

## Om evolutionära nyheter – en tredje och sista (?) replik

*Göran Schmidt, februari 2018*

Att Erkell väljer att upprepa vissa saker många gånger beror på att han har svårt att tillstå möjligheten av ett designat universum. Och därvid är hans religiösa tro eller frånvaron av sådan irrelevant i sammanhanget.

Det är ett faktum att universum och livet på jorden existerar och går att undersöka med vetenskapliga metoder och med metodologisk materialism som princip.

Det finns åtminstone två möjligheter. Skulle det finnas fler så renodlar vi dem för sammanhangets skull till följande: Antingen finns det en Designer bakom allt, eller så finns det ingen Designer. Det första alternativet förklarar universums uppkomst med en Gudomlig skapelseakt

I det första fallet är det en rimlig förväntan att skapelsen avspeglar Skaparens intellekt och egenskaper i olika bemärkelser, t ex i form av strukturer och organisation som inte går att förklara på annat sätt än en intelligent aktivitet. Den metodologiska materialismen inklusive reduktionistiska arbetsmetoder har visat sig vara en användbar strategi för att lära känna skapelsen. Men metoden kan förväntas ge inget eller magert resultat när den tillämpas på förlopp som aldrig ägt rum, som t ex livets spontana uppkomst eller livsformernas evolution genom slump och selektion eftersom skapelseprocessen som sådan är en akt som inbegriper icke-materiella dimensioner som intelligens och makt att skapa Ex Nihilo.

I det andra fallet har skapelsen blivit till av sig själv och det finns ingen anledning att förvänta sig några designmarkörer, utan i stället tecken på planlöshet och slumpprocesser. I den mån det förekommer organisation i skapelsen bör denna rimligen gå att hänföra till självorganiserande principer. Den metodologiska materialismen och reduktionistiska arbetsmetoder saknar begränsningar och metoden kan förväntas ge rikt resultat oberoende om studierna gäller livets spontana uppkomst eller befintliga livsformer eller deras gradvisa uppkomst.

En teistisk evolutionists ståndpunkt sammanfaller i alla praktiska avseenden med det andra alternativet, med det tillägget att personen väljer att tillskriva åtminstone vissa av de inblandade processerna, som t ex universums tillblivelse och livets uppkomst och utveckling, någon form av inflytande som emellertid inte förväntas vara detekterbart. Av denna anledning tillhör den teistiska evolutionisten ingen tredje kategori. Anledningen till att du och dina troende kollegor "jobbar tillsammans i fullständig harmoni" förklaras antingen av att kollegorna är anhängare av en teologi som ger utrymme för evolutionen som Guds skapelsemetod eller av att de döljer sin evolutionskritiska hållning för att fortsätta utvecklas i sin akademiska karriär.

Vilken av ståndpunkt 1 eller 2 som är mest relevant kommer att kunna bedömas utifrån huruvida tillämpningen av den metodologiska materialismen antingen:

1. (i händelse av det kan verifieras att den levande världen är organiserad) verifierar eller misslyckas med att verifiera att livets organisation kan uppstå enbart i kraft av slumpen och naturens lagar.
2. resulterar i ett rikt eller magert resultat vid studier av livets ursprung och livets evolution.

Dagens resultat inom område 1 är mig veterligen begränsat till områden som dissipativa strukturer och kristallbildning inom fysik och kemi samt fraktaler inom matematiken, däremot känner jag inte till några resultat med bäring på biologisk information i DNA.

Till skillnad från område 1 är resultaten inom område 2 är oerhört omfattande och ofta mycket komplexa. Som den här debatten har visat finns det också stort utrymme för tolkningar. Där gör jag och Erkell (mer generellt: ID-anhängare/kreationister och evolutionister) diametralt olika tolkningar av huruvida resultaten inom diverse områden är rika eller magra. En objektiv bedömning av detta låter sig dessvärre svårligen göras, eftersom de båda lägren har helt olika måttstock för vad som är rikt eller magert inom områden som prebiotisk kemi (livets uppkomst), proteinkemi, paleontologi etc, och ofta inte ens kan enas om centrala begrepp som realistiska abiotiska förhållanden, konstruktiv mutation, biologisk information, statistisk relevans, biologisk innovation och åtskilliga andra.

Detta är orsaker till att debatten dragit ut på tiden och att den sällan lett till någon konsensus.

Debatten har försvårats av att Erkell (och ett ID-fobiskt vetenskapssamfund i stort) krampaktigt klamrar sig fast vid sin allt överskuggande käpphäst att ID inte är vetenskap utan ett åberopande av kunskapsluckornas gud. Det tolkningsfiltret blir till ett brytningsfel som effektivt förhindrar en konstruktiv diskussion.

### **Om mullvadsanalogin**

Erkell vill ha tio andra processer än mullvadar som kan resultera i konformade högar av jord. Ok, de kan orsakas av jordekorrar, åkersorkar, paddor, tryffelsvin, murmeldjur, daggmaskar, 4-åriga pojkar, civilingenjörer i kemiteknik, pensionerade docenter och flygande tefat från yttre rymden.

