

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://urn.nsk.hr/um:nbn:hr:217:122338>

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

Download date / Datum preuzimanja: **2024-05-08**



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 slike na tj. univerzalna pravila, koja se u većoj ili manjoj mjeri mogu opisati i/ili objasniti matematičkim/razumljivim modelima.

Nakon kraće predstavljanja nekih osnovnih matematičkih pojmova, u prvom dijelu ćemo opisati na koji način neki od tih principa funkcioniraju u biosferi, a u drugom ćemo predstaviti neke stare i nove platforme za proces evolucije.

Naglasio bih da poanta ovog seminara nije u rađanju ili samoj matematici, već matematičkim opisivim načinima 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 pojačanja evolucijskog procesa i razdvajanja istih od semantičkih potrebnih za razumijevanje rada su:

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

1.1. Osnovni matemati ki pojmovi

Skup

Pod terminom „skup“ (Wilke i Adami 2002) smatramo bilo koju kolekciju **M** odre enih, razli itih objekata **m** naše zamjedbe ili misli (koji e se zvati *elementi* skupa **M**) u cjelini.

pr. **M** = *T. baccata*, **m** = bilo koja živu a tisa na bilo kojoj lokaciji (ne u bilo kojem vremenu).

Objekte skupa tako er zovemo i lanovima. Elementi skupa mogu biti raznih vrsta: brojevi, ljudi, slova abecede, geni, drugi skupovi itd. Skupovi se dogovorno ozna avaju velikim slovima **A**, **B**, **C**, itd.

Skup, za razliku od multiskupa, ne može sadržavati više identi nih elemenata. To nas dovodi do prvog zaklju ka, a to je da Život nije multiskup, jer ak niti klonovi nemaju DNA ni proteine u istom kemijsko-strukturnom stanju zbog epigeneti kih utjecaja i ako ništa drugo, imaju razli itu vremensku varijablu. No, ako ostanemo na molekularnoj razini ali promjenimo okvire gledanja, unutar Života postoje mnogi multiskupovi. Informacijska komponenta bilo kojeg pojedinog gena u bilo kojoj populaciji bilo koje vrste jest identi na. Uzmimo za primjer bakteriju koja posjeduje *lacZ* unutar operona. Taj gen ima to no odre eni slijed nukleotida koji e odrediti vrstu i redoslijed aminokiselina u -galaktozidazi. Svakom diobom te bakterije, uz uvjet da se nije dogodila mutacija u tom genu, nastat e nove bakterije s informacijski identi nim genom za isti protein. Kad bismo na polovicu hranjive podloge dodali radioaktivno obilježene duši ne baze, dobili bismo polovicu bakterija koje imaju isti, ali ne i identi ni *lacZ*.

Ako je svaki lan skupa **A** tako er lan skupa **B**, tada se za **A** kaže da je podskup od **B**, piše se **A ⊂ B**, te izgovara *A je sadržan u B*. Može se, tako er, zapisati **B ⊃ A** što se ita kao *B je nadskup od A*, *B uklju uje A* ili *B sadrži A*. Relacija izme u skupova uspostavljenu sa \subseteq zove se inkruzija.

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

Relacije me u skupovima u biološkom smislu su naj eš e spominjane kod uspostavljanja taksonomskih odnosa.

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

Ne toliko strogo matemati kim rje nikom, možemo re i da je funkcija svojevrstan „put“ neke varijable/elementa iz jedne domene u drugu. Gen je element, varijabla. U trenutku transkripcije, RNA-polimeraza obavlja funkciju prevo enja DNA poruke u RNA poruku. Kasnije, ta ista RNA posluži kao šablona za sastavljanje proteina. To su primjeri dvije funkcije, koje zajedno ine algoritam.

Algoritam ili postupnik je kona an slijed definiranih naredbi (funkcija i/ili operacija) za ostvarenje zadatka, koji e za dano po etno stanje obaviti niz funkcija (terminirati) do nekog definiranog kona nog stanja.

Embriološki razvoj možemo promatrati kao izuzetno složenbiokemijski algoritam razvoja neke jedinke.

Koje su glavne karakteristike nekog evolucijskog procesa? Prvo, mora postojati jedinica (replikator/umnoženik) koja se može vjerno umnožiti ili biti vjerno umnožena. U biokemijskom smislu, to su geni (koji imaju 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 kulturni programi, jezici, ideje i možda još mnogo toga.

