

Teoretyczne znaczenie odkrycia struktury DNA

Refleksje biologa i filozofa

Krzysztof Łastowski
Instytut Filozofii UAM
Poznań

Odkrycie, dokonane przez J. Watsona i F. Cricka (13), którego jubileusz obchodzimy w 1993 r., bez wątpienia zaważyło na całej dotychczasowej, czterdziestoletniej historii współczesnej biologii. Mimo tak znacznego upływu lat i wielu okazji do ocen, można wysunąć przypuszczenie, że nie zostało ono należycie ocenione i docenione. Jak uczy tego historia nauki — jest tak zawsze wtedy, gdy interesują nas doraźne jego zastosowania poznawcze czy praktyczne. Wydaje się zatem zasadne przyjrzenie się przynajmniej niektórym dalszym, wybranym wynikom badawczym oraz konsekwencjom teoretycznym odkrycia struktury kwasu dezoksyrybonukleinowego. Temu zagadnieniu, krótkiej refleksji nad dokonanymi już zastosowaniami oraz konsekwencjom i znaczeniu poznawczemu odkrycia DNA, chciałbym poświęcić kilka uwag.

Problem znaczenia odkrycia struktury DNA widzieć trzeba przynajmniej w trzech obszarach tematycznych: 1) teoretycznobiologicznym, 2) filozoficznym oraz 3) światopoglądowym. Pierwszy z nich jest na ogół dość dobrze i szeroko uświadamiany — oznacza to, że badacze czyniący bezpośredni użytek z odkrycia dokonanego przez Watsona i Cricka (biofizycy, biochemicy, biologowie molekularni), a także genetycy, biologowie-ewolucjoniści, doceniają konsekwencje poznawcze nowego obrazu (a co za tym idzie także pojęcia) czynników dziedzicznych — genów, który wpłynął na zmianę sposobu widzenia mikrostruktur składających się na świat istot żywych. Nie znaczy to, że wyraźnie dostrzegane są już wszystkie (czy nawet większość) konsekwencji poznawczych płynących z odkrycia, którego jubileusz obchodzimy. Daleko nam jeszcze do pokazania dalszych bezpośrednich zastosowań tego istotnego przełomu dokonanego w biologii XX wieku. Ranga drugiego z obszarów tematycznych rośnie wraz z pojawianiem się coraz to ogólniejszych hipotez i koncepcji nawiązujących do istoty struktury DNA. Zarazem naturalne jest spostrzeżenie, że tego rodzaju próby pojawiają się przede wszystkim ze strony badań czysto teoretycznych — biologii ewolucyjnej i teoretycznej, lingwistyki teoretycznej, filozofii, matematyki, a nawet logiki. Trzeci ze wspomnianych obszarów — światopoglądowy, jest — jak sędzę — równie istotny, jak dwa poprzednie. W nim bowiem odbijają się te aspekty przemian myślowych, jakie wnosi do naszego życia każde ważne odkrycie naukowe, zmieniające kultu-

rowy i cywilizacyjny sens obrazu świata wraz z jego zastosowaniami; wydaje się, że jest tak również w wypadku odkrycia podwójnej helisy DNA.

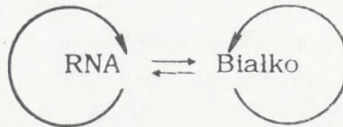
Nie sposób jednak przedstawić wyczerpująco, w tak krótkim tekście, jeśli już nie wszystkie, to przynajmniej większość racji ugruntowujących dokonania Watsona i Cricka. Poprzestanę zatem na wskazaniu tych, które moim zdaniem wydają się najważniejsze.

