

## Kan proteiner evolvera nya funktioner? En fjärde och (troligtvis) sista replik

Göran Schmidt, februari 2018

### Vad Fred Hoyle sade och inte sade

Erkell menar att jag "hugger i sten" när jag skrev att Fred Hoyle syftade på livets uppkomst med sin tornado-metafor, men där kastade docenten sten i glashus. Det är nämligen precis vad han skrivit i sin bok "*The Intelligent Universe*", 1983.<sup>1</sup>

*"If you stir up simple nonorganic molecules like water, ammonia, methane, carbon dioxide and hydrogen cyanide with almost any form of intense energy ... some of the molecules reassemble themselves into amino acids ... demonstrated ... by Stanley Miller and Harold Urey. The ... building blocks of proteins can therefore be produced by natural means. But this is far from proving that life could have evolved in this way. No one has shown that the correct arrangements of amino acids, like the orderings in enzymes, can be produced by this method. .... A junkyard contains all the bits and pieces of a Boeing 747, dismembered and in disarray. A whirlwind happens to blow through the yard. What is the chance that after its passage a fully assembled 747, ready to fly, will be found standing there? So small as to be negligible, even if a tornado were to blow through enough junkyards to fill the whole Universe."*

Och i "The God Delusion" skriver Richard Dawkins<sup>2</sup>:

*"The name comes from Fred Hoyle's amusing image of the Boeing 747 and the scrapyard. ... Hoyle said that the probability of life originating on Earth is no greater than the chance that a hurricane, sweeping through a scrapyard, would have the luck to assemble a Boeing 747."*

Eftersom Hoyle skrev sin bok efter den där artikeln du citerade i Science så får vi förutsätta att han tänkt igenom saken lite noggrannare. Men Hoyle är inne på samma spår i Scienceartikeln 43 sidor längre fram i den skriver han:

*"The likelihood of the formation of life from inanimate matter is one to a number with 40,000 noughts after it .... It is big enough to bury Darwin and the whole theory of Evolution."*

Möjligen kan jag ge dig en halv poäng. Du behöver den 😊

---

<sup>1</sup> Hoyle, F., "The Intelligent Universe," Michael Joseph: London, 1983, s.18-19

<sup>2</sup> Dawkins, 2006, "The God Delusion", s.113

## Om livets uppkomst

Erkell: *"Frågan är då hur enkelt det första självreplikerande systemet kan vara – det vet ingen."*

Skall man vara strikt så är det ingen som ens vet OM ett självreplikerande system KAN vara enkelt, vilket du och naturalismen okritiskt förutsätter. Det vi vet om livets innersta väsen tyder snarare på att så inte är fallet – liv i alla dess former är så komplext (läs: specificerat komplext) att dess gåta sannolikt döljer sig i en avlägsen framtid.

Erkell: *"Vad jag vet tror ingen biolog att det var särskilt likt de celler vi ser idag."*

Det finns ingen evidens för ett sådant påstående. Bara en evolutionär förväntan. Anledningen till det är att de enklaste, "mest primitiva", av dagens livsformer äger organisationsnivåer som gör alternativet otänkbart.

Erkell menar att jag har fel när det gäller vad forskningen visat om spontan uppkomst av nukleinsyrornas byggstenar. Jag citerar mig själv: *"men inte en enda nukleotid har någonsin påvisats som reaktionsprodukt i något uralstringsexperiment"*. Erkell blandar ihop kvävebaser med nukleotider. Men det är inte samma sak. Nukleotider *innehåller* kvävebaser. Enskilda kvävebaser har man sett bildas men, som sagt, inga nukleotider. Fria kvävebaser gör inga nukleinsyror.

Pyrimidinnukleotider kan mycket riktigt syntetiseras med utgångspunkt från noga utvalda råvaror som formamid, formaldehyd, cyanamid, cyanoacetylen, glycolaldehyd och glyceraldehyd och noggrant utvalda reaktionsbetingelser. Men vi har nu för länge sedan lämnat realistiska scenarion för en tänkt tidig jord och gett oss in på kemisk design. Med design i form av kemisyntesens alla underfundigheter med noggranna val av råvaror, tryck, temperatur och koncentrationer under kontrollerade former och med aktiva åtgärder för att förhindra sidoreaktioner är det mesta möjligt. Design är en fullt relevant förklaring till livets byggstenar. Men slumpen är det inte.