Erkell: *"Liknande strukturer behöver inte ha liknande orsaker – det är pudelns kärna."*

Nejdå, men ofta har de det. Ett blad ur en roman och ett blad ur en biologibok är liknande strukturer och har en liknande orsak i form av en eller flera författare. Det som ger analogin kraft i det fallet är att båda består av ark av cellulosa med symboler i trycksvårta arrangerade på ett meningsfullt sätt.

Erkell: *"Och om det nu skulle finnas massor av materialistiska alternativ fungerar analogibeviset om möjligt ännu sämre."*

Det är ju just vad jag sagt om din mullvadshög. Men all vår erfarenhet säger oss att det ibland saknas en mångfald av materialistiska alternativ. Det existerar exempelvis ingen alternativ orsak till cellulosaark med skrivna symboler än - författare.

Erkell: *"Så kommer du med det märkliga argumentet att analogibevis skulle fungera i fall där det inte finns kända vetenskapliga förklaringar. Varför det?"*

Varför inte? Vetenskapen har inte svar på alla frågor och måste inte heller med nödvändighet ha det, trots att man ofta når långt med den metodologiska materialismen som arbetsmetod.

### **Om fladdermöss**

Plasticiteten hos levande organismer är stor. Antalet alleler i populationer är många, och nya uppkommer ständigt genom t ex överkorsning och horisontell genöverföring. Epigenetiska faktorer ökar variationspotentialen ytterligare. Men det är inte frågan om någon fri lunch. Någon gång måste genetisk information – hur svår den än är att kvantifiera – uppstå. Kvalitativt helt nya egenskaper. Parallellen med uppkomsten av "nya" enzymer är tydlig: Om det redan finns egenskaper (motsvarande viss rudimentär aktivitet för ett visst substrat) på plats så kan olika faktorer, inte minst selektion, medverka till att de renodlas. Hypotetiskt är därför det scenario du målar upp för fladdermusen möjligt, men jag är tämligen säker på att det inte gått till så i praktiken. Det är nämligen här vi närmar oss pudelns kärna, som du brukar tala om. Det är en utopi att tänka sig ett urenzym som i sig hade aktivitet på hundratusentals olika substanser och sedan bara har renodlat dem. Liksom ett urdjur med hundratusentals rudimentära egenskaper som sedan renodlas och resulterar i blåvalar och lingon och allt däremellan. Någon gång, någonstans måste unika egenskaper ha uppstått från scratch. Svaret på hur det skulle ha gått till finns inte idag.

Och apråpå fladdermöss kan du ju passa på att ge en trovärdig evolutionär förklaring till hur det kan komma sig att tandvalar och fladdermöss har åtminstone 200 gemensamma gener som kodar för deras respektive ekolokalisationssystem?<sup>1</sup> Har delfinen och fladdermusen måne haft en gemensam, landlevande, fyrfota förfader med ekolokalisationssystem? Eller skulle de två systemen ha utvecklats genom konvergent evolution genom slumpmässiga processer helt oberoende av varandra?

### **Om pingviner**

Din argumentation bygger helt och hållet på att likheter i DNA innebär fylogenetiskt släktskap. Det är en fullt tänkbar förklaring, och i praktiken den enda förklaringen inom en materialistisk ram. Det är den enda ram du erkänner som vetenskapligt relevant. Det är en slutsats som bygger på en försanthållen evolution som utgångspunkt.

Min ram tillåter likheter på grund av att Designern är en, och att Han använde sig av generella grundprinciper i skapelsen. Det är också en fullt tänkbar förklaring, och det är både en slutsats baserad på hur världen ser ut och samtidigt en utgångspunkt.

Så tillvida är vår respektive argumentation lika relevant eller irrelevant. Helt enkelt två likvärdiga utsagor utifrån två skilda synsätt.

---

<sup>1</sup> Pennisi, E., "Bats and dolphins evolved echolocation in same way", *news.sciencemag.org*, 4 September 2013.

Erkell: *"Hur kan du veta att inte fåglar och pingviner tillhör samma skapade slag? Det kan du inte".*

Det stämmer, men det är ytterst osannolikt. Inom skapelseforskningen används bl a hybridiseringsdata för att dra den typen av slutsatser, och det finns mig veterligen inga data som antyder någonting sådant.

Erkell: *"Den bittra sanningen är alltså att du inte har någon alternativ modell eller förklaring. Det enda du kan göra är att förneka att evolutionära förklaringar håller. Och det förnekandet är bara ett försanthållande som är gripet ur luften."*

I mitt femte och, trodde jag då, avslutande svar i tråden Molekylära maskiner frågade du varför jag ställer olika krav på vad evolutionister och ID-kollegor ska kunna förklara. Mitt svar då är samma som mitt svar nu:

"Anledningen till detta är att de två modellerna inte har samma förklaringsanspråk. Jag skulle snarare formulera saken så här: Med tanke på evolutionismens universella anspråk på att förklara uppkomsten av alla jordens livsformer borde man rimligtvis kunna förvänta sig åtminstone någon beskriven, verklighetsförankrad mekanism för uppkomsten av en cellorganell eller cell eller primitiv varelse (utöver mantrat "genom mutationer och selektion under miljoner år"). Det är en högst relevant begäran. Du kan ju börja med ett litet cilium åtminstone, det hade räckt för min del.

