

PIOTR LENARTOWICZ SJ

## MITOLOGIA PROGRAMU GENETYCZNEGO DNA

Opublikowano w: *ZNAK*, r. 35, nr 34, 1995, pp. 881-898.

Gdy zastanawiam się nad rozwojem nauk przyrodniczych, to dochodzę do przekonania, że postęp w poznaniu przyrody chyba zawsze dokonywał się równolegle z rozwojem jakiegoś mitu. Powiedziałbym nawet, że mit był bardzo często inspiracją dla postępu wiedzy przyrodniczej. Przykładem niech będzie mit „kamienia filozoficznego” zamieniającego pospolite substancje w złoto. Ileż to eksperymentów i obserwacji dokonali ci, którzy usiłowali ten kamień wyprodukować. Albo mit „*perpetuum mobile*”. Ileż to ciekawych konstrukcji zaprojektowano i skonstruowano, by potwierdzić to, co jak dziś wiemy, jest mrzonką. Albo mit o nadrzędnej roli czystej matematyki w poznawaniu Przyrody. Mit prysnął jak bańka mydlana<sup>1</sup>, ale przecież doprowadził do znacznego poszerzenia naszych pojęć i na pewno był sprężyną wielu owocnych wysiłków poznawczych. Dziś, w dobie rozwoju biologii molekularnej tworzą się i działają nowe mity. Biologia molekularna rekonstruuje mechanizmy chemiczne działające w mikroskopijnych przestrzeniach komórek, bakterii. W oparciu o powierzchowną znajomość tych rekonstrukcji i w oparciu o pobożne życzenia wielu przyrodników powstało parę mitów na temat tzw. „programu genetycznego DNA”. Nie tylko laicy, ale i wielu biologów jest np. zdania, że „cząsteczka DNA ma zdolność do samopowieliania (autoreplikacji)”. Ten mit nazwiemy Mitem Autokatalizy. Drugi mit głosi, że „podwójna spirala cząsteczki DNA kieruje rozwojem komórki, ba, nawet całego organizmu”. „W genach komórki rozrodczej człowieka” – słyszy się i czyta – „zakodowane są wszystkie dziedziczne właściwości ludzkiego ciała i ludzkiej osobowości”<sup>2</sup>. Ten mit nazwiemy Mitem Heterokatalizy.

Mity dotyczące DNA mają bardzo duże znaczenie światopoglądowe. Wpływają one na współczesne rozumienie problemu powstania życia, problemu ewolucji organizmów, problemu pochodzenia człowieka, nawet problemu prawdziwych czy rzekomych zagrożeń inżynierii genetycznej. Ale takie samo znaczenie światopoglądowe mają rzeczywiste osiągnięcia biologii molekularnej. To, co biochemia wie dziś o mechanizmach rozmnażania komórek, o mechanizmach rozwoju embrionalnego, jest znac-

---

<sup>1</sup> Por. J. Little, *The Uncertain Craft of Mathematics*, New Scientist, 4 December 1980 p. 626-628.

<sup>2</sup> Por. B. E. Wright, *Causality in Biological Systems*, Trends in Biochemical Sciences (dalej cytowane jako TIBS), 4 (1979) N 110.

nie bardziej fascynujące, niż historyjki *science-fiction* o DNA. Wyniki badań biochemików otwierają na nowo problem celowości, tak bardzo zdeprecjonowany w nowoczesnej filozofii i biologii.

Celem niniejszego eseju jest omówienie badań nad „programem” i kodem genetycznym DNA po to, by skonfrontować mniemania mityczne z wymową faktów ostatecznie ustalonych.

### POWTÓRNE ODKRYCIE DNA

Kwas dezoksyrybonukleinowy czyli DNA (*deoxyribonucleic acid*) został po raz pierwszy odkryty jeszcze w XIX wieku, dokładnie w roku 1871, przez szwajcarskiego chemika F. Mieschera. Miescher udowodnił, że DNA jest głównym ilościowo składnikiem jąder komórkowych. Mimo że już wtedy, jak o tym zaraz powiemy, pojawiały się głosy przypisujące jądru komórkowemu decydujący wpływ na przebieg rozwoju organizmu, Miescher zachował przytomność umysłu i zimną krew, stwierdzając wyraźnie, że „zjawiska chemiczne mają tylko drugorzędne znaczenie”, i że „są podporządkowane wyższym formom wyjaśnienia ... Biorąc pod uwagę dostępną nam wiedzę – pisał – sądzę, że (substancja jądrowa) jest jedynie urządzeniem wyzwalającym, lub przekształcającym pewien rodzaj ruchu”<sup>3</sup>.

Prowadzone w początkach XX wieku badania nad zawartością jąder komórkowych i składem substancji jądrowych wykazały rozpaczliwą prostotę tych substancji. Chemicy nie mogli uwierzyć, że niezmiernie złożone procesy życiowe komórki i całego wielokomórkowego organizmu, mogą być kierowane przez obfitą ale monotonną masę kwasów nukleinowych. W roku 1928 Griffith udowodnił, że jakiś materialny czynnik, pochodzący z bakterii chorobotwórczych, przenika do innych bakterii „zarażając” je chorobotwórczością. Ale dopiero w roku 1944 Avery, MacLeod i MacCarty wykazali, że tym czynnikiem jest właśnie ów skromny, lekceważony i zapomniany kwas nukleinowy DNA. Minęło następnym dwadzieścia lat badań zanim zaczął się wyjaśniać obraz mechanizmu tego „zarażania”. W międzyczasie DNA stał się sławny z innego jeszcze powodu, mianowicie ze względu na swą rzekomą zdolność do samopowielania.

Zajmiemy się teraz Mitem Autokatalizy (autoreplikacji), a potem wrócimy do głównego mitu, Mitu Heterokatalizy, czyli Mitu Cząsteczki Kierującej Procesami Życiowymi.

### ZAWARTOŚĆ JĄDRA KOMÓRKOWEGO SPADKOBIERCĄ „DUSZY WEGETATYWNEJ”

Mało kto zdaje sobie dzisiaj sprawę z tego, że te mity w pewnym stopniu wiążą się ze starym, arystotelesowskim pojęciem duszy. Nie chodzi tu jednak o nieśmiertelną, wolną i rozumną duszę ludzką, ale o tzw. „duszę wegetatywną”. Arystoteles był znakomitym na owe czasy biologiem, ze szczególną predylekcją do zagadnień embriologicznych. W tej dziedzinie dokonał obserwacji prześcigniętych dopiero w XIX wieku<sup>4</sup>.

<sup>3</sup> Miescher F., *Die Histochemischen und Physiologischen Arbeiten*, Leipzig 1897, vol. II, p. 98.

<sup>4</sup> J. Needham, *Chemical Embryology*, Cambridge 1931, p. 74.