Glavna načela evolucijskog 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 stanicek erisa stanicomajkom je 100%, odnosno 1/1. Kod spolnog oblika razmnožavanja, nova jedinka je srodnja 50% s jednim i isto toliko s drugim roditeljem. Osim u slučaju evima kromosomskih aberacija, polovina nasljednog materijala stigla je od svakog roditelja.

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

Slijede i injenice, uviđamo da spolni oblik razmnožavanja rezultira s puno više novih kombinacija gena, stvarajući 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 sa 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 će statistički vjerovatnije naći partnera suprotnog tipa, nego najzastupljeniji tip u populaciji. To će rezultirati povećanjem zastupljenosti rjeđih tipova u populaciji, sve dok se ne dosegne ravnoteža jednakih 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 događa stvar. Ovaj put svaka stanica rijetkog parentipa uspijeva pronaći svog partnera, dok je jedino najzastupljeniji parentip onaj koji se u estalost u populaciji kontinuirano smanjuje. Taj proces se ponavlja sve dok u populaciji nisu dominantna dva parentipa jednakih 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 neizbjegljiva. Bilo kakav odmak od harmonijske veličine gamete rezultira ugradacijskom 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 oplodnjki, djelujući tako u svoju korist. Jedino „međuspol“ parentipovi koji su ostali na proizvodnji „harmonijskih“ gameta, ne profitiraju ni od njega. Oni niti imaju prednost bogatijeg hranjivog okoliša, niti povećavaju broj gameta što vodi, polaganjem ili bržem, do potpunog sigurnog istiskivanja 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 drugo.

2.3. Altruizam

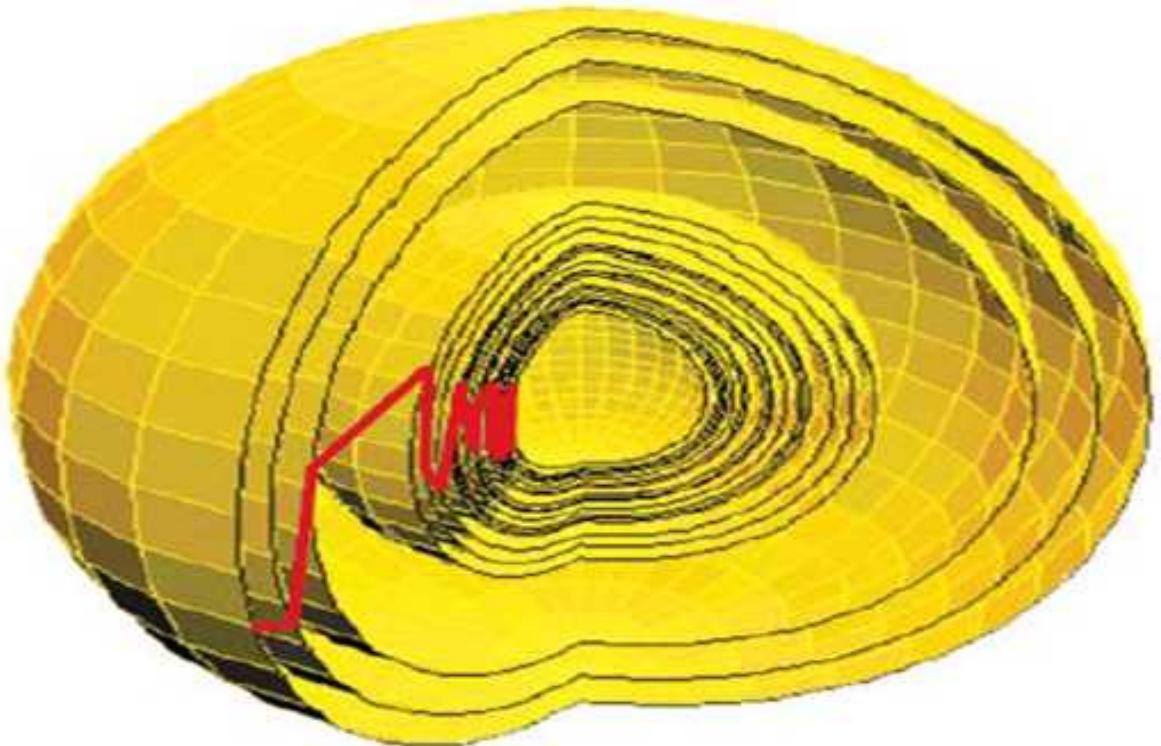
Altruizam podrazumijeva injenje dobrobiti nekoj zajednici nauštrb vlastitodobrobiti. Primjeri za altruizam u prirodi su brojni: od roditeljske skrbi, do pomaganja i davanja hrane manje sposobnim jedinkama populacije itd. Glavno pitanje ovdje jest kako to, da u darvinističkom sustavu, koji favorizira opstanak najprilagođenijih, možemo očekivati altruizam? Zašto jedinke koje ulove više hrane, ne bi pojele svu hranu, ili je uništile, kako ne bi bila na raspologanju 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 njegovog genoma), zapravo „investira“ u kopije gena koje i on nosi.

