

Matematički modeli u evoluciji

Jakopec, Martin

Undergraduate thesis / Završni rad

2012

Degree Grantor / Ustanova koja je dodijelila akademski / stručni stupanj: **University of Zagreb, Faculty of Science / Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet**

Permanent link / Trajna poveznica: <https://um.nsk.hr/um:nbn:hr:217:122338>

Rights / Prava: [In copyright](#)/[Zaštićeno autorskim pravom.](#)

Download date / Datum preuzimanja: **2025-02-11**



Repository / Repozitorij:

[Repository of the Faculty of Science - University of Zagreb](#)



SVEU ILIŠTE U ZAGREBU
PRIRODOSLOVNO – MATEMATI KI FAKULTET
BIOLOŠKI ODSJEK

MATEMATI KI MODELI U EVOLUCIJI
MATHEMATICAL MODELS IN EVOLUTION

SEMINARSKI RAD

Martin Jakopec

Preddiplomski studij molekularne biologije
(Undergraduate Study of Molecular Biology)

Mentor: doc. dr. sc. Damjan Franjevi

Zagreb, 2012.

SADRŽAJ

1. UVOD.....	3
1.1 Osnovni matemati ki pojmovi.....	4
2. BIOLOŠKI SUSTAVI	
2.1.Replikacija.....	6
2.2.Spol.....	6
2.2.1. Razvoj i razdioba spolova.....	7
2.3. Altruizam.....	7
2.4. Mikromutacionisti ka teorija i QTNs.....	8
3. DIGITALNI (VIRTUALNI) SUSTAVI	
3.1. Digitalni organizmi.....	10
3.2. Jezik.....	11
4. ZAKLJU AK.....	13
5. SAŽETAK/ SUMMARY.....	14
6. LITERATURA.....	15

1. UVOD

Ovaj rad će prikazati matematički pristup biologiji i evoluciji.

Cilj ovog seminara je pokazati da je život temeljen na ugljiku (carbon-based life) samo jedan od mnogih mogućih evoluirajućih sustava, te da organizmi/sustavi koji se razvijaju kroz vrijeme slijede neka slična tj. univerzalna pravila, koja se u većoj ili manjoj mjeri mogu opisati i/ili objasniti matematičkim/racionalnim modelima.

Nakon kraćeg predstavljanja nekih osnovnih matematičkih pojmova, u prvom dijelu će opisati ona koja na neki od tih principa funkcioniraju u biosferi, a u drugom će predstaviti neke stare i nove platforme za proces evolucije.

Naglasio bih da poanta ovog seminara nije u računanju ili samoj matematici, već matematički opisivim modelima po kojima se sustavi mijenjaju u vremenu.

U fokusu ovog rada zapravo nisu živa bića (biološke vrste), nego principi njihova mijenjanja kroz vrijeme. Ključna *biološka* komponenta ovog rada su sitne biokemijske promjene u kodu, koje rezultiraju nebrojenim taksonomskim koljenima s milijunima različitih vrsta kroz više od 3,5 milijardi godina, koliko traje evolucija života na Zemlji.

Ključni pojmovi radi pojava evolucijskog procesa i razdvajanja istih od semantičkih potrebnih za razumijevanje rada su:

- (i) Život- na ugljiku utemeljeni neprekinuti lanac reproduktivnih ciklusa replicirajućih jedinica koje djeluju u nekom okolišu.
- (ii) Genom - skup svih nukleinskih kiselina koje određuju „genom“ neke jedinke. Slikovito rečeno, od prve do zadnje dušične baze neke jedinke.
- (iii) Jedinka - bilo koji funkcionalan nosač genoma.

1.1. Osnovni matematički pojmovi

Skup

Pod terminom „skup“ (Wilke i Adami 2002) smatramo bilo koju kolekciju M određenih, različitih objekata m naše zamjedbe ili misli (koji se zovu *elementi* skupa M) u cjelini.

pr. $M = T. baccata$, m = bilo koja životinja koja živi na bilo kojoj lokaciji (ne u bilo kojem vremenu).

Objekte skupa također zovemo i članovima. Elementi skupa mogu biti raznih vrsta: brojevi, ljudi, slova abecede, geni, drugi skupovi itd. Skupovi se dogovorno označavaju velikim slovima A, B, C , itd.

