

Andrzej Stępnik

Geneza kodu genetycznego a dylemat jajka i kury

Od wielu lat obserwujemy w biologii tendencję do twórczego przyśwajania pojęć i narzędzi należących do innych nauk. Jako przykłady można przywołać wykorzystanie teorii gier w biologii ewolucyjnej¹ czy nawiązanie do teorii informacji w genetyce². To właśnie użyciu w genetyce i biologii ewolucyjnej pojęcia informacji, a dokładniej problemowi genezy informacji biologicznej, poświęcony jest niniejszy tekst.

Powszechnie geny uważa się za nośniki informacji, współokreślające strukturę organizmu i schematy jego zachowań. Maynard Smith i Szathmáry wprost mówią o informacji jako o centralnej idei we współczesnej biologii³. Wystarczy wskazać na użycie w biologii molekularnej takich pojęć jak kod, translacja, transkrypcja, komunikat, kontrola (*proofreading*) czy biblioteka. Również w biologii rozwojowej – choć z mniejszą precyzją – stosuje się pojęcia związane z teorią informacji⁴. Na gruncie biologii mamy do czynienia zarówno z czytelnymi odwołaniami do teorii informacji Shannona⁵, jak też z bazowaniem na znaczeniach uchwytywanych

¹ Por. Z. Ernst, *Game Theory in Evolutionary Biology*, w: *The Cambridge Companion to Philosophy of Biology*, pod red. D.L. Hulla, M. Ruse'a, New York 2007, s. 304-323.

² Por. S. Sarkar, *Biological Information: A Skeptical Look at Some Central Dogmas of Molecular Biology*, w: *The Philosophy and History of Molecular Biology: New Perspectives*, pod red. S. Sarkara, Dordrecht 1996, s. 187-231. Polecany tekst zawiera krótką historię wykorzystania pojęcia informacji w biologii, przedstawioną w kontekście krytyki głównego dogmatu biologii molekularnej głoszącego, że informacja przepływa jedynie z kwasów nukleinowych do białek, a nigdy odwrotnie.

³ Por. J. Maynard Smith, E. Szathmáry, *The Major Evolutionary Transitions*, „Nature” 1995, nr 374, s. 231.

⁴ Por. J. Maynard Smith, *Evolution and Information*, w: *Images of the World. Science, Humanities, Art*, pod red. A. Koją, P. Sztompki, Kraków 2001, s. 15.

⁵ Ze względu na to, iż biologiczne rozumienie informacji nie wydaje się ściśle związane z rozumieniem proponowanym przez Shannona, oraz z powodu ograniczonej objętości tekstu, nie będę przedstawiał Shannona teorii informacji. Zainteresowanych czytelników odsyłam do prac autora, w szczególności do: C. Shannon, *The mathematical theory of communication*, „Bell System Technical Jour-

intuicyjnie. „W mowie potocznej – pisze Maynard Smith⁶ – słowo »informacja« jest używane w dwóch odmiennych kontekstach. Może być użyte bez konsekwencji semantycznych; na przykład możemy powiedzieć, że kształt chmury dostarcza informacji, czy będzie padać. W tego typu przypadkach nikt nie pomyśli, że chmura posiada taki kształt dlatego, że niesie pewną informację. W przeciwieństwie do prognozy pogody, która zawiera informację, czy będzie padać, i która ma określoną postać, ponieważ dostarcza informacji. Ta różnica może być wyrażona przez powiedzenie, że prognoza pogody ma charakter intencjonalny, podczas gdy chmura nie ma. Pojęcie informacji używane w biologii jest pierwszego rodzaju – ono implikuje intencjonalność”.

Na gruncie biologii i filozofii biologii toczą się spory o to, czy należy odwoływać się do pojęcia informacji, a jeśli już, to do którego i jakie niesie to za sobą konsekwencje⁷. Na użytek niniejszego tekstu przyjmijmy za Maynardem Smithem, że biologia molekularna wymaga pojęcia informacji, zawierającego wymiar semantyczny. W dalszej części skupimy się na pewnym interesującym zagadnieniu, które wyłania się na gruncie tak rozumianej informacji genetycznej.

Przed postawieniem problemu powinniśmy przyjrzeć się pokrótce budowie kwasów nukleinowych, mechanizmowi kodowania w nich informacji i procesowi syntezy białek, dokonywanemu na bazie tych informacji. Kwasy nukleinowe są polimerami, zbudowanymi z nukleotydów. Każdy nukleotyd składa się z zasady połączonej z cukrem, który z kolei łączy się z resztą fosforanową. Kwas rybonukleinowy (RNA) jako cukier zawiera rybozę, a także adeninę (A), guaninę (G), cytozynę (C) i uracyl (U) jako zasady, natomiast kwas dezoksyrybonukleinowy (DNA) dezoksyrybozę i wszystkie powyższe zasady poza uracylem, który zastąpiony jest tyminą (T). Prawie wszystkie genomy zbudowane są z DNA (wyjątek stanowią niektóre wirusy). DNA ma postać podwójnej helisy, czyli dwóch wijących się wokół siebie łańcuchów polinukleotydów, połączonych za pomocą zasad. Sekwencja trzech kolejnych zasad tworzy kodon, który określa jeden z dwudziestu aminokwasów (np. sekwencja TTT koduje fenyloalaninę)⁸. Niezwykle istotne jest to, że adenina może łączyć się jedynie z tyminą,

nal” 1948, 27, s. 379-423, 623-656. A także do takich opracowań, jak L.D. Ritchie, *Information*, Newbury Park 1991.