Det jag begär av mina ID-vänner är inte knutet till själva skapelseakten (just därför att ID drar slutsatsen att den skett genom en intelligent akt, omöjlig att förklara med materialistiska förklaringsmodeller), utan till de tecken på design som finns på plats i celler och organismer och som är möjliga att beskriva, tolka och extrapolera utifrån. På det området händer mycket spännande."

### **Om fossil**

Erkell undrar vilka organismer jag refererar till när jag skrev att de dyker upp plötsligt för att sedan förbli i princip oförändrade tills de eventuellt förviner ur fossilkrönikan. Men det behöver inte exemplifieras eftersom det är den generella trend i fossilen som framlidne Harvardprofessorn Stephen Jay Gould syftade på när han på 80-talet lade fram sin teori om avbruten jämvikt tillsammans med Niles Eldredge:

*"The extreme rarity of transitional forms in the fossil record persists as the trade secret of paleontology. The evolutionary trees that adorn our textbooks have data only at the tips and nodes of their branches; the rest is inference, however reasonable, not the evidence of fossils.*

Stephen Jay Gould, 1986

*"Det anses troligt att samtliga djurstammar blev välavgränsade före eller under Kambrium, för de uppträder alla fullt utvecklade, utan övergångar som förbinder en form med en annan"*

Douglas Futuyma, 1986

Erkell tycker det är "lustigt" att jag skrev att fossilen förblir praktiskt taget oförändrade upp genom berglagren. Varför det? Det är självklart att fossiler långt ner i de sedimentära berglagren begravdes i ett tidigare skede än de som finns högre upp.

De sedimentära berglagren vittnar om katastrofiska bildningsförhållanden som inte alls harmonierar med de svindlande sedimentationstider som uniformismen förutsätter.

Observationer av den ordning i vilken ryggradsdjuren uppträder i de fossila lagren låg till grund för evolutionsteorins berättelse om deras uppkomst. Därför kan deras distribution omöjligen utgöra någon entydig bekräftelse på evolutionsteorin. Deras distribution är en observation som kräver en förklaring. Evolutionsteorin är en sådan förklaring. Enligt modern biblisk skapelseteori speglar fossilens distribution inte olika epoker i jordens historia, utan olika skeden i den globala översvämningen, olika geografiska och biogeografiska omständigheter, olika mobilitet och ett antal andra faktorer.

Båda teorierna möter utmaningar i fossilernas arkiv. Evolutionsteorin har att brottas med den systematiska frånvaron av mellanformer och tillgriper idéer som avbruten jämvikt, ungefär som problem i Big Bang-teorin (bort)förklaras med hypotetisk mörk materia och energi. Skapelseteorin har utmaningar i t ex att det statistiskt sett borde finnas fler moderna organismer i djupare berglager.

Underartsbildning sker ofta så snabbt att darwinistiska mekanismer är uteslutna som bakomliggande mekanism. Det förefaller som om levande organismer är förprogrammerade till mångfald. I den mån denna nedärvda förmåga ska benämnas mikroevolution är detta ett helt okontroversiellt begrepp. Påståendet att jag skulle förneka det är helt taget ur luften.

Efter den globala översvämningen skedde en snabb ökning av den biologiska variationen inom ramen för de skapade grundtyperna, något man skulle kunna karakterisera som en "horisontell evolution"

## **Om rhodopsin**

Erkell: *"Du skriver 'Som du kanske läste i mitt förra svar utgick jag från att det låg empiriska mutationsförsök bakom påståendet att en enda utbytt aminosyra resulterat i förmågan att binda retinaldehyd i fotoreceptorerna'. Visst finns det mutationsförsök som visar det – se [här](#). Man visar där att den kovalenta bindningen mellan retinal och lysin-296 (den aminosyra det gäller) i opsinmolekylen är nödvändig för att den fotoexciterade retinalmolekylen skall kunna aktivera opsinet.*

Du verkar inte vilja eller kunna förstå vad min kritik handlar om. Som jag försökt förklara i tid och otid och på ett flertal olika vis: det är inte ett dugg oväntat att en enda utbytt aminosyra kan förstöra den vitala funktionen hos ett protein (som i det här fallet förmågan att initiera en nervimpuls genom belysning). Det är precis lika uppseendeväckande som att en enda felaktig komponent kan få en maskin haverera eller att en liten bugg kan få en dator att krascha. Eller på enkelt bonnamål: "Liten tuva stjälp ofta stort lass". Den sortens effekter är förväntade utfall, till skillnad från motsatsen som skulle innebära att maskiner, datorer och intrikata proteinfunktioner skulle kunde skapas genom trial-and-error-procedurer.