Skup, za razliku od multiskupa, ne može sadržavati više identičnih elemenata. To nas dovodi do prvog zaključka, a to je da Život nije multiskup, jer čak niti klonovi nemaju DNA ni proteine u istom kemijsko-strukturnom stanju zbog epigenetičkih utjecaja i ako ništa drugo, imaju različitu vremensku varijablu. No, ako ostanemo na molekularnoj razini ali promijenimo okvire gledanja, unutar Života postoje mnogi multiskupovi. Informacijska komponenta bilo kojeg pojedinog gena u bilo kojoj populaciji bilo koje vrste jest identična. Uzmimo za primjer bakteriju koja posjeduje *lacZ* unutar operona. Taj gen ima točno određeni slijed nukleotida koji je određiti vrstu i redoslijed aminokiselina u β -galaktozidazi. Svakom diobom te bakterije, uz uvjet da se nije dogodila mutacija u tom genu, nastaju nove bakterije s *informacijski* identičnim genom za isti protein. Kad bismo na polovicu hranjive podloge dodali radioaktivno obilježene dušične baze, dobili bismo polovicu bakterija koje imaju isti, ali ne i identični *lacZ*.

Ako je svaki član skupa A također član skupa B , tada se za A kaže da je podskup od B , piše se $A \subseteq B$, te izgovara *A je sadržan u B*. Može se, također, zapisati $B \supseteq A$ što se čita kao *B je nadskup od A, B uključuje A* ili *B sadrži A*. Relacija između skupova uspostavljena sa \subseteq zove se inkluzija.

npr. Sive ptice su podskup skupa ptica. Ptice (Aves) su podskup carstva Animalia.

Relacije među skupovima u biološkom smislu su najčešće spominjane kod uspostavljanja taksonomskih odnosa.

Funkcija ili preslikavanje je jedan od najvažnijih matematičkih pojmova koji predstavlja preslikavanje elemenata iz jednog skupa/domene u drugi skup/kodomene.

Ne toliko strogo matematičkim riječima, možemo reći da je funkcija svojevrsan „put“ neke varijable/elementa iz jedne domene u drugu. Gen je element, varijabla. U trenutku transkripcije, RNA-polimeraza obavlja funkciju prevođenja DNA poruke u RNA poruku. Kasnije, ta ista RNA posluži kao šablona za sastavljanje proteina. To su primjeri dvije funkcije, koje zajedno čine algoritam.

Algoritam ili postupnik je konačan slijed definiranih naredbi (funkcija i/ili operacija) za ostvarenje zadatka, koji je za dano početno stanje obaviti niz funkcija (terminirati) do nekog definiranog konačnog stanja.

Embriološki razvoj možemo promatrati kao izuzetno složen biokemijski algoritam razvoja neke jedinice.

Koje su glavne karakteristike nekog evlucijskog procesa? Prvo, mora postojati jedinica (replikator/umnoženik) koja se može vjerno umnožiti ili biti vjerno umnožena. U biokemijskom smislu, to su geni (koji čine genome), neovisno o formatu (RNA/DNA) kojim su kodirani. U širem biološkom smislu, to su i obrasci ponašanja među životinjama, a u najširem smislu, to su i računalni programi, jezici, ideje i možda još mnogo toga.

Glavna načela evlucijskog procesa su: postojanje replikatora, odabiranje (prirodna selekcija) i fiksiranje poželjnih svojstava, te održavanje dinamičke ravnoteže.

2. BIOLOŠKI SUSTAVI

2.1. Replikacija

U biologiji, razlikujemo dva glavna oblika razmnožavanja: nespolno i spolno. Funkcija razmnožavanja jest vertikalni prijenos nasljedne tvari u novu generaciju. Nespolno razmnožavanje stvara klonove, dok spolni oblik stvara nove jedinke. Kod nespolnog razmnožavanja, srodnost nove stanice erisa stanicomajkom je 100%, odnosno 1/1. Kod spolnog oblika razmnožavanja, nova jedinka je srodna 50% s jednim i isto toliko s drugim roditeljem. Osim u slučajevima kromosomskih aberacija, polovina nasljednog materijala stigla je od svakog roditelja.