⁶ J. Maynard Smith, *The Concept of Information in Biology*, „Philosophy of Science” 2000, nr 67, s. 192-193.

⁷ Por. P. Godfrey-Smith, *Information in Biology*, w: *The Cambridge Companion to Philosophy of Biology*, pod red. D.L. Hulla, M. Ruse’a, New York 2007, s. 103-119.

⁸ Jak nietrudno obliczyć, istnieją 64 możliwości ułożenia trzech kolejnych zasad (gdy dysponujemy tylko czterema rodzajami zasad). Jest ich zatem znacznie więcej niż aminokwasów, dlatego też

a guanina z cytozyną. Dzięki temu możliwe jest odtworzenie drugiego łańcucha nukleotydów wyłącznie na podstawie pierwszego, co skutkuje łatwością kopiowania DNA. Odbywa się to w ten sposób, że enzymy, zwane polimerazami DNA, rozdzielają helisę na pojedyncze łańcuchy, do których dołączają się nukleotydy, tworząc łańcuchy komplementarne i – w konsekwencji – helisy, będące kopiami wyjściowego DNA. Z kolei synteza białek możliwa jest dzięki enzymowi, nazywanemu polimerazą RNA. Enzym ten przesuwa się wzdłuż kawałka łańcucha DNA, odpowiadającemu danemu genowi, syntetyzując komplementarny wobec niego łańcuch matrycowego RNA (mRNA). Ten ostatni przyczepia się do rybosomu, w którym znajdują się poszczególne aminokwasy, doczepione do cząstek tzw. przenośnikowego RNA (tRNA). Kiedy cząstki tRNA rozpoznają kodony na matrycowym RNA, umieszczają aminokwasy w odpowiednim miejscu, w rezultacie czego powstaje cząsteczka białka, której układ aminokwasów jest kopią układu kodonów w wyjściowym genie⁹.

Zatrzymajmy się na chwilę przy zasadności używania pojęcia kodu genetycznego. Maynard Smith dostrzega podobieństwa między ludzkim językiem a językiem genetycznym. Według niego przejawiają się one w następujących punktach¹⁰:

1. Na gruncie obu tych języków można wygenerować nieograniczoną liczbę różnych komunikatów.

2. W obu przekazy są budowane z użyciem niewielkiej, skończonej liczby elementów.

3. Niewielkie zmiany w przekazach mają zasięg lokalny, a nie globalny (np. zmiana jednej zasady skutkuje zmianą jednego aminokwasu w białku)¹¹.

4. W obu znaczenie przekazu jest niezależne od jego formy w tym sensie, że relację pomiędzy wyrazem „pies” a pewnym zwierzęciem ustala jedynie pewna konwencja, z kolei przypisanie aminokwasów poszczególnym kodonom jest arbitralne (tj. nie istnieją żadne oddziaływania fizyczne czy chemiczne wymuszające to przypisanie).

niektóre aminokwasy są kodowane przez więcej niż jeden triplet zasad. Oprócz tego występują trzy kodony oznaczające koniec genu.

⁹ Por. B. S. Guttman, *Ewolucjonizm*, przeł. J. Klag, Gliwice 2008, s. 44-47.

¹⁰ Por. J. Maynard Smith, *Evolution and Information*, s. 16-17.

¹¹ Ten punkt wydaje się dyskusyjny. W komunikacie językowym niewielka zmiana może nieść ogromne konsekwencje dla całego komunikatu (jak chociażby w przypadku dodania bądź usunięcia partykuły „nie”). Podobnie jest w przypadku języka genetycznego. Dodanie jednej zasady na początku lub w środku komunikatu (tj. łańcucha kwasu nukleinowego) zmienia sposób odczytania całego komunikatu, począwszy od dodanej zasady. Sekwencja „TGCACGTTA”, czytana jako „(TGC), (ACG), (TTA)”, po dodaniu na jej początku zasady „A” zostanie odczytana jako „(ATG), (CAC), (GTT)”.