Takov gen ili set gena se može raširiti po populaciji i postati fiksiran, zato što je moguće da si pridružite rodbine jedinki pomažu i tako kao tim bolje preživjeti. Suradnja je u biološkom svijetu favorizirani oblik ponašanja, koji takođe nosi veću dobit od sebi u pogledu djelovanja.

Što se tiče kriterija broja potomstva, dobar primjer su pojedine radilice, koje nemaju vlastitog potomstva, dakle ne prenose naslijednu informaciju u sljedeću generaciju. No, altruizam radilica koje se brinu za potomke posljedica je njihova genetskog ustroja, koji djeluje tako da osigura zalihi istih gena kroz njihove nećakinje, 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 poligenskog modela nasljeđivanja: kontinuirane varijacije i velik broj mutacija infinitezimalnog efekta. Infinitezimalna teorija je potaknula ubrzani razvoj kvantitativne genetike. Fisherov geometrijski model prepostavlja da će većina korisnih mutacija biti malog učinka.



Slika 1. Adaptacija prema Fisherovom geometrijskom modelu

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

Motoo Kimura zalaže se za neutralnu teoriju evolucije i smatra da je većina mutacija nakupljenih tijekom evolucije neutralna ili gotovo neutralna. Mutacije malog učinka su tako 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 sadrže ili su povezani s ishodišnim genima nekog kvantitativnog svojstva, građenima od NKS

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

Potragu za klju nim alelima, koji su temelj za nasljedne varijacije unutar populacija i razli itosti me u 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 procjeniti 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) injenicu da evolucija esto ide preko velikog broja poligena s malim u incima, 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 e u odre enom trenutku katalog NKS biti dovoljno velik da bi se trebao mo i vidjeti o iti 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 atipi nim vidljivim polimorfizmima, a ako su NKS velikog u *inka* jedini koje možemo mapirati, pitanje je govori li nam njihovo otkri e išta o njihovoj op enitosti) zbog kojeg ipak statisti ka genetika odnosi prednost naspram NKS programa.

Neovisno o NKS programu, Stern i Orgogozo (2008) objavljaju 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 mogu učiniti povećanje evolucijske biologije oblika života koji nemaju zajedničke pretke s oblicima života temeljenim na ugljiku (carbon-based life forms). Povećanje evolucije digitalnih organizama možemo razlikovati osnovne principe evolucije od povijesnih nezgoda (primjerice izumiranje dinosaura), specifičnih za biokemijski život. Povećanje digitalnih organizama započelo je prije 12 godina, no tek u novije vrijeme eksperimenti su dosegli razinu sofisticiranosti koja se može usporediti s eksperimentima na bakterijama i virusima. Suvremena istraživanja digitalnih organizama bave se problematikom dugoročne evolucijske adaptacije i rastom kompleksnosti unutar evoluirajućih sustava, povećavajući 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 im veći broj jedinki koje nose kvazi-vrstu. Kasnije se termin primjenjuje za opisivanje i povećanje evolucije virusa unutar domaćina, a posebno je relevantan za RNA-viruse (koji u potpunosti ispunjavaju obe kriterije). 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 srpsku anemiju. Još je jednu stvar važnu istaknuti za kvazi-vrste, a to je da se preko njih može povećati mutacijsko-seleksijski balans za haploidne organizme.

Za evoluciju, kao opservacijsku i teoretsku znanost, eksperimentalno provjeravanje evolucijskih mehanizama predstavlja izazov zbog više razloga, poput injenice da većina organizama ima duga generacijska vremena što predstavlja problem kod usporedbe, postojeće poteškoće kod određivanja važnih parametara kao što su brzine mutacija ili vrijednosti sposobnosti preživljavanja. Generacijska vremena digitalnih organizama izražavaju se u sekundama i mjerena 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 „ravnanjem“ novog organizma (stvaranja nove kopije), iz kontrolirane okoline se uklanja jedan nasumično odabran stariji organizam. S vremenom, organizmi koji proizvode više potomaka zamjenjuju manje u inkovite replikatore u populaciji.