Obserwował rozwój ssaków, ptaków, gadów, płazów, ryb, owadów, skorupiaków i głowonogów. Doszedł do przekonania, że najbardziej typowym i najbardziej zarazem zagadkowym zjawiskiem biologicznym jest właśnie rozwój organizmu, czyli – jak to nazywał – „rodzenie”. Dzisiejsza biologia jest tego samego zdania.

Życie, to przede wszystkim „cykl życiowy”. Organizm żywy to nie ten, czy inny etap życia, ale cały „cykl życiowy”. Poszczególne etapy rozwoju są tylko jego częściami. Przykładem cyklu życiowego jest przemiana jaja w kure, żołądźcia w dojrzały dąb, skrzeku w kijankę i w żabę, jajeczka jedwabnika w gąsieniczkę, poczwarkę i wreszcie dorosłą postać owada. Te przemiany, ten rozwój to jest właśnie życie. Reszta, to tylko części, narzędzia, fragmenty. Arystotelesa w tym rozwoju najbardziej intrygowała epigeneza, całościowość i niepodzielność. *Epigeneza*, tzn. wzrost złożoności, przemiana etapów i struktur prostszych w bardziej złożone. *Całościowość*, czyli takie kształtowanie się załączków, zawiązków, by ostatecznie pasowały do siebie w dojrzałym mechanizmie ciała. *Niepodzielność*, czyli zjawiska regeneracji uszkodzonych, okaleczonych organów i dokładna powtarzalność cykli, rozwijających się na nowo z maleńkich nasion. W obliczu tych faktów i prawidłowości Arystoteles uznał, że musi istnieć całościowy, niezmienny, niezależny od czasu i przestrzeni czynnik, który kieruje epigenezą, czuwa nad całościowością i tłumaczy regenerację zniszczonych struktur. Arystoteles nazwał ten hipotetyczny czynnik „duszą wegetatywną”. Miała być ona „cała w całości i cała w każdej części”. Mimo niepodzielności wewnętrznej mogła się ona mnożyć poprzez związek z „materią” (pojmowaną w swoisty sposób, odbiegający nieco od naszego dzisiejszego rozumienia materii, raczej jako materiał bytu niż samistny byt).

Pod koniec średniowiecza, a raczej w renesansie, poglądy Arystotelesa stały się niemożliwe i pozostały w znacznym stopniu zapomniane aż do XIX wieku. To prawda, że bronili tych poglądów tak wybitni biolodzy, jak np. William Harvey, ale główny nurt biologii szedł zupełnie inną drogą, koncentrując się na badaniach etapu formy dojrzałej, na fizjologii, czyli mechanizmach działania narządów ostatecznie ukształtowanych.

W drugiej połowie XIX wieku w związku z gromadzącym się obfitym materiałem obserwacji embriologicznych pojawił się na nowo niepokojący problem czynnika kierującego całością i niepodzielną epigenezą rozwoju. August Weismann uznał, że czynnik ten musi spełniać rolę „duszy wegetatywnej” Arystotelesa, ale – zgodnie z duchem epoki – przyjął, że musi to być czynnik czysto materialny. Założył, że czynnik ten rezyduje w jądrze komórki rozrodczej i że każde nasionko, każdy plemnik, każda komórka jajowa musi posiadać taki czynnik. Konsekwentnie pojawiło się pytanie, jak taki czynnik się rozmnaża. By uniknąć zarzutu „błędneho koła” (*circulus vitiosus*), Weismann uznał, że czynnik sam się powiela, sam się rozmnaża<sup>5</sup>. Przez wiele lat nikt nie wyobrażał sobie, w jaki sposób cząsteczka chemiczna mogłaby się sama rozmnażać. Dopiero prace nad strukturą DNA otworzyły, tak się przynajmniej zdawało, szansę zrozumienia tego dziwnego, a przecież koniecznego warunku.

#### MIT SAMOPOWIELANIA SIĘ DNA

Aż do lat pięćdziesiątych dokładna struktura DNA pozostawała zagadką. Wiedziano

<sup>5</sup> Por. A. Weismann, *Die Continuität des Keimplasmas als Grundlage einer Theorie der Vererbung*, Jena 1885, p. 70-71.

tylko, że DNA składa się z czterech składników, zwanych nukleotydami, oraz że każdy nukleotyd składa się z takiej samej cząsteczki cukru (dezoksyrybozy), z takiej samej cząsteczki kwasu fosforowego, oraz jednej z tzw. zasad organicznych. Czyli, wiedziano że nukleotydy różnią się między sobą tylko tymi zasadami. W DNA wykryto cztery takie zasady zwane (A)deniną, (G)uaniną, (T)yminą i (C)ytozyną. Stąd nukleotydy DNA nazwano od tych zasad adenozyzną, guanozyzną, tymidyną i cytydyną. Nie wiedziano jednak, jak te cztery cegiełki łączą się razem. W 1953 roku Amerykanin Watson i Anglik Crick, pracujący na uniwersytecie w Cambridge, wysunęli trzy hipotezy: hipotezę podwójnego łańcucha DNA, hipotezę komplementarności tych dwu łańcuchów oraz hipotezę replikacji semikonserwatywnej. I tak powstał model „podwójnej spirali DNA” (*double helix*)<sup>6</sup>.

Na czym polegał model podwójnej spirali? Zgodnie z pierwszą hipotezą, DNA miało składać się z dwu łańcuchów nukleotydowych (polinukleotydów) zazębiających się nawzajem o siebie tak, jak dwie taśmy zamka błyskawicznego spojone są ze sobą ząbkami. Z pewnych, bardzo złożonych powodów Watson i Crick przyjęli, że te dwa łańcuchy są skręcone razem w spiralę, choć do dzisiejszego dnia toczy się dyskusja na ten temat<sup>7</sup>. Dalej, hipoteza komplementarności głosiła, że nie każdy nukleotyd jednego łańcucha pasuje do nukleotydu w łańcuchu drugim. Adenozyzna „pasowała” tylko do tymidyny, zaś guanozyzna do cytydyny. A więc jeżeli łańcuchy DNA miały być dokładnie zazębione na całej długości, to A musiała mieć zawsze naprzeciwko T, zaś G musiało być naprzeciwko C. I tak, wg hipotezy komplementarności, kto znał kolejność nukleotydów w jednym łańcuchu, mógł przewidzieć, jaka jest kolejność nukleotydów w drugim, komplementarnym łańcuchu. I tu dochodzimy do głównego źródła mitu, mianowicie do hipotezy replikacji semikonserwatywnej.