5. Oba są liniowe (jednowymiarowe) – chodzi o to, że przekazy, uzyskane na ich bazie, mają postać ciągu znaków.

Również według Küppersa zachodzi ścisła analogia między mową ludzką a językiem molekularno-genetycznym. Poszczególne nukleotydy odpowiadają literom, kodony fonemom czy morfemom, geny słowom lub zdaniom prostym, chromosomy rozdziałom i wreszcie genom całemu tekstowi. Genotyp, czyli genom wraz z cytoplazmatycznymi nośnikami informacji, stanowi z kolei odpowiednik tekstu opatrzonego komentarzami¹². Informacja genetyczna, podobnie jak informacja, której nośnikami są elementy ludzkiego języka, może być rozpatrywana w trzech aspektach (wymiarach). Aspekt syntaktyczny obejmuje wzajemne relacje między znakami, aspekt semantyczny relacje między znakami a tym, do czego się odnoszą, a aspekt pragmatyczny relacje między znakami a działaniami nadawcy i odbiorcy¹³. Dla Küppersa wszystkie te wymiary są ze sobą na tyle powiązane, że ich wyróżnienie stanowi pewną idealizację: „Zgodnie z powyższą definicją pragmatyczny wymiar informacji zawiera wymiar semantyczny, a ten z kolei – syntaktyczny. I odwrotnie, informacja syntaktyczna pozbawiona jest sensu, o ile odbiorca nie dysponuje uprzednio informacją semantyczną. Do tego, aby dany znak móc rozpoznać jako symbol, niezbędna jest już – jak powiedzieliśmy – pewna wiedza, a mianowicie porozumienie między nadawcą a odbiorcą. Co więcej, informacja semantyczna byłaby nie do pomyslenia bez informacji pragmatycznej, ponieważ rozpoznanie semantyki właśnie jako semantyki musi wywołać u odbiorcy pewną reakcję”¹⁴.

Przełożmy to na język genetyki. Nadawcą informacji będzie tutaj odcinek DNA lub RNA. Odbiorcą przekazu będzie komórka, która – dzięki swojemu wyposażeniu – jest w stanie odczytać, skopiować informację i wytworzyć na jej podstawie odpowiednie białka¹⁵. Jak się okazuje, aby sensownie mówić o kodzie genetycznym i jego nośnikach, należy wziąć pod uwagę elementy zbudowane z białek, odpowiedzialne za dekodowanie informacji genetycznej, a także za jej kopiowanie i wykorzystywanie.

¹² Por. B-O. Küppers, *Geneza informacji biologicznej*, przeł. W. Ługowski, Warszawa 1991, s. 27-39.

¹³ Por. *ibidem*, s. 42-65.

¹⁴ *Ibidem*, s. 42-44.

¹⁵ Maynard Smith porównuje kod genetyczny z alfabetem Morse’a. W przypadku alfabetu Morse’a słowa są kodowane do postaci ciągu kropek, kresek i pauz przez nadawcę komunikatu, po czym przesyłane w tej formie do odbiorcy, który odkodowawszy informację, otrzymuje na wyjściu słowa. Podobnie jest w przypadku kodu genetycznego. Nadawca, którym jest DNA (pierwotnym „koderem” jest według Maynarda Smitha dobór naturalny), wysyła komunikat w postaci łańcucha RNA do odbiorcy, czyli do rybosomu, w którym komunikat zostaje odkodowany, w wyniku czego powstają odpowiednie białka. Por. J. Maynard Smith, *The Concept of Information in Biology*, s. 179-180.

Nasuwa się tu pytanie o genezę informacji genetycznej, w tym jej nośników oraz mechanizmów kopiowania i dekodowania. „W ramach cyklu biosyntetycznego – pisze Küppers¹⁶ – nośniki informacji biologicznej (kwasy nukleinowe) oraz nośniki funkcji (białka) są od siebie nawzajem uzależnione. Replikacja kwasów nukleinowych zachodzi dzięki pomocy katalizatorów białkowych, te zaś z kolei budowane są według planów zapisanych w kwasach nukleinowych – przez nie właśnie replikowanych. Poszukiwanie przyczynowego wyjaśnienia genezy cyklu biosyntetycznego przypomina więc próby rozwiązania znanej zagadki: »Co było pierwsze, kura czy jajo?«. W przekładzie na język biologii molekularnej zagadka ta brzmi: »Co istniało wcześniej, białko – czyli molekularna maszyna, czy też kwasy nukleinowe – czyli program molekularny?«” Innymi słowy: do powstania białek wymagana jest informacja genetyczna zawarta w kwasach nukleinowych, ale do jej odczytania, skopiowania i użycia potrzebne są białka. Co zatem powstało jako pierwsze: kwasy nukleinowe czy białka (a na poziomie bardziej abstrakcyjnym: informacja czy mechanizmy jej odczytywania)?

John Maynard Smith uważa, że przedstawiony wyżej problem, choć wydawał się nierozstrzygalny na przełomie lat 70. i 80., dziś znajduje swoje rozwiązanie. Dawniej uważano, że do replikacji potrzebne są zarówno kwasy nukleinowe, jak i białka. Dziś wiemy, że niekoniecznie. Częsteczek RNA mogą jednocześnie pełnić funkcje nośników informacji oraz enzymów, potrzebnych przy kopiowaniu informacji¹⁷. Również Küppers zwraca uwagę na współczesne modele i eksperymenty pokazujące, że kwasy nukleinowe mogą w określonych warunkach reprodukować się same, bez pomocy białek¹⁸.