1. Teoretycznobiologiczne znaczenie odkrycia struktury DNA

Rozważanie teoretycznobiologicznych konsekwencji odkrycia dokonanego przez Watsona i Cricka zakłada możliwość dostrzeżenia związków wewnętrznych — pojęciowych, jakie zachodzą między teorią (pojęciem) struktury DNA a innymi, ważnymi dla biologii molekularnej, dokonaniem badawczymi. W takim wypadku teoria struktury DNA stanowi teoretyczny układ odniesienia, a pozostałe, wyróżnione ujęcia — koncepcje wobec niej pochodne. Zagadnienie, jaką postać zdaniową przyjmuje teoria struktury DNA, jest specjalnym zadaniem badawczym i z tego względu nie będzie tutaj rozważane. Natomiast zakładam dalej, że istnieją związki, które w istotny sposób wiążą odkrycie struktury DNA z innymi ważnymi dokonaniem biologii molekularnej (w tym — oczywiście — także genetyki). One właśnie pośrednio zaświadczać o znaczeniu odkrycia struktury DNA w badaniach molekularnych. Ponieważ badania nad strukturą podwójnej helisy zaowocowały licznymi dalszymi ustaleniami teoretycznymi, przeto chciałbym w tym miejscu pokrótce rozważyć dwa z nich. Są to: pojawienie się idei kodu genetycznego, wraz z pytaniem o jego ewolucję (w tym sformułowanie centralnego dogmatu biologii molekularnej, a następnie jego przewyżnienie), oraz — już w dalszej perspektywie poznawczej — idea ergodyczności kodu genetycznego.

Skoncentruję się obecnie na pewnym ujęciu idei pochodzenia kodu genetycznego. Zagadnienie to należy do wysoce hipotetycznych zagadnień biologii molekularnej. Jednym z pierwszych, który postawił ten problem, był F. H. C. Crick. Pod koniec lat sześćdziesiątych zapoczątkował on dyskusję nad powstaniem kodu genetycznego (2). W tych też latach Dunnill (3), a następnie Woese (14) wysunęli, wobec hipotezy pochodzenia kodu genetycznego, dwa postulaty teoretyczne. Pierwszy z nich postawił kwestię uniwersalności, drugi zaś specyficzności działania kodu genetycznego. Aby, mimo tych trudności, zaprojektować hipotezę istotnie wyjaśniającą pochodzenie kodu genetycznego Root-Bernstein (10) nakłada, na proponowany przez siebie sposób powstania kodu genetycznego, specjalne chemiczne warunki ograniczające. Twierdzi on bowiem, że o ewolucji kodu genetycznego decydują następujące kryteria: 1) oddziaływanie kodon-antykodon (CAC), 2) oddziaływanie kodon-aminokwas (CAP) oraz 3) oddziaływanie aminokwas-aminokwas (AAP). Te trzy zasadnicze ograniczenia, których sformułowanie jest rezultatem kilkuletnich badań, określają formę, uniwersalność i specyfikę istniejącego obecnie kodu genetycznego. Przesądzają bowiem: (i) które nukleotydy muszą się komplementarnie ze

sobą łączyć, (ii) które aminokwasy powinny łączyć się z odpowiadającymi im tripletami oligonukleotydów oraz (iii) jakie aminokwasy powinny łączyć się wzajemnie. Kryterium pierwsze określa zatem zbiór oddziałujących ze sobą nukleotydów, drugie — nukleotydów oddziałujących z aminokwasami, trzecie — zbiór aminokwasów, które łączą się ze sobą. Przy tych ustaleniach — powiada Root-Bernstein (10) — kod genetyczny jest wynikiem otrzymanym z kombinacji — przecięcia tych trzech zbiorów komplementarnych par (jest więc niepustym iloczynem) oraz procesu selekcji wytwarzającej system typu:



Komplementujące między sobą składniki muszą wszakże spełniać wymienione wyżej warunki (i), (ii) oraz (iii). W komentarzu autor dodaje, że żadna cząsteczka nie jest elementem tego systemu, jeżeli nie została wyselekcjonowana przez „ciśnienie” termodynamiczne spośród trzech typów cząsteczek oddziałujących ze sobą komplementarnie. Innymi słowy, cząsteczka, która charakteryzowała się mniejszą sprawnością, w komplementarnym łączeniu się z cząsteczką jej odpowiadającą, w rezultacie działania selekcji nie mogła być wbudowana w struktury białkowe składające się na „język” kodu genetycznego.