Watson i Crick postulowali, że komórka nie buduje nowych egzemplarzy DNA od nowa, ale, że korzystając ze starej cząsteczki tworzy na niej, jak na matrycy, nową cząsteczkę. Wystarczy, że łańcuchy odłączą się od siebie, wystarczy, że pojawią się wolne nukleotydy A, T, G i C, a wszystko dokona się samoczynnie. Nukleotydy przyczepią się do swoich „partnerów” na jednym i drugim łańcuchu i na miejsce jednej powstaną dwie identyczne cząsteczki DNA. Te dwie nowe cząsteczki znowu mogą się same skopiować, itd. w nieskończoność. Konsekwentnie każda potomna komórka rozrodcza mogłaby łatwo otrzymać taką samą cząsteczkę DNA, jaką posiadali jej rodzice. Model struktury DNA zaproponowany przez Watsona i Cricka potwierdził się, przynajmniej w swych istotnych elementach. W 1962 roku otrzymali oni razem z Wilkinsem nagrodę Nobla. Wydawało się, że Weismann, zamieniając niematerialną „duszę wegetatywną” na materialny czynnik chemiczny jądra komórkowego, dobrze trafił i że czynnik ten rzeczywiście może się sam kopiować. Mit samoreplikacji był tak pociągający, że pobożne życzenia zostały przez wielu potraktowane jako fakt naukowy. Im kto mniej znał się na biochemii, tym głośniej zachwycał się przedziwną mocą DNA. Tymczasem, chociaż trzy hipotezy dotyczące struktury DNA potwierdziły się, sam mit się nie potwierdził. Dlaczego?

Oto parę faktów, które spowodowały klęskę mitu. Cząsteczka DNA w formie podwój-

<sup>6</sup> J.D. Watson, F. H. C. Crick, *The Structure of DNA*, Cold Spring Harb. Sympos. Quant. Biol., 18 (1953) 123-131.

<sup>7</sup> G. A. Rodley, R. H. T. Bates oraz S. Arnott, *Discussion Forum: Is DNA Really a Double Helix?*, TIBS, 5 (1980) 231-234.

nych, komplementarnych łańcuchów okazała się jednym z najbardziej biernych elementów komórki. Rozerwanie, otwarcie tego „zamka błyskawicznego” wymaga sporej energii, a w dodatku musi być ona dostarczana bardzo precyzyjnie, by zamiast otwarcia, nie doszło do zniszczenia cząsteczki. Odkryto cały szereg enzymów przeprowadzających wspólnie tę skomplikowaną operację<sup>8</sup>. Uświadomiono też sobie coś, co mogło być oczywiste od samego początku, że przecież muszą się skądś brać te wolne nukleotydy, których wyprodukowanie nie jest wcale prostą sprawą. Wreszcie połączenie indywidualnych nukleotydów, przylegających do swoich „partnerów” na otwartym łańcuchu DNA, też wymaga bardzo złożonego działania niezwykle skomplikowanych urządzeń molekularnych, zwanych polimerazami DNA. Liczba wszystkich różnorodnych czynników, które współdziałają w operacji powielania cząsteczki DNA i które są absolutnie niezastąpione, przekroczyła już liczbę stu, a każdy dosłownie rok przynosi doniesienia o odkryciu nowych, nieoczekiwanych komplikacji. Proces replikacji DNA jest ściśle zsynchronizowany z aktualnym stanem innych mechanizmów wewnątrzkomórkowych, z parametrami środowiska i sygnałami, które stamtąd do komórki dochodzą. Wiadomo obecnie, że to cała komórka powiela swój DNA, a samopowielanie jest tylko legendą.

#### MIT HETEROKATALIZY CZYLI KIEROWNICZEJ ROLI DNA

Przejdźmy teraz do omówienia drugiego Mitu, który głosi, że cząsteczka DNA kieruje rozwojem procesów życiowych w komórce i w całym w ogóle organizmie. Ale najpierw musimy zrozumieć tło, na jakim ten mit się pojawił. Tym tłem była zagadka powstawania enzymów.

Mówi się czasem „enzym, to białko”, ale nie jest to ściśle. Białko jest zazwyczaj tylko częścią enzymu. Mimo to zagadka enzymów rzeczywiście wiąże się z tą właśnie białkową ich częścią. Dlaczego białka tak bardzo intrygują biochemików? Przecież organizm składa się nie tylko z białek, ale i z cukrów, substancji tłuszczowych i tysiąca innych bardzo złożonych związków, bez których procesy życiowe są niemożliwe. Otóż zainteresowanie białkami wiąże się też jakoś z Arystotelesowską koncepcją życia. Arystoteles uznał budowanie organizmu za najważniejszy i najbardziej podstawowy proces życiowy, za proces ważniejszy od funkcjonowania organizmu. Funkcjonowanie organizmu jest przecież w znacznej mierze *skutkiem* tego, że został on właściwie zbudowany. Enzymy zaś, złożone z białek, są właśnie maszynami budowlanymi, narzędziami, dzięki którym dokonuje się budowa funkcjonalnych struktur komórki.

Szybkość i precyzja działania enzymów jest niewiarygodna. Miliony i miliardy razy przyspieszają przebieg reakcji chemicznych. Decydują o właściwym rozmieszczeniu poszczególnych atomów w cząsteczkach liczących tysiące i dziesiątki tysięcy takich atomów. Reakcje enzymatyczne wewnątrz komórki, czyli *in vivo*, przebiegają z wykorzystaniem ściśle określonych porcji energii wyzwanych we właściwym momencie<sup>9</sup>. Mechanizm działania enzymów jest badany już od lat i widać coraz wyraźniej, że nie ma w tym mechanizmie niczego nadprzyrodzonego, wykraczającego poza

<sup>8</sup> B. Alberts, R. Sternglanz, *Recent Excitement in the DNA Replication Problem*, Nature, 269 (1977) 655-661.

<sup>9</sup> Por. P. Lenartowicz, St. Ziemiański, *Życie – porządkujący ruch materii*, Znak, 32 (1980) 203-215.

prawa fizyki i chemii, podobnie zresztą jak działanie obrabiarek-robotów w fabryce nie wykracza w niczym poza działanie praw przyrody. Aż do lat sześćdziesiątych powstawanie enzymów stanowiło jednak wielką tajemnicę. Każdy organizm buduje je od nowa z surowca materii nieorganicznej, z prostych związków mineralnych dostępnych w środowisku. Nawet po ich wytworzeniu komórka korzysta z nich przez krótki stosunkowo okres czasu, demontując „stare” enzymy i wymieniając je na „nowe”.