Det här är ett universellt förekommande fenomen, och den vetenskapliga litteraturen är formligen impregnerad med den sortens evidens. Detsamma gäller din dators programvaror. Du kan byta ut vissa symboler i programvaran utan att det märks någon effekt, samtidigt som det finns symboler som får programmet att sluta fungera om du byter ut dem.

Den ursprungliga artikeln Erkell refererar till <sup>2</sup> är ett skolexempel på hur evolutionister målar upp trosfriska evolutionära scenarier baserade på evolutionära tolkningar av biokemiska likheter. Evolutionister saknar förmåga att genomskåda detta uppenbara cirkelresonemang eftersom de inte erkänner någon annan tolkningsmöjlighet av biologiska likheter än just evolution. Min analys är att det handlar om ett kroniskt synfältsbortfall förorsakat av en existentiellt motiverad övertro på den metodologiska materialismen.

Erkell: *"Hursomhelst, du invänder att sannolikheten för en punktmutation i en gen som kodar för ett enzym är 'försvinnande liten'."*

*"Det var sensationellt – skulle mutationen 'veta' vilket resultat den skulle få i det färdiga enzymet?"*

Helt absurda påståenden, men tyvärr är det signifikativt för Erkells argumentationsteknik att tillverka halmgubbar som han sedan angriper.

Erkells sannolikhetsberäkning – den sorts argument som Erkell ständigt avvisar när det inte gynnar hans sak – bygger på helt tokig grund. Låt mig visa anledningen med hjälp av en analogi (som Erkell säkert kommer att avfärda just för att det är en analogi):

Antag att vi har ett applikationsprogram i en dator bestående av ett antal miljoner ettor och nollor. En ingenjör upptäcker att man kan ändra tämligen många ettor till nollor och vice versa i programkoden utan att det tycks påverka programmets prestanda. Men han upptäcker också att om han byter ett "<" till ett ">" så vill programmet inte längre starta. Ingenjören drar den i hans tycke geniala slutsatsen att applikationsprogrammet blivit till genom slumpmässiga förändringar av symboler i en automatisk process i ett system där något han kallar "funktionella" förändringar av symboler har behållits medan andra förkastats. Han sätter sig nu ner och beräknar sannolikheten för att programmet erhöll just den symbol "<" som gav det dess funktion. Han gör beräkningen genom att ta reda på hur många

---

<sup>2</sup> <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1350946213000402>

symboler det finns att tillgå och uppskattar antalet till 100. Chansen är, resonerar han, alltså 1% att en rent slumpmässig tangentnedtryckning skulle kunna generera det aktuella applikationsprogrammet. Med tanke på att en flock schimpanser kan generera betydligt fler tangentnedtryckningar än så, lutar han sig tillbaka och konstaterar att det var just så det måste ha gått till. Givetvis kan de inte ha konstruerat hela programmet från scratch, tänker han, men det har säkert tidigare schimpansgenerationer åstadkommit på samma sätt. För hur skulle det annars ha blivit till? Ty intelligenta programmerare betraktar han som en fantasifull utopi.

### Om proteiners sannolikhet

Erkell: *"Av detta ser man att kvoten fungerande till icke-fungerande sekvenser ökar brant med sekvensens längd."*

Fel, fel. Det är precis tvärt om, vilket du också tycks inse om man läser fortsättningen. Skälet är lika förvånande som att det är svindlande mindre sannolikt att "bara slå sexor" om du använder 20 tärningar i stället för om du använder två

Angående Reidhaar-Olsons arbete

Erkell: *"Författarna skalade upp det här förhållandet till en sekvens av 92 aminosyror, och fick resultatet  $1/10^{63}$ . I ditt tidigare svar hänvisar du till Douglas Axe och citerar siffran  $1/10^{74}$  på kvoten för fungerande till icke-fungerande sekvenser vid en sekvens med 150 aminosyrarester. Självklart – den här sekvensen är ju ännu längre."*

Jag förstår inte Erkells invändning - författarnas slutsatser är ju exakt vad jag återgav. Trots den variabilitet som tillåts i ett protein utan att dess funktion går förlorad är chansen svindlande  $10^{-63}$ .

Douglas Axe's resultat är förhållandevis blygsamt i relation till Sauer/Reidhaar-Olson. Om Axe helt enkelt hade skalat upp deras försök till ett protein med 150 aminosyrarester hade deras resultat varit tiotals potenser lägre än de  $10^{-74}$ . Anledningen är att Axe inte fokuserade på någon specifik *proteinfunktion*, utan bara mot att erhålla en stabil proteinstruktur i största allmänhet, vilket är grundförutsättningen för att ett protein skall kunna äga en funktion över huvud taget. Detta har jag tidigare noga påtalat, men Erkell tycks ha "missat" det.