Nadalje, osim mutacija, spolno razmnožavanje nudi dva nova oblika varijacije, a to su nasumična raspodjela haploidnog broja kromosoma pri nastanku gameta i crossing-over.

Slijede i inženice, uviđamo da spolni oblik razmnožavanja rezultira s puno više novih kombinacija gena, stvaraju i tako širi skup jedinki koje služe kao temelj za evolucijski proces.

2.2. Spol

Zašto postoje samo dva spola? Kod mnogih algi, protista i posebice gljiva, postoje morfološki iste jedinke različitih „parentipova“, recimo +/- ili a/b/c. Treba napomenuti da se svaka od gameta različitih tipova sparuje isključivo sa suprotnom tj. različitom gametom, umjesto s gametom istog tipa.

U slučaju da je vrijeme za parenje kratko i da nema puno prilika za susret s partnerom, gamete rjeđih tipova su u objektivnoj prednosti, jer je statistički vjerojatnije naći partnera suprotnog tipa, nego najzastupljeniji tip u populaciji. To će rezultirati povećanjem zastupljenosti rjeđih tipova u populaciji, sve dok se ne dosegne ravnoteža jednake zastupljenosti parentipova u populaciji. Međutim, vrlo rijetki parentipovi se mogu izgubiti genetičkim driftom (Futuyma 1997).

U drugom slučaju, gdje je vrijeme za parenje dovoljno dugo i cijena traženja prihvatljivog partnera nije visoka, ponovno se događaju stvari. Ovaj put svaka stanica rijetkog parentipa uspijeva pronaći svog partnera, dok je jedino najzastupljeniji parentip onaj koji ostaje u stalnosti u populaciji kontinuirano smanjuje. Taj proces se ponavlja sve dok u populaciji nisu dominantna dva parentipa jednake zastupljenosti i rijetki parentipovi s manjom zastupljenosti. Utjecajem genetičkog drifta, rijetki parentipovi se eventualno izgube, a u populaciji postoje samo dva parentipa tj. spola.

2.2.1. Razvoj i razdioba spolova

Bjelodano je da su se spolovi razvili iz germinativnih linija stanica. Također, filogenetski, a i drugi dokazi upućuju na to da su se današnji anizogametni stanovnici Zemlje razvili iz svojih izogametnih predaka (Dawkins 2006). U evolucijskom kontekstu, anizogamija je gotovo neizbježna. Bilo kakav odmak od harmonijske veličine gamete rezultira u gradacijskom promjenom u zastupljenosti. Jedinke koje proizvode veće gamete s više hranjivih sastojaka vjerojatno će imati više potomaka koji će preživjeti i prenijeti svojstvo u sljedeću generaciju. S druge strane, jedinke koje proizvode manje gamete, ali u većoj količini, povećavaju broj mogućih oplodnji, djeluju i tako u svoju korist. Jedino „me uspol“ parentipovi koji su ostali na proizvodnji „harmonijskih“ gameta, ne profitiraju ni od čega. Oni niti imaju prednost bogatijeg hranjivog okoliša, niti povećan broj gameta što vodi, polaganom ili bržem, potpuno sigurnom istiskivanju tog parentipa iz populacije.

Dawkins (2006) ističe da nije samo veličina gameta ta koja je presudna. Bilo koje svojstvo koje posjeduju parentipovi može biti iskorišteno kao temelj za razdvajanje spolova i/ili uloga, bilo to proizvodnja strukturno/kemijski različitih gameta, ulaganje u „borbu“ ili brigu za potomstvo, ili nešto treće.