Tyle tylko, że nie rozwiązuje to problemu genezy informacji genetycznej. Zauważmy, że kopiowane mogą być wszelkie struktury, także te, których elementy nie posiadają żadnego odniesienia (np. rozsypuję na podłodze kilka różnokolorowych kulek, po czym odtwarzam ich rozmieszczenie na innym kawałku podłogi). Replikacji ulegają kryształy, a w ich przypadku trudno mówić, że struktury krystaliczne coś kodują, tak jak odcinki DNA

¹⁶ B.-O. Küppers, *Geneza informacji biologicznej*, s. 139. Problem ten wcześniej zasygnalizował Monod: por. J. Monod, *Le Hasard et la Nécessité*, Paris 1970, s. 182. Pisał o nim m.in. Maynard Smith: por. J. Maynard Smith, *Evolution and Information*, s. 13-17. A na polskim gruncie Heller: M. Heller, *Logika stworzenia*, w: *Informacja a rozumienie*, pod red. M. Hellera, J. Mączki, Kraków 2005, s. 115-116.

¹⁷ Por. J. Maynard Smith, *Evolution and Information*, s. 14. Co ciekawe, ponieważ częsteczki RNA mają budowę jednoniciową, to mogą wykształcać przez pofałdowanie i ułożenie nici swoiste „fenotypy”, mogące wpływać na stabilność częsteczki, a także ułatwiać bądź utrudniać jej replikację. Por. J. Maynard Smith, *Problemy biologii*, przeł. M.A. Bitner, Warszawa 1992, s. 168-169.

¹⁸ Por. B.-O. Küppers, *Geneza informacji biologicznej*, s. 140-141.

kodują białka. Możliwość samoreplikacji RNA nie dostarcza odpowiedzi na postawione pytanie. Nie dowiadujemy się, jak doszło do tego, że dane triplety zasad kodują odpowiednie aminokwasy, nadal nie wiemy, czy powstanie kodu genetycznego wymagało uprzedniego istnienia maszyny komórkowej i czy jej schemat musiał być zapisany w genach. Sam Maynard Smith zdaje sobie z tego sprawę, pisząc o przejściu od „świata RNA” do „świata DNA-białek” jako o „głównym przejściu” (*major transition*)¹⁹.

Jak zatem Maynard Smith wyjaśnia owo „główne przejście”? W *Problemach biologii*, w rozdziale dotyczących powstania życia pisze: „Pozostaje jeszcze dodatkowa trudność, być może najpoważniejsza ze wszystkich: relacja między białkami i kwasami nukleinowymi. Kwasy nukleinowe mogą kopiować się, lecz są enzymatycznie obojętne: chemicznie nie robią one nic interesującego. Białka są cudownymi katalizatorami, jednak nie mogą się one kopiować. Życie zależy od połączenia tych dwóch funkcji. Dzisiaj połączenie to następuje przez kod genetyczny i proces kierunkowej syntezy białek. W procesie tym zasadniczy krok, czyli ten, w którym aminokwasy i kwasy nukleinowe oddziałują na siebie, występuje wówczas, kiedy określony aminokwas przyczepia się do określonego tRNA. Specyficzność tego przyczepu uzyskuje się dzięki enzymom. Rozwiązanie takie nie może być prymitywne. Pierwsze przyłączenie aminokwasów do kwasów nukleinowych musiało nastąpić pod nieobecność odpowiednich enzymów. Mamy jednak dzisiaj słabe pojęcie, jak to mogło nastąpić: tak naprawdę mało wiemy o chemii oddziaływań pomiędzy aminokwasami i kwasami nukleinowymi. Wiemy, że są one możliwe [...] lecz jest to prawie wszystko”²⁰.

Częściową odpowiedź już mamy. Pierwsze były kwasy nukleinowe, do których przyłączone zostały aminokwasy, dopiero później główną rolę przejęły odpowiednie enzymy. Nie znaczy to, że powstanie kwasów nukleinowych poprzedziło powstanie białek, lecz tylko to, że kwasy nukleinowe są starsze od pewnego typu białek, pełniących funkcję enzymów. Według Maynarda Smitha synteza prymitywnych białek mogła wyglądać w następujący sposób. Funkcję DNA pełniły cząsteczki informacyjnego RNA, nie było ani wykształconych rybosomów, ani odpowiednich enzymów, przyczepiających aminokwasy do cząsteczek tRNA, a liczba cząsteczek tRNA i aminokwasów włączanych w białka była znacznie mniejsza niż dziś²¹. Tyle tylko, że przedstawiony model nadal nie wyjaśnia, na jakiej zasadzie aminokwasy zostają przyczepione do cząsteczek tRNA; in-

¹⁹ Por. J. Maynard Smith, *Evolution and Information*, s. 14.

²⁰ J. Maynard Smith, *Problemy biologii*, s. 178.