Autor tej idei zastanawia się także czy zaproponowana koncepcja czyni zadość dwom wspomnianym wyżej istotnym wymogom teoretycznym, jakie przyjmuje się w badaniach nad istotą kodu genetycznego. Mianowicie pokazuje, że jego koncepcja spełnia warunek *uniwersalności* oraz *specyficzności* działania kodu genetycznego. Zwraca też uwagę na trudności w zaprojektowaniu odpowiednich, dla tego ujęcia, eksperymentów sprawdzających. Kłopoty tego rodzaju powstają, ponieważ tradycyjne ujęcie eksperymentu zakłada dychotomiczne rozumienie empirycznego rozstrzygnięcia o trafności koncepcji teoretycznej; z metodologicznego punktu widzenia mielibyśmy więc tutaj do czynienia z typowym problemem niemożności zaprojektowania rozstrzygającego eksperymentu krzyżowego. Dotychczasowe próby potwierżeń (resp. refutacji) w tego typu eksperymentach projektowane były dla tak prostych sytuacji, że niekiedy zbyt łatwo otrzymywano potwierdzenia koncepcji, bez możliwości równoczesnego wyrokowania o koniecznych modyfikacjach czy nawet odrzuceniach całych hipotez bądź — częściej — ich fragmentów. Teoria proponowana przez Root-Bernsteina nie daje się tą drogą eksperymentalnie sprawdzić. Jest ona na tyle złożona, że — zdaniem jej autora — powinno się poszukiwać bardziej specyficznych i złożonych sytuacji prowadzących do rozstrzygnięcia o jej trafności.

Kolejną kwestią wartą wzmianki jest idea „centralnego dogmatu biologii molekularnej” podana przez Cricka (1). Crick (2) zauważył, że jedną z najistotniejszych konsekwencji empirycznych, odnoszącą się do przekazu infor-

macji o zachodzących zależnościach w komplementarnych parach zasad aminowych w strukturze DNA, a dalej w RNA, determinującej ostatecznie strukturę peptydów, jest przepisanie (transkrypcja) informacji o porządku biosyntezy z DNA na RNA, a następnie jej przekład (translacja) z RNA na syntetyzowane białko (aminokwas). Główną ideą tego pomysłu Cricka było zatem narzucenie biologii molekularnej określonego porządku rozumowania: przepis informacji o sposobie „rozwijania” informacji dziedzicznej powinien bezwyjątkowo przebiegać według schematu DNA → RNA → białko.

Interesujące, z punktu widzenia historii odkryć w biologii molekularnej, jest to, że wielu badaczy (w tym sam F. Crick) zajęło się niemal natychmiast poszukiwaniem sposobów obalenia tego dogmatu. Skutkiem tego znacznie wcześniej wykazano występowanie wyjątków od obowiązującego dogmatu — odkrycie odwrotnej transkrypcji (przypadło ono na pierwszą połowę lat siedemdziesiątych) niż występowanie biokatalitycznych właściwości RNA (odkryto je dopiero w pierwszej połowie lat osiemdziesiątych). Warto bowiem odnotować, że prawdopodobnie, gdyby rozwój badań w biologii molekularnej przebiegał konsekwentnie prostoliniowo, według schematu wyznaczonego przez „centralny dogmat”, to w pierwszej kolejności należałoby się spodziewać odkrycia właściwości katalitycznych RNA (jako swoście pośredniczącego ogniwa pomiędzy DNA i białkiem) niż odwrotnej transkrypcji z RNA na DNA.