*"Andra studier kommer till helt andra resultat"* skriver Erkell och citerar Keefe/Szostak och Simmons et al. Jag bemöter deras anspråk under i mitt svar i min sammanfattning av tråden "Om proteiner och nya funktioner"<sup>3</sup>, men svarar även här för enkelhets skull.

---

<sup>3</sup> [https://www.gschmidt.se/Skapelsefragan/Artiklar\\_Debatter/2014-2015/Sammanfattning/Kan\\_proteiner\\_evolvera\\_Nej.pdf](https://www.gschmidt.se/Skapelsefragan/Artiklar_Debatter/2014-2015/Sammanfattning/Kan_proteiner_evolvera_Nej.pdf)

Det är viktigt för båda parter att granska anledningen till att Keefe och Szostak kommer fram till en så astronomiskt mycket högre sannolikhet för att hitta stabila proteinstrukturer än Axe gör.

Till att börja med ligger den kanske största svårigheten redan i definitionen av vad som ska definieras som en stabil struktur. Både SCOP- och CATH-klassificeringssystemen definierar struktur som en specifik tredimensionell konfiguration. Redan här kan vi konstatera att polypeptiderna i det här fallet inte uppfyller de villkoren.

Ett nyttillverkat protein i den levande världen har som regel en "förprogrammering" i den så kallade primärstrukturen som medför att den själv (eller med hjälp av speciella cellstrukturer som kallas chaperoner) finner sitt mål i form av ett stabilt grundtillstånd som också är dess funktionella form inom någon tiotusendels sekund. I detta tillstånd har det som regel struktur både på sekundär, tertiär och ibland även kvartär nivå (när det ingår i ett proteinkomplex som t e x bygger upp en "molekylär maskin". Den som vill få en glimt av hur sinnrik redan proteinveckningsmekanismen är hos biologiskt aktiva proteiner kan läsa om det på Wikipedia<sup>4</sup>. Först därefter kan det utföra sin specifika funktion i cellen.

Den sekundärstruktur som författarna påträffade hos de muterade polypeptiderna (korta proteiner) återfanns inte vid normal temperatur utan först vid -183 C, vilket naturligtvis är en temperatur som är helt irrelevant för livets processer. Dessutom var den alltid beroende av närvaro av zinkjoner och ATP-molekyler, som båda är laddade partiklar som attraherar aminosyraresternas sidogrupper vilket i sin tur kan skapa ett "sken" av struktur. Mot den bakgrunden är det inte märkligt att det inte heller fanns något som tydde på att polypeptiderna hade någon högre nivå av struktur. Författarna skriver också:

*"Given the unusual CD spectra indicating the absence of significant alpha helix or beta strand contribution we decided to investigate ...."* <sup>5</sup>

Erkell: *"Författarna ... lyckades isolera ett antal ATP-bindande sekvenser varav en evolverades till ett fungerande ATPas."*

Forskarna hällde en blandning av polypeptider (korta proteinmolekyler) med slumpartad sammansättning genom en kolonn med fastsittande ATP-molekyler. De polypeptider som hade aminosyrarester med sidokedjor med ATP-affinitet fastnade i kolonnen och resten passerade rakt igenom.

Liksom andra organiska molekyler kan ATP-molekylen attrahera angränsande molekyler. ATP-molekylen gör det genom att bilda vätebindningar såväl med sin aminodel, hydroxyldel och sina fosfatgrupper och via Van der Waals-bindningar till den platta aromatiska adenindelen. Molekylen är negativt laddad och binder gärna till de basiska aminosyraresterna. I ljuset av detta är det kemiskt förväntat att en andel av polypeptiderna binder till ATP. Det krävs med andra ord ingen stabil struktur hos peptiden för det.

---

<sup>4</sup> <https://sv.wikipedia.org/wiki/Proteinveckning>

<sup>5</sup> Chaput, J.C. and Szostak, J.W., Evolutionary optimization of a nonbiological ATP binding protein for improved folding stability, *Chemistry & Biology* 11:865–874, 2004., p. 871



Vad som orsakade hydrolysen av ATP i ett fall är nog inte klarlagt. Man vet att närvaro av zinkjoner kan fungera som katalysator.<sup>6</sup> Att det inte handlar om någon traditionell enzymaktivitet får nog anses uppenbart, eftersom den frigjorda energin inte användes till något konstruktivt, vilket alltid är fallet när ATP spjälkas i en cell. Man kan därför säga att polypeptiden förstörde en viktig energikälla i stället för att nyttja den.

Man vet idag ganska väl vad som behövs för att åstadkomma en äkta stabil sekundärstruktur hos proteiner. Det är känt sedan länge<sup>7, 8</sup> att det krävs en periodicitet med avseende på polära och opolära sidokedjor hos de ingående aminosyraresterna.

I praktiken behöver var tredje aminosyra vara endera polär (vattenvänlig) eller opolär (vattenavvisande) längs hela proteinavsnittet för att det ska bli en stabil sekundärstruktur. Nio av de tjugo aminosyror är opolära.