2.3. Altruizam

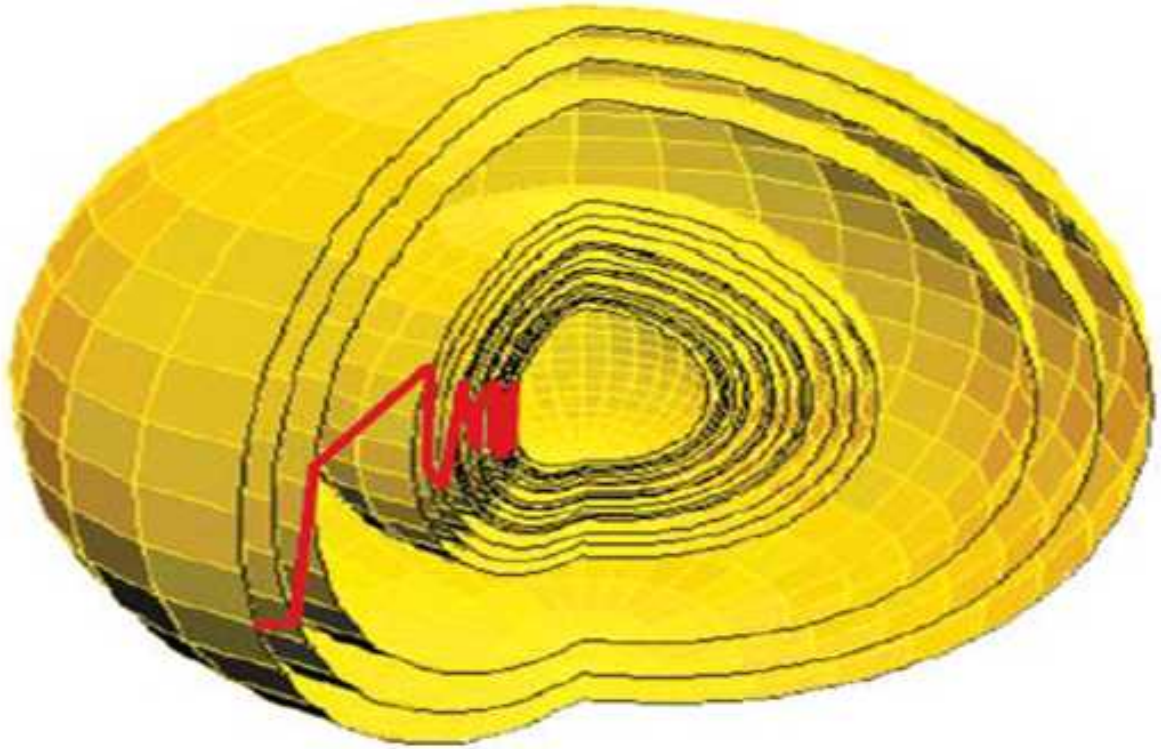
Altruizam podrazumijeva činjenje dobrobiti nekoj zajednici nauštrb vlastite dobrobiti. Primjeri za altruizam u prirodi su brojni: od roditeljske skrbi, do pomaganja i davanja hrane manje sposobnim jedinkama populacije itd. Glavno pitanje ovdje jest kako to, da u darvinističkom sustavu, koji favorizira opstanak najprilagođenijih, možemo otkrivati altruizam? Zašto jedinke koje ulove više hrane, ne bi pojele svu hranu, ili je uništile, kako ne bi bila na raspolaganju konkurenciji? Odgovor je taj da je altruizam zapravo proširena karakteristika osobne koristi, ali samo kad je riječ o pomaganju jedinkama u srodstvu. Brat koji pomaže sestri (koja je statistički 0.5 njegov genom), zapravo „investira“ u kopije gena koje i on nosi.

Takav gen ili set gena se može raširiti po populaciji i postati fiksiran, zato što je moguće da si članove rodbine jedinki pomažu i tako kao tim bolje prosperuju. Suradnja je u biološkom svijetu favorizirani oblik ponašanja, koji često nosi veću dobit od sebičnog djelovanja.

Što se tiče kriterija broja potomstva, dobar primjer su pčele radilice, koje nemaju vlastitog potomstva, dakle ne prenose nasljednu informaciju u sljedeću generaciju. No, altruizam radilica koje se brinu za potomke posljedica je njihova genetskog ustroja, koji djeluje tako da osigura zalihu istih gena kroz njihove neakinje, i to u većoj mjeri nego što bi to bilo kad bi radilice imale vlastitu djecu s trutovima.

2.4. Mikromutacionisti ka teorija i QTN

Mikromutacionisti ka perspektiva je sinteza biometrijske i mendelovske genetike. Temelji se na infinitezimalnom modelu izvedenom iz Fisherovog poligenuskog modela nasljeivanja: kontinuirane varijacije i velik broj mutacija infinitezimalnog efekta. Infinitezimalna teorija je potaknula ubrzan razvoj kvantitativne genetike. Fisherov geometrijski model pretpostavlja da je veina korisnih mutacija bitno malog učinka.