W związku z tym skłonny jestem wysunąć przypuszczenie, że ogłoszenie „centralnego dogmatu biologii molekularnej” stało się wyzwaniem badawczym dla wielu biologów molekularnych. Ostre, wręcz prowokacyjne — za przyczyną Cricka — sformułowanie zasad biosyntezy, spowodowało zasadnicze przeorientowanie problematyki badań molekularnych. To zaś narzuciło dalsze kroki poszukiwań, kroki skierowane na skuteczne obalenie „dogmatu”. Wnioski, które wypływają z dyskusji nad „centralnym dogmatem biologii molekularnej” można sprowadzić do spostrzeżenia, że niekiedy zdarzają się w nauce sytuacje, iż konsekwencje teoretyczne (jak np. „centralny dogmat biologii molekularnej”), towarzyszące ważnym odkryciom empirycznym, stają się wyzwaniami badawczymi istotnie modyfikującymi drogę rozwoju danej dziedziny.

Wspomniałem na wstępie, że inną ważną konsekwencją teoretyczną odkrycia struktury DNA jest idea ergodyczności. Kwestię tę rozważa się zwykle wszędzie tam, gdzie mamy do czynienia z przebiegiem procesów rozwojowych. Dlatego przez ergodyczność, np. w biologii rozwoju, rozumie się następujące właściwości: cykliczność, powtarzalność, ciągłość, nieodwracalność i sekwencyjność (5). Jako swoisty proces rozwoju rozważać można przekaz informacji dziedzicznej, w szczególności działanie kodu genetycznego. Zgodnie z tą ideą identyczne właściwości przysługiwać powinny strukturze DNA (i funkcji jakie ono wypełnia w przekazie informacji genetycznej). Wydaje się, że trzy pierwsze właściwości zagwarantowane są przez uniwersalność działania kodu genetycznego, dwie pozostałe przez ideę „centralnego dogmatu biologii molekularnej”. W końcu lat pięćdziesiątych matematyczną interpretację tego zjawiska zaproponował R. Rosen (11, 12). Z teoretycznego punktu widzenia, w jego ujęciu matematycznie zinterpretowana ergodyczność kodu genetycznego (7)

pozostaje jednak właściwością abstrakcyjną. Rzeczywiste działanie kodu, w którym uwzględnia on fakt teoretycznie możliwych, ale faktycznie w przyrodzie nie występujących tripletów (w tym również nonsensownych — chociaż biologom wtedy nie były one jeszcze znane (6)), definiowane jest przez Rosena jako osobliwe odstępstwo od ergodyczności. Występowanie nonsensownych kombinacji zasad w kodzie genetycznym określone zostało przez niego mianem quasi-ergodyczności (7). Inaczej rzecz ujmując oznacza to, że nie każdy polipeptyd może być kodowany w naturze. Warto więc odnotować, że w okresie (1959) zanim jeszcze odkrywcza praca Watsona i Cricka (13) została powszechnie dostrzeżona i doceniona, teoretycznie (a ściślej, matematycznie) zinterpretowane zostały już istotne właściwości kodu genetycznego. Fakt ten skłonny jestem interpretować jako sugestię, że R. Rosen już w 1959 r. przewidział teoretycznie, jako odstępstwo od ergodyczności kodu genetycznego, występowanie tripletów nonsensownych, okoliczność tę określił właśnie mianem quasi-ergodyczności kodu genetycznego.

