tę równowagę przywracają. Zatem dla uproszczenia struktury matematycznej rozdziela się procesy ekologiczne i ewolucyjne, które w rzeczywistości zawsze działają razem, jak już dziś wiemy, w podobnej skali czasu. Wynika to stąd, że zmiany częstości strategii czy alleli nie istnieją obiektywnie, a odzwierciedlają jedynie zmiany liczebności ich nosicieli.

12. W biologii ewolucyjnej stosuje się też podejście optymalizacyjne. Chociaż raczej istnieje zgodność poglądów, że ewolucja nie optymalizuje, w wielu przypadkach metody optymalizacyjne pomagają znaleźć przybliżone wartości cech, jakich można się w przyrodzie spodziewać, czyli stabilizowanych przez dobór naturalny. Prawidłowym kryterium optymalizacji, przynajmniej dla populacji o stałym zagęszczeniu, jest oczekiwana liczba potomstwa wynikająca z rozrodczości i śmiertelności nosicieli danej cechy. Ponieważ chodzi tu o oczekiwany całozyciowy sukces reprodukcyjny, najbardziej adekwatna jest optymalizacja dynamiczna z takimi metodami jak Zasada Maksimum Pontryagina<sup>21</sup> czy algorytmy numeryczne typu programowania dynamicznego<sup>22</sup>. Metody optymalizacyjne odgrywają dużą rolę w badaniu strategii życiowych organizmów. Pozwalają uwzględnić zarówno strukturę wiekową populacji, jak też regulację zagęszczenia.

13. Dla porządku należy jeszcze wspomnieć o symulacyjnych metodach modelowania, w których pozwalamy osobnikom *in silico*, czyli w komputerze, namnażać się i umierać zgodnie z przyjętymi regułami. Niestety, wyniki są zawsze zależne od wielu niezbędnych założeń dotyczących nie meritum problemu, lecz technicznego sposobu przeprowadzania symulacji. Często wyniki są tak zawile, że mamy problem z ich interpretacją niewiele mniejszy niż przy obserwowaniu rzeczywistych populacji. Należy natomiast wspomnieć, że optymalizacja w oparciu o algorytm ewolucyjny (lub pewną wersję zwaną algorytmem genetycznym) okazała się niezwykle skuteczna przy rozwiązywaniu problemów technicznych tak złożonych, że metody klasyczne sobie nie radzą. Jest to doskonale potwierdzenie nieuniknionej skuteczności mechanizmu darwinowskiego w przyrodzie.

<sup>21</sup> L.S. Pontryagin, V.G. Boltyankii, R.V. Gamkrelidze, E.F. Mishchenko, *Mathematical Theory of Optimal Processes*, Wiley, New York 1962.

<sup>22</sup> R. Bellman, *Dynamic Programming*, Princeton University Press, Princeton – New York 1957.



## Podsumowanie

Z tego pobieżnego i niekompletnego przeglądu widać, że biologia ewolucyjna posługuje się szerokim wachlarzem metod matematycznych. Są one zwykle wybierane pod kątem możliwie prostego wyjaśnienia danego zagadnienia, a nie ogólności. Przeciętny biolog nie kocha matematyki, choć ma świadomość, że przynajmniej w biologii ewolucyjnej nie ma od niej odwrotu. Nic nie wskazuje na to, by miał wkrótce powstać uniwersalny język matematyczny dla opisu zjawisk ewolucyjnych. Być może taki język nie powstanie lub co bardziej prawdopodobne, powstanie, lecz nie wejdzie do powszechnego użytku ze względu na ogromną złożoność ewoluujących układów biologicznych. Być może biologowie ewolucyjni będą dalej tworzyć modele *ad hoc* dla wyjaśniania czy opisu w możliwie najprostszy sposób konkretnych zjawisk. Czasem będą to modele analityczne, zwykle z numeryczną jedynie możliwością poszukiwania rozwiązań, czasem modele symulacyjne. W naukach ścisłych wymagamy, by teorie pozwalały przewidywać. W biologii ewolucyjnej ze względu na złożoność, uwikłanie w historię ewolucyjną (ewolucja coś zastanego poprawia, ale nie tworzy zupełnie nowych rozwiązań), dużą rolę przypadku są to najczęściej przewidywania w słabym sensie, czyli objaśnienia istniejących zjawisk (retrospekcja)<sup>23</sup>. Najważniejsze jest wykazywanie, że zjawiska takie są niesprzeczne z darwinowską teorią ewolucji, która obecnie pełni w biologii podobną rolę jak termodynamika w fizyce (rodzaj Trybunału Konstytucyjnego przy rozstrzygnięciu sporów). Jeśli jakieś zjawiska wyglądają na sprzeczne z mechanizmem darwinowskim, trzeba szukać rozwiązania poprzez bardziej dokładną obserwację lub bardziej wnikliwą interpretację obserwacji, przy czym często rozstrzygające jest modelowanie, jak pokazano w punktach 8 i 9. Dotychczas taka metodologia uprawiania biologii sprawdzała się, zapewne będzie sprawdzać się dalej, ważne jest jednak, byśmy zawsze pamiętali o tym, jakie

---

<sup>23</sup> Teoria ewolucji może też pomóc przewidzieć nie odkryte jeszcze zjawiska. Trudno dziś odtworzyć, czy istnienie konfliktów wewnątrz genomu zostało najpierw odkryte empirycznie, czy przewidziane na gruncie teorii (zresztą niezmatematyzowanej). Przejawem takich konfliktów jest występowanie transpozonów, fragmentów zapisu genetycznego pasożytniczo rozprzestrzeniających się po genomie. Odkryła je po raz pierwszy Barbara McClintock jeszcze w latach czterdziestych i pięćdziesiątych ubiegłego wieku, ale jej nie uwierzono. Nagrodę Nobla otrzymała dopiero w 1983 r., gdy teoria tego rodzaju konflikty już przewidywała.

upraszczające założenia zostały przyjęte w modelach i modelikach *ad hoc* i nie zapominali o możliwych tego konsekwencjach.

Matematyzujący biologowie ewolucyjni będą dalej budować modeliki, a uporządkowanie matematycznego sformułowania teorii pozostawią raczej biologizującym matematykom. Uporządkowanie takie, choć może nie wyjaśniać ani nie przewidywać nowych obserwacji empirycznych, nie jest sztuką dla sztuki, bo dowodzi spójności mechanizmów ewolucyjnych.