Trots att Erkell medger att sådana här kemiska scenarion är orealistiska så tillägger han raskt *"men det hör inte till saken"*. För biologidocenten, och många med honom, är det alltså ovidkommande om en modell för livets uppkomst är orealistisk. Hellre en orealistisk materialistisk förklaring än en realistisk icke-materialistisk. Tydligare kan det inte sägas: Längtan efter sanningen offrad på naturalismens altare.

*"Aminosyror kan spontant bilda både korta peptider och större aggregat med tertiär- och kvartärstruktur (se [här](#))."*

Artikeln publicerades 2016 och jag har tyvärr inte tillgång till den i dess helhet, men jag läser följande:

*"...we performed the polymerization of l-alanine (Ala) by treating a solution of amino acid in borate buffer at pH 9.2 with an excess of COS gas and then adding the COS-treated solution, either stepwise every few minutes or continuously, into a separate reaction containing an excess of potassium ferricyanide."*

Några reflektioner:

1. Man utgick från en råvara i form av den rena aminosyran L-alanin, d v s uteslutande vänsterhands-isomeren. Detta är helt främmande för en naturlig miljö. Ren L-alanin kan bara framställas genom kemisk design i ett laboratorium. En realistisk simulering skulle ha utgått från en racemisk (50%) blandning (så som fallet skulle ha varit på den tidiga jorden) av både D- och L-isomererna. Eller i varje fall ett 57/43-förhållande som, om jag inte missminner mig, lär vara den högsta påträffade avvikelser som påträffats (i en meteorit). Att forskarna inte valde att göra detta beror utan tvivel på att detta inte skulle ge önskat resultat ("struktur"). Metodiken att använda sig av en enda, eller något fåtal noggrant utvalda, L-aminosyror ökar möjligheten att få en så enhetlig produkt att den kan komma att klibba vid sig själv och bilda någon form av primitiv "struktur". Med racemiska blandningar av det 20-tal aminosyror som förekommer i naturliga proteiner – skulle ingenting med antydning till struktur ha bildats. Ett extremt tillrättalat experiment.

2. För att reagera måste det rena L-alaninet först aktiveras med gasen karbonylsulfid och tillföras långsamt och kontinuerligt eller i närvaro av ett cyanidsalt. Usch.

3. Aminosyror förändras till sin kemiska struktur beroende på pH-värdet. Därför hölls pH-värdet på en optimal nivå under experimentet genom att man använde sig av en borsyrabuffert som kan stabilisera pH-värden vid (onaturligt) höga nivåer (9,2), vilket uppenbarligen krävdes i det här fallet. Högst troligt valde man den sammansättning av bufferten som fixerade det pH-värde som gav bästa utbyte av den önskade produkten. Liksom vid all annan kemisk syntes (design)!

Slutsats: Kan aminosyror bilda polypeptider? Absolut! I levande organismer och genom intelligent kemisk design. Precis som förväntat.

### **Om mitt besök på evolutionskursen på Göteborgs universitet**

Erkell: *"Efter din presentation fick du ett antal skeptiska frågor av studenterna. Under den efterföljande diskussionen (då du inte var närvarande) var det ingen som verkade imponerad av dina argument – om det var någon som tagit intryck av vad du sade så märktes det inte. Jag tror inte du kan betrakta detta som en lyckad aktion."*

Det finns två alternativa förklaringar till det du skriver. Antingen har du dåligt minne eller så försöker du föra mig och läsarna bakom ljuset. Jag vill tro det förstnämnda, men känner mig inte helt övertygad. Här är mejlet du skrev till mig efter mitt besök hos dig:

Date: Thu, 18 Mar 2010 16:41:42 +0100

To: schmidt.gbg@hotmail.com

From: lj.erkell@zool.gu.se

Subject: Besök

Hej Göran!