Wydaje się, że omówione tu pokrótce: teoria pochodzenia kodu genetycznego Root-Bernsteina, poznawcze znaczenie „centralnego dogmatu biologii molekularnej” Cricka oraz zaproponowana przez Rosena quasi-ergodyczność kodu genetycznego, wskazują na ważne i interesujące zastosowania teoretycznobiologiczne odkrycia, jakiego dokonali Watson i Crick w 1953 r. Idea Root-Bernsteina jest w zasadzie prostą, chociaż nie bezpośrednią, konsekwencją tego odkrycia. „Centralny dogmat”, jak próbowałem pokazać, zaważył istotnie na drodze rozwoju biologii molekularnej. Zauważenie nieergodyczności kodu (quasi-ergodyczność) okazało się nie docenioną i przez to nie wykorzystaną przesłanką w badaniach molekularnych. Jednakże każda z tych idei wydaje się — z obecnej perspektywy — istotnym poznawczo wydarzeniem w historii rozwoju biologii molekularnej, zapoczątkowanej przez odkrycie podwójnej helisy DNA. Na koniec tych rozważań wspomnę jeszcze o innej, niewątpliwie ważnej konsekwencji omawianego tutaj dokonania. Jest nią opublikowana przez Eigena w 1971 r. koncepcja hipercyklu. W celu teoretycznego zrekonstruowania historii powstania ewolucyjnie najprostszego „żywego” osobnika (nazwanego „hipercyklem”) Eigen (4) zakłada równoważność istotności specyficznych struktur nukleinowych i białkowych. W tej sprawie, jak dotąd wiadomo, zdania są podzielone. Z prezentowanego tu przeze mnie punktu widzenia skłonny jednak jestem opowiadać się za przyjęciem założeń koncepcji Eigenowskiej. Jednakże wnikliwsze uzasadnienie tej kwestii wymaga odrębnych rozważań.

2. Filozoficzne znaczenie odkrycia struktury DNA

Postawiona tu kwestia zakłada określone rozumienie wyrażenia „filozoficzne znaczenie”. Wymaga ono jednak bliższego objaśnienia. Skłonny jestem mówić, że odkrycie naukowe ma znaczenie filozoficzne wtedy, gdy ono samo, bądź jego bezpośrednie (lub pośrednie) następstwa poznawcze wywołują istot-

ną zmianę w stanie **wiedzy naukowej** danego czasu czy epoki. Jestem przekonany, i pogląd swój postaram się odpowiednio uargumentować, że Watson i Crick dokonali odkrycia takiej właśnie rangi poznawczej. W historii 40. lat rozwoju biologii molekularnej oraz jej specjalnych subdyscyplin można wskazać liczne przemawiające za tym fakty. Ograniczę się jednak do wskazania dwóch z nich. Są to bowiem:

1) dostarczenie przesłanek na uzasadnienie poglądu o jedności świata żywego (pojętego łącznie z człowiekiem), wyrażane przez uniwersalizm przekazu informacji dziedzicznej, oraz

2) dostarczenie argumentacji na rzecz jedności zasad języka genetycznego oraz naturalnego (etnicznego).

Fakt pierwszy jest rezultatem rozwoju badań eksperymentalnych, jak też prób teoretycznego pokazania wspólnoty czynników składających się i determinujących działanie zasad kodu genetycznego. Fakt drugi, wykraczający już poza sferę autonomicznie pojętych zjawisk biologicznych, sugeruje wyraźnie, że zakres uniwersalnego charakteru zasad, jakie rządzą językiem kodu genetycznego, należałoby rozszerzyć na inne sfery, w tym także na obszar zjawisk i zachowań myślowych (a być może także kulturowych czy cywilizacyjnych) człowieka. Fakt pierwszy, jak się zdaje, nie budzi większych wątpliwości. Albowiem, jak wynika to z badań eksperymentalnych, nie ma innego (a przynajmniej jak dotąd nie jest znany) sposobu kodowania informacji genetycznej, jak ten, dla którego podstawą stała się struktura DNA.

Trudno też, w tak skrótowym ujęciu, oddać charakter kolejnego argumentu za filozoficznym znaczeniem koncepcji Watsona i Cricka. Spróbuję zatem w bardzo syntetycznej formie nakreślić sens poszukiwania analogii między językiem genetycznym a naturalnym. J. Pogonowski (8) czyni takie zestawienie starając się pokazać, że w pełni zasadne jest poszukiwanie podobieństw między nimi. Przemawiają za tym nie tylko właściwości kodu genetycznego i języka naturalnego — oba te języki są bowiem uniwersalne i specyficzne, ale także ich struktura oraz funkcja jest analogiczna. Zarówno w jednym jak i w drugim występuje bowiem plan wyrażania (określany przez składnię) i plan znaczeniowy (zdefiniowany przez reguły orzekające o tym, jak znaczenie wyrażen złożonych zależy od znaczeń elementarnych). Na gruncie takiego ujęcia widzimy, że w strukturze obu języków występują poziomy, jak również relacje między nimi.