Kto nie zdaje sobie sprawy ze złożoności poszczególnych enzymów, ten nie przejmując się zbyt problemem ich powstawania. W okresie, który się zaczął jeszcze przed II wojną światową, wzrastała powoli świadomość wielkiej złożoności enzymów, a zwłaszcza ich głównego (ilościowo) składnika, czyli białek-polipeptydów<sup>10</sup>. Polipeptydy okazały się łańcuchami złożonymi nie z czterech, jak DNA, ale z dwudziestu różnych rodzajów „paciorków”, zwanych aminokwasami. Ponieważ każdy rodzaj aminokwasu posiada identyczne „zaczepy”, umożliwiające tworzenie łańcuchów dowolnej praktycznie długości, stało się rzeczą jasną, że istota sekretu białek zawiera się w odpowiedniej kolejności aminokwasów w łańcuchu. Pod koniec lat 40-tych i na początku lat 50-tych pojawiły się pierwsze rekonstrukcje niektórych cząsteczek polipeptydów występujących w organizmach żywych, rekonstrukcje nagrodzone nagrodami Nobla. Wtedy już ostatecznie zrozumiano, że przypadkowe powstanie funkcjonalnego polipeptydu oznacza tyle samo, co wygranie przypadkiem głównej nagrody w Toto-Lotka przez tysiące razy z rzędu. Nikt by nie uwierzył, że takie wygrywanie jest wyrazem przypadku, względnie wyrazem jakiegoś prawa przyrody.

Podobnie było z białkami. Nikt nie miał wątpliwości, że ani prawo przyrody, ani przypadek nie mogą tu odgrywać żadnej roli. Komórka musi mieć jakiś „program”, jakąś wewnętrzną informację, która pozwala jej bezbłędnie budować nie byle jakie polipeptydy, ale polipeptydy *funkcjonalne*. Znowu zwrócono uwagę na DNA. Tylko cztery nukleotydy, to za mało, by zaprogramować dwadzieścia różnych aminokwasów. Wysłano więc hipotezę, że nukleotydy DNA tworzą wyrazy kilkukiliterowe. Dwukiliterowych wyrazów w oparciu o cztery nukleotydy można utworzyć 16. To jednak też za mało. Ale gdyby DNA zawierało wyrazy trzyliterowe, byłoby ich aż 64. A to by już wystarczyło. Hipoteza kodu trzyliterowego potwierdziła się dopiero w latach sześćdziesiątych. Najpierw udowodniono, że uszkodzenie DNA powoduje uszkodzenie polipeptydu. Potem, że rozmieszczenie uszkodzeń wzdłuż cząsteczki DNA odpowiada z grubsza rozmieszczeniu uszkodzeń wzdłuż polipeptydów. Wreszcie odkryto, że każdemu kolejnemu aminokwasowi polipeptydu odpowiadają na cząsteczce DNA trzy sąsiadujące nukleotydy, zwane odtąd kodonem lub trypletem. Ponieważ kodonów jest 64, wiele aminokwasów oznaczonych jest dwoma, trzema lub nawet sześcioma synonimicznymi kodonami. Ponadto, trzy kodony – jak się okazało – oznaczają „znaki przestankowe”, czyli miejsca, gdzie kończy się zaszyfrowany zapis dla danego polipeptydu<sup>11</sup>.

Trzeba, dodać, że w początkach lat sześćdziesiątych Monod i Jacob wysunęli hipotezę informacji zakodowanych wzdłuż łańcucha DNA i że ta hipoteza też się po-

<sup>10</sup> Por. M. Florkin, *A History of Biochemistry*, Amsterdam 1972, p. 285-294.

<sup>11</sup> Por. H. L. K. Whitehouse, *Towards an Understanding of the Mechanism of Heredity*, London 1970, p. 220-235.

twierdziła<sup>12</sup>. Prócz kodonów trójliterowych, DNA ma na swej długości wyrazy cztero-, a nawet dziesięcio- i więcej literowe, oznaczające rozmieszczenie przepisów na poszczególne enzymy lub całe ich zespoły. Znalaziono odcinki DNA służące do blokowania informacji zawartej w innych odcinkach, do synchronizowania jak gdyby procesu wykorzystywania tej informacji z wieloma innymi procesami zachodzącymi wewnątrz i na zewnątrz komórki<sup>13</sup>.

Zagadka powstawania enzymów wyjaśniła się więc. Liczne dziwne, niewytłumaczalne poprzednio obserwacje stały się nagle zrozumiałe – i właśnie na tym etapie badań powstał mit o Kierowniczej Roli Cząsteczki DNA. Rozentuzjadowani biologowie zaczęli wyobrażać sobie, że ta niesamowita cząsteczka DNA po prostu buduje enzymy, enzymy budują komórkę, komórka buduje organy ... itd.

Informacja zmagazynowana w DNA wydawała się tym archimedesowym punktem oparcia, w którym miał rzekomo rozpocząć się ruch prowadzący w konsekwencji do postaci dojrzalej. „DNA zawiera informację, która poprzez oddziaływanie ze środowiskiem kieruje rozwojem i zachowaniem się organizmu”<sup>14</sup>. Ale był to mit. Dalsze badania nad procesem powstawania białek polipeptydów rozwiązały go doszczętnie, wysuwając na nowo, ale w jeszcze bardziej oczywisty sposób, konieczność odnalezienia właściwego czynnika odpowiedzialnego za epigenezę, całościowość i niepodzielność procesów cyklu życiowego.

W tym miejscu musimy poruszyć sprawę terminu „kontrola”. To słówko pojawia się często w tytule i tekstach publikacji biochemicznych, ale w innym znaczeniu niż potoczne. W życiu codziennym mówimy o „kontrolach”, gdy chodzi o świadome czuwanie nad bezbłędnym funkcjonowaniem różnorodnych mechanizmów, nad zachowaniem proporcji ich działania w zmieniających się warunkach otoczenia. W biochemii natomiast przyjęło się, dosyć niepostrzeżenie, stosować ten termin zamiast terminu „zależność”, względnie terminu „wpływ”. Jeżeli opady atmosferyczne *zależą* m. in. od temperatury powietrza, to biochemik powiedziałby dzisiaj, że temperatura „kontroluje” proces powstawania opadów. Albo, jeżeli wzrost upraw zależy od opadów atmosferycznych, biochemik powie, że opady „kontrolują” wzrost marchewki czy sałaty. Sałata „kontroluje” rozwój zajęcy, a zajęcy rozwój kółek myśliwskich. Laik albo będzie protestował, albo uwierzy, że klimat „kontroluje” rozwój kółek myśliwskich. Biochemik jednak nie da się wprowadzić w błąd, bo jest zaznajomiony z naukowym żargonem przyjętym w jego środowisku. Jeżeli w tekście biochemicznym czyta się czasem, że DNA kontroluje ten czy inny proces, należy rozumieć, że chodzi tu o *zależność* tego procesu od DNA, a nie o jakąś rzeczywistą, kontrolującą (regulującą i koordynującą) moc tej cząsteczki.