Jag ville bara meddela att gårdagens arrangemang var uppskattat av studenterna. Som du märkte var det inte så stor fart på frågandet, och det beror framför allt på att detta är en påfallande tyst grupp. Det var samma sak under den timme jag hade dem.

...

Hälsningar

Lars Johan

### **Om Dawkins simulering**

Erkell: *"Dawkins ... har skrivit sin "vessla" för att demonstrera kumulativ selektion, inte evolution."*

Hårklyverier. Vad är då evolution om inte just kumulativ selektion? Det är kärnpunkten i hela Dawkins resonemang att evolutionen är just denna stegvisa kumulativa process. Grundskoleeleverna Erkell så varmt värnar om skulle genomskåda även den dimridån.

Det är just detta som är ett av evolutionsteorins stora problem. Hierarkiska strukturer kan inte skapas utan förutseende skapande mentala processer. Världen hade sett mycket annorlunda ut om den varit resultatet av evolution. Och vi hade inte suttit här.

### **Om enzymaktivitet**

Erkell: *"Faktum är att evolutionsteorin kräver robusthet och redundans – teorin bygger på att mutationer ackumuleras i en population och ger den genetisk variation."*

Det där är en evolutionistisk efterkonstruktion. Hade inte modern biologi påvisat redundans och robusthet i levande organismer så skulle Erkell säkerligen ha hävdat att dess frånvaro är precis vad evolutionsteorin förutsäger. Den robusthet och redundans som utgör grundvalen för levande organismers funktionella nätverk är adelsmärken för design och inget annat.

### **Om information ... igen ...**

Ungefär 40% av våra geners DNA utgörs av introner, d v s nukleotidsekvenser som redigeras bort under informationsöverföringen från DNA till färdiga proteiner. Erkell menar att intronerna tillhör kategorin skräp-DNA, och att detta skulle vara ett argument för att min analogi mellan vår arvs massa och datorprogram är en falsk analogi. Skräpmetaforen är den slags slutsats som evolutionister brukar

tillgripa, i sin ständiga jakt efter ofullkomligheter och exempel på dålig design i naturen, i syfte att kunna öka trovärdigheten av en evolution utan mål och mening. Och gång på gång åker man på pumpen, högst sannolikt även denna gång.

Förutsägelsen utifrån ett designperspektiv har i årtionden varit att intronerna är fullt funktionella och att framtida forskning successivt kommer att avslöja dessa funktioner. Erkell är helt enkelt inte uppdaterad när det gäller de här frågorna. Redan 2003 förutspåddes i tidskriften *Scientific American*, citat: *"The failure to recognize the importance of introns 'may well go down as one of the biggest mistakes in the history of molecular biology.'*"<sup>3</sup>

- För det första har ENCODE-projektet visat att praktiskt taget all icke-protein-kodande DNA transkriberas till RNA (74-93%)<sup>4</sup>, vilket starkt antyder funktioner.
- Till och med otranskriberat intron-DNA har visat sig äga funktioner.<sup>5</sup>
- Som jag tidigare har påpekat – evolutionisters förväntningar (förhoppningar) har hämmat den biologiska forskningen. Detta gäller inte minst idén om att vår arvs massa skulle vara proppfull med meningslöst skräp, vilket t o m bekräftats av tidskriften *Science*.<sup>6</sup>
- Ett annat starkt indicium på intronfunktionalitet är att så kallade Alu-sekvenser förekommer i ett streckkod-liknande mönster i och omkring proteinkodande gener i det mänskliga genomet, huvudsakligen i promoter-regioner – och – just i introner!
- Följande artikel från 2015 tar upp ett antal funktioner, bland annat reglering av alternativ splitsning av mRNA, reglering av gener, mRNA-transport och kromatinbildning, för att nämna några.<sup>7</sup>

Alltmedan docent Erkell förutspår att introner saknar funktion därför att de klipps bort. Var inte så säker.

