

Stephen C. Meyer

DNA a pochodzenie życia. Informacja, specyfikacja i wyjaśnienie *

Teorie dotyczące pochodzenia życia z konieczności zakładają wiedzę o cechach komórek żywych. Historyk biologii Harmke Kamminga zaobserwował, że „W samym sercu problemu pochodzenia życia znajduje się fundamentalne pytanie: czego właściwie pochodzenie usiłujemy wyjaśnić?”.¹ Albo jak wyraził to pionierski teoretyk ewolucji chemicznej, Aleksander Oparin: „Problem natury życia i problem jego powstania stały się nieodłączne”.² Badacze pochodzenia życia chcą wyjaśnić powstanie pierwszej i przypuszczalnie najprostszej – lub przynajmniej minimalnie złożonej – komórki żywej. W konsekwencji osiągnięcia w dziedzinach, które objaśniły naturę jednokomórkowego życia, w sposób historyczny wyznaczyły pytania, na które muszą odpowiedzieć scenariusze pochodzenia życia.

Od lat 50-tych i 60-tych XX wieku badacze pochodzenia życia w coraz większym stopniu poznawali złożoną i specyficzną naturę jednokomórkowego życia oraz makrocząsteczki biologiczne, od których

* Stephen C. MEYER, „DNA and the Origin of Life: Information, Specification, and Explanation”, w: John Angus CAMPBELL and Stephen C. MEYER (eds.), **Darwinism, Design and Public Education**, Michigan State University Press, East Lansing 2003, s. 223-285. Z języka angielskiego za zgodą Autora przełożył Dariusz SAGAN. Recenzent: Grzegorz NOWAK, Zakład Biochemii UMCS, Lublin.

¹ H. KAMMINGA, „Protoplasm and the Gene”, w: A.G. CAIRNS-SMITH and H. HARTMAN (eds.), **Clay Minerals and the Origin of Life**, Cambridge University Press, Cambridge 1986, s. 1.

² A. OPARIN, **Genesis and Evolutionary Development of Life**, Academic Press, New York 1968, s. 7

take układy są zależne. Biologowie molekularni i badacze pochodzenia życia opisali ponadto ową złożoność i specyficzność w kategoriach informatycznych. Biologowie molekularni stale mówią o DNA, RNA i białkach jako o nośnikach lub magazynach „informacji”.³ Wielu badaczy pochodzenia życia uważa obecnie, że powstanie informacji w makrocząsteczkach biologicznych stanowi centralne zagadnienie w ich badaniach. Jak stwierdził Bernd-Olaf Koppers: „Problem pochodzenia życia jest wyraźnie zasadniczo równoważny problemowi powstania informacji biologicznej”.⁴

Niniejszy esej jest oceną rywalizujących wyjaśnień pochodzenia informacji koniecznej do zbudowania pierwszej komórki żywej. Dokonanie tej oceny wymagało będzie określenia, co biologowie rozumieją przez termin *informacja* w zastosowaniu do makrocząsteczek biologicznych. Jak wielu badaczy zauważyło, „informacja” może oznaczać kilka teoretycznie odmiennych pojęć. W niniejszym eseju postaram się usunąć tę wieloznaczność i dokładnie określę, jakiego rodzaju informacji badacze pochodzenia życia muszą wyjaśnić „powstanie”. Najpierw należy *scharakteryzować* informację zawartą w DNA, RNA i białkach jako *explanandum* (fakt wymagający wyjaśnienia), a następnie *ocenić* skuteczność rywalizujących klas wyjaśnień pochodzenia informacji biologicznej (czyli rywalizujących *explanansów*).

W części I postaram się wykazać, że biologowie molekularni stosowali termin *informacja* konsekwentnie w odniesieniu do łącz-

³ F. CRICK and J. WATSON, „A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid”, *Nature* 1953, vol. 171, s. 737-738; F. CRICK and J. WATSON, „Genetical Implications of the Structure of Deoxyribose Nucleic Acid”, *Nature* 1953, vol. 171, s. 964-967, zwłaszcza 964; T.D. SCHNEIDER, „Information Content of Individual Genetic Sequences”, *Journal of Theoretical Biology* 1997, vol. 189, s. 427-441; W.R. LOEWENSTEIN, **The Touchstone of Life: Molecular Information, Cell Communication, and the Foundations of Life**, Oxford University Press, New York 1999.

⁴ B.O. KUPPERS, **Information and the Origin of Life**, MIT Press, Cambridge 1990, s. 170-172 [tłum. pol.: Bernd-Olaf KUPPERS, **Geneza informacji biologicznej**, przeł. Włodzisław Ługowski, PWN, Warszawa 1991].

nych właściwości *złożoności* i funkcjonalnej *specyficzności* lub *specyfikacji*. Biologiczne zastosowanie tego terminu zostanie porównane z jego klasycznym informatyczno-teoretycznym zastosowaniem w celu wykazania, że termin „informacja biologiczna” niesie bogatszy sens słowa „informacja” niż klasyczna teoria matematyczna Shannona i Wienera. W części I znajdują się również argumenty przeciwko próbom traktowania „informacji” biologicznej jako metafory, pozbawionej treści empirycznej i/lub statusu ontologicznego.⁵ Wykażę, że termin *informacja biologiczna* odnosi się do rzeczywistych cech układów żywych, złożoności i specyficzności, cech, które łącznie wymagają wyjaśnienia.

W części II ocenię rywalizujące rodzaje wyjaśnień pochodzenia wyspecyfikowanej informacji biologicznej, koniecznej do wytworzenia pierwszego układu żywego. Pomocną heurystykę dla zrozumienia nieodległej historii badań nad pochodzeniem życia zapewnią kategorie „przypadku” i „konieczności”. Od 20-tych do połowy 60-tych lat XX wieku badacze pochodzenia życia w bardzo dużym stopniu posilkowali się teoriami podkreślającymi twórczą rolę losowych zdarzeń – „przypadku” – często w połączeniu z jakąś formą prebiotycznego doboru naturalnego. Od późnych lat 60-tych teoretycy zaczęli w zamian kłaść nacisk na deterministyczne prawa lub właściwości samoorganizacyjne – czyli na „konieczność” fizyko-chemiczną.

Część II obejmie także krytykę adekwatności przyczynowej teorii ewolucji chemicznej, opartych na „przypadku”, „konieczności” i na mieszanke tych dwu.

W konkludującej części III zawrę sugestię, że zjawisko informacji rozumianej jako wyspecyfikowana złożoność wymaga radykalnie odmiennego ujęcia eksplanacyjnego. Będę w szczególności argumen-

⁵ L.E. KAY, „Who Wrote the Book of Life? Information and the Transformation of Molecular Biology”, *Science in Context* 1994, vol. 8, s. 601-634; L.E. KAY, „Cybernetics, Information, Life: The Emergence of Scriptural Representations of Heredity”, *Configurations* 1999, vol. 5, s. 23-91; L.E. KAY, **Who Wrote the Book of Life?**, Stanford University Press, Stanford, California 2000, s. xv-xix.

tował, że nasza aktualna wiedza na temat sił przyczynowych nasuwa hipotezę inteligentnego projektu jako lepsze, bardziej adekwatne przyczynowo wyjaśnienie powstania wyspecyfikowanej złożoności (zdefiniowanej tak informacji), występującej w dużych molekułach biologicznych, takich jak DNA, RNA i białka.

Część I

A. Od prostoty do złożoności: Definicja biologicznego *explanandum*

Po opublikowaniu przez Darwina **O powstawaniu gatunków** w 1859 roku wielu naukowców zaczęło zastanawiać się nad problemem, którego Darwin nie poruszył.⁶ Choć teoria Darwina ma wyjaśnić, jak życie mogło stopniowo nabierać coraz większej złożoności, począwszy od „jednej lub kilku prostych form”, nie wyjaśnia, lub nie próbuje wyjaśnić, jak życie najpierw powstało. Mimo to, w latach 70-tych i 80-tych XIX wieku biologowie ewolucyjni, tacy jak Ernst Haeckel i Thomas Huxley, zakładali, że opracowanie wyjaśnienia pochodzenia życia będzie dość łatwe. Myśleli tak w dużej mierze dlatego, że zakładali, iż życie jest – w swej istocie – prostą pod względem chemicznym substancją zwaną „protoplazmą”, którą bez trudu można skonstruować

⁶ Jedyna spekulacja Darwina w kwestii pochodzenia życia znajduje się w nie opublikowanym liście z 1871 roku do Josepha Hookera. W liście Darwin zarysowuje ideę ewolucji chemicznej, mianowicie, że życie mogło najpierw wyewoluować w serii reakcji chemicznych. Darwin tak to sobie wyobrażał: „gdybyśmy (och! jakież to wielkie gdybyśmy!) mogli dostrzec w jakimś ciepłym małym stawie, w którym znajdują się wszystkie rodzaje amoniaku i soli fosforowych, przy udziale światła, ogrzewania, elektryczności itd., że w sposób chemiczny utworzył się jakiś związek białkowy, gotowy do przejścia dalszych złożonych zmian” (Cambridge University Library, Manuscripts Room, Darwin Archives, dzięki uprzejmości Petera Gautreya).

poprzez łączenie i rekombinację prostych substancji chemicznych, takich jak dwutlenek węgla, tlen i azot.