<sup>12</sup> J. Monod, F. Jacob, *General Conclusions: Teleonomic Mechanisms in Cellular Metabolism, Growth and Differentiation*, Cold Spring Harb. Sympos. Quant. Biol, 26 (1961) 389-401.

<sup>13</sup> Por. np. A. Minty, P. Newmark, *Gene Regulation: New, Old and Remote Control*, „Nature”, 288 (1980) 210-211, oraz Gloria Lee, Carol Talkington, Janice Pero, *Nucleotide Sequence of a Promoter Recognized by Bacillus subtilis DNA Polymerase*, Molec. gen. Genet. 180 (1980) 57-65.

<sup>14</sup> F. Ayala, *The Concept of Biological Progress*, W: *Studies in the Philosophy of Biology*, pod red. P. J. Ayala, T. Dobzhansky, London 1974, p. 344.

## KRYZYS MITU KIEROWNICZEJ ROLI DNA

Mit ten składał się z dwóch twierdzeń. Jedno twierdzenie dotyczyło symbolicznej informacji zawartej w DNA, drugie – zdolności do przekształcania symboli w funkcjonalne struktury organizmu.

Mit informacji głosił, że w łańcuchu DNA jest zaszyfrowana nie tylko kolejność aminokwasów w polipeptydach funkcjonalnych, nie tylko sposób, w jaki polipeptydy te muszą zwinąć się, by osiągnąć odpowiednie właściwości dynamiczne, nie tylko sposób łączenia tych polipeptydów z kompleksami niebiałkowymi w kompletną strukturę enzymów. Sposób przestrzennego rozmieszczenia enzymów w błonach wewnątrzkomórkowych, struktura organów wewnątrzkomórkowych, dynamika powstawania tych organów, cała dynamika cyklu życiowego pojedynczej komórki, sposób różnicowania się komórek mięśniowych, nerwowych, gruczołowych, kostnych, itd., sposób łączenia się tych komórek w takie organy, jak nerka, mózg, czy przewód pokarmowy, wszystko, dosłownie wszystko miało być, w taki czy inny sposób, zapisane na taśmie łańcuchów DNA.

Mit aktywności DNA natomiast głosił, że cząsteczka DNA sama tę informację realizuje. Oznaczałoby to, że DNA jest nie tylko pełną dokumentacją technologiczną cyklu życiowego, ale że jest to dokumentacja *żywa*. Plany, rysunki czy instrukcje dokumentacji przemysłowej są, jak wiemy, czymś biernym. Nie są w stanie wybudować ani obrabiarki, ani fabryki, ani gotowego samochodu. Mit DNA głosił, że DNA jest nie tylko dokumentacją, ale też jakąś *mocą* zdolną do urzeczywistnienia tej dokumentacji. Nikt nie stawiał może tej sprawy tak ostro, jak ja tu ją przedstawiam. Ale istota mitu Heterokatalizy do tego się, niestety, sprowadzała. Bez tego mitu nie można by podtrzymywać nadziei na tzw. redukcjonistyczne rozwiązanie zagadki życia, nie można by głosić, że życie jest tylko sposobem istnienia materii i niczym więcej.

A jak ten mit poniósł klęskę? Powiem to od razu, by zmęczony Czytelnik mógł ewentualnie darować sobie dalszy ciąg tych nużących zapewne wywodów. Otóż okazało się, że sama informacja zapisana w DNA nie wystarcza nawet do budowy enzymów, nie mówiąc już o wyższych piętach funkcjonalnych struktury organizmu. Nie wystarcza do budowy polipeptydów funkcjonalnych w tak szybki i tak bezbłędny sposób, jaki jest absolutnie konieczny do kontynuowania procesów życiowych i w jaki one *de facto* zachodzą. Poza tym odkryto bardzo złożoną maszynę molekularną, odczytującą symboliczny, zaszyfrowany zapis DNA i montującą według tego zapisu łańcuchy polipeptydów. Zgodnie z oczekiwaniami zdrowego rozsądku istnieje w komórce precyzyjne urządzenie zamieniające bierny zapis informacyjny w polipeptyd, czyli białkowy półprodukt do konstrukcji enzymów. Urządzenie to posiada cechy całości i – co najważniejsze – powstaje drogą epigenetyczną, całościową i niepodzielnej. Stale powstaje od nowa, stale jest tworzone z materii nieorganicznej i to wielokrotnie w ciągu życia pojedynczej komórki. A więc nie udało się uciec od tego zjawiska, które zafascynowało niegdyś Arystotelesa i które zmusiło go do postulowania „duszy wegetatywnej”. Nie powiodła się ucieczka od tego postulatu, mimo że biolodzy zeszli na samo dno dynamiki życiowej, na poziom procesów chemicznych.

## PROCES BUDOWY BIAŁKOWEJ CZĘŚCI ENZYMÓW

Konkretny enzym wykonuje tylko jedną ściśle określoną „operację” i tylko na ściśle



określonej cząsteczce chemicznej. Stąd komórka musi posiadać komplet setek, a może nawet więcej niż tysiąc enzymów. Tak, jak dentysta ma różne kleszcze o różnorodnych kształtach, pasujące do pojedynczych zębów górnej czy dolnej szczęki, po lewej czy po prawej stronie, tak i komórka posiada różnorodne enzymy, nie tylko do „wyrywania”, ale do łączenia, przekształcania, aktywowania różnorodnych grup atomów w różnorodnych cząsteczkach. Białkowe części enzymów, czyli polipeptydy składają się z setek i więcej aminokwasów, połączonych, jak już mówiliśmy, w ściśle określonej kolejności. Budowanie tych polipeptydów dokonuje się w ogromnym wielocząsteczkowym kompleksie rybosomu. Na rybosom składa się 55 różnych łańcuchów polipeptydów i 3 różne łańcuchy polirybonukleotydu (tzw. rRNA). W rybosomie spotykają się pojedyncze aminokwasy oraz taśma kodonów mRNA, będąca zmodyfikowaną kopią kodonów zapisanych na DNA. Jak kodony mRNA wpływają na układanie się i łączenie aminokwasów we właściwej kolejności? Otóż aminokwasy nie dostają się do rybosomu „luzem”, ale każdy aminokwas pojawia się tam na grzbiecie cząsteczki transportującego polirybonukleotydu (tRNA), ten zaś posiada tzw. antykodon, czyli „przyczep”, pasujący tylko do ściśle określonego kodon mRNA. Transportujące RNA ustawiają się w rybosomie wzdłuż taśmy kodonów mRNA we właściwej kolejności, zdeterminowanej ich antykodonami, a przez to niesione przez nie aminokwasy zbliżają się do siebie w tej samej kolejności, jaką określał DNA, matryca służąca do produkcji mRNA<sup>15</sup>.