Erkell: *"Med analogier bevisar man ingenting."*

---

<sup>3</sup> Wayt T. Gibbs, "The Unseen Genome: Gems among the Junk," *Scientific American* (nov. 2003)

<sup>4</sup> Erika Check Hayden, "Life Is Complicated," *Nature*, Vol. 464:664-667 (1 april, 2010)

<sup>5</sup> Ian A. Swinburne & Pamela A. Silver, "Intron Delays and Transcriptional Timing during Development," *Developmental Cell*, Vol. 14: 324-330 (2008)

<sup>6</sup> Wojciech Makalowski, "Not Junk After All," *Science*, Vol. 300(5623) (23 maj 2003)

<sup>7</sup> <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4742320/>

Jag misstänker starkt att Erkell underskattar analogier därför att de leder till för honom oönskade slutsatser på just det här området. Vi vet att analogiresonemang är ett mycket användbart och kraftfullt redskap inom vetenskapen: *"Analogy is a key mechanism in CREATIVITY and scientific discovery"*<sup>8,9</sup>

Erkell: *"Hur det nu än är med detta är det ändå inte särskilt intressant i sammanhanget; likheter mellan gensekvenser och maskinkod bevisar inte att gensekvenser har ett intelligent ursprung, lika lite som skillnader mellan dem bevisar att intelligens inte ligger bakom."*

Erkells återkommande formulering. *"Hur det än är spelar det ingen roll"* blir aningen tröttsam i längden. Det är klart som korvspad att det är högst signifikant att våra gener är snarlika maskinkod till sin uppbyggnad. Om Erkell kunnat lägga fram evidens för att funktionell maskinkod kan uppstå utan intelligens skulle han haft större chans att bli tagen på allvar.

Erkell: *"Du skriver gång på gång om "informationsenheter" och "informationsinnehåll" i biologiska system som om de vore mätbara storheter, ändå talar du aldrig om hur man mäter dem här informationen."*

Informationsinnehållet i DNA är kopplat till sannolikheter. När en DNA-sekvens är mycket specifik blir beräkningen extra enkel eftersom det bara handlar om att sätta in värden i en ekvation. Ett sådant exempel är det syntetiska genomet för bakterien *Mycoplasma genitalium* som J Craig Venters laboratorium skapade (!) genom intelligent design (!). Organismen döptes fyndigt om till *Mycoplasma laboratorium* och försågs med fem unika "vattenmärken" som löd:

VENTERINSTITVTE CRAIGVENTER HAMSMITH CINDIANDCLYDE GLASSANDCLYDE

Varje enskild bokstav motsvarar begynnelsebokstaven hos en specifik aminosyra. Eftersom sannolikheten för en specifik aminosyra är 1/20 kan man genom enkel insättning beräkna informationsinnehållet i vattenmärkena till 259 bitar.

Detta informationsmått måste sättas i relation till vad slumpen kan förväntas åstadkomma på egen hand. Taylor et al gjorde en generös beräkning av just detta. Hans resonemang var följande: Hela jordens massa motsvarar  $10^{47}$  proteinmolekyler bestående av 100 aminosyrarester vardera. Om varje proteinmolekyl omarrangerar sig slumpmässigt en gång om året i 500 miljoner år kommer  $10^{55}$  nya kombinationer att uppstå. Detta tal motsvarar 185 bitar av funktionell information, och är som läsaren förstår en extremt generös uppskattning av vad slump och naturlagar kan åstadkomma.

Informationen i Craig Venters syntetiska vattenmärke innehåller ytterligare 74 bitar. Det innebär att det är  $10^{22}$  gånger mer sannolikt att vattenmärkena uppkommit genom intelligent design än genom slumpmässiga naturliga processer.

---

<sup>8</sup> *The MIT Encyclopedia of the Cognitive Sciences*, s. 17

<sup>9</sup> <https://plato.stanford.edu/entries/reasoning-analogy/>, <https://ww2.kqed.org/mindshift/2014/03/29/the-key-to-innovation-making-smart-analogies/> och <https://books.google.se/books?isbn=0262731444>.

Ovanstående exempel är som sagt mycket specifikt, men principen är fullt tillämpbar på andra kända statistiska förhållanden. Ett sådant är den empiriskt baserade beräkningen av sannolikheten för att en stabil proteindomän uppkommer genom slumpmässiga kombinationer av aminosyror. Den ligger någonstans i intervallet  $1/10^{64} - 1/10^{77}$ . Informationsmängden kan beräknas till 213 – 256 bitar. Det överstiger vad naturliga processer kan förväntas generera med minst 28 bitar, och innebär att sannolikheten är åtminstone  $10^{19}$  gånger större att en sådan uppkommit genom intelligent design än genom slump och tid.