W ciągu następnych sześćdziesięciu lat biologowie i biochemicy stopniowo rewidowali swój pogląd na naturę życia. W latach 60-tych i 70-tych XIX wieku biologowie postrzegali komórkę, by użyć słów Haeckela, raczej jako niezróżnicowaną i „jednorodną kulkę plazmy”. Jednak w latach 30-tych XX wieku większość biologów zaczęło postrzegać komórkę jako złożony system metaboliczny.⁷ Teorie pochodzenia życia odzwierciedliły ową coraz większą świadomość złożoności komórki. Podczas gdy dziewiętnastowieczne teorie abiogenezy przewidywały, że życie powstaje niemal natychmiast w jedno- lub dwuetapowym procesie „autogenii” chemicznej, wczesne teorie dwudziestowieczne, takie jak Oparina teoria *ewolucyjnej* abiogenezy, mówiły o trwającym wiele miliardów lat procesie transformacji od prostych substancji chemicznych do złożonego systemu metabolicznego.⁸ Nawet jednak w 20-tych i 30-tych latach XX wieku większość naukowców wciąż w dużym stopniu nie doceniała złożoności i specyficzności komórki oraz jej składników funkcjonalnych, co wkrótce wykaże dalszy rozwój biologii molekularnej.

B. Złożoność i specyficzność białek

W pierwszej połowie dwudziestego wieku biochemicy dostrzegli centralną rolę białek w utrzymywaniu życia. Choć wielu z nich błędnie sądziło, że białka są również źródłem informacji dziedzicznej, biologowie ciągle niedoceniali złożoności białek. Na przykład w latach 30-tych XX wieku Anglik William Astbury, zajmujący się kry-

⁷ E. HAECKEL, *The Wonders of Life*, na jęz. ang. przeł. J. McCabe, Watts, London 1905; T.H. HUXLEY, „On the Physical Basis of Life”, *Forthnightly Review* 1869, vol. 5, s. 129-145.

⁸ A.I. OPARIN, *The Origin of Life*, na jęz. ang. przeł. S. Morgulis, Macmillan, New York 1938; S.C. MEYER, *Of Clues and Causes: A Methodological Interpretation of Origin of Life Studies*, dysertacja doktorska, Cambridge University 1991.

stalografią rentgenowską, objaśnił strukturę molekularną pewnych włóknistych białek, takich jak keratyna, która jest kluczowym białkiem budulcowym włosów i skóry.⁹ Keratyna ma względnie prostą, powtarzalną budowę i Astbury był przekonany, że wszystkie białka, łącznie z tajemniczymi kulistymi białkami, które są tak ważne dla życia, są odmianami tego samego podstawowego i regularnego wzorca. W podobny sposób biochemicy Max Bergmann i Carl Niemann z Rockefeller Institute argumentowali w 1937 roku, że białkowe aminokwasy występują w regularnych, wyrażalnych matematycznie proporcjach. Inni biologowie wyobrażali sobie, że białka insuliny i hemoglobiny, na przykład, „składają się z pakietów równoległych pręcików”.¹⁰

Z początkiem lat 50-tych seria odkryć sprawiła jednak, że ten uproszczony pogląd na białka uległ zmianie. W latach 1949-1955 biochemik Fred Sanger określił strukturę cząsteczki białkowej, insuliny. Sanger pokazał, że insulina składa się z długiej i nieregularnej sekwencji równych aminokwasów, przypominając sznur różnie ubarwionych koralików, nie ułożonych w żaden dostrzegalny wzorec. Jego praca ukazała to, co każda następna praca w dziedzinie biologii molekularnej ustanowi jako normę: sekwencji aminokwasów w funkcjonalnych białkach na ogół nie da się wyrazić za pomocą jakiejś prostej reguły, a w zamian charakteryzuje ją aperiodyczność lub złożoność.¹¹ Później w latach 50-tych praca Johna Kendrew na temat struktury białka mioglobiny pokazała, że białka charakteryzują się także zadziwiająco trójwymiarową złożonością. W żadnym razie nie będąc prostymi strukturami, jak wcześniej wyobrażali sobie biolo-

⁹ W.T. ASTBURY and A. STREET, „X-Ray Studies of the Structure of Hair, Wool and Related Fibers”, *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 1932, vol. A 230, s. 75-101; H. JUDSON, **Eighth Day of Creation**, Simon and Schuster, New York 1979, s. 80; R. OLBY, **The Path to the Double Helix**, Macmillan, London 1974, s. 63.

¹⁰ OLBY, **The Path to the Double Helix...**, s. 7, 265.

¹¹ JUDSON, **Eighth Day of Creation...**, s. 213, 229-235, 255-261, 304, 334-335, 562-563; F. SANGER and E.O.P. THOMSON, „The Amino Acid Sequence in the Glycyl Chain of Insulin”, części 1 i 2, *Biochemical Journal* 1953, vol. 53, s. 353-366, 366-374.

gowie, białka okazały się mieć nadzwyczaj złożony i trójwymiarowy kształt: poskręcana, pozwijana płatanina aminokwasów. Jak Kendrew wyjaśnił w 1958 roku: „Wielkim zaskoczeniem była jej nieregularność [...] ułożenie to zupełnie nie wykazuje tego rodzaju regularności, jakiego instynktownie się oczekuje, i jest bardziej skomplikowane niż przewidywała jakakolwiek teoria struktury białkowej”.¹²

W połowie lat 50-tych biochemicy odkryli, że białka mają jeszcze inną zdumiewającą właściwość. Poza złożonością białka wykazują również specyficzność, zarówno jako jednowymiarowe szeregi, jak i trójwymiarowe struktury. Podczas gdy białka zbudowane są z dość prostych pod względem chemicznym aminokwasowych „cegiełek budulcowych”, ich funkcjonowanie (jako enzymy, przetworniki sygnałów czy składniki strukturalne w komórce) zależy zasadniczo od złożonego, ale i specyficznego ułożenia cegiełek budulcowych.¹³ W szczególności, specyficzna sekwencja aminokwasów w łańcuchu oraz wynikłe z niej interakcje chemiczne między aminokwasami w dużej mierze determinują specyficzną trójwymiarową strukturę, którą przyjmie łańcuch jako całość. Owe struktury lub kształty determinują z kolei to, jaką funkcję, o ile jakąkolwiek, dany łańcuch polipeptydowy będzie pełnił w komórce.

Trójwymiarowy kształt sprawia, że funkcjonalne białko pasuje do innych cząsteczek jak rękawiczka do rękawiczki, umożliwiając mu katalizowanie specyficznych reakcji chemicznych lub budowanie specyficznych struktur w komórce. Z powodu trójwymiarowej specyficzności jednego białka nie można zazwyczaj zastąpić innym białkiem, podobnie jak jednego narzędzia nie można zastąpić innym narzędziem. Topoizomeraza nie może wykonywać pracy polimerazy, podobnie jak siekiera nie może pełnić funkcji lutownicy. Białka pełnią funkcje tyl-

¹² JUDSON, **Eighth Day of Creation...**, s. 562-563; J.C. KENDREW, G. BODO, H.M. DINTZIS, R.G. PARRISH and H. WYCKOFF, „A Three-Dimensional Model of the Myoglobin Molecule Obtained by X-Ray Analysis”, *Nature* 1958, vol. 181, s. 662-666, zwłaszcza 664.

¹³ B. ALBERTS, D. BRAY, J. LEWIS, M RALF, K. ROBERTS and J.D. WATSON, **Molecular Biology of the Cell**, Garland, New York 1983, s. 111-112, 127-131.

ko z racji dopasowania swojej trójwymiarowej specyficzności albo do innej równie wyspecyfikowanej i złożonej molekuly, albo do prostszych substratów, znajdujących się w komórce. Co więcej, trójwymiarowa specyficzność wywodzi się w dużej mierze ze specyficzności sekwencji jednowymiarowej w ułożeniu aminokwasów, które tworzą białka. Nawet niewielkie zmiany w sekwencji często kończą się utratą funkcjonalności białka.