W rybosomie następuje łączenie sąsiadujących aminokwasów w jeden łańcuch polipeptydu (struktura I-rzędowa). Taki łańcuch ulega potem odpowiedniemu, nieprzypadkowemu skręceniu i „pofałdowaniu” (struktura II-rzędowa), odpowiedniemu, nieprzypadkowemu zwinięciu (struktura III-rzędowa) i – często – właściwemu, nieprzypadkowemu połączeniu z wyprodukowanym osobno odpowiednim polipeptydem lub koenzymem (struktura IV-rzędowa). Koenzym jest niebiałkowym, bardzo zazwyczaj złożonym związkiem chemicznym, wchodzącym w skład tzw. „centrum aktywnego” enzymu. Do dzisiejszego dnia trwa spór o to, który poziom struktury enzymu jest determinowany przez informację DNA, a od którego poziomu muszą działać jakieś inne źródła informacji<sup>16</sup>. Niektóre polipeptydy są zakodowane w DNA razem z funkcjonalnie zbytecznymi „wstawkami”, które jednak ułatwiają prawidłowe zwinięcie się polipeptydu we właściwą formę kłębuszka, po czym są – znowu przez odpowiednie enzymy – odcinane. Należy jeszcze dodać, że szereg aminokwasów wmontowanych już w strukturę polipeptydu ulega pod wpływem enzymów odpowiednim przekształceniom i modyfikacjom wewnętrznym tak, że gotowy, funkcjonalny polipeptyd może zawierać w sobie znacznie więcej różnorodnych aminokwasów, niż owe 20 form podstawowych<sup>17</sup>. To wszystko dzieje się oczywiście nieprzypadkowo, powtarzalnie, a zakłócenie budowy białka na jakimkolwiek etapie (poprzez działanie antybiotyków, trucizn) prowadzi do dramatycznego załamania procesów życiowych komórki.

Powstawanie mRNA czyli matrycowego polirybonukleotydu można porównać do wykonania kserokopii paru stron z wielotomowego dzieła (DNA). Matrycowy RNA jest

<sup>15</sup> Por. J. A. Lake, *The Ribosome*, Sci. Amer., August 1981, p. 56-69.

<sup>16</sup> Por. np. M. J. Geisow, *Disulphide Bonds and Protein Folding*, Nature, 269 (1977) 9-10

<sup>17</sup> Por. Rosa Uy, F. Wold, *Posttranslational Covalent Modification of Proteins*, Science, 198 (1977) 890-896.

w dodatku kopią zmodyfikowaną. Zamiast cukru dezoksyrybozy występuje w jego nukleotydach cukier ryboza, a zamiast tyminy – uracyl. Wytworzenie tych rybonukleotydów, dotarcie do właściwego odcinka DNA, otwarcie „zamka błyskawicznego”, połączenie w jeden łańcuch rybonukleotydów ustawionych na „matrycy” DNA według zasady komplementarności, oderwanie tego łańcucha, przetransportowanie go do rybosomu to długa, skomplikowana historia, a liczba enzymów, które tego dokonują, jest też niemała.

Omówimy nieco dokładniej inny, ciekawy fragment procesu budowy białka, a mianowicie proces powstawania tRNA, obciążanego właściwym aminokwasem.

#### EPIGENEZA tRNA

Na cząsteczce DNA znajduje się, jak się okazało, matryca dla wielu różnorodnych form tRNA. Tak jak szewc kształtuje buty na kopycie, tak podstawowa, surowa struktura konkretnej formy tRNA jest po prostu komplementarnym, choć zmodyfikowanym odbiciem struktury odpowiedniego odcinka DNA. Często konkretny odcinek DNA jest matrycą nie dla jednego, ale dwu tRNA, które formowane są tu wspólnie, a dopiero potem przecinane na dwie osobne cząsteczki<sup>18</sup>. Taki surowy półprodukt jest nazywany prekursorem tRNA. Prekursor po oddzieleniu od DNA ulega dalszej obróbce, polegającej na odcięciu (przez odpowiednie enzymy) pewnej części łańcucha rybonukleotydów, na przyłączeniu (przez odpowiednie enzymy) pewnej liczby rybonukleotydów, na wewnętrznym przekształceniu (przez odpowiednie enzymy) niektórych nukleotydów tak, że ostatecznie gotowy tRNA jest cząsteczką o ciężarze cząsteczkowym ok. 2,5 tysiąca, liczącym ok. 80 nukleotydów, z których do 16% uległo mniej lub bardziej istotnym modyfikacjom<sup>19</sup>. Cząsteczka zwinięta ciasno w podobny nieco do litery L, zagięty wałeczek, posiada na jednym końcu przyczep dla aminokwasu, zaś na drugim tzw. antykodon, czyli zestaw trzech zasad organicznych, komplementarnych dla określonego kodonu matrycowego RNA (a pośrednio dla kodonów DNA)<sup>20</sup>. I tak np. tRNA dla aminokwasu leucyny posiada antykodon złożony z UAG (uracylu, adeniny i guaniny), dla fenyloalaniny – GAA, dla tyrozyny – GUA... itd. Można teraz zapytać, w jaki sposób tRNA z antykodonom GUA zostanie załadowany właśnie tyrozyną, a nie innym aminokwasem?

#### DZIAŁANIE AMINOACYLO-tRNA SYNTEZAZ

Komórka posiada zestaw enzymów zwanych aminoacylo-tRNA syntetazami, które „potrafią” rozpoznać strukturę aminokwasów i łączyć je z właściwym tRNA. Tych enzymów jest przynajmniej tyle ile jest rodzajów podstawowych aminokwasów, czyli dwadzieścia. Konkretny enzym posiada rodzaj szczeliny, w którą idealnie pasuje tylko jeden, ściśle określony aminokwas. W głębi tej szczeliny znajduje się obszar hydro-

<sup>18</sup> Por. Christine Guthrie, *Folding up a Transfer RNA Molecule is not Simple*. Quart. Rev. Biol., 55 (1980) 335-352.

<sup>19</sup> Por. Sung-Hon Kim. J. L. Sussman, *Transfer RNA: Structure-Function Correlation*, „Horiz. Biochem. Biophys.”, 4 (1977) 159-200, oraz O. Schmidt, D. Söll, *Biosynthesis of Eucaryotic Transfer RNA*, Bioscience, 31 (1981) 34-39.