²¹ Por. *ibidem*, s. 179.

nymi słowy, nie wyjaśnia genezy kodu genetycznego. Autor *Problemów biologii* zastanawia się także nad tym zagadnieniem. Jak się można spodziewać, Maynard Smith uznaje kod genetyczny za wytwór ewolucji, a więc za coś, co kształtowało się w toku pewnego procesu. Za jedyną cechę, która była obecna od samego początku i która nie mogła się zmienić, uznaje Maynard Smith trójkowy charakter kodu. Sam kod genetyczny powstawał stopniowo. Ze względu na to, że nieenzymatyczna replikacja jest dokładniejsza w przypadku pary G-C, jest bardzo prawdopodobne, że pierwszymi dwoma tripletami były GGC i GCC, a kolejnymi GAC i GUC. Biorąc pod uwagę fakt, iż dwoma najliczniejszymi aminokwasami są glicyna i alanina, mogło dojść do skojarzenia tripletów GGC i GCC właśnie z tymi aminokwasami (i tak jest dzisiaj: glicyna jest kodowana przez triplet GGC, a alanina przez GCC). Następnymi najpospolitszymi aminokwasami są kwas asparaginowy i walina, i tu także mogło dojść do powstania relacji między nimi a tripletami GAC i GUC (właśnie tak jest obecnie: kwas asparaginowy jest kodowany przez triplet GAC, a walina przez GUC). Zakładając, że mamy już przyporządkowane powyższe cztery triplety odpowiednim aminokwasom, można spróbować wyjaśnić pochodzenie kolejnych przyporządkowań. Triplety, które oznaczają początek i koniec genu, mogły uzyskać znaczenie w wyniku działania doboru naturalnego. Dobór naturalny faworyzował te trójkowe odczytania sekwencji zasad, w których wyniku otrzymywało się najwięcej tripletów „znaczących”, a na podstawie tych odczytań niektóre rodzaje tripletów zaczęły być traktowane jako znaki „stop”²².

Nie rozwiązuje to jednak naszego problemu. Jeżeli jest tak, jak chce Maynard Smith, czyli że między kodonami a aminokwasami nie istnieją żadne oddziaływania fizyczne czy chemiczne, wymuszające ich wzajemne przypisanie, to nasuwa się możliwość, że w świecie mogłyby egzystować obok siebie organizmy, bazujące na odmiennym kodzie genetycznym. W kodzie genetycznym jednego organizmu kodon GGC kodowałby glicynę, z kolei w kodzie genetycznym drugiego ten sam triplet kodowałby alaninę. Jeśli te przyporządkowania są czysto arbitralne, to moglibyśmy się spodziewać różnych odmian kodu genetycznego, z których – przypuszczalnie – część mogłaby przetrwać do naszych czasów. Tak jednak nie jest. A zatem albo istnieją pewne fizyczne lub chemiczne zależności między tripletami a aminokwasami, których nie bierze pod uwagę Maynard Smith, albo istnieją powody, dla których dobór naturalny faworyzował tylko jeden rodzaj kodu genetycznego.

W przypadku kodów, będących wytworami człowieka, sprawa jest prosta. Twórcy czy użytkownicy kodu – mniej lub bardziej arbitralnie – usta-

²² Por. *ibidem*, s. 179-181.

lają, do czego odnoszą się poszczególne elementy kodu. Tak utworzona konwencja zostaje zaakceptowana i zaczyna być stosowana przez jego użytkowników, co jest gwarantem użyteczności komunikacyjnej kodu. Faworyzowane są te odczytania kodu, które pozwalają na skuteczne odtworzenie nadanego komunikatu. Oczywiście, zarówno twórcy kodu, jak i jego użytkownicy mogą wprowadzać zmiany do kodu (i często to robią – *vide* proces rozwoju języków naturalnych), zawsze jednak mając na względzie jego użyteczność w kontekście komunikacji.

Jeżeli chodzi o kod genetyczny, to trudno mówić, że istnieje ktoś odpowiedzialny za ustalenie tych „zniczeniowych” konwencji. Chyba że tym „kimś” jest dobór naturalny. Tyle tylko, że trudno podać racje, ze względu na które dobór naturalny doprowadził do zachowania tylko jednego rodzaju kodu i to w tym kształcie, jaki znamy obecnie. Dlaczego kodowanie glicyny jako GGC, a nie jako GCC miałyby zwiększać przystosowanie? I czego byłoby to przystosowanie: danego genu, grupy genów, osobnika, populacji czy gatunku²³? Brak odpowiedzi skłaniałby do ponownego przyjrzenia się potencjalnym oddziaływaniom fizycznym i chemicznym między kodonami a aminokwasami.

Zrekapitulujmy uzyskane rezultaty w perspektywie filozofii nauki i metodologii nauk. Pytanie, co było pierwsze – kwasy nukleinowe czy białka – należy uznać za wymagające doprecyzowania. Zauważmy, że nie tyle chodzi o same rodzaje bioskładników, ile o funkcje przez nie pełnione. Jest to o tyle istotne, że w procesie ewolucji dane struktury mogą zyskiwać nowe funkcje. Dzieje się tak na przykład wtedy, gdy organizm znajdzie się w nowym środowisku, gdzie już obecna u niego struktura, niewykorzystywana wcześniej w określony sposób (ze względu na odmiennność dawnego środowiska), okaże się przydatna i zacznie pełnić nową funkcję. Poza tym istnieje możliwość odkrycia organizmów, których struktury się od siebie różnią, a mimo to pełnią identyczne funkcje. Dlatego też wykazanie istnienia w dalekiej przeszłości pewnej struktury nie musi oznaczać, że struktura ta pełniła wtedy funkcję, którą przypisujemy jej obecnie. Dziś wiemy, że niektóre kwasy nukleinowe (RNA) mogą odgrywać rolę zarówno nośników informacji, jak i enzymów, niezbędnych do kopiowania. To jednak nie gwarantuje, że kwasy te mogą jednocześnie pełnić funkcję nośnika informacji, mechanizmu dekodującego przechowywane informacje i mechanizmu wytwarzającego