C. Złożoność i specyficzność sekwencji DNA

W pierwszej części dwudziestego wieku badacze w dużym stopniu niedoceniaли także złożoności (i znaczenia) kwasów nukleinowych, takich jak DNA i RNA. Naukowcy znali wtedy chemiczny skład DNA. Biologowie i chemicy wiedzieli, że poza cukrami (i późniejszymi fosforanami) DNA składa się z czterech różnych zasad nukleotydowych, zwanych adeniną, tyminą, cytozyną i guaniną. W roku 1909 chemik P.A. Levene wykazał (jak się potem okazało, błędnie), że cztery różne zasady nukleotydowe występują w cząsteczce DNA zawsze w równych ilościach.¹⁴ Aby wyjaśnić ten domniemany fakt, sformułował on – jak sam ją nazwał – „hipotezę tertranukleotydu”. Zgodnie z tą hipotezą, cztery zasady nukleotydowe w DNA łączą się ze sobą powtarzalnymi sekwencjami tych samych czterech substancji chemicznych w tym samym porządku sekwencyjnym. Skoro Levene przewidywał, że owe ułożenia sekwencyjne są powtarzalne i niezmiennie, ich potencjał wyrażania jakiegokolwiek różnorodności genetycznej wydawał się ze swej natury ograniczony. Aby wyjaśnić dziedziczne różnice między gatunkami, biologowie musieli odkryć w liniach zarodkowych różnych organizmów jakieś źródło zmiennej lub nieregularnej specyficzności, jakieś źródło informacji. Dopóki jednak DNA postrzegano jako nieinteresującą powtarzalną cząsteczkę, wielu

¹⁴ JUDSON, *Eighth Day of Creation...*, s. 30.

biologów zakładało, że DNA może grać małą, jeśli w ogóle jakąkolwiek, rolę w przekazywaniu materiału dziedzicznego.

Pogląd ten z kilku powodów zaczął się zmieniać w połowie 40-tych lat XX wieku. Po pierwsze, słynne eksperymenty Oswalda Avery'ego na zjadliwych i niezjadliwych szczepach *Pneumococcus* wykazały, że DNA jest kluczowym czynnikiem w wyjaśnieniu dziedzicznych różnic między różnymi szczepami bakterii.¹⁵ Po drugie, praca Erwina Chargaffa z Columbia University, napisana w późnych latach 40-tych, podważyła „hipotezę tetranukleotydu”. Chargaff wykazał, wbrew wcześniejszej pracy Levene'a, że częstotliwości nukleotydów faktycznie różnią się u różnych gatunków, nawet jeśli często są stałe w obrębie tego samego gatunku lub w tych samych narządach czy tkankach pojedynczego organizmu.¹⁶ Co ważniejsze, Chargaff uznał, że w przypadku kwasów nukleinowych o dokładnie „takim samym składzie analitycznym” – czyli tych o takich samych względnych proporcjach czterech zasad (które w skrócie nazywa się A, T, C i G) – możliwe są „ogromne” liczby zmian w sekwencji. Jak wyraził to Chargaff, różne cząsteczki DNA lub części cząsteczek DNA mogą „różnić się od siebie [...] sekwencją, [choć] nie proporcją, swoich elementów składowych”. Miał on świadomość, że dla kwasów nukleinowych składających się z 2500 nukleotydów (jest to mniej więcej fragment długiego genu) ilość sekwencji „mających takie same stosunki molowe poszczególnych puryn [A, G] i pirymidyn [T, C] [...] wynosi blisko 10^{1500} ”.¹⁷ Chargaff pokazał więc, że – wbrew hipotezie tetranukleotydu – sekwencjonowanie zasad w DNA może przejawiać wysoki stopień zmienności i aperiodyczności, wymaganej przez każdy nośnik materiału dziedzicznego.

¹⁵ JUDSON, *Eighth Day of Creation...*, s. 30-31, 33-41, 609-610; OSWALD T. AVERY, C.M. McCLEOD and M. McCARTHY, „Induction of Transmission by a Deoxyribonucleic Acid Fraction Isolated from *Pneumococcus* Type III”, *Journal of Experimental Medicine* 1944, vol. 79, s. 137-158.

¹⁶ JUDSON, *Eighth Day of Creation...*, s. 95-96; E. CHARGAFF, *Essays on Nucleic Acids*, Elsevier, Amsterdam 1963, s. 21.

¹⁷ CHARGAFF, *Essays on Nucleic Acids...*, s. 21.

Po trzecie, po objaśnieniu trójwymiarowej struktury DNA przez Watsona i Cricka w 1953 roku stało się jasne, że DNA może pełnić funkcję nośnika informacji dziedzicznej.¹⁸ Model zaproponowany przez Watsona i Cricka przewidywał strukturę podwójnie spiralną, by wyjaśnić wzorzec krzyża maltańskiego, ukazany przez badania DNA, wykonane techniką krystalografii rentgenowskiej przez Franklin, Wilkinsa i Bragga na początku lat 50-tych. Zgodnie z dobrze znanym obecnie modelem Watsona i Cricka, dwie nici helisy zbudowane są z cząsteczek cukru i fosforanu, które połączone są wiązaniami fosfodiestrowymi. Zasady nukleotydowe łączą się poziomo z cukrami na każdej nici helisy oraz z komplementarną zasadą na drugiej nici, tworząc w ten sposób wewnętrzny „szczebel” na poskręcanej „drabinie”. Z powodów geometrycznych ich model wymagał łączenia w pary (wzdłuż helisy) adeninę z tyminą oraz cytozynę z guaniną. Idea komplementarnego łączenia w pary pomogła wyjaśnić znaczącą regularność stosunków składu, którą odkrył Chargaff. Choć Chargaff pokazał, że żadna z zasad nukleotydowych nie występuje z taką samą częstotliwością co pozostałe trzy, odkrył, iż proporcje molowe adeniny i tyminy, z jednej strony, oraz cytozyny i guaniny, z drugiej, są sobie konsekwentnie równe.¹⁹ Model Watsona i Cricka wyjaśnił regularność, którą Chargaff wyraził za pomocą swoich słynnych „stosunków”.

Model Watsona i Cricka uzmysłowił, że DNA może mieć imponującą chemiczną i strukturalną złożoność. Podwójnie spiralna struktura DNA mogła być strukturą nadzwyczaj długą i o wysokiej masie cząsteczkowej, posiadającą imponujący potencjał dla zmienności i złożoności sekwencji. Watson i Crick wyjaśniali, że

Szkielet cukrowo-fosforanowy w naszym modelu jest całkowicie regularny, lecz każda sekwencja par zasad może pasować do struktury. Wynika z tego, że w długiej cząsteczce możliwych jest wiele różnych permutacji i dlatego wydaje się

¹⁸ CRICK and WATSON, „A Structure for Deoxyribose...”.

¹⁹ JUDSON, *Eighth Day of Creation...*, s. 96.

prawdopodobne, że precyzyjna sekwencja zasad to kod, który przenosi informację genetyczną.²⁰

Tak jak w przypadku białek, następne odkrycia szybko wykazały, że sekwencje DNA są nie tylko złożone, lecz również bardzo specyficzne pod względem funkcjonalności biologicznej. Odkrycie złożoności i specyficzności białek doprowadziło badaczy do podejrzenia, że DNA ma specyficzną rolę pod względem funkcjonalności. Biologowie molekularni, znający już rezultaty Sangera, założyli, że białka są za bardzo złożone (i na dodatek specyficznie funkcjonalnie), by mogły powstać przypadkowo *in vivo*. Co więcej, biorąc pod uwagę ich nieregularność, wydawało się nieprawdopodobne, by jakieś ogólne prawo chemiczne lub regularność mogło wyjaśnić ich łączenie się. Jak wspominał Jacques Monod, biologowie molekularni zaczęli szukać jakiegoś źródła informacji lub „specyficzności” w komórce, które mogłoby kierować budową tak wysoce specyficznych i złożonych struktur. Aby wyjaśnić istnienie specyficzności i złożoności w białku, jak będzie później podkreślać Monod, „koniecznie potrzebny jest kod”.²¹

Ukazana przez Watsona i Cricka struktura DNA dostarczyła środków, dzięki którym informacja lub „specyficzność” może być kodowana wzdłuż grzbietu cukrowo-fosforanowego szkieletu DNA.²² Ich model sugerował, że zmiany sekwencji zasad nukleotydowych mogą wyrażać się w sekwencji aminokwasów, które tworzą białka. W 1955 roku Crick zaproponował tę ideę znaną jako tzw. hipoteza sekwencji. Wedle hipotezy Cricka, specyficzność ułożenia aminokwasów w białkach jest wynikiem specyficznego ułożenia zasad nukleotydów wzdłuż cząsteczki DNA.²³ Hipoteza sekwencji sugerowała, że zasady

²⁰ CRICK and WATSON, „Genetical Implications...”, 964-967.