Det handlar förvisso om en uppskattning, men den antar formen av ett tal genom en beräkning. Konstigare än så är det inte. Erkell klyver alltså hår när han försöker avfärda mina referenser till Lee Spetner genom att påpeka att han "uppskattar" informationsinnehållet i en punktmutation i stället för att "beräkna" det. Det Spetner gör är nämligen en uppskattning av informationsförändringen *genom en beräkning*. Det är tämligen ointressant att uppskattningen inte är ett exakt mått, det frågan gäller är om det går att göra relevanta uppskattningar av informationsinnehåll genom matematiska modeller, och det visar Spetner elegant. Eftersom Erkell inte förefaller ha något sakligt motargument så får vi till slut konstatera att hans tes att informationsinnehåll inte kan mätas eller beräknas härmed är grundligt vederlagd.

### En gen – många proteiner

Erkell: *"Jag frågade dig om varför du över huvud taget tar upp frågan om alternativ splitsning, och ditt svar är intressant. Du skriver att det handlar om 'metainformation som anger hur cellerna ska hantera informationen, hur den ska lagas om den går sönder, hur den ska tolkas och kopieras, när den ska användas och hur den ska föras vidare till nästa generation'. Var finns den metainformation du talar om? Vilka sekvenser gäller det, och hur är de kodade? Jag har aldrig sett något i den vetenskapliga litteraturen om att det skulle finnas någon "metainformation" av det här slaget."*

Det här är ett av den nya biologins mest intensiva forskningsområden. Metainformationen döljer sig i något som i dagligt tal brukar kallas "epigenomet"<sup>10</sup>. Kodad information rider inte enbart på DNA-molekylen. Det man i dagligt tal kallar den genetiska koden är bara ett exempel av många. Vi känner åtminstone till ytterligare nio (!) olika koder som är inblandade i embryonalutvecklingen. De är: 1. förmönstringsinformation ("prepatterning information"), 2. transkriptionskoden, 3. histonkoden, 4. cellyte koden ("cell surface code"), 5. bioelektriska koden, 6. splitsningskoden, 7. cytoskelettkoden, 8. apoptoskoden och 9. ubiquitinkoden. Googla på dem och fascineras.

Erkell tror mig inte när jag hävdar att en sekvens i DNA kan generera hundratals eller rent av tusentals olika proteiner. Men enligt Douglas L. Black vid Howard Hughes Medical Institute vid University of California<sup>11</sup> är det 576 varianter på ett grundprotein som skapar innerörats klaviatur av sinneshår i en

---

<sup>10</sup> <http://www.nytimes.com/2009/02/24/science/24chromatin.html>

<sup>11</sup> <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0896627300804444#!>

kyckling. Om det inte är proteiner som bygger upp sinneshåren – vad skulle det annars vara? Fåglars hörsel är inte särskilt avancerad i förhållande till däggdjurs, och författarna gör det relevanta antagandet att splitsningsvarianterna är avsevärt fler hos däggdjur som möss och människor.

Och hos bananflugor genererar en och samma DNA-sekvens 18 000 olika proteiner genom alternativ splitsning! <sup>12</sup> Ja, Lars Johan, du läste rätt – arton tusen!

Nu kompliceras saken ytterligare av att splitsningen måste variera från celltyp till celltyp beroende på vilka proteiner som behövs för varje celltyps unika funktion. Och att dessa splitsningsvarianter måste synkroniseras under äggets utveckling till vuxen individ i takt med att olika celltyper differentieras fram.

Och märk väl att alternativ splitsning bara är ett av flera sätt som en gen kan generera olika proteiner på. RNA-redigering är ett annat. Det här är inte bara ett komplext system i största allmänhet – det är ett högt organiserat och specifikt komplext system. Det slag av system som bara kan förklaras i termer av intelligenta processer!