Są jednak także różnice w pojmowaniu obu języków. J. Pogonowski (8) pokazuje, że język genetyczny, będąc zestawem specyficznego rodzaju komunikatów, ma charakter rozkazodawczy; jest językiem bezpodmiotowym — składają się nań jedynie polecenia dokonania syntezy odpowiedniej struktury białkowej. Innym interesującym zagadnieniem jest kwestia znaczenia języka genetycznego. Autor ten proponuje pojmowanie pojęcia znaczenia w języku genetycznym jako komunikatu genetycznego, na który składa się jego *denotacja* (jest to odpowiednik pozajęzykowy) oraz *sens*. Denotacją albo dokładniej — denotatem jest kodowany przez to wyrażenie związek chemiczny, natomiast sensem takiego wyrażenia — ogół funkcji biochemicznych, wypełnia-

nych przez denotat tego wyrażenia. W szczególności denotacją pojedynczego kodonu jest kodowany przezeń aminokwas, denotacją cistronu — białko (łańcuch polipeptydowy), itd. Jego sensem są funkcje biochemiczne kodowanego przez ten cistron białka. Ujęcie Pogonowskiego zmierza do wskazania, że analogie między tymi typami języków dotyczyć mogą także wewnętrznej złożoności strukturalnej. Mimo widocznej ostrożności w interpretacji, autor sugeruje (8), że wewnętrznej hierarchii języka naturalnego odpowiadać może wewnętrzna hierarchia struktur języka genetycznego wyrażająca się w „rzędowości” struktur białkowych.

Zastosowania tego rodzaju analogii pomiędzy typologicznie odmiennymi językami prowadzić jednak mogą do nadzwyczaj interesujących filozoficznie, chociaż zarazem wysoce hipotetycznych, spostrzeżeń. Otóż, jeśli przyjąć, że racje uzasadniające analogię między wskazanymi typami języków, podane przez J. Pogonowskiego, są choć w części trafne, to interesującym przypuszczeniem filozoficznym, jak się zdaje, jest hipoteza „dziur semantycznych” (9). Terminem tym Pogonowski określa „puste pola semantyczne” właściwe językowi naturalnemu. Jeśli zatem zasadna jest hipoteza o analogii między językiem (kodem) genetycznym a językiem naturalnym (etnicznym), to wobec pierwszego z nich również można byłoby wysunąć przypuszczenie o tym, że znacznie więcej jest w nim „dziur” niż „substancji” (co zapewne należy interpretować jako „treść znacząca”). Zastrzec wszakże się musimy, że trudno jest podać w miarę zadowalające ich uzasadnienie. A ponadto, sens ich twierdzeń jest wypowiedzalny raczej metaforycznie niż metonimicznie.

3. Światopoglądowe znaczenie odkrycia DNA

Postawiona tu kwestia zakłada również pewne rozumienie określenia „światopoglądowe znaczenie” odkrycia struktury DNA. Z tego względu wymaga bliższego objaśnienia. Skłonny jestem mówić, że odkrycie naukowe ma znaczenie światopoglądowe wtedy, gdy ono samo bądź jego bezpośrednie (lub pośrednie) następstwa poznawcze wywołują istotną rewolucyjną zmianę w **wiedzy ludzkiej** danego czasu czy nawet epoki, a co za tym idzie, także w sferze zachowań kulturowych i cywilizacyjnych.

W sferze ludzkiego światopoglądu odkrycie podwójnej helisy stanowiło przewrót, o charakterze wręcz rewolucyjnym. W biologii molekularnej nie dostrzegano dotąd argumentów za tego rodzaju racjami. Jednakowoż konsekwencje teoretyczne, istotne dla samej biologii, i powstałe w związku z tym nowe treści filozoficzne, spowodowały, że świat, a właściwie mikroświat przyrody żywej, zmienił zasadniczo swe aksjologiczne oblicze.