²¹ JUDSON, **Eighth Day of Creation...**, s. 611.

²² CRICK and WATSON, „A Structure for Deoxyribose...”; CRICK and WATSON, „Genetical Implications...”.

²³ JUDSON, **Eighth Day of Creation...**, s. 245-246, 335-336.

nukleotydowe w DNA pełnią rolę liter w alfabecie lub znaków w kodzie maszynowym. Podobnie jak litery alfabetu w języku pisanym mogą pełnić funkcję komunikacyjną zależną od ich sekwencji, tak zasady nukleotydowe w DNA mogą produkować funkcjonalną cząsteczkę białkową zależnie od ich precyzyjnego ułożenia sekwencyjnego. W obu przypadkach funkcja zależy zasadniczo od sekwencji. Hipoteza sekwencji implikuje nie tylko złożoność, ale również funkcjonalną specyficzność sekwencji zasad DNA.

Na początku lat 60-tych seria eksperymentów potwierdziła, że sekwencje zasad DNA grają kluczową rolę w określaniu sekwencji aminokwasów w trakcie syntezy białka.²⁴ W tym czasie znane były (przynajmniej w zarysie) procesy i mechanizmy, przy pomocy których sekwencje DNA determinowały kluczowe etapy procesu syntezy białka. Synteza białka czy „ekspresja genu” zachodzi, gdy długie łańcuchy zasad nukleotydowych są najpierw kopiowane w procesie zwanym transkrypcją. Powstała tak kopia, „transkrypt” utworzony z jednoniciowego „RNA informacyjnego”, zawiera teraz sekwencję zasad RNA, która dokładnie odwzorowuje sekwencję zasad na początkowej nici DNA. Transkrypt jest następnie przenoszony do złożonej organelli zwanej rybosomem. W rybosomie transkrypt jest „tłumaczony” przy pomocy wysoce specyficznych cząsteczek adaptorowych (zwanymi RNA transferowymi) i specyficznych enzymów (zwanymi syntetazami aminoacylo-tRNA) w celu wytworzenia rozrastającego się łańcucha aminokwasowego (Rys. 1).²⁵ Podczas gdy funkcja cząsteczki białkowej jest wynikiem specyficznego ułożenia dwudziestu różnych typów aminokwasów, funkcja DNA zależy od ułoże-

²⁴ JUDSON, **Eighth Day of Creation...**, s. 470-489; J.H. MATTHEI and M. NIRENBERG, „Characteristics and Stabilization of DNAase-Sensitive Protein Synthesis in *E. coli* Extracts”, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1961, vol. 47, s. 1580-1588; J.H. MATTHEI and M. NIRENBERG, „The Dependence of Cell-Free Protein Synthesis in *E. coli* upon Naturally Occurring or Synthetic Poliribonucleotides”, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1961, vol. 47, s. 1588-1602.

²⁵ ALBERTS *et al.*, **Molecular Biology...**, s. 106-108; S.L. WOLFE, **Molecular and Cellular Biology**, Wadsworth, Belmont, California 1993, s. 639-648.

nia tylko czterech rodzajów zasad. Ów brak stosunku jeden do jeden oznacza, że do określenia jednego aminokwasu potrzebna jest grupa trzech nukleotydów DNA (tryplet). W każdym razie ułożenie sekwencyjne zasad nukleotydowych determinuje (w dużej mierze) jednowymiarowe ułożenie sekwencyjne aminokwasów w trakcie syntezy białka.²⁶ Skoro funkcja białka zależy zasadniczo od sekwencji aminokwasów, a sekwencja aminokwasów zależy zasadniczo od sekwencji zasad DNA, to sekwencje znajdujące się w kodujących regionach DNA same mają wysoki stopień specyficzności ze względu na wymagania funkcji białka (i komórki).

²⁶ Oczywiście, wiemy obecnie, że w dodatku do procesu ekspresji genu specyficzne enzymy często muszą przekształcać łańcuchy aminokwasowe po nastąpieniu translacji, by otrzymać precyzyjną sekwencję, konieczną do umożliwienia im właściwego sfaldowania się w funkcjonalne białko. Łańcuchy aminokwasowe wytworzone w procesie ekspresji genu mogą też ulegać dalszej modyfikacji swojej sekwencji w retikulum endoplazmatycznym. Wreszcie, nawet dobrze przekształcone łańcuchy aminokwasowe mogą wymagać wcześniejszego istnienia „chaperonów” białkowych, które pomogą im sfaldować się w trójwymiarową konfigurację. Wszystkie powyższe czynniki uniemożliwiają przewidzenie ostatecznej sekwencji białka na podstawie samej odpowiadającej jej sekwencji genu. Zob. S. SARKAR, „Biological Information: A Skeptical Look at Some Central Dogmas of Molecular Biology”, w: S. SARKAR (ed.), **The Philosophy and History of Molecular Biology: New Perspectives**, *Boston Studies of Philosophy of Science*, Dordrecht, Netherlands 1996, s. 196, 199-202. Niemniej jednak owa nieprzewidywalność w żaden sposób nie podważa twierdzenia, że DNA ma właściwość „specyficzności sekwencji”. Nie podważa też izomorficznego twierdzenia, że DNA zawiera „wyspecyfikowaną informację”. W części I w paragrafie E Sarkar argumentuje, na przykład, że brak takiej przewidywalności sprawia, iż pojęcie informacji jest z punktu widzenia biologii molekularnej teoretycznie zbędne. Owa nieprzewidywalność pokazuje jednak, iż specyficzność sekwencji zasad DNA stanowi konieczny, lecz nie wystarczający, warunek uzyskania właściwego pofaldowania białka – czyli DNA zawiera wyspecyfikowaną informację (część I, paragraf E), lecz nie wystarczy on do zdeterminowania samego procesu faldowania białka. W zamian obecność zarówno potranslacyjnych procesów modyfikacji, jak i przedtranskrypcyjnej korekty genomu (za pomocą egzonukleaz, endonukleaz, spliceosomów i innych enzymów korygujących) wskazuje jedynie potrzebę innych już istniejących, bogatych w informację cząsteczek biologicznych do przetwarzania informacji genomowej w komórce. Istnienie złożonego i zintegrowanego funkcjonalnie systemu przetwarzającego informację *sugeruje*, że informacja zawarta w cząsteczce DNA nie wystarczy do produkcji białek. Nie pokazuje jednak, że taka informacja jest *niepotrzebna* do produkowania białek ani nie unieważnia twierdzenia, że DNA przechowuje i przekazuje wyspecyfikowaną informację genetyczną.

D. Teoria informacji a biologia molekularna

Od początku rewolucji w biologii molekularnej biologowie przypisywali przenoszące informację właściwości DNA, RNA i białek. W żargonie biologii molekularnej sekwencje zasad DNA zawierają „informację genetyczną” lub „instrukcję budowy” niezbędną do kierowania syntezą białek. Termin *informacja* może jednak oznaczać kilka pojęć różnych pod względem teoretycznym. Należy więc zapytać, jaki sens słowa „informacja” stosuje się do tych dużych makrocząsteczek biologicznych. Zobaczmy, że biologowie molekularni posługują się zarówno mocniejszym pojęciem informacji niż matematycy i teoretycy informacji, jak i nieco słabszym pojęciem informacji niż lingwiści i zwykli użytkownicy języka.

W latach 40-tych Claude Shannon z Bell Laboratories sformułował matematyczną teorię informacji.²⁷ Jego teoria utożsamiała ilość przekazywanej informacji z ilością niepewności zredukowanej lub usuniętej poprzez ciąg symboli lub znaków.²⁸ Na przykład przed rzuceniem kostką o sześciu ściankach jest sześć możliwych wyników. Przed rzuceniem monetą są dwie możliwości. Rzucenie kostki wyeliminuje więc większą niepewność i – wedle teorii Shannona – dostarczy więcej informacji niż rzucenie monetą. Utożsamienie informacji z redukcją niepewności implikuje matematyczny związek informacji z prawdopodobieństwem (lub jego odwrotnością – złożonością). Zauważmy, że w przypadku kostki każdy możliwy wynik ma tylko jedną na sześć szans zajścia, natomiast każda strona monety ma jedną na dwie szanse. W teorii Shannona nastąpienie bardziej nieprawdopodobnego zdarzenia dostarcza zatem więcej informacji. Shannon uogólnił ten związek stwierdzając, że ilość informacji dostarczona przez dane

²⁷ C. SHANNON, „A Mathematical Theory of Communication”, *Bell System Technical Journal* 1948, vol. 27, 379-423, 623-656.