Slika 1. Adaptacija prema Fisherovom geometrijskom modelu

Radi jednostavnosti, promatrani organizam sastoji se od samo tri karakteristike. Vanjski plašt sfere je ishodišna točka populacije, koja prihvatanjem/fiksacijom korisnih mutacija (crveni vektori), evoluira prema fenotipskom optimumu u središtu sfere. Korisne mutacije postaju rjeđe i sve manje učinka kako se populacija bliži optimumu.

Motoo Kimura zalaže se za neutralnu teoriju evolucije i smatra da je veina mutacija nakupljenih tijekom evolucije neutralna ili gotovo neutralna. Mutacije malog učinka su jako ugrožene i mogu se izgubiti zbog genetičkog drifta kad su rijetke, vjerojatnije je da mutacije umjerenog učinka dominiraju u adaptivnoj fiksaciji. Allen Orr govori o nekoliko mutacija malog učinka i nekoliko mutacija velikog učinka, te njihovoj eksponencijalnoj distribuciji.

Prije 20 godina uočavaju se nedostaci infinitezimalnog modela zbog otkrivanja LKS (eng. quantitative trait loci = lokusi za kvantitativna svojstva). Otkriva se jedan LKS velikog učinka za drugim i postupno je uspjeh u otkrivanju LKS doveo do novog konsenzusa: aleli s dokazano velikim učinkom promatraju se kao norma, a ne iznimke. LKS su dijelovi DNA koji sadrže ili su povezani s ishodišnim genima nekog kvantitativnog svojstva, građanima od NKS

(nukleotidi za kvantitativna svojstva). Kvantitativna (kontinuirana) svojstva pod kontrolom su velikog broja gena (*malog* i *velikog* u inka), te vanjski uvjeti utječu na njihovu ekspresiju. U tome su (Rockman 2012) različitosti u odnosu na kvalitativna (diskontinuirana) svojstva koja imaju jednostavan odnos gen/svojstvo, a najčešće genotip proizvodi samo jedan fenotip.

Potragu za ključnim alelima, koji su temelj za nasljedne varijacije unutar populacija i različitosti među njima nazivamo *QTN programom* i trenutno je predmet velikog interesa u evolucijskim istraživanjima u kojim se pokušava identificirati molekularna baza za fenotipsku evoluciju i pokušava se procijeniti uloga evolucijskih sila. U evolucijskoj biologiji 20.st. dogodio se pomak prema mišljenju da su aleli velikog u inka primarni molekularni supstrati za evoluciju. No, ne smijemo zanemariti (Rockman 2002) činjenicu da evolucija može ići preko velikog broja poligena s malim učincima, koji se ne mogu individualno detektirati. NKS programom želi se objasniti izvor varijacija unutar vrste i identificirati mehanizam koji može vjerno prenositi osobine s jedne generacije na drugu. Pretpostavka je da će u određenom trenutku katalog NKS biti dovoljno velik da bi se trebao moći vidjeti određeni uzorak. Brojne su zamjerke NKS programa (ne mogu se detektirati lokusi malog u inka, upitno je jesu li lokusi koje mi danas možemo mapirati samo molekularni aleli koji odgovaraju atipičnim vidljivim polimorfizmima, a ako su NKS velikog u inka jedini koje možemo mapirati, pitanje je govori li nam njihovo otkriće nešto o njihovoj općenitosti) zbog kojeg ipak statistička genetika odnosi prednost naspram NKS programa.

Neovisno o NKS programu, Stern i Orgogozo (2008) objavljuju katalog evolucijski relevantnih mutacija opisanih do danas.