²³ We współczesnej biologii wiele się dyskutuje na temat poziomów działania doboru naturalnego. Jako główne potencjalne poziomy uznaje się poziom genu, poziom organizmu i poziom populacji (choć ten ostatni jest współcześnie mniej popularny). Niektórzy uważają, że dobór naturalny działa tylko na jednym poziomie (Dawkins, Wynne-Edwards), inni – że na wielu (Wilson, Mayr). Por. R.M. Brandon, *The Levels of Selection: A Hierarchy of Interactors*, w: *The Philosophy of Biology*, pod red. D.L. Hulla, M. Ruse’a, New York 1998, s. 176-197.

na tej podstawie białka. Najprawdopodobniej samoreplikujące się kwasy nukleinowe dopiero od pewnego momentu zaczęły pełnić funkcję nośnika informacji o określonych sekwencjach aminokwasów. Żeby do tego doszło, poszczególne aminokwasy musiały zostać skojarzone z odpowiednimi tripletami zasad. Mechanizm tego przyporządkowania pozostaje niewyjaśniony. Można przy tym zapytać, czy przyporządkowanie, z którym mamy do czynienia obecnie, jest powszechne i konieczne (oczywiście, nie chodzi tu o konieczność w sensie logicznym). Jak nietrudno zauważyć, zachodzą cztery możliwości, ale tylko trzy z nich warto wziąć pod uwagę. Przyporządkowanie to może być zarazem powszechne, jak i konieczne, być powszechne, ale niekonieczne, nie być ani powszechne, ani konieczne. Przypadek, w którym przyporządkowanie jest konieczne, ale nie jest powszechne, przy standardowym rozumieniu konieczności i powszechności jawi się jako sprzeczny wewnętrznie (gdyż jeżeli coś jest konieczne, to – o ile w ogóle występuje – jest także powszechne). Jeżeli znane nam przyporządkowanie jest niekonieczne, to trudno wyjaśnić jego powszechność. A nie mamy dostatecznych podstaw do przyjęcia konieczności tego przyporządkowania (*vide* punkt 4 wypowiedzi Maynarda Smitha).

Zastanówmy się nad rodzajami wyjaśniania, które wchodzą w grę przy analizie powstałego problemu. Chcemy wyjaśnić pewną prawidłowość dotyczącą przyporządkowania poszczególnych aminokwasów określonym kodonom. To właśnie ta prawidłowość będzie znajdowała się w *explanandum*. Jeśli Maynard Smith się myli i odkryjemy takie fizyczne i chemiczne prawa, z których będzie wynikała (wraz z uwzględnieniem odpowiednich warunków początkowych) wspomniana prawidłowość, to nasze wyjaśnienie podpada pod standardowy model Hempela-Oppenheima²⁴. W przypadku, gdy prawa te będą miały charakter statystyczny, będziemy mieć do czynienia z wyjaśnieniem w myśl modelu dedukcyjno-statystycznego. Jako taki omawiany problem sytuuje się na styku biochemii, biofizyki i biologii molekularnej. Jeżeli zaś Maynard Smith ma rację i nie istnieją żadne prawa, wyjaśniające omawianą prawidłowość, to będziemy szukać przyczyn zachodzenia tej prawidłowości. Odwołamy się wówczas do wyjaśnienia rozumianego według przyczynowej koncepcji wyjaśniania²⁵. Jed-

²⁴ Grobler charakteryzuje dedukcyjno-nomologiczny model wyjaśniania poprzez cztery warunki: (1) wnioskiem jest *explanandum* (to, co wyjaśniane), a zbiór przesłanek stanowi *explanans* (to, co wyjaśnia); (2) *explanans* musi zawierać przynajmniej jedno prawo i musi ono być taką przesłanką rozumowania, bez której rozumowanie nie jest poprawne logicznie; (3) *explanans* musi mieć treść empiryczną; (4) zdania należące do *explanansa* muszą być prawdziwe. Rozumowanie, które spełnia trzy pierwsze warunki, ale niekoniecznie czwarty, jest potencjalnym wyjaśnieniem. Por. A. Grobler, *Metodologia nauk*, Kraków 2006, s. 104.