²⁸ F. DRETSKE, *Knowledge and the Flow of Information*, MIT Press, Cambridge 1987, s. 6-10.

zdarzenie jest odwrotnie proporcjonalna do wcześniejszego prawdopodobieństwa jego nastąpienia. Im większa liczba możliwości, tym większe nieprawdopodobieństwo, że któraś z nich się zrealizuje i dlatego większa ilość informacji jest przekazywana, gdy zachodzi jakaś konkretna możliwość.

Ponadto, ilość informacji zwiększa się, gdy nieprawdopodobieństwa się mnożą. Prawdopodobieństwo otrzymania czterech orłów z rzędu podczas podrzucania rzetelną monetą wynosi $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2}$ lub $(\frac{1}{2})^4$. Prawdopodobieństwo otrzymania jakiejś specyficznej sekwencji orłów i/lub reszek zmniejsza się wykładniczo, gdy zwiększa się liczba rzutów. Odpowiednio zwiększa się ilość informacji. Mimo to, teoretycy informacji uznali za dogodniejsze mierzenie informacji poprzez sumowanie, a nie mnożenie. Wyrażenie matematyczne ($I = -\log_2 p$) zwykle stosowane do obliczania informacji zamienia więc wartości prawdopodobieństwa na informacyjne jednostki miary za pomocą ujemnej funkcji logarytmicznej, gdzie znak ujemności wyraża odwrotny związek między informacją a prawdopodobieństwem.²⁹

Teoria Shannona najłatwiej stosuje się do ciągów symbolów lub znaków alfabetycznych, które funkcjonują jako takie. W każdym danym alfabecie o x możliwych znakach umiejscowienie jakiegoś specyficznego znaku eliminuje $x-1$ innych możliwości, a tym samym eliminuje odpowiednią ilość niepewności. Innymi słowy, w każdym danym alfabecie lub zbiorze x możliwych znaków (gdzie każdy znak ma równe prawdopodobieństwo wystąpienia) prawdopodobieństwo wystąpienia każdego pojedynczego znaku wynosi $1/x$. Im większa wartość x , tym większa ilość informacji dostarczana przez wystąpienie jakiegoś specyficznego znaku w ciągu. W przypadku układów, w których wartość x może być znana (lub obliczona), jak na przykład w kodzie lub języku, matematycy łatwo mogą przeprowadzić szacunki ilościowe zdolności do przenoszenia informacji. Im większa liczba możliwych znaków w każdym miejscu i im dłuższy ciąg znaków, tym

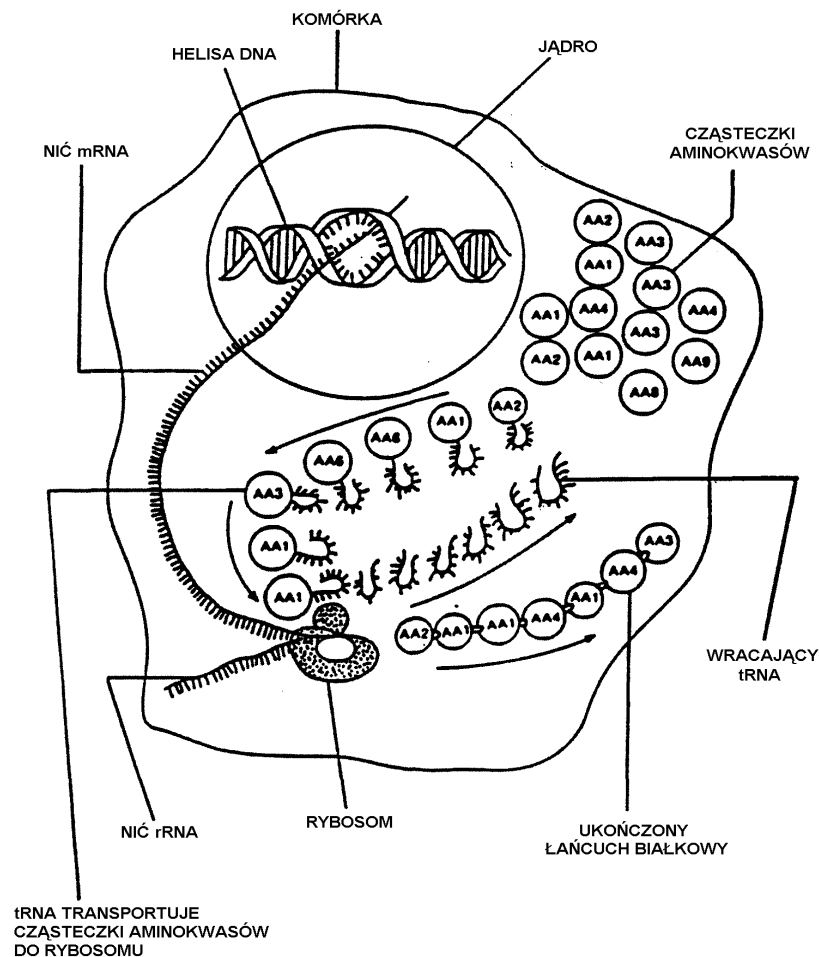
²⁹ DRETSKE, *Knowledge...*; SHANNON, „A Mathematical Theory...”.

większa zdolność do przenoszenia informacji – lub informacja Shannonowska – towarzysząca temu ciągowi.

Zasadniczo cyfrowy charakter zasad nukleotydowych w DNA oraz reszt aminokwasowych w białkach umożliwił biologom molekularnym obliczenie zdolności tych cząsteczek do przenoszenia informacji (lub ich informację syntaktyczną) przy zastosowaniu nowego formalizmu teorii Shannona. Ponieważ w każdym miejscu rozrastającego się łańcucha aminokwasów, na przykład, łańcuch może przyjąć jeden z dwudziestu aminokwasów, umiejscowienie jednego aminokwasu w łańcuchu eliminuje wymiarną ilość niepewności i zwiększa odpowiednio ilość Shannonowskiej lub syntaktycznej informacji polipeptydu. Podobnie, ze względu na to, że w każdym danym miejscu wzdłuż szkieletu DNA każda z czterech zasad nukleotydowych może wystąpić z równym prawdopodobieństwem, wartość p dla wystąpienia jakiegoś specyficznego nukleotydu w tym miejscu wynosi $\frac{1}{4}$ lub 0,25.³⁰ Zdolność sekwencji o specyficznym długości n do przenoszenia informacji można zatem obliczyć przy pomocy znanemu Shannonowi wyrażenia ($I = -\log_2 p$) po wyliczeniu wartości p dla wystąpienia jakiejś konkretnej sekwencji długiej na n nukleotydów, gdzie $p = (\frac{1}{4})^n$. Wartość p daje więc odpowiednią miarę zdolności do przenoszenia informacji lub informacji syntaktycznej dla sekwencji n zasad nukleotydowych.³¹

³⁰ B. KUPPERS, „On the Prior Probability of the Existence of Life”, w: Lorenz KRUGER *et al.* (eds.), **The Probabilistic Revolution**, MIT Press, Cambridge 1987, s. 355-369.

³¹ SCHNEIDER, „Information Content...”; zob. też: H.P. YOCKEY, **Information Theory and Molecular Biology**, Cambridge University Press, Cambridge 1992, s. 246-258, gdzie znajdują się istotne udoskonalenia metody obliczania zdolności białek i DNA do przenoszenia informacji.



Rys. 1. Złożona maszyna syntezy białkowej. Wiadomości genetyczne zakodowane w cząsteczce DNA ulegają skopiowaniu, a następnie RNA informacyjny przenosi je do zespołu rybosomu. Tam wiadomość genetyczna jest „odczytywana” i tłumaczona przy pomocy innych dużych cząsteczek biologicznych (RNA transferowego i specyficznego enzymu) w celu wytworzenia rozrastającego się łańcucha aminokwasów. Dzięki uprzejmości I.L. Cohena z *New Research Publications*.