3. VIRTUALNI/DIGITALNI SUSTAVI

3.1. Digitalni organizmi

Digitalni organizmi su samorepliciraju i kompjuterski programi koji mutiraju i evoluiraju. Po kompleksnosti evolucijske dinamike mogu se usporediti virusima i bakterijama. Prema Wilkeu i Adamiju (2002), možemo ih smatrati „domesticiranim kompjutorskim virusima koji žive i adaptiraju se u kontroliranoj okolini“. Digitalni organizmi omogućuju prouavanje evolucijske biologije oblika života koji nemaju zajedničke pretke s oblicima života temeljenim na ugljiku (carbon-based life forms). Prouavanjem evolucije digitalnih organizama možemo razlikovati osnovne principe evolucije od povijesnih neznogoda (primjerice izumiranje dinosaura), specifičnih za biokemijski život. Prouavanjem digitalnih organizama započelo je prije 12 godina, no tek u novije vrijeme eksperimenti su dosegli razinu sofisticiranosti koja se može uspoređivati s eksperimentima na bakterijama i virusima. Suvremena istraživanja digitalnih organizama bave se problematikom dugoročne evolucijske adaptacije i rastom kompleksnosti unutar evoluirajućih sustava, prouavanjem uzoraka epistatskih interakcija u različitim genetičkim okruženjima, te dinamikom kvazi-vrsta.

Kvazi-vrste su skupovi srodnih elemenata koji djeluju na gotovo isti način. Pojam kvazi-vrsta (Novak 1992) prvi je uveo Manfred Eigen, kako bi opisao evoluciju prvih makromolekula na Zemlji. Dva su kriterija koja trebaju biti zadovoljeni da bi nešto bilo kvazi-vrsta, a to su: dovoljno visok (ali ne prevelik) broj mutacija po jednom ciklusu replikacije; i dovoljno visok i broj jedinki koje čine kvazi-vrstu. Kasnije se termin primjenjuje za opisivanje i prouavanje evolucije virusa unutar domaćina, a posebno je relevantan za RNA-viruse (koji u potpunosti ispunjavaju oba kriterija). Značaj modela kvazi-vrsta je u tome što on predviđa selekciju koja djeluje na skupove mutanata, umjesto na neku specifičnu sekvencu, kao što bi to primjerice bio alel koji uzrokuje srpastu anemiju. Još je jednu stvar važnu istaknuti za kvazi-vrste, a to je da se preko njih može proučavati mutacijsko-seleksijski balans za haploidne organizme.

Za evoluciju, kao opservacijsku i teoretsku znanost, eksperimentalno provjeravanje evolucijskih mehanizama predstavlja izazov zbog više razloga, poput činjenice da većina organizama ima duga generacijska vremena što predstavlja problem kod usporedbe, postoje poteškoće kod određivanja važnih parametara kao što su brzine mutacija ili vrijednosti sposobnosti preživljavanja. Generacijska vremena digitalnih organizama izražavaju se u sekundama i mjerenja se mogu provoditi sa stopostotnom preciznošću. Digitalni organizam u kontroliranom okolišu mora proizvesti kopiju svog „genoma“ kako bi se reproducirao. Do selekcije dolazi zbog prostornih ograničenja okoline u kojoj se digitalni organizmi nalaze. S „ranjanim“ novog organizma (stvaranja nove kopije), iz kontrolirane okoline se uklanja jedan nasumično odabran stariji organizam. S vremenom, organizmi koji proizvode više potomaka zamjenjuju manje učinkovite replikatore u populaciji.

Mutacije u digitalnim organizmima mogu biti implicitne mutacije uzrokovane pogreškom u algoritmu za kopiranje ili eksplicitne pogreške u genomu do kojih dolazi tijekom

procesa kopiranja, te eksplicitne mutacije u obliku nasumi nih promjena u genomu organizma neovisnih o procesu kopiranja (npr. uzrokovane zra enjem), nasumi ne delecije ili insercije. Brzine eksplicitnih mutacija su pod kontrolom istraživa a, dok se implicitne mutacije ne mogu kontrolirati.

S obzirom da digitalni organizmi žive u potpuno umjetnom svijetu, svaki zaključak izveden iz eksperimenta na digitalnom životu je potencijalno samo rezultat specifi nih izbora tog digitalnog svijeta. No, upravo ta „mana“ digitalnog života je i njegova najveća prednost. Usporedbom rezultata (Wilke i Adami 2002) unutar širokog opsega parametara postavki u digitalnom svijetu, rezultata dobivenih proučavanjem biokemijskih organizama, i rezultata matematičkih teorija, moguće je razlučiti općenita pravila od efekata specifi nih za određeni modelni organizam.