Så frågan om alternativ splitsning är egentligen ganska okontroversiell. Företeelsen är tillräckligt fascinerande som sådan, alldeles oavsett om ett grundprotein kan splitsas i 20 eller 20 000 olika varianter.

Den ortodoxa syn på darwinismens mekanismer som Erkell ständigt försvarar är idag högst ifrågasatt bland evolutionsbiologer. Den inomvetenskapliga kritiken av och frustrationen över evolutionsmekanismernas otillräcklighet frodas, samtidigt som man försöker hålla skenet uppe gentemot allmänheten att allting är frid och fröjd. Förra höstens (2016) konferens med temat *"New Trends in Evolutionary Biology"*, anordnad av anrika The Academy of Science i England, illustrerar tydligt den saken. Man förespråkade där vad man kallar för "den Tredje Vägen" inom evolutionsbiologin (alltså inte klassisk darwinism och bevarare-oss-väl inte kreationism eller intelligent design).<sup>13</sup>

Erkell: *"Återigen, vilket är detta mystiska 'hierarkiska informationsbehandlingsystem'?"*

Det är summan av levande organismers genom och epigenom. En levande organism är hierarkiskt organiserad från minsta atom till organismen i dess helhet. Atomer (kol, väte, syre, kväve, fosfor...) bygger upp biomonomerer (sockerarter, nukleotider, aminosyror, fettsyror etc), biomonomerer bygger upp biopolymerer (proteiner, nukleinsyror, lipider), som i sin tur bygger upp organeller, celler, vävnader, organ, organsystem och till sist individer. På varje nivå arrangeras delarna på ett koordinerat sätt så att det bidrar till helheten (organismens funktion). Denna organisation utgör en

---

<sup>12</sup> Wei Sun et al, "Ultra-Deep Profiling of Alternatively Spliced *Drosophila Dscam* Isoforms by Circularization-Assisted Multi-Segment Sequencing", *EMBO Journal* 32 (2013): 2029-2039, (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23792425>)

<sup>13</sup> <http://www.thethirdwayofevolution.com/>



materiell manifestation av den information som finns i DNA. DNA-molekylen utgör i sig själv en hierarkisk struktur,<sup>14</sup> och de epigenetiska systemen utgör ytterligare en överliggande hierarkisk nivå.<sup>15</sup>

Erkell: *"Det vi ser i cellen visar inga tydliga hierarkier; det vi ser är gener som är kopplade till varandra i skalningsinvarianta komplexa nätverk".*

Nej, Erkell, fel ordval. Du menade "Det jag ser i cellen...". Ditt tal om "skalningsinvarianta nätverk" och "fraktal struktur" är ännu ett par i raden av dina diffusa begrepp. Det har du din fulla rätt att framföra, men inte under förespeglning av vetenskaplighet.

Erkell: *"Du gör samma felaktiga analogislut som du brukar: du tycker att cellens genetiska system liknar ett designat hierarkiskt informationsbehandlingssystem, alltså är det ett designat hierarkiskt informationsbehandlingssystem."*

Föreställningen att hierarkiska system som levande organismer skulle kunna skapas genom minimala additiva små förändringar är en myt som faller på sin egen orimlighet. Om inte just detta varit den bärande idén bakom evolutionsteorin hade den varit förlagd till pappersåtervinningen för länge sedan. Erkells enda försvar består i att ifrågasätta om levande organismer verkligen är hierarkiskt uppbyggda. Ty detta väletablerade faktum<sup>16</sup> förefaller i Erkells värld vara ännu ett kreationistiskt påhitt vid sidan av den genetiska informationen. Man kan bara undra hur långt han är beredd att gå för att motivera sina ståndpunkter.

Erkell: *"För andra kan du aldrig bevisa något med analogier."*

Jag har inga ambitioner att bevisa någonting. Jag påvisar att design är ett mer relevant alternativ än slump och urval. Och motiverar också varför skälen till det är överväldigande.

## Om fylogener

Erkell tonar ner konflikten mellan traditionell morfologisk systematik och molekylärgenetiskt baserad systematik. Han länkar till sin egen webbsida där han har wikipediareferenser som styrker samstämmigheten mellan ett par fylogener (släkttavlor) baserade på DNA-sekventiering och motsvarande fossila fylogener.