E. Złożoność, specyficzność i informacja biologiczna

Choć teoria i równania Shannona zapewniły dobrą metodę pomiaru ilości informacji, która może być przekazywana kanałem komunikacyjnym, nałożone są na nie poważne ograniczenia. W szczególności, teoria Shannona nie odróżnia i nie może odróżnić zaledwie nieprawdopodobnych ciągów symboli od tych, które przekazują jakąś wiadomość. Warren Weaver wyjaśnił w 1949 roku, że „Słowo *informacja* jest używane w tej teorii w specjalnym sensie matematycznym, którego nie należy mylić z jego zwykłym użyciem. Informacji nie należy mylić zwłaszcza ze znaczeniem”.³² Teoria informacji może mierzyć zdolność do przenoszenia informacji lub informację syntaktyczną danego ciągu symboli, ale nie może odróżnić obecności sensownego czy funkcjonalnego ułożenia symboli od ciągu losowego (na przykład ciągu symboli „uważamy te prawdy za oczywiste” od ciągu „ntnyhiznlhteąkhdsgj”). Shannonowska teoria informacji może więc zmierzyć ilość funkcjonalnej lub sensownej informacji, która *może być zawarta* w danym ciągu symboli lub znaków, lecz nie może odróżnić statusu funkcjonalnego czy niosącego wiadomość tekstu od losowego bełkotu. Paradoksalnie, losowe ciągi liter często zawierają więcej informacji syntaktycznej (lub mają większą zdolność do przenoszenia informacji) – jeśli są mierzone przy pomocy klasycznej teorii informacji – niż sensowne lub funkcjonalne ciągi, które wykazują pewną ilość intencjonalnej redundancji czy powtórzeń.

W gruncie rzeczy teoria Shannona milczy na temat ważnego zagadnienia, czy dany ciąg symboli jest specyficzny pod względem funkcji lub sensowny. Niemniej jednak w zastosowaniu do biologii molekularnej Shannonowskiej teorii informacji udało się uzyskać przybliżone pomiary ilościowe zdolności do przenoszenia informacji lub informacji syntaktycznej (gdzie terminy te odpowiadają miarom

³² C. SHANNON and W. WEAVER, *The Mathematical Theory of Communication*, University of Illinois Press, Urbana 1949, s. 8.

samej złożoności).³³ Teoria informacji jako taka pomogła dopracować rozumienie przez biologów pewnej ważnej cechy kluczowych składników biomolekularnych, od których zależy życie: DNA i białka są bardzo złożone i da się to łatwo wyliczyć. Jednakże sama w sobie teoria ta nie jest w stanie ustalić, czy sekwencje zasad w DNA lub sekwencje aminokwasów w białkach mają właściwość funkcjonalnej specyficzności. Teoria informacji pomogła ustalić, że DNA i białka *mogą* nieść duże ilości informacji funkcjonalnej, ale nie może określić, czy rzeczywiście je przenoszą.

Łatwość, z jaką teoria informacji stosuje się do biologii molekularnej (do mierzenia zdolności do przenoszenia informacji), wywołała znaczne zamieszanie w kwestii sensu, w jakim DNA i białka zawierają „informację”. Teoria informacji wyraźnie zasugerowała, że takie cząsteczki mają ogromne zdolności do przenoszenia informacji lub duże ilości informacji syntaktycznej, tak jak definiuje je teoria Shannona. Gdy jednak biologowie molekularni opisali DNA jako nośnik informacji genetycznej, mieli na myśli coś więcej niż technicznie ograniczony termin *informacja*. Jak wskazuje Sahotra Sarkar, już w 1958 roku czołowi biologowie molekularni zdefiniowali informację biologiczną w ten sposób po to, by w definicji zawrzeć pojęcie specyficzności funkcji (ale także i złożoności).³⁴ Biologowie molekularni, tacy jak Monod i Crick, pojmowali informację biologiczną – informację przechowywaną w DNA i białkach – jako coś więcej niż tylko złożoność (czy nieprawdopodobieństwo). Ich pojęcie informacji wiązało przypadkowość biologiczną oraz złożoność kombinatoryczną z sekwencjami DNA (dzięki czemu można obliczyć zdolność DNA do przenoszenia informacji), ale uważali ponadto, że sekwencje nukleotydów i aminokwasów w funkcjonalnych makromolekułach biologicznych charakteryzują się dużym stopniem *specyficzności* ze względu na utrzymanie funkcjonalności komórki. Crick wyjaśniał w

³³ SCHNEIDER, „Information Content...”; YOCKEY, *Information Theory...*, s. 58-177.

³⁴ Zob. przyp. 26. SARKAR, „Biological Information...”, s. 199-202, zwłaszcza 196; F. CRICK, „On Protein Synthesis”, *Symposium for the Society of Experimental Biology* 1958, vol. 12, s. 138-163, zwłaszcza 144, 153.

1958 roku, że „Przez informację rozumiem specyfikację sekwencji aminokwasów w białku. [...] Informacja oznacza tutaj *precyzyjne* ustalenie sekwencji albo zasad w kwasie nukleinowym, albo reszt aminokwasowych w białku”.³⁵

Od późnych lat 50-tych biologowie utożsamiali „*precyzyjne* ustalenie sekwencji” z wykraczającą poza teorię informacji właściwością specyficzności lub specyfikacji. Milcząco zdefiniowali oni *specyficzność* jako „konieczną do otrzymania lub utrzymania funkcji”. Ustalili na przykład, że sekwencje zasad DNA są wyspecyfikowane, nie dzięki zastosowaniu teorii informacji, lecz przez dokonanie eksperymentalnych szacunków funkcji tych sekwencji w obrębie całego aparatu ekspresji genów.³⁶ Na podstawie podobnych badań eksperymentalnych ustalono funkcjonalną specyficzność białek.

Rozwój teorii złożoności umożliwił obecnie sformułowanie w pełni ogólnego ujęcia teoretycznego specyfikacji, które łatwo stosuje się do układów biologicznych. W niedawno wydanej książce matematyk William Dembski wykorzystał statystyczne pojęcie obszaru odrzucenia, by dostarczyć formalne, zgodne z teorią złożoności ujęcie specyfikacji. Wedle Dembskiego specyfikacja występuje, gdy dane zdarzenie lub obiekt (a) należy do jakiegoś niezależnie danego wzorca lub dziedziny, (b) „pasuje do” lub egzemplifikuje jakiś warunkowo niezależny wzorec, lub (c) spełnia jakiś warunkowo niezależny zbiór wymogów funkcjonalnych.³⁷

³⁵ CRICK, „On Protein Synthesis...”, s. 144, 153.

³⁶ Pamiętajmy, że ustalenie kodu genetycznego zależy, na przykład, od zaobserwowanych współzależności między zmianami sekwencji zasad nukleotydowych a produkcją aminokwasów w „układach pozakomórkowych”. Zob. JUDSON, *Eighth Day of Creation...*, s. 470-487.

³⁷ W.A. DEMBSKI, *The Design Inference: Eliminating Chance Through Small Probabilities*, Cambridge University Press, Cambridge 1998, s. 1-35, 136-174.

W celu zilustrowania, jak Dembski pojmuje specyfikację, rozważmy następujące dwa ciągi znaków:

„iuinsdysk]idfawqznkl,mfdifhs”

„Nie da się zatrzymać czasu”

Wziąwszy pod uwagę liczbę możliwych sposobów ułożenia liter i znaków przestankowych języka polskiego dla ciągów tej długości, oba powyższe ciągi są wysoce nieprawdopodobnymi ułożeniami znaków. Oba mają zatem znaczną i możliwą do obliczenia zdolność przeniesienia informacji. Niemniej jednak w ujęciu Dembskiego tylko drugi ciąg charakteryzuje się specyfikacją. Aby dowiedzieć się, dlaczego tak jest, rozważmy następujący przykład. W zbiorze kombinatorycznie możliwych ciągów tylko bardzo niewiele ciągów będzie miało sens. Ten mniejszy zbiór sensownych ciągów określa więc dziedzinę lub wzorzec w większym zbiorze wszystkich możliwości. Co więcej, zbiór ten stanowi „warunkowo niezależny” wzorzec. Mówiąc z grubsza, warunkowo niezależny wzorzec odpowiada wcześniej istniejącemu wzorcowi lub zbiorowi wymogów funkcjonalnych, ale nie takiemu, który został zaaranżowany po fakcie zaobserwowania danego zdarzenia – czyli, w tym przypadku, zdarzenia obserwacji dwóch powyższych ciągów.³⁸ Ponieważ mniejsza dziedzina odróżnia funkcjonalne od niefunkcjonalnych ciągów znaków języka polskiego, a funkcjonalne ciągi alfabetyczne zależą od wcześniej istniejących lub niezależnie danych konwencji słownictwa i gramatyki języka polskiego, ów mniejszy zbiór bądź dziedzina jest warunkowo niezależnym wzorcem.³⁹ Ponieważ drugi ciąg znaków („Nie da się zatrzymać czasu”)

³⁸ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 136-174.