Om vi utgår från ett protein bestående av 80 aminosyror (ett medelstort protein består av ca 300) kommer alltså en tredjedel av dem (27) att behöva vara antingen polära eller opolära. Låt oss säga det senare. Då blir sannolikheten att vi får en alfastruktur  $(9/20)^{27} = 10^{-10}$ , vilket stämmer ganska bra med forskarnas resultat, så när som på en faktor 10.

Men det betyder för ett medelstort protein att den stabila andelen proteiner är  $(9/20)^{100} = 10^{-35}$   
Det är inga goda odds.

Angående din referens till Simmons et al.:

*“De skriver: Our characterization of a synthetic protein that derives entirely from random-sequence origin demonstrates that design-free methods can be used to generate proteins with novel functions. De här resultaten hade varit helt omöjliga att få om den siffra på  $1/10^{74}$  för kvoten för fungerande till icke-fungerande sekvenser Göran Schmidt citerar hade varit korrekt.”*

- Vaddå designfri? – hela försöket är ett i högsta grad intelligent designat försök med syftet målinriktad selektion.
- Vaddå nya funktioner?
- Vaddå omöjliga att få? De är helt förväntade utifrån kända kemiska principer.

Erkell: *”Men de här siffrorna är ändå irrelevanta i sammanhanget. De skulle bara utgöra argument mot evolutionsteorin om det vore så att enzymer bestående av hundratals aminosyror skulle ha uppstått färdiga, på en gång, rent slumpartat. Då – och bara då –*

---

<sup>6</sup> <http://www.nrcresearchpress.com/doi/abs/10.1139/v04-003#.WMHSHzs19PY>

<sup>7</sup> Kamtekar, S., Schiffer, J.M., Xiong, H., Babik, J.M. and Hecht, M.H., Protein design by binary patterning of polar and nonpolar amino acids, *Science* **262**:1680–1685, 1993)

<sup>8</sup> <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC41515/>

*skulle alla kombinationer vara möjliga. Det finns vad jag vet ingen forskare som tror att det har gått till på det sättet.”*

Erkell är säkert en klok person, men i det här fallet helt ute och cyklar. Heltokig slutsats. Försöken visar hur extremt osannolikt det är att ens hitta ett enda steg i evolutionsprocessen!

Erkell: *”Vad man tänker sig är ... de kan ha varit ... Peptiderna kan också ... Huvudsaken är att de haft en selekterbar enzymatisk aktivitet. Då kan de ha evolverat ... Vi vet självklart inte om... men det finns inget orimligt i ett sådant scenario.”*

Det må vara en sak att förhoppningen om de små stegens magiska förmåga att skapa människor och morötter är förhärskande bland evolutionsbiologer. Den förhoppningen har åtminstone någon form av evidensbakgrund, även om den bygger på vidlyftiga extrapolationer av de genetiska och epigenetiska mekanismer som medger levande organismers anpassningsförmåga till förändrade miljöbetingelser.

Men när man som Erkell försöker tillämpa samma steg-för-steg-magi på livlösa kemikalier så är frikopplingen från verkligheten total. Det finns inga kända kemiska eller fysikaliska lagar eller principer som skulle medge något sådant. I kemins värld är selektion ett icke-fenomen. Partiklar konkurrerar inte med varandra, de följer kemins och termodynamikens strikta lagar.

Så när Erkell skriver att *”...det finns inget orimligt i ett sådant scenario”*, så är detta ett uttryck som inte har någon annan reell substans än hans eget subjektiva tyckande och tro. Eftersom ordet ”orimlighet” bygger på sannolikheter är det uppenbart att han ser det som sannolikt att proteiner och nukleinsyror och en levande cell spontant kan uppstå genom självorganisation. Låt oss vänta ett sekel och se om den metodologiska materialismen kan stödja den tesen.

Erkell tar inte helt oväntat det kortaste kända enzymet med 62 aminosyrarester som stöd för sin tes att små enzymer genom en gradvis evolution gett upphov till alltmer komplexa enzymer. Men det är naturligtvis inget argument över huvud taget. Det hade det möjligen kunnat vara om det fanns empirisk evidens för att ett enzym med 62 aminosyrarester skulle kunna bildas prebiotiskt. Men icke sa Nicke. Nu råkar alla jordens livsformer, allt från mikrober till människor vara helt beroende av exempelvis enzymet ATP:as för sin existens, som består av över tusen aminosyrarester (hos kossor 1 560 fördelade på 5 pusselbitar som passar som hand i handske). Men i Erkells värld är det bevis nog att eftersom det finns både baciller och älgar i skogen, så följer med nödvändighet att baciller utvecklades till älgar. Nej, herr Erkell, det krävs mer evidens än så.