3.2. Govor/jezik

Govor je zvučni komunikacijski kanal među pripadnicima ljudske vrste, dok jezik podrazumijeva govor, ali i pisani, slikovni ili znakovni sustav sporazumijevanja. Za razliku od ostalih životinjskih vrsta, rije su sposobnosti komuniciranja zatvorene, tj. imaju ograničen broj informacija/izraza koje mogu prenijeti i uglavnom su genetski/okolinom određene i uvjetovane, jezik je izuzetno kompliciran sustav.

Baš poput bioloških vrsta, tako se i jezici iz nekog ishodišnog oblika jezika mijenjaju, stvaraju i tako nove jezike, ili pak izumiru. Promjene u jezicima nisu uzrokovane mutacijama u genomu, nego najčešće dolaskom govornika drugog jezika na područje stanovanja ljudi koji ne govore tim jezikom. Primjer za to nalazimo u ekspanziji latinskog u prvim stoljećima n.e., kad su mnogi jezici južne i zapadne Europe bili zatrti od rimskih osvajača. No, iako je takav razvoj situacije narušio jezikoslovnu raznolikost tog geografskog područja, istovremeno je na neki način povezoao ljude s različitim krajevima. Iako i danas (Matasović 2001) europski jezici imaju mnoge riječi čiji korijen je latinski, a većina suvremenih europskih jezika je preuzela/zadržala sintaksu i gramatiku latinskog jezika.

Način nastanka novog jezika iznimno je sličan procesu specijacije u bioloških vrsta.

Za ilustraciju možemo uzeti primjer hipotetske mezolitičke zajednice: ako se jedan dio skupine odseli dovoljno daleko, sustav izražavanja te skupine može se nastaviti razvijati različito od jezika skupine koja se nije odselila. Poanta je da više nema nikakvog jezičnog kontakta među izvornim skupinama, pa se protokom vremena iz izvornog jezika razvijaju dva nova, a razlika se sličnost/različitost može utvrditi usporedbom oba jezika s izvornim jezikom.

Pitanje porijekla jezika je, poput svih takvih pitanja, još uvijek sporno. Dva su glavna pravca koja to razmatraju: kontinuitetni i diskontinuitetni. Prvi pretpostavlja da je jezik svojstvo koje postupno evoluiralo, od naših predaka primata, dok drugi zauzima poziciju da je to isključivo ljudsko svojstvo, nastalo nekom nasumičnom mutacijom. Istina je najvjerojatnije negdje između, no ovdje će biti slijeden prvi pristup.

Neki autori smještaju za etak pred-jezikolikih sustava ve kod *Homo habilisa* (pred 2 milijuna godina), dok su prvi formalno simboli ki govorni sustavi karakteristi ni za *H. Erectusa* i *H. Heidelbergensis*. Po etkom pravog govora (Matasovi , 2001) smatra se gornja paleolitska revolucija, koja se zbila kod pripadnika naše vrste prije otprilike 100 000 godina.

Na svijetu postoji oko 3000-7000 jezika koji se govore, a oni se mogu taksonomski razvrstati u različite porodice i skupine.

Uvjeti za razvoj jezika bili su pomicanje kralježnice, povećanje volumena mozga (eksponencijalni porast novih mogućih sinaptičkih veza) i promjena glasovnog aparata. Jednom kad se to dogodilo, jezici su se mogli po eti formirati. Jezik nije genetski, nego isključivo društveno varijabilno svojstvo, što pridonosi tezi o drugom replikatoru tj. memu. Djeca u e jezik slušanjem ostalih članova zajednice i oponašanjem. Osim toga, dijete kineskih roditelja u eno švedski od samog ro enja, govorit e švedski.

Osim uo ljivih promjena u glasovima, rije ima ili na inu govora, jezici se u vremenu mijenjaju i po sintakti koj i gramati koj liniji. Hrvatski jezik kojim je napisan ovaj rad je druk iji od hrvatskog jezika na kojem su pisana renesansna djela iz 16. st. u Dubrovniku, a oba su puno različitija od jezika Baš anske plo e.

Stopa promjene jezi nih sustava nije uvijek ista. U nepisanim društvima prošlosti, jezi ne promjene nisu bile ni im sputavane, dok se izumom pisma i pismohrane (koji uvaju starije jezi ne oblike) ta stopa usporava. U suvremenom svijetu, gdje dominira komunikacija elektronskim putem i gdje se poruke s jednog kraja svijeta šalju na drugi u sekundi, jezicima se otvara mogućnost brže izmjene informacijskog sadržaja.