²⁵ Por. *ibidem*, s. 107-112.

ną z możliwych przyczyn jest działanie doboru naturalnego, faworyzujące określone przyporządkowanie. Należałoby jednak pokazać, które własności tego przyporządkowania mają charakter adaptacyjny. Tego typu dociekania prowadzone są w obrębie biologii ewolucyjnej. Inną przyczyną mogą być pewne unikatowe cechy środowiska, w którym doszło do powstania kodu genetycznego. Ze względu na prawdopodobną przyczynową złożoność fenomenu należałoby zachować daleko idącą ostrożność w kwalifikowaniu przyczyn jako mniej lub bardziej istotnych. Jedno wydaje się pewne – przedstawiony problem należy do zagadnień biologii i, co więcej, do zagadnień fundamentalnych dla tej nauki. Co prawda, posiada on swoje ogólniejsze sformułowania, takie jak dylemat jajka czy kury, czy też problem pierwszeństwa między wiedzą-że (wiedzą deklaratywną) a wiedzą-jak (wiedzą proceduralną)²⁶, a przez to może być rozpatrywany z perspektywy filozofii. Jednakże znalezienie przyczyn prawidłowości w kodowaniu określonych aminokwasów przez pewne triplety zasad, dzięki którym kwasy nukleinowe są nośnikami informacji, użytecznej przy wytwarzaniu białek, leży w gestii biologów.

Bez względu na przyjęty model wyjaśniania przydatne będą wyniki nowych badań. Materiał badawczy może pochodzić z wielu źródeł. Chyba najciekawsze byłoby porównanie życia ziemskiego z życiem pochodzącym spoza naszej planety (o ile takie istnieje). Pozwoliłoby to na udzielenie przynajmniej częściowych odpowiedzi na następujące pytania: Czy życie powszechnie opiera się na strukturach białkowych? Czy tylko kwasy nukleinowe nadają się do przechowywania informacji genetycznej?

W przypadku odkrycia żyjących organizmów, zbudowanych ze składników innych niż białka, otrzymalibyśmy odpowiedź negatywną na pierwsze postawione pytanie. Jeżeli do tego organizmy te używałyby kwasów nukleinowych do przechowywania informacji, to wiedzielibyśmy, iż nie istnieją żadne fizyczne czy chemiczne prawa, wiążące określone sekwencje zasad z danymi aminokwasami. Gdyby zaś nie używały kwasów nukleinowych, to nasz problem jajka i kury przeniósłby się na inne ro-

²⁶ Wiedza-że to wiedza o charakterze propozycjonalnym dotycząca faktów i reguł działania. Z kolei wiedzę-jak stanowią umiejętności. Wiedza deklaratywna jest mniej więcej odpowiednikiem wiedzy-że, a wiedza proceduralna z grubsza odpowiada wiedzy-jak (terminów „wiedza deklaratywna” i „wiedza proceduralna” używa się w psychologii). Jeżeli wiedza proceduralna pochodzi z przekształcenia wiedzy deklaratywnej (np. w wyniku procesu automatyzacji) albo się do niej sprowadza, jak głoszą niektórzy, to jak wyjaśnić, że do nabywania wiedzy deklaratywnej potrzebne są pewne umiejętności poznawcze, stanowiące wiedzę proceduralną? Innymi słowy, co było pierwsze – wiedza deklaratywna czy wiedza proceduralna? Ten dylemat jest dosyć prosty do rozwiązania, o ile uznaje się autonomię wiedzy proceduralnej względem wiedzy deklaratywnej. Wtedy łatwo pokazać, że zarówno w rozwoju filogenetycznym, jak i ontogenetycznym pierwotna jest wiedza proceduralna.

dzaje związków, odgrywających w tym przypadku rolę białek (mechanizmów dekodujących) i kwasów nukleinowych (nośników informacji). Gdybyśmy z kolei odkryli pozaziemskie organizmy, zbudowane z białek, to, co prawda, nie udowodnilibyśmy odpowiedzi pozytywnej na pierwsze pytanie, lecz jedynie byśmy ją uprawdopodobnili. Gdyby organizmy te wykorzystywały kwasy nukleinowe, a kod genetyczny był ten sam, czyniłoby to bardziej prawdopodobną hipotezę, iż życie na Ziemi pochodzi z kosmosu. Jeżeli tak, to przy próbach odpowiedzi na pytanie o genezę życia i kodu genetycznego powinniśmy uwzględnić nie tylko warunki panujące kiedyś na Ziemi, ale także warunki charakterystyczne dla innych, potencjalnych miejsc narodzin życia. Jeśli pozaziemskie organizmy białkowe nie korzystałyby z kwasów nukleinowych bądź je wykorzystywały, ale kod genetyczny różniłby się od tego, który znamy, to upada wtedy teza o istnieniu fizykochemicznej podstawy jedno-jednoznacznego przypisania określonego aminokwasu do danej sekwencji zasad.

Nie tylko astrobiologia mogłaby dostarczyć tego typu wyników. Równie dobrze możemy sobie wyobrazić, że na Ziemi (choćby w niedostępnym, izolowanym środowisku) natrafiamy na organizm niebiałkowy lub niekorzystający z kwasów nukleinowych bądź też wykorzystujący inny kod genetyczny (gdzie np. triplet GCC koduje walinę). Konsekwencje takiego odkrycia byłyby podobne do konsekwencji znalezienia organizmu pozaziemskiego o wspomnianych właściwościach.