Erkell efterlyser referenser på att de funktionella öarna av proteiner verkligen ligger oerhört långt ifrån varandra i en ocean av icke-funktion. Här är fem sådana studier<sup>9</sup> som alla placerar sannolikheten för

---

<sup>9</sup> 1. Kirk K. Durston et al, "Measuring the Functional Sequence Complexity in Biopolymers", *Theoretical Biology and Medical Modelling* 4 (2007): 47

2. Reidhaar-Olson och Sauer, "Functionally Acceptable Substitutions in Two Alpha-Helical Regions of Lambda Repressor", *Proteins: Structure, Function and Genetics* 7 (1990): 306-16

3. S.V. Taylor et al, "Searching Sequence Space for Protein Catalysts", *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 98(2001): 10596-10601

4. Hubert P. Yockey, "A Calculation of the Probability of Spontaneous Biogenesis by Information Theory", *Journal of Theoretical Biology* 67, Nr 3 (1977) 377-398

uppkomsten av en stabil proteinstruktur någonstans i intervallet  $<10^{-100} - 10^{-63}$ , alltså i grova tal som oddsen att hitta en bestämd atom i vår egen galax Vintergatan.

Det är empiriskt belagt att ett enzym kan mutera så att det blir aktivt på ett nytt substrat. Men bara under en viktig förutsättning, nämligen att enzymet i fråga redan från början har en svag aktivitet på det nya substratet. När denna typ av försök presenteras i litteraturen sker det som regel under rubriker som "Evolution av en ny funktion hos enzymet X", men läser man rapporterna med en gnutta kritiska ögon upptäcker man snart att det praktiskt taget undantagslöst förhåller sig så. Det är belägg nog.

Världen väntar fortfarande på ett exempel på punktmutationer som ger upphov en helt ny struktur som resulterar i en genuint ny typ av reaktion/funktion, d v s ett hopp från en ögrupp till en annan.

Teoretiskt sett, mot astronomiska odds, är det inte fullständigt uteslutet, men en evolutionsteori som inte tangerar "the real world" är inte värd att tas på allvar. Och Douglas Axe och många med honom har alltså presenterat evidens för att väntetiden är astronomisk.

Erkell hänvisar till Andreas Wagner som menar att sekvensrymden (alltså mängden av alla tänkbara aminosyrasekvenser) inte alls är en ocean av icke-funktion utan snarare en ocean genomkorsad av ett nätverk av tänkbara stenar för evolutionen att hoppa på till nya funktionella öar.

Problemet är för det första att Wagner inte bygger sin uppfattning på experiment utan på en extremt förenklad bild av verkligheten i form av en datorsimulering där han behandlade tarmbakteriens (*E. coli*) metabolism som ett nätverk av flyttbara diskreta enheter (t ex enzymer). På det viset menar han sig ha visat att en bakterie som berövas en kolkälla kan hitta nya alternativa sådana Att radera ett enzym från en sådan simulering och konstatera att det finns alternativa reaktionsvägar är en helt annan sak än att göra det i en *E. coli* i den verkliga världen.

För det andra - även om något motsvarande verkligen genomfördes med framgång i en levande tarmbakterie så återstår det att visa att det inte förklaras av den förprogrammerade redundans/robusthet som kännetecknar levande organismer.

Wagners resultat har därför ingenting med frågan om proteiners stabilitet att göra. Det finns idag ingen vetenskaplig evidens som rubbar scenariot av en ocean av icke-funktionalitet/bortselektion mellan olika funktionella proteiner. Det Wagner visat är hur motståndskraftigt cellens metaboliska nätverk är mot förluster av funktioner. Men definitivt inte hur det slumpmässigt kan erhålla någon ny funktion som inte redan existerade. Man utgick från ett robust system rikt på olika funktioner, plockade successivt bort funktion efter funktion och fann att systemet fortfarande kunde fungera.

Läser man lite om Wagners syn på tingen blir det uppenbart att han är Platonist<sup>10</sup>. Hur den synen går ihop med neodarwinismen är en gåta.

---

5. Axe, "Estimating the Prevalence of Protein Sequences", *Journal of Molecular Biology*, **341** (2004): 1295-315  
<sup>10</sup> <https://aeon.co/essays/without-a-library-of-platonic-forms-evolution-couldn-t-work>

## Informationen igen...

Och så den eviga informationsfrågan som Erkell till varje pris försöker bortdefiniera. Nu utifrån strategin att vad kreationster säger måste vara fel by definition.

Erkell vägrar inse att analogin mellan programkod och livets information är i högsta grad på vetenskapens agenda. Den tekniska och naturvetenskapliga litteraturen, inte minst inom området bioinformatik <sup>11</sup> borde överbevisa den som eventuellt fortfarande skulle tvivla. Även forskare som inte arbetar inom ID-projektet, bl a Szostak, har börjat inse vikten av att kunna beräkna den funktionella informationen, <sup>12, 13</sup>. Lee Spetner har svar på kritiken <sup>14</sup>.

Erkell: *"Faktum kvarstår: mutationer av enzym kan leda till en förändrad funktion."*

Jag har på andra ställen bemött Erkells påstående i detalj och visat att det är sant bara i så begränsad bemärkelse att det är irrelevant för ursprungsfrågan. De exempel han anför kan i vissa fall ha viss relevans för mikroorganismer under extrema miljöförhållanden, men alltid till priset av förluster i specificitet (information) eller genetiskt material eller bådadera. Av sådant bygger man inte biokomplexitet och biodiversitet.