Jezik je, dakle, vrlo trodimenzionalan evoluiraju i (prema kriterijima govornika/ itaoca) sustav, samo što se promjene u „genomu“ doga aju (i mogu o itati) tek pri promjeni službenog pravopisa.

4. ZAKLJUČAK

U zadnje vrijeme postoji sve više dokaza da razvoj života temeljenog na ugljiku nije nužno jedini takav proces koji se odvija. Tijekom posljednjih 150 godina, teorija evolucije je objasnila porijeklo i interakcije milijuna živih i izumrlih vrsta. Srazmjerno velika količina fosilnog materijala i posebice molekularna istraživanja, postavili su živa bića u srodne odnose i rasvijetlili povijest njihova razvoja.

U srži evolucije nalazi se varijacija, koja je uvjet za nastanak različitih bića i vrsta. Replikacija, proces nastanka nove jedinke, digitalan je proces, koji opisuje eksponencijalnu funkciju.

Spolni na in razmnožavanje/replikacije povisuje mogućnost varijacije do nesluženih razmjera, otvaraju i prilike za nove oblike života.

Etološka i sociobiološka istraživanja pokazala su postojanje evolucijski stabilnih strategija, koje, baš poput alela (a zahvaljujući njima), postanu fiksirane u nekoj populaciji ili se izgube.

Recentnija istraživanja o prirodi evolucijskog procesa prebacila su se u sferu računalnih programa, umjetne inteligencije i strojnog učenja, te pružaju priliku za proučavanje srži evolucijskih procesa, bez povijesnih biokemijskih slučajnosti.

Jezik je također jedan od evoluirajućih virtualnih sustava, i slijedi osnovna načela evolucijskog procesa. Iako mehanizmi razvoja i tijeka jezika nisu istovjetni biološkoj evoluciji, ipak su analogni i pokazuju da postoji bar još jedna evolucijska platforma, koja nije uvjetovana dušičnim bazama. Također, evidentno je da se u posljednjih nekoliko desetaka tisuć godina od jednog ili nekoliko iskonskih načina izražavanja stanja, osjećaja i misli razvila mreža od više tisuć jezika s više tisuć dijalekata i formi, te da isti proces traje i danas. Dokaze o izmjeni informacijskog materijala riječi, jezika i govornih sustava čak ne treba ni tražiti – oni su svuda oko nas, samo ih treba primjetiti.

Iako još uvijek nemamo opipljivi, tvrdi dokaz, sva je prilika da je evolucija univerzalna pojava, koja se odvija prema više ili manje točno određenim pravilima.

5. SAŽETAK

Rad obrađuje matematičke modele u evolucijskoj znanosti. U prvom dijelu, raspravlja se o ključnim biološkim temama: replikaciji, spolu, srodstvu i altruizmu, te mogućnosti određivanja matematičkih parametara kod istih. Drugi dio obrađuje temu virtualnih (ne-bioloških) sustava i to na dva primjera: digitalni organizmi i važnost njihova istraživanja, i jezik, kao sustav koji evoluirao.

SUMMARY

This paper regards mathematical models in evolutionary science. In first part, crucial biological subjects are being presented: replication, sex, kinship and altruism, as well as possibilities to define mathematical parameters of those. Second part takes focus on virtual (non-biological) systems on two examples: digital organisms and the importance of research on them, and language, as an evolving system.

6. LITERATURA

1. Wilke, C.O., Adami, C. (2002). *The biology of digital organisms*. TRENDS in ecology & evolution.
2. Rockman, M. V. (2012). *The QTN Program and the alleles that matter for evolution: All that's gold does not glitter*. Evolution. Str. 1–17.
3. Wilke, C.O. (2005). *BMC Evol. Biol.* Str.44
4. Novak, M.A. (1992). *Trends in Ecology & Evolution* Str.118-121
5. Dawkins, R. (2007). *Sebi ni gen*. Izvori. Zagreb.
6. Matasovi , R. (2001). *Uvod u poredbenu lingvistiku*. Matica hrvatska. Zagreb.
7. Futuyuma, D. J. (1997). *Evolutionary biology*. Sinauer Associates. Sunderland, Massachusetts.