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

procesa kopiranja, te eksplisitne mutacije u obliku nasumi nih promjena u genomu organizma neovisnih o procesu kopiranja (npr. uzrokovane zrajenjem), nasumi ne delekcije ili insercije. Brzine eksplisitnih mutacija su pod kontrolom istraživača, dok se implicitne mutacije ne mogu kontrolirati.

S obzirom da digitalni organizmi žive u potpuno umjetnom svijetu, svaki zaključak izведен iz eksperimenta na digitalnom životu je potencijalno samo rezultat specifičnih 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 razlutiti općenita pravila od efekata specifičnih 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, nije su sposobnosti komuniciranja zatvorene, tj. imaju ograničen broj informacija/izraza koje mogu prenijeti i uglavnom su genetski/okolinom određene i uvjetovane, jezik je izuzetno komplikiran sustav.

Baš poput bioloških vrsta, tako se i jezici iz nekog ishodišnog oblika jezika mijenjaju, stvarajući 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 zatrati od rimske osvajanja. No, iako je takav razvoj situacije narušio jezikoslovnu raznolikost tog geografskog područja, istovremeno je na neki način povezao ljude s različitim krajevima. A danas (Matasović 2001) evropski jezici imaju mnoge riječi i čiji korijen je latinski, a većina suvremenih evropskih jezika je preuzeila/zadržala sintaksu i gramatiku latinskog jezika.

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

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

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

Neki autori smještaju za etak pred-jezikolikih sustava ve kod *Homo habilis* (pred 2 milijuna godina), dok su prvi formalno simboli ki govorni sustavi karakteristi ni za *H. erectus* i *H. Heidelbergensis*. Po etkom pravog govora (Matasović, 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 (eksponečijalni porast novih mogućih sinaptičkih veza) i promjena glasovnog aparata. Jednom kad se to dogodilo, jezici su se mogli potiski formirati. Jezik nije genetski, nego isključivo društveno varijabilno svojstvo, što pridonosi tezi o drugom replikatoru tj. memu. Djeca uče jezik slušanjem ostalih članova zajednice i oponašanjem. Osim toga, dijete kineskih roditelja uči eno švedski od samog rođenja, govoriti će švedski.

Osim uobičajivih promjena u glasovima, riječima ili načinu govora, jezici se u vremenu mijenjaju i po sintakti koji i gramatičkoj liniji. Hrvatski jezik kojim je napisan ovaj rad je drugi iji od hrvatskog jezika na kojem su pisana renesansna djela iz 16. st. u Dubrovniku, a oba su puno različitija od jezika Baške ploče.

Stopa promjene jezika nih sustava nije uvijek ista. U nepismenim društvima prošlosti, jezici ne promjene nisu bile nikim sputavane, dok se izumom pisma i pismohrane (koji uključuju starije jezike neoblike) 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 evoluirajući (prema kriterijima govornika/ poslužbenika) sustav, samo što se promjene u „genomu“ događaju (i mogu odati) 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. Srazmerno velika količina fosilnog materijala i posebice molekularna istraživanja, postavili su živa bića u srodne odnose i rasvjetlili 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.

Spoljni i razmnožavanja/replikacije povisuje mogućnost varijacije do nesluženih razmjera, otvarajući 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 raznovrstanih programi, umjetne inteligencije i strojnog učenja, te pružaju priliku za proučavanje srži evolucijskih procesa, bez povijesnih biokemijskih službenosti.

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 dušnim bazama. Također, evidentno je da se u posljednjih nekoliko desetaka tisuća godina od jednog ili nekoliko ikonskih načina izražavanja stanja, osjećaja i misli razvila mreža od više tisuća jezika s više tisuća dijalekata i formi, te da isti proces traje i danas. Dokaze o izmjeni informacijskog materijala riječi, jezika i govornih sustava takođe treba 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 obra uje matemati ke modele u evolucijskoj znanosti. U prvom dijelu, raspravlja se o klju nim biološkim temama: replikaciji, spolu, srodstvu i altruizmu, te mogu nosti odre ivanja matemati kih parametara kod istih. Drugi dio obra uje temu virtualnih (ne-bioloških) sustava i to na dva primjera: digitalni organizmi i važnost njihova istraživanja, i jezik, kao sustav koji evoluira.

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. Matasović, R. (2001). *Uvod u poredbenu lingvistiku*. Matica hrvatska. Zagreb.
7. Futuyuma, D. J. (1997). *Evolutionary biology*. Sinauer Associates. Sunderland, Massachusetts.