Wskażę na dwa podstawowe argumenty, jakie nasuwają się natychmiast, gdy myślimy o znaczeniu odkrycia podwójnej helisy. Pierwszy z nich to ten, że okazało się, iż świat żywej materii, patrząc nań z perspektywy nieomal identycznej jak spojrzenie fizyka, zbudowany jest z elementarnych „cegiełek”, takich jednak, że mogą one same „decydować” o tym, jak się przekształca

oraz do jakich skutków (pozytywnych czy negatywnych) tego rodzaju przemiany doprowadzą. Ponadto okazało się, że ich istnienie jest powszechne, tzn. spełniają one warunek uniwersalności — są takie same dla każdego żywego organizmu bez względu na to czy jest on bakterią czy człowiekiem. Spełniają one także warunek specyficzności — są bowiem osobiwe dla każdego organizmu z punktu widzenia ich systemu kombinowania się. Są zatem zarazem różnorodne (gdy idzie o warianty możliwych, a także rzeczywistych kombinacji) i tożsame (gdy analizujemy zasady ich kombinowania i funkcjonowania). Pod tymi względami mikroświat jawi się nam jako jednolity, elementarnie „homogeniczny”, zbudowany z takich samych, chociaż różnie (heterogenicznie) — pomimo identycznych zasad kombinowania — poskładanych cegiełek nukleotydowo-białkowych. Z tego punktu widzenia nie ma zatem różnic między najprostszą bakterią a człowiekiem.

Drugi istotny argument światopoglądowy widzę w tym, że z perspektywy odkrycia dokonanego przez Watsona i Cricka w odmiennym świetle jawią się mechanizmy rozwoju biologicznego i ewolucyjnego na wyższych poziomach strukturalnej złożoności. Z tej perspektywy interpretacyjnej inaczej również wygląda jedna z bardziej emocjonalnie angażujących obecnie biologów (i nie tylko ich samych) kontrowersja — spór między ewolucjonistami i „naukowymi” kreacjonistami. Światopoglądowy sens ewolucji molekularnej w kontekście wspomnianego sporu nie da się, jak śmiem sądzić, wyinterpretować z *Księgi Rodzaju*. Nie twierdzę tego bynajmniej z pozycji zwyczajnej niechęci do rzeczony antyewolucjonistycznej interpretacji; wypowiadam swój pogląd z pozycji pewnego sposobu pojmowania nauki. Nauka bowiem swoje poznawcze osiągnięcia empiryczne i rezultaty teoretyczne wiąże w sekwencje teorii i twierdzeń, pozostających między sobą w relacjach różnych wariantów korespondencji, dzięki nim znajduje i odkrywa nowe drogi poznania. Te zaś ujęcie „naukowo-kreacjonistyczne” przed sobą zamyka.

4. Podsumowanie

O znaczeniu odkrycia struktury DNA mówić też można i w pewnej bezwzględnej perspektywie. Jest ona na ogół bardzo rygorystyczna, zakłada bowiem istnienie jakiegoś absolutnego układu ocenego odniesienia. W rozważanym przypadku takim odniesieniem może być pytanie o status poznawczy biologii jako dyscypliny nauki, która korzysta z wyników dyscyplin specjalnych do niej należących. Kiedy zatem pytamy czym jest biologia jako nauka i jakie pytania stawia, to poszukując na nie odpowiedzi odwołać się powinniśmy do kryteriów oceny postępu poznawczego w tej dyscyplinie obowiązujących. O tych zaś — jak sądzę — stanowią po części najbardziej istotne fakty poznawcze — odkrycia badawcze i ich konceptualizacje (ujęcia teoretyczne). Jednym z takich właśnie faktów jest bez wątpienia odkrycie struktury DNA. Załóżmy zatem, że do niego odnosić będziemy dalsze, kolejne dokonania w biologii współczesnej (w tym także biologii molekularnej). W takim wypadku