<sup>20</sup> Dwuwymiarowe schematy struktury tRNA mają zazwyczaj, dla przejrzystości, kształt koniczyny z czwartym listkiem odrobinię „niedorozwiniętym”.

lityczny (*hydrolytic site*) tego enzymu. Zbyt duża cząsteczka aminokwasu nie jest w stanie wpasować się w szczelinę syntetazy i odpada od jej powierzchni. Cząsteczka mniejsza od właściwej wchodzi wprawdzie do szczeliny, ale zbyt głęboko i ulega zniszczeniu w obszarze hydrolitycznym. Dzięki temu mechanizmowi, zwanemu „podwójnym sitem”, enzym jest w stanie zidentyfikować właściwą cząsteczkę aminokwasu<sup>21</sup>. W jakiś analogiczny sposób identyfikuje on też właściwą cząsteczkę tRNA i łączy obie te cząsteczki ze sobą, co zresztą wymaga dostarczenia mu odpowiedniej porcji energii z zewnątrz. Załadowana właściwym aminokwasem cząsteczka tRNA zostaje teraz przyłączona do specjalnej cząsteczki białka zwanej czynnikiem wydłużającym (*elongation factor*) i przy jego pomocy transportowana do rybosomu. Stamtąd jest potem wyrzucana „pusta” i bądź to ładowana na nowo, bądź to demontowana na „czynniki pierwsze”.

### BUDOWA POLIPEPTYDÓW A MIT HETEROKATALIZY

Czytelnikowi, który dojrzał do tego miejsca, zagraża obecnie pewne złudzenie i to tym groźniejsze, im lepiej zrozumiał to, co zostało napisane. Działanie „fabryki polipeptydów” jest imponujące w swej szybkości, precyzji i logice. Pojawia się więc pokusa, by uznać, że wszystko jest już jasne. Przez tę „jasność” Czytelnik może nie zapytać w duchu, „jak działają enzymy modyfikujące prekursor tRNA?”, „jak mRNA wsuwa się do rybosomu właściwym końcem?”, „skąd się bierze energia potrzebna do tych procesów?”, „jaki mechanizm dostarcza tę energię tam, gdzie trzeba i wtedy, gdy trzeba?”, „w jaki sposób te różnorodne cząsteczki orientują się w przestrzeni i trafiają tam, gdzie należy?”... Takich i podobnych pytań może powstać tysiące. One są siłą napędową badań biochemicznych. Jeżeli się o nich zapomni, natychmiast powstaje złudzenie, że cały ten wspaniały proces odbywa się automatycznie, samoczynnie. Że nie wymaga czynnika koordynującego, integrującego. To tak, jak gdyby zwiedzający przychodząc do nowoczesnej fabryki, w której cicho szumią rozmaite urządzenia produkcyjne, popatrzył na to wszystko i powiedział do inżynierów na służbie: „wy tu naprawdę nie macie nic do roboty!”.

Fabryka polipeptydów w komórce stale powstaje na nowo, stale jedne jej części są demontowane, inne zaś montowane od „zera”. W komórce trudniej więc popaść w złudzenie automatyczności procesów biochemicznych. Ale i o tym powstawaniu na nowo rybosomów, tRNA, syntetaz... itp. też się zapomina, albo zgoła nie wie. A ta niewiedza, ten brak świadomości, ten brak prawdziwego pojęcia o życiu sprawia, że Mit DNA i jej kierowniczej roli może się karmić właśnie nowymi odkryciami, które przy poprawnej interpretacji powinny by go unicestwić.

Podsumowując można powiedzieć, że DNA jest ważnym, niezastąpionym magazynem informacji symbolicznej w komórce. Jest to jednak tylko magazyn, a nie czynnik integrujący różnorodne procesy cyklu życiowego.

### ZAWARTOŚĆ MAGAZYNU INFORMACYJNEGO DNA

Powróćmy jeszcze raz do mitu „pełnej informacji”. Zastanówmy się nad jego kon-

<sup>21</sup> A. F. Fersht, C. Dingwall, *Mechanism and Specificity of Aminoacyl-tRNA synthetases: „Double sieve” Sorting*, W: *Protein: Structure, Function and Industrial Applications*. FEBS 12th Meeting, Dresden 1978, Symp. S4, pod red. W. Pfeil, Oxford 1978, p. 69-80.

sekwencjami. Częsteczka DNA jest stosunkowo bardzo długa. W komórkach bakterii beźjadrzastych częsteczka DNA tysic i wicej razy dlusza od komrki jest zwinięta w ciasny kłębuszek. W komrkach jdrzastych, np. w pojedynczej komrce ciała myszy, DNA ma dłuość grubo ponad metr i jest, jak się okazuje, zwinięte ciasno na licznych, utworzonych z białka, mikroskopijnych szpuleczkach, zwanych nukleosomami<sup>22</sup>. Czy DNA moe zawierać w sobie pełnię dokumentacji koniecznej dla reprodukcji wszystkich dziedzicznych cech organizmu? To zaley, jak gęsto i jak oszczędnie ta informacja jest w DNA zapisana. Poniewa zakodowanie jednego aminokwasu wymaga kodonu trzynukleotydu, odcinek DNA kodujcy 100 aminokwasów składać się musi z 300 nukleotydu, które s poza tym trzy razy cięsze od aminokwasów. Z drugiej strony, jak się okazało, niektóre częsteczki DNA s zapisane niejako podwójnie. Wyobraźmy sobie, że kto napisał wiersz w wierszu, czyli napisał wiersz tak, że przestawienie odstępów pomiędy wyrazami daje zupełnie now treść. Coś analogicznego stwierdzono w symbolice DNA wirusa  $\phi X174$ . Niektóre odcinki tego DNA s w jednej „fazie” zakodowanym przepisem na jedno białko, a w innej, czyli po przesunięciu pocztku odczytywania o jeden nukleotydu otrzymuje się kodony oznaczajce kolejne aminokwasy innego białka funkcjonalnego<sup>23</sup>. Mona sobie te wyobrazić, że na tych trzyliterowych kodonach istnieje jeszcze wysze piętro informacji, dotyczcej np. montau błon komrkowych, kolejności poszczęólnych działań w kompleksach enzymatycznych. Będa to fantazje typu *science-fiction* oczywiście, ale za tymi fantazjami jawi się bardzo wany problem, a mianowicie odczytywania tych symboli. Im bardziej złooną jest symbolika, tym bardziej złoone musz być urzdzenia odczytujce. Tak więc pakowanie do DNA wszelkiej moliwej i niemoliwej informacji pociga powane konsekwencje teoretyczne, jeeli chcemy pozostać na gruncie praw fizyki i chemii.

#### CAŁOŚCIOWOŚĆ I NIEPODZIELNOŚĆ KOMÓRKOWEJ FABRYKI POLIPEPTYDÓW

Całosciowość polega tu na absolutnej konieczności wszystkich elementw na raz. Tak, jak z mechanizmu silnika wystarczy wyjć jedn, dowoln część, by unieruchomić całość dynamiki tego silnika, podobnie działaanie na mechanizm produkcji białka toksynami atakujcymi tylko jeden, konkretny etap powoduje sparaliowanie całego procesu. Zreszt, po zapoznaniu się z rekonstrukcj procesu powstawania białka mona było tego z gry oczekiwać. Na marginesie mona dodać, że proces badawczy dokonywał się w przeciwnym kierunku. Najpierw dokonywano eksperymentw paraliujcych badany mechanizm, a potem, najczęściej drog eliminacji, identyfikowano „punkt uchwytu” toksyny, stopniowo kompletujc pojęcie zespołu czynników koniecznych do produkcji białka.