³⁹ Z powyższych ciągów tylko drugi spełnia niezależny zbiór wymogów funkcjonalnych. Aby powiedzieć coś sensownego w języku polskim, należy wykorzystać wcześniej istniejące (lub niezależne) konwencje słownictwa (związki ciągów symboli z poszczególnymi przedmiotami, pojęciami czy ideami) oraz istniejące konwencje składniowe i gramatyczne (takie jak „każde zdanie musi zawierać podmiot i czasownik”). Sensowna komunikacja w języku

należy do mniejszej, warunkowo niezależnej dziedziny (lub „pasuje do” jednego z należących do niej możliwych sensownych zdań), według zgodnego z teorią złożoności ujęcia Dembskiego drugie zdanie charakteryzuje się specyfikacją. Zdanie to ma więc zarazem właściwość złożoności i specyfikacji oraz posiada nie tylko zdolność do przenoszenia informacji, lecz także „wyspecyfikowaną” i – w tym przypadku – „semantyczną” informację.

Organizmy biologiczne także charakteryzują się specyfikacją, choć niekoniecznie semantyczną czy subiektywnie „sensowną”. Sekwencje zasad nukleotydowych w kodujących regionach DNA są wysoce specyficzne ze względu na niezależne wymogi funkcjonalne funkcji białek, syntezy białek i życia komórkowego. By móc żyć, komórka musi regulować swój metabolizm, przysyłać materiały w tę i z powrotem przez błony, niszczyć odpady i wykonywać wiele innych specyficznych zadań. Wszystkie te wymogi funkcjonalne potrzebują z kolei istnienia specyficznych molekularnych składników, mechanizmów lub systemów (zwykle utworzonych z białek), by wykonać te zadania. Zbudowanie owych białek z ich specyficznymi trójwymiarowymi kształtami wymaga specyficznych ułożeń zasad nukleotydowych w cząsteczce DNA.

Skoro chemiczne właściwości DNA zapewniają duży zestaw kombinatorycznie możliwych ułożeń zasad nukleotydowych, każda konkretna sekwencja będzie z konieczności bardzo nieprawdopodobna i bogata w informację Shannona lub zdolność do przenoszenia informacji. W zbiorze możliwych sekwencji bardzo niewiele sekwencji, wzięwszy pod uwagę multimolekularny układ ekspresji genów w komórce, będzie tworzyło funkcjonalne białka.⁴⁰ Te, które są funkcjo-

polskim może mieć miejsce, gdy ułożenia symboli „pasują do” lub wykorzystują owo słownictwo i konwencje gramatyczne (czyli wymogi funkcjonalne). Drugie zdanie („Nie da się zatrzymać czasu”) wyraźnie pasuje do istniejących już wymogów słownictwa i gramatyki. Korzysta ono z tych konwencji, by wyrazić sensowną ideę. Zdanie to należy zatem również do mniejszego (i warunkowo niezależnego) wzorca, wyznaczającego dziedzinę wszystkich sensownych zdań języka polskiego i w związku z tym charakteryzuje się także „specyfikacją”.

⁴⁰ J. BOWIE and R. SAUER, „Identifying Determinants of Folding and Activity for a Protein

nalne, są nie tylko nieprawdopodobne, lecz także „wyspecyfikowane” czy „specyficzne” pod względem funkcji, w takim sensie, w jakim terminy te stosują biologowie molekularni. Mniejszy zbiór funkcjonalnie skutecznych sekwencji również w tym przypadku określa dziedzinę lub wzorzec w obrębie większego zbioru możliwości kombinatorycznych. Co więcej, ta mniejsza dziedzina stanowi warunkowo niezależny wzorzec, ponieważ (tak jak w przypadku omówionych wcześniej ciągów znaków języka polskiego) odróżnia sekwencje funkcjonalne od niefunkcjonalnych, a funkcjonalność sekwencji zasad nukleotydowych zależy od niezależnych wymogów funkcjonowania białek. Każda rzeczywista sekwencja nukleotydów, która należy do tej dziedziny (lub „pasuje do” jednej z należących do niej możliwych funkcjonalnych sekwencji), charakteryzuje się więc specyfikacją. Innymi słowy, każda sekwencja zasad nukleotydowych, która tworzy funkcjonalne białko, spełnia pewne niezależne wymogi funkcjonalne, a zwłaszcza wymogi funkcjonowania białek. Każda spełniająca takie wymogi (lub „należąca do mniejszego podzbioru sekwencji funkcjonalnych”) sekwencja i tym razem jest nie tylko bardzo nieprawdopodobna, ale też wyspecyfikowana ze względu na niezależny wzorzec czy dziedzinę. Sekwencje nukleotydów w kodujących regionach DNA niosą zatem zarówno informację syntaktyczną, jak i informację „wyspecyfikowaną”.

W tym miejscu należy objaśnić definicyjny związek między informacją „wyspecyfikowaną” a informacją „semantyczną”. Mimo iż zarówno języki naturalne, jak i sekwencje zasad DNA są wyspecyfikowane, tylko język naturalny niesie sens. Jeśli „informację semantyczną” zdefiniuje się jako „subiektywnie sensowną informację, która jest przekazywana syntaktycznie (jako ciąg fonemów lub znaków) i rozumiana przez jakiś czynnik świadomy”, to jest jasne, że informacji w DNA nie można uznać za semantyczną. W przeciwieństwie do pisa-

of Unknown Sequences: Tolerance to Amino Acid Substitution”, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1989, vol. 86, s. 2152-2156; J. REIDHAAR-OLSON and R. SAUER, „Functionally Acceptable Solutions in Two Alpha-Helical Regions of Lambda Represor”, *Proteins, Structure, Function, and Genetics* 1990, vol. 7, 306-310.

nego lub mówionego języka naturalnego, DNA nie niesie „sensu” z punktu widzenia czynnika świadomego.

Kodujące regiony DNA funkcjonują raczej podobnie jak oprogramowanie komputerowe lub kod maszynowy, który kieruje operacjami w złożonym, materialnym układzie poprzez bardzo złożone i wyspecyfikowane ciągi znaków. Jak zauważył Richard Dawkins: „System kodowania genów jest zadziwiająco podobny do kodowania binarnego stosowanego w komputerach”.⁴¹ A producent oprogramowania, Bill Gates, zauważył, że „DNA jest podobny do programu komputerowego, ale jest znacznie bardziej zaawansowany niż jakiegokolwiek do tej pory stworzone przez nas oprogramowanie”.⁴² Tak jak specyficzne ułożenie dwóch symboli (0 i 1) w oprogramowaniu komputerowym może pełnić jakąś funkcję w środowisku maszyny, tak precyzyjna sekwencja czterech zasad nukleotydowych w DNA może pełnić jakąś funkcję w komórce.

Pomimo tego, że sekwencje DNA nie niosą „sensu”, charakteryzują się specyficznością lub specyfikacją. Co więcej, podobnie jak w kodzie maszynowym, specyficzność sekwencji DNA występuje w syntaktycznej (lub funkcjonalnie alfabetycznej) dziedzinie. DNA przenosi więc zarówno syntaktyczną, jak i wyspecyfikowaną informację. W każdym razie, od późnych lat 50-tych XX wieku stosowane przez biologów molekularnych pojęcie informacji powiązało pojęcia złożoności (lub nieprawdopodobieństwa) i specyficzności funkcji. Kluczowe biomolekularne składniki organizmów żywych zawierają nie tylko Shannonowską czy syntaktyczną informację, lecz także „wyspecyfikowaną informację” lub „wyspecyfikowaną złożoność”.⁴³ Tak zdefiniowana informacja biologiczna stanowi zatem istotną cechę układów żywych, której „powstanie” musi wyjaśnić każdy scenariusz pochodzenia życia. Ponadto, jak dowiemy się poniżej, wszystkie na-

⁴¹ Richard DAWKINS, *Rzeka genów*, przeł. Marek Jannasz, *Science Masters*, Wydawnictwo CiS i Oficyna Wydawnicza MOST, Warszawa 1995, s. 37.

⁴² Bill GATES, *The Road Ahead*, Blue Penguin, Boulder, Colorado 1996, s. 228.

⁴³ L.E. ORGEL, *The Origins of Life on Earth*, John Wiley, New York 1973, s. 189.

turalistyczne teorie ewolucji chemicznej mają problem z wyjaśnieniem powstania takiej „wyspecyfikowanej” informacji biologicznej.