Det är den klassiska propagandabilden av en mycket mer komplex verklighet. Som jag tidigare har påtalat: Grundproblemet är att en gen ger en bild av "livets träd", nästa gen ger en helt annan bild<sup>17</sup>.

---

<sup>14</sup> [http://www.cell.com/molecular-cell/abstract/S1097-2765\(13\)00139-1](http://www.cell.com/molecular-cell/abstract/S1097-2765(13)00139-1)

<sup>15</sup> <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12972500>

<sup>16</sup> <https://www.mechanobio.info/topics/cellular-organization/>

<sup>17</sup> Arcady R. et al, "Large Scale Taxonomic Profiling of Eucaryotic Model Organisms: A comparison of Orthologous Proteins Encoded by the Human, Fly, Nematode and Yeast Genomes", *Genome Research* 8 (1998):590-598.

Degnan J.H. et al, "Gene Tree Discordance, Phylogenetic Inference and the Multispecies Coalescent", *Trends in Ecology and Evolution* 24 (2009): 332-340.

Baptiste E. et al, "Networks: Expanding Evolutionary Thinking", *Trends in Genetics* 29(aug 2013): 439-441.

Lawton G., "Why Darwin Was Wrong about the Tree of Life", *New Scientist* (21 jan 2009): 34-39

Båda kan inte vara rätt. Hur vet vi att inte båda är fel? En artikel från 2012 kan sammanfatta den verklighet som Erkell inte vill kännas vid:

*"fylogenetiska konflikter är vanliga, och ofta regeln snarare än undantaget..."*

eftersom

*"...inkongruens mellan fylogener erhållna från morfologiska kontra molekylära analyser, och mellan träd baserade på olika delmängder av molekylära sekvenser har blivit alltmer påtagliga i takt med att datamängden expanderat snabbt både vad gäller karaktärer och arter"<sup>18</sup>*

vilket understryker Michael Lynch's tidigare observation:

*"...analyser baserade på olika gener – till och med olika analyser av samma gener... kan ge "en mångfald av fylogenetiska träd"<sup>19</sup>*

Eftersom föreställningen om gemensam härstamning närmast är att beteckna som ett paradigm inom modern evolutionsbiologi har den här typen av iakttagelser tragiskt nog ingen större betydelse. Oavsett hur stora diskrepanserna är mellan olika släkträd så konstaterar man att någonstans i urskogen så döljer sig det sanna utvecklingsträdet vare sig vi kan urskilja det eller inte. Och diskrepanserna bortförklaras med moderna epicykler i form av "konvergent evolution", "lateral genöverföring" och liknande. Som Casey Luskin träffande nog konstaterar:

*"När data som motsäger ett paradigm förvandlas till evidens för epicyklerna snarare än mot paradigmet är det uppenbart att paradigmet befinner sig i kris. Detta är exakt vad vi ser äger rum med avseende på universell gemensam härstamning."<sup>20</sup>*

## Om fossiler

Erkell: *"Du har alldeles rätt i att jag inte uppdaterat mina uppgifter om när olika fyla först upp i fossilserien, och skälet till det var att det inte behövs för den här diskussionen."*

Erkell anser sig således ha uttryckliga skäl till att inte hålla sig uppdaterad inom de områden han diskuterar. Det är ett märkligt resonemang av en person med anspråk på att göra sig till språkrör för vetenskapen. Nu tror jag inte att det var så han menade, utan det var säkert slarvigt formulerat, men dessvärre kännetecknas Ekells debatteknik av ständigt återkommande tvärsäkra uttalanden i vetenskapens namn som han sedan måste backa ifrån med dimridåer som att det "ändå inte spelar någon roll i sammanhanget". Jo, bäste docent Erkell – det spelar visst roll. Du gör din sak en björntjänst när du hanterar sanningen ovarsamt.

