Темпы эволюции и проблема происхождения жизни

Н. Н. Иорданский

Происхождение жизни остается сегодня одной из главных проблем естествознания, имеющей важнейшее мировоззренческое значение. Гипотеза панспермии, которую поддерживает в своей статье В. А. Анисимов, по сути дела, игнорирует саму проблему происхождения живых существ из компонентов неживой материи, просто подменяя ее предположением о заносе каких-либо зачатков жизни на Землю из космоса. По отношению собственно к проблеме происхождения жизни эта идея изначально является совершенно неплодотворной.

Аргументация гипотезы панспермии в статье В. А. Анисимова представляет собой попытку доказать гипотезу с помощью других гипотез (каковыми являются все экстраполяции данных и выводов, полученных на современных организмах, на ранние этапы развития жизни). Подобная методология сама по себе является, на мой взгляд, принципиально несостоятельной.

В. А. Анисимов полагает, что с помощью метода так называемых «молекулярных часов» (ныне широко применяемого, но требующего большой осторожности в интерпретации данных и последующих выводах; см., например: Ayala 1986; Erwin 1989) можно показать недостаточность времени в ранней геологической истории Земли для формирования протоорганизмов. С этой целью смело экстраполируется усредненная скорость возникновения нейтральных мутаций у современных бактерий, на более чем три с половиной миллиарда лет предшествовавших эволюции прокариот (при хорошо известной изменчивости темпов возникновения нуклеотидных замещений, различающихся для разных белков и для разных филетических линий). При этом весьма туманно упоминается о «минимизации» роли «горизонтального переноса» генетической информации, широко распространенного у прокариот и превращающего их родственные связи из привычного для эукариот филогенетического древа в подобие сети (см., например: Заварзин 2007; Franklin-Hall 2010; Velasco, Sober 2010).

Эволюция 5 (2013) 35-37

Эти явления оказывают существенное влияние на скорость молекулярной эволюции и делают соответствующие расчеты еще менее достоверными.

В следующем разделе статьи для аналогичных целей автор использует расчеты предполагаемых темпов увеличения размеров генома в эволюции, опять-таки основанные на данных по современным организмам. Размеры генома в ходе эволюции действительно увеличивались, но в разных филетических линиях весьма разными темпами и в различных масштабах. Хорошо известен так называемый «парадокс С» (C-value paradox) – несоответствие размера генома и фенотипической сложности обладающего им организма. Например, среди современных позвоночных самым крупным геномом обладают хвостатые земноводные (одна из наиболее примитивных групп тетрапод) и двоякодышащие рыбы, у которых содержание ДНК в гаплоидном наборе хромосом составляет около 120 пг, тогда как у человека — всего 3,5 пг (см.: Патрушев, Минкевич 2007). Тем более сомнительно сопоставление темпов эволюционных изменений размеров генома у прокариот и эукариот¹.

Наконец, автор сравнивает (количественно!) химический состав РНК организмов с предполагаемым (!) химическим составом доархейского Мирового океана и космоса. Помимо ужасающе малой возможной степени достоверности подобных сопоставлений, приходится обратить внимание и на изначальную несостоятельность такого подхода: состав определенного химического соединения, формирующегося в какой-либо сложной среде, отнюдь не отражает химического состава исходной среды (хотя, конечно, и связан с ним сложной зависимостью), а одним из фундаментальных свойств живых существ является их обособление (в том числе и химическое) от окружающей среды, активно поддерживаемое буферными свойствами внутренней среды организмов.

В итоге автор на основе своих расчетов приходит к выводу, что гипотеза панспермии «по крайней мере в пять раз более вероятна», чем гипотеза земного происхождения жизни. Однако при этом непредвзятому читателю невольно приходит на память шутливый афоризм А. Эйнштейна: «Математика — это самый лучший способ водить самого себя за нос».

¹ Необходимо отметить, что ответы на поставленные здесь Н. Н. Иорданским вопросы применительно к закономерностям роста размеров генома в процессе макроэволюции даны В. А. Анисимовым в статье, опубликованной им в соавторстве в одном из предыдущих выпусков альманаха (Марков, Анисимов, Коротаев 2011).

Библиография

- **Заварзин** Г. А. 2007. Ариаднина нить или паутина Арахны? *Вестник РАН* 77(6): 517–519.
- Марков А. В., Анисимов В. А., Коротаев А. В. 2011. Гиперэкспоненциальный рост минимального размера генома в эволюционном ряду от прокариот к млекопитающим. *Эволюция. Дискуссионные аспекты глобальных эволюционных процессов* / Ред. Л. Е. Гринин, И. В. Ильин, А. В. Коротаев, А. В. Марков, с. 113—154. М.: ЛИБРОКОМ/URSS.
- **Патрушев Л. И., Минкевич И. Г. 2007.** Проблема размера генома эукариот. *Ус*-*пехи биологической химии* 47: 293–310.
- **Ayala F. 1986.** On the Virtues and Pitfalls of the Molecular Evolutionary Clock. *Heredity* 77(4): 226–235.
- **Erwin D. H. 1989.** Molecular Clocks, Molecular Phylogenies and the Origin of Phyla. *Lethaia* 22(3): 251–257.
- Franklin-Hall L. R. 2010. Trashing Life's Tree. Biology and Philosophy 25(4): 689-709.
- **Velasco J. D., Sober E. 2010.** Testing for Treeness: Lateral Gene Transfer, Phylogenetic Inference, and Model Selection. *Biology and Philosophy* 25(4): 675–687.