Na wstępie artykułu wspomniano o regeneracji uszkodzonych części organizmu oraz o tym, że Arystoteles uznał regenerację za jeden z przejaww działaania hipotetycznego czynnika integrujcego proces powstawania struktur ciała w cyklu życiowym. Zjawisko regeneracji obserwuje się nie tylko na szczeblu organw anatomicznych

<sup>22</sup> R. D. Kornberg, A. Klug, *The Nucleosome*, Sci. Amer., February 1981, p. 48-60.

<sup>23</sup> F. Sanger, G. M. Air, B. G. Barrell, N. L. Brown, A. R. Coulson, J. C. Fiddes, C. A. Hutchison III, P. M. Slocombe, M. Smith, *Nucleotide Sequence of Bacteriophage  $\phi X174$  DNA*, Nature, 265 (1977) 687-705.

czy tkanek, ale również na szczeblu mechanizmów biochemicznych. W latach sześćdziesiątych wykryto zespół mechanizmów identyfikujących uszkodzenia pojawiające się wzdłuż łańcuchów DNA, wycinających uszkodzone miejsca i wstawiających „łatki”, przywracające właściwy stan nukleotydów. Regeneracją jest też wymiana elementów maszynierii produkującej polipeptydy, wymiana cząsteczek enzymów, błon wewnątrzkomórkowych i organelli, dokonująca się w absolutnie każdej bez wyjątku komórce żywej, od bakterii począwszy, a na komórkach człowieka skończywszy.

Widzimy więc, że epigenetyka, całościowość i niepodzielność, stanowiące problem biologiczno-filozoficzny od czasów starożytności, nie zdezaktualizowały się do dzisiaj. Przeciwnie, zjawiska te, jak się okazało z badań biochemicznych, przenikają cały organizm żywy na wszystkich jego poziomach organizacji i podczas wszystkich etapów jego egzystencji. Odkrycie DNA, jego zapisu symbolicznego i roli w produkcji enzymów nie przyczyniło się do rozwiązania pytania postawionego przez Arystotelesa, ale przeciwnie, wagę tego pytania jeszcze bardziej podkreśliło. Mit samoreplikacji i mit kierowniczej roli DNA jest wynikiem dziwnej tendencji popularyzatorów, by nieproporcjonalnie podkreślać znaczenie uzyskanych odpowiedzi, przy równoczesnym lekceważeniu nowo powstających zagadek.

Niezbyt wiele osób czyta dziś, o ile wiem, Arystotelesa, za to wielu z zapalem studiuje dzieło psychologa von Ditfurtha, zatytułowane *Na początku był wodór*<sup>24</sup>. Autor ten z porażającą beztrąską i swobodą „wyjaśnia” wszystkie Najważniejsze Zagadki Kosmosu, począwszy od ewolucji ciał astronomicznych, poprzez powstanie życia, jego ewolucję, aż do powstania świadomości człowieka. Na końcu zaś książki von Ditfurth zamieszcza reprodukcję grawerowanej płyty, którą sonda Pionier 10 wyniosła w Kosmos, by poinformować inne cywilizacje o poziomie naszej, ziemskiej inteligencji. Prócz tego zamieszcza on też ciąg 551 symboli zero-jedynkowych, „których komputerowa analiza wykaże natychmiast, że następowanie po sobie 551 impulsów i braku impulsów (symbole zerojedynkowe mają być obrazem zmiennego sygnału radiowego) nie jest przypadkowe i że musi tu w grę wchodzić jakiś przekaz, zawierający informacje”<sup>25</sup>.

W moim przekonaniu nawet stosunkowo prosta struktura DNA wirusa  $\phi$ X174 jest wyrazem działania inteligencji znacznie wyższej niż ta, która skomponowała wspomniany ciąg 551 zer i jedynek, choć zgodzę się, że nie jest rzeczą łatwą ustalić obiektywne kryteria, pozwalające na porównanie dwu inteligencji, względnie porównanie wytworów tych inteligencji. Inteligencję pozaziemską rozumiem zaś bardzo szeroko. Szerzej niż ci, którzy gotowi są przyjąć istnienie najbardziej fantastycznych inteligencji pozaziemskich z wyjątkiem Boga. To uporczywe, aprioryczne wykluczanie pojęcia Stwórcy wynika nie tylko z obawy przed interwencjami kleru w procesy poznania naukowego. Jest to również jakaś nieomal mistyczna obawa, wyrastająca z mrocznych i nieuzasadnionych koncepcji Absolutu. Niekonsekwencja von Ditfurtha polega, moim zdaniem, na tym, że przykłada dwojaką miarę do tworców czysto materialnych. Jedne z nich traktuje jako oczywisty wytwór inteligencji, drugim zaś, analogicznym, tej wymowy odmawia. Z lektury całej książki von Ditfurtha wynika, że nie rozumie on całościowego charakteru procesów biochemicznych i że prawdopodobnie nigdy nie słyszał o tym, co to jest epigenetyka.

<sup>24</sup> M. H. von Ditfurth, *Na początku był wodór*, Warszawa 1978.

<sup>25</sup> Ibid., p. 438.

Nieświadomość bardzo ułatwia propagowanie mitów. Takie mity jednak nie rozwijają naszej wyobraźni, nie poszerzają naszych horyzontów. Przeciwnie, zamykają nas w ciasnym kółeczku naszych złudzeń, zaspokajają tendencje poznawcze, blokując je pseudo-tłumaczeniami. Pochopny dualizm, „witalizm” w różnorodnych jego odcieniach, też bywał hamulcem rozwoju pojęć biologicznych; żaden zresztą kierunek myśli, żadna orientacja filozoficzna nie posiada gwarancji bezbłędności. Do poznania prawdy trzeba się przedzierać wszystkimi sposobami, przy użyciu wszystkich metod, bo takie jest bogactwo rzeczywistości, że ograniczenia metodologiczne tyle samo przynoszą szkody co pożytku. Pojęcie „duszy wegetatywnej” oderwane od tych danych empirycznych, które leżały u jego źródeł i od tej roli, jaką dusza ta miała w organizmie spełniać, mogło być hamulcem postępu naukowego. Obecnie to mit DNA na miejsce słusznych choć dręczących pytań wprowadza namiastkę odpowiedzi, zaspokaja byle czym umysł żądny zrozumienia, a *przez* to hamuje jego tendencję do kontaktu z rzeczywistością przez małe r i przez duże R.