Oprócz tego w grę wchodzi eksperymenty laboratoryjne, w których odtwarzano by procesy, leżące u podstaw genezy życia, a w tym i powstania kodu genetycznego. Na przeszkodzie stoją dwie rzeczy. Po pierwsze, nie posiadamy pełnej wiedzy o tym, jakie warunki panowały w momencie powstawania życia. Większość tego stanowią mniej lub bardziej potwierdzone spekulacje. Po drugie, proces powstania i ewolucji życia liczony jest w miliardach lat. Na wyniki eksperymentów nie można tyle czekać. Należałoby więc na potrzeby laboratoryjne przyspieszyć ten proces. Albo skonstruować jego odpowiedni model i uciec się do komputerowej symulacji. W tym ostatnim przypadku nasuwa się problem adekwatności modelu i kryteriów oceny tej adekwatności. Nie wchodząc w dalsze dygresje na temat materiału badawczego, należy przyznać, iż zgromadzona dotychczas wiedza nie pozwala na wyjaśnienie omawianego problemu. Dlatego też istnieje potrzeba dalszych badań, angażujących reprezentantów różnych dziedzin biologii.

Pora na krótkie podsumowanie. Znamy przynajmniej częściową odpowiedź na przedstawiony wyżej biologiczny paradoks „jajka i kury”. Aminokwasy, stanowiące budulec białek i kwasy nukleinowe powstały najprawdopodobniej niezależnie. Trudno powiedzieć, czy któreś z nich

było pierwsze, czy też pojawiły się mniej więcej jednocześnie. Znacznie większy problem mamy z wyjaśnieniem, jak doszło do wykształcenia powiązań między składnikami kwasów nukleinowych (tripletami zasad) a poszczególnymi aminokwasami. W kontekście omawianego paradoksu jako bardziej interesująca jawi się biosynteza białek niż replikacja DNA, ponieważ replikacja nie zakłada, że DNA koduje pewne informacje (kopowaniu ulegają także elementy nieznaczące), proces biosyntezy zakłada natomiast, że białka powstają w wyniku odczytania informacji zawartej w DNA. Dlatego też pokazanie, że RNA jest zdolne do reprodukcji bez pomocy białek, nie rozwiązuje problemu. Tu dochodzimy do jego sedna: jak możliwe jest odczytanie kodu, gdy mechanizmy odczytujące same powstają w wyniku jego odczytania. Przedstawione zagadnienia nadal czekają na swoje pełne rozstrzygnięcie. Wbrew temu, co głosi dziś wielu biologów i filozofów biologii, takich jak Maynard Smith czy Küppers, jesteśmy jeszcze daleko od ich wyjaśnienia. Zresztą wielu biologów sprawia wrażenie osób, które albo nie zdają sobie sprawy z omawianych w niniejszym tekście problemów, albo też je ignorują²⁷. Nie trzeba dodawać, że ignorowanie problemu nie przyczynia się do jego rozwiązania.

The Origin of the Genetic Code and the Chicken-Egg Dilemma

The article focuses on some problems connected with using the notion of information in molecular biology. Genes are universally considered as information carriers, which code proteins. A problem arose, analogous to chicken-egg dilemma. The information from the nucleic acids is

²⁷ Jako przykład można podać Dawkinsa. W *Samolubnym genie* (co prawda, jest to książka z 1976 r., jednakże jubileuszowy wstęp z 2005 nie podejmuje omawianych przeze mnie zagadnień) przedstawia on genezę życia i choć uznaje swój opis za „spekulatywny”, to zarazem za „nie odbiegający przypuszczalnie zbyt daleko od rzeczywistości”. Dawkins nakreśla obraz pierwotnych warunków panujących na Ziemi, opisuje tzw. bulion pierwotny, wreszcie dochodzi do kwestii powstania replikatorów. Poniżej cytat z Dawkinsa – warto zwrócić uwagę na łatwość założenia o istnieniu powinowactwa między częściami replikatora a pewnymi organicznymi cząstkami bez wyjaśnienia, na czym owo powinowactwo polega: „Replikator jest rodzajem formy lub wzorca. Wyobraź go sobie w postaci dużej cząsteczki – długiego łańcucha złożonego z różnych elementów składowych. Małe cząsteczki budulcowe były łatwo dostępne w bulionie otaczającym replikator. Załóżmy teraz, że każda z tych elementarnych cegiełek wykazuje powinowactwo do innej, należącej do tego samego typu. Gdy taka cząsteczka, pływając w bulionie, znajdzie się w pobliżu tej części replikatora, do której wykazuje powinowactwo, to się w tym miejscu przyłączy. Wychwycone w ten sposób cząsteczki składowe ułożą się więc w tej samej kolejności sekwencji jak w replikatorze. Nietrudno teraz wyobrazić sobie ich połączenie i utworzenie stabilnego łańcucha podobnego do wyjściowego replikatora”, R. Dawkins, *Samolubny gen*, przeł. M. Skoneczny, Warszawa 2007, s. 42.

meaningless without the translation machinery, but the specification for his machinery is itself coded in the nucleic acids. What was first: nucleic acids, which code information, or proteins, which are necessary to encode and use the information? In this context, it is very important to explain the origin of the genetic code. But the precise analysis demonstrates that all current solutions seem to be insufficient. The article shows possible explanations and considers potential data, which can shed a new light on discussed problems.