Att det var vetenskapsredaktionen på National Geographic som bär ansvar för Archaeoraptorfalsariet 1999 stämmer. Men jag har heller aldrig påstått någonting annat. Vad jag däremot skrev, och som jag vidhåller, är att man bör ha ett kritiskt öga inte bara på vad ID-förespråkare publicerar, utan även nitiska evolutionister. Min tveksamma magkänsla vad gäller befyädrade dinosaurier kvarstår, men som sagt – vi får avvakta och se.

Erkell måste givetvis generalisera som vanligt. Evolutionskritik innebär vetenskapsfientlighet. Ja, ja, den gamla vanliga visan.

## Till sist...

Lars Johan Erkell och jag drar olika slutsatser av nuvarande forskningsläge inom proteinkemin. Han anser att *"förändringarna var möjliga, rent av rimliga"*. Jag menar att det inte är det slag av förändringar som man skulle förvänta sig om mutationer och selektion är den skapande process som lett fram till dagens organismvärld med dess meningsfulla komplexitet på alla livets nivåer.

Vad gäller fladdermusens ekolokalisation handlar min kritik inte bara om bristen på fossila evidens, utan huvudsakligen om att jag ifrågasätter Erkells tes att principen "mer av samma" kan bygga så intrikata strukturer som ekolokalisationssystemet. Jag anser kritiken befogad utifrån mutationers överlag destruktiva effekter på proteiners funktion. Jag förnekar inte att det evolutionister benämner "mikroevolutionära förändringar" kan innebära ökad fitness för en organism i samband med en miljöförändring, men förändringarna som sådana är inte uppbyggande till sin karaktär, vilket är en

---

<sup>11</sup> <http://static.usenix.org/publications/login/2004-12/pdfs/propagation.pdf>

<sup>12</sup> <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17494745>

<sup>13</sup> (Hazen, R.M., Griffen, P.L., Carothers, J.M. & Szostak, J.W. (2007) 'Functional information and the emergence of biocomplexity', PNAS 104, 8574-8581

<sup>14</sup> <https://www.trueorigin.org/spetner2.php>

förutsättning för bygget av ekolokalisation. Spekulation i vetenskaplig förklädnad gör mer skada än nytta.

Om jag hade funnit att evolutionens mekanismer hållit för en kritisk granskning, att fossilen gav skäl till det och att biologiska likheter endast kan tolkas i termer av fylogenetiskt släktskap så hade jag säkert delat Erkells syn att pingviner evolverat från flygande fåglar och valar från kossor eller flodhästar. För vad skulle vara bekvämare för mig än att säga: "Gud skapade genom evolution" och att Första Moseboken måste tolkas allegoriskt? Men hur skulle jag kunna säga det när evidensen inte stöder den synen?

Den som närmar sig ursprungsfrågan utan ett kritiskt förhållningssätt kommer att köpa den evolutionära berättelsen med hull och hår och utan invändningar och kommer aldrig att inse hur bräcklig den evolutionära tankebyggnaden de facto är. Den som uttrycker kritik mot de spekulativa evolutionära scenarierna får finna sig i att kallas fiende till all vetenskap. Men det är det värt, eftersom vi är många som anser att sanningen är viktigare än bekvämligheten.

Erkell anser att jag avfärdar hans argument med berghönors flaxande i uppförsbackar utan motivering, men sanningen är att han bara missar poängen. Vore det så att Erkells enda syfte med exemplet var att illustrera att flaxandet kan vara ändamålsenligt så – fine. Då kanske jag överreagerade. Men evolutionens tillskyndare gör inte sällan en rationellt obefogad koppling mellan nu existerande biologiska strukturer och forntidens hypotetiska mellanformer, som om de förra bevisar existensen av de senare. Ett klassiskt exempel är sekvensen med olika existerande ögonkonstruktioner från Euglenans "primitiva" ögonfläck till däggdjursögat, som givetvis inte har något bevisvärde med avseende på ögats evolution, men som brukar framställas så. En skolelev som inte lärt sig – eller tillåtits – förhålla sig kritiskt undervisningen kommer naturligtvis att ta det som sanning.

Till sist, min invändning mot *"det faktum att en kemoreceptor efter bara en mutation kan fungera som fotoreceptor"* har jag avhandlat ovan, så det behöver ingen ytterligare utläggning. Att Erkell anser kritiken relevant förändrar ingenting i sak.

Huruvida jag formulerar mig bra eller dåligt i den här debatten är irrelevant. Det är evidensen det handlar om. Vem av oss som har rätt i den ena eller andra sakfrågan kommer förmodligen att visa sig framgent. Då kan innehållet i den här debatten komma att visa sig ha ett historiskt värde trots att det sista den präglades av var konsensus.