---

<sup>18</sup> Dávalos L. M. et al, "Understanding Phylogenetic Incongruence: Lessons from Phyllostomid Bats", *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society* 87 (2012): 991-1024

<sup>19</sup> Lynch M. "The Age and Relationships of the Major Animal Phyla", *Evolution* 53 (1999): 319-325

<sup>20</sup> Luskin Casey, *Theistic Evolution – A Scientific, Philosophical and Theological Critique* (2017) s. 393, ISBN 978-1-4335-5286-1

Erkell är en mästare i själv motsägelser när han upplever sig trängd. Han accepterar att mönstret i de kambriska fossilen är "top-down", samtidigt som han vidhåller att det vittnar om en gradvis ökning av den biologiska komplexiteten. Hela hans resonemang bygger på förhoppningen om de myriader av hypotetiska mellanformer som bländar oss med sin frånvaro i de kambriska lagren.

Jag brukar vara noggrann med att markera avbrott i citat och beklagar om jag missat det vid ett par tillfällen. Det torde framgå med önskvärd tydlighet att syftet med mina citat var att understryka de kambriska fossilens top-down-mönster, inte att påskina att forskarna skulle betvivla darwinismen (vilket de i och för sig borde).

### Om agenten

Erkell: *"Hur kan man göra en prediktion med utgångspunkt från en okänd agent med okända egenskaper?"*

I artikelns slutord verkar emellertid Erkell ha insett att det resonemanget är irrelevant. Han borde korrekturläsa sina alster innan han publicerar.

Agenten i fråga är bättre känd än Erkell anar. Hans intelligens, makt och visdom är fullt uppenbar i den skapelse Han är upphovet till. Den avspeglar sig i en djupt rationell, sinnrik och ändamålsenlig skapelse, sprängfylld av meningsfulla strukturer som i sin tur bygger på svindlande mängder av komplext och hierarkiskt anordnad meningsbärande information. Det är dessa egenskaper hos skapelsen (givetvis inte Skaparen) som utgör utgångspunkten för ID:s framgångsrika prediktioner.

Erkell nämner trosvisshet på ett nedlåtande sätt, som om det vore ett fult ord. Varför det? Det är den egenskap som framför andra driver forskaren och forskningen framåt. Mållösa och trosfattiga forskare får inga nobelpris.

### Vem grumlar debatten?

Erkell hävdar att jag grumlat debatten genom att föra in den på *"diverse i sammanhanget irrelevanta ämnen"*, som kambriska fossil, Dawkins vessla, alternativ splitsning, genetisk 'erosion' och givetvis odefinierad 'information' i stället för den specifika frågeställningen om proteiner kan evolvera nya funktioner. I fallet med Dawkins vessla motiverade jag denna utvikning med en separat not<sup>21</sup> eftersom Erkell anförde den som ett viktigt argument en annan av hans artiklar som han refererade till. För övrigt kan vem som helst försäkra sig om att jag inte infört något argument *ad hoc*, utan alltid i syfte att belysa Erkells olika uttalanden. Att han sedan väljer att starta och fullfölja detaljdiskussioner på dessa områden kan jag inte rå för. Det hade han kunnat undvika.

Nu vill Erkell tydligen få det att låta som att jag för in debatten på andra områden än proteinevolution för att undvika en saklig diskussion på detta område, vilket var och en kan konstatera är helt fel. Jag

---

<sup>21</sup> [http://www.gschmidt.se/Skapelsefragan/Artiklar\\_Debatter/2014-2015/Kan\\_proteiner\\_evolvera/Kan\\_proteiner\\_evolvera.html#1](http://www.gschmidt.se/Skapelsefragan/Artiklar_Debatter/2014-2015/Kan_proteiner_evolvera/Kan_proteiner_evolvera.html#1)

har däremot på punkt efter punkt bemött hans argument och visat var han drar oberättigade och felaktiga slutsatser utifrån empiriska data. Det är nog detta som är långt mer besvärande för honom.

Beträffande Wagners resultat har de 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. Jag har behandlat detta även i mitt inlägg "Om proteiner och nya funktioner".<sup>22</sup>

Jag replikerar: "*Det här var mycket buller för ingenting*". Lars Johan Erkell har i sitt senaste inlägg, i likhet med mutationer, inte tillfört någon ny information: det är en darwinistisk förhoppning att proteiner kan evolvera nya funktioner. Men inte ett dugg mer än så.



---

<sup>22</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).