na pytanie, czym jest biologia jako dziedzina nauki, odpowiadać powinniśmy w najprostszy sposób — jak choćby korzystając z parafrazy znanego powiedzenia Milтона Friedmana — nauką, która pozwala zrozumieć dlaczego zwierzę czy roślina żyje i rozwija się. Oczywiście, odpowiedzi takiej nie udzielają biologowie wprost — jest to bowiem, ze względu na naturę samej nauki, niemożliwe. Odpowiedź na tego rodzaju pytania wypracowuje się latami. Składa się ją, wedle reguł teoretycznometodologicznych, z elementów, odpowiedzi cząstkowych tak, aby po pewnym czasie zaproponować wreszcie odpowiedź na pytanie podstawowe, na ogół — ze znanych — najprostsze. Sądzę, że z tego rodzaju pytaniem, i taką właśnie naturą odpowiedzi, spotykamy się, gdy próbujemy ocenić odkrycie Watsona i Cricka. Tym zatem co w kontekście ocennym zdaje się najważniejsze, jest fakt, że długo jeszcze korzystać będziemy z tej drogi, którą oni obaj przed biologią otwarli.

Literatura

1. Barciszewska M., (1993), *Biotechnologia* 3 (22), 128 – 133.
2. Crick F. H. C., (1968), *Journal of Molecular Biology*, 38, 367.
3. Dunnill P., (1966), *Nature*, 210, 1267.
4. Eigen M., (1971), *Die Wissenschaft*, 58, 465 – 523.
5. Kaczmarek M., Łastowski K., Ewolucyjne progi selekcji a proces ontogenezy. Zastosowanie integracyjnego modelu ewolucyjnego do badań rozwoju ontogenetycznego (w druku).
6. Labuda D., (1983), *Kod RNA:RNA. Wieloetapowy mechanizm rozpoznawania kodonu przez tRNA*, Wyd. UAM, Poznań, seria: *Biologia*, 22.
7. Nahikian H., (1964), *A Modern Algebra for Biologists*, University of Chicago Press, Chicago & London.
8. Pogonowski J., (1982), Semiotyczna charakterystyka języka genetycznego, w: K. Łastowski, J. Strzałko (red.), *Filozofia i biologia: inspiracje teoretyczne*, *Poznańskie Studia z Filozofii Nauki*, Warszawa-Poznań, 7, 53 – 62.
9. Pogonowski J., (1985), Dziury semantyczne, w: P. Buczkowski, A. Klawiter (red.), *Klasy — światopogląd — idealizacja*, *Poznańskie Studia z Filozofii Nauki*, PWN, Warszawa-Poznań, 9, 243 – 254.
10. Root-Bernstein R. S., (1982), *Journal of Theoretical Biology*, 94, 895 – 904.
11. Rosen R., (1959), *Bulletin of the Mathematical Biophysics*, 21, 71.
12. Rosen R., (1959), *Bulletin of the Mathematical Biophysics*, 21, 289.
13. Watson J. D., Crick F. H. C., (1953), *Nature*, 172, 737 – 738.
14. Woese C. R., (1970), *BioScience*, 20, 471.

Theoretical meaning of DNA structure discovery

Summary

The aspects of the importance (meaning) of the discovery of DNA structure are presented (1) theoretical-biological, (2) philosophical and (3) outlook of life illustrate the first aspect, the Root-Bernstein hypothesis of the origin of genetic code, the main idea of the central dogma of molecular biology, and quasi-ergodic character of genetic code are described. For the second

aspect, premises for the notion of a unit of living entities are presented. And for the third one, the universality and specificity of the genetic and the natural (ethnic) language rules are demonstrated.

key words:

DNA-coding, central dogma of molecular biology, ergodic development, universalism and specificity of genetic code, genetic and natural (ethnic) language.

Adres dla korespondencji:

Krzysztof Łastowski, ul. Stablewskiego 9a/23, 60-224 Poznań.