F. Informacja jako metafora: nie ma czego wyjaśniać?

Choć większość biologów molekularnych nie widziałoby nic kontrowersyjnego w opisywaniu DNA i białek jako cząsteczek „przenoszących informację”, niektórzy historycy i filozofowie biologii sprzeciwili się ostatnio temu opisowi. Zanim ocenimy rywalizujące rodzaje wyjaśnień pochodzenia informacji biologicznej, należy na ten sprzeciw odpowiedzieć. W roku 2000 historyk nauki, Lily Kay, stwierdziła, że zastosowanie teorii informacji do biologii jest błędem, zwłaszcza dlatego, że klasyczna teoria informacji nie potrafi uchwycić idei sensu. Zasugerowała w związku z tym, że termin *informacja*, w sensie używanym w biologii, jest niczym więcej jak metaforą. Skoro, według Kay, termin ten nie oznacza niczego rzeczywistego, powstanie „informacji biologicznej” nie wymaga wyjaśnienia. Wyjaśnienia wymaga natomiast powstanie *zastosowania* słowa *informacja* w biologii. Będąc społeczną konstruktywistką, Kay wyjaśniła owo zastosowanie jako rezultat rozmaitych sił społecznych, uczestniczących w „Technokulturze Zimnej Wojny”.⁴⁴ W inny, choć pokrewny sposób, Sarkar argumentował, że pojęcie informacji ma małe znaczenie teoretyczne w biologii, ponieważ brakuje mu mocy predyktywnej lub eksplanacyjnej.⁴⁵ Podobnie jak Kay, postrzega on pojęcie informacji jako zbytęcną metaforę, której brakuje empirycznego odniesienia i ontologicznego statusu.

Oczywiście, o ile termin *informacja* konotuje sens semantyczny, w biologii pełni ono funkcję metafory. Nie znaczy to jednak, że funkcjo-

⁴⁴ Zob. przyp. 5. KAY, „Who Wrote...”, s. 611-612, 629; KAY, „Cybernetics...”; KAY, **Who Wrote...**

⁴⁵ SARKAR, „Biological Information...”, s. 199-202.

nuje on *wyłącznie* jako metafora czy że biologowie badający pochodzenie życia nie mają czego wyjaśniać. Mimo iż teoria informacji ma *ograniczone* zastosowanie w opisywaniu układów biologicznych, udało jej się przeprowadzić ilościowe szacunki złożoności makrocząstecek biologicznych. Ponadto, prace eksperymentalne ustaliły, że sekwencje monomerów w DNA i białkach charakteryzują się funkcjonalną specyficznością. Termin *informacja*, w sensie biologicznym, odnosi się do dwóch rzeczywistych i „reprezentatywnych” właściwości układów żywych: złożoności i specyficzności. Odkąd naukowcy zaczęli poważnie myśleć o tym, co jest potrzebne do wyjaśnienia zjawiska dziedziczności, uświadomili sobie potrzebę odnalezienia w organizmach żywych jakiejś cechy lub substancji, która ma dokładnie te dwie właściwości jednocześnie. Schrödinger wyobrażał więc sobie „nieokresowy kryształ”; Chargaff widział zdolność DNA do „złożonego sekwencjonowania”; Watson i Crick utożsamiali złożone sekwencje z „informacją”, którą Crick utożsamiał z kolei ze „specyficznością”; Monod utożsamiał nieregularną specyficzność białek z potrzebą „kodu”; a Orgel opisywał życie jako „wyspecyfikowaną złożoność”.⁴⁶ Co więcej, Davies argumentował ostatnio, że „specyficzna losowość” sekwencji zasad DNA stanowi główną zagadkę, spowijającą zagadnienie pochodzenia życia.⁴⁷ Bez względu na terminologię, naukowcy uznali potrzebę znalezienia, a teraz wiedzą, gdzie się znajduje źródło złożonej specyficzności w komórce, które służy do przekazywania materiału dziedzicznego i utrzymywania funkcji biologicznej. Powtarzalność tych pojęć opisowych sugeruje, że złożoność i specyficzność to rzeczywiste właściwości makrocząstecek biologicznych – właściwości, które mogłyby być inne, ale tylko z uszczerbkiem dla życia komórki. Jak zauważył Orgel: „Organizmy

⁴⁶ E. SCHRÖDINGER, *What Is Life? And Mind and Matter*, Cambridge University Press, Cambridge 1967, s. 82; Alberts *et al.*, *Molecular Biology...*, s. 21; CRICK and WATSON, „A Structure for Deoxyribose...”; CRICK and WATSON, „Genetical Implications...”; CRICK, „On Protein Synthesis...”; JUDSON, *Eighth Day of Creation...*, s. 611; ORGEL, *The Origins of Life...*, s. 189.

⁴⁷ P. DAVIES, *The Fifth Miracle*, Simon and Schuster, New York 1998, s. 120.

żywe wyróżniają się wyspecyfikowaną złożonością. Kryształy [...] nie są żywe, ponieważ nie są złożone; mieszanki losowych polimerów nie są żywe, gdyż brakuje im specyficzności”.⁴⁸

Powstanie specyficzności i złożoności (łącznie), do których stosowany w biologii termin *informacja* zwykle się odnosi, wymagają zatem wyjaśnienia, nawet jeśli pojęcie informacji konotuje jedynie złożoność w sensie klasycznej teorii informacji i nawet jeżeli samo w sobie nie ma ono wartości eksplanacyjnej czy predyktywnej. Jako pojęcie opisowe (nie zaś eksplanacyjne czy predyktywne) termin *informacja* pomaga natomiast zdefiniować (albo w koniunkcji, albo przez podciągnięcie go pod pojęcie „specyficzności”) skutek, którego „powstanie” badacze pochodzenia życia muszą wyjaśnić. Dlatego też *tylko* wtedy, gdy informacja konotuje sens subiektywny, pełni ona w biologii funkcję metafory. Gdy odnosi się ona do odpowiednika sensu, mianowicie do funkcjonalnej specyficzności, definiuje istotną cechę układów żywych.

Część II

A. Naturalistyczne wyjaśnienia powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej

Odkrycia biologów molekularnych w 50-tych i 60-tych latach XX wieku nasunęły pytanie o ostateczne pochodzenie wyspecyfikowanej złożoności lub wyspecyfikowanej informacji w DNA i białkach. Co najmniej od połowy lat 60-tych liczni naukowcy uważali, że powstanie informacji (tak zdefiniowanej) to centralne zagadnienie biologii,

⁴⁸ ORGEL, *The Origins of Life...*, s. 189.

dotyczące pochodzenia życia.⁴⁹ W celu wytłumaczenia powstania wyspecyfikowanej informacji genetycznej badacze pochodzenia życia zaproponowali trzy ogólne rodzaje wyjaśnień naturalistycznych: kładące nacisk na przypadek, konieczność lub kombinację tych dwu.

B. Poza zasięgiem przypadku

Najpopularniejszy, jak się zdaje, naturalistyczny pogląd na pochodzenie życia głosi, że powstało ono zupełnie przypadkowo. Kilku poważnych naukowców także wyrażało poparcie dla tego poglądu, przynajmniej na różnych etapach swojej kariery. W 1954 roku, biochemik George Wald, na przykład, argumentował na rzecz przy czynowej skuteczności przypadku w połączeniu z dużymi ilościami czasu. Jak wyjaśniał, „To czas jest w rzeczywistości bohaterem akcji. [...] Przy tak wielkim zapasie czasu niemożliwe staje się możliwym, możliwe prawdopodobnym, a prawdopodobne wręcz pewnym”.⁵⁰ Później, w roku 1968 Francis Crick zasugerował, że powstanie kodu genetycznego – to jest, układ translacji – może być „utrwalonym przypadkiem”.⁵¹ Inne teorie odwoływały się do przypadku, by wyjaśnić

⁴⁹ LOEWENSTEIN, *The Touchstone...*; DAVIES, *The Fifth Miracle...*; SCHNEIDER, „Information Content...”; C. THAXTON and W. BRADLEY, „Information and the Origin of Life”, w: J.P. MORELAND (ed.), *The Creation Hypothesis: Scientific Evidence for an Intelligent Designer*, InterVarsity Press, Downers Grove, Illinois 1994, s. 173-210, zwłaszcza 190; S. KAUFFMAN, *The Origins of Order*, Oxford University Press, Oxford 1993, s. 287-340; YOCKEY, *Information Theory...*, s. 178-293; KUPPERS, *Information and the Origin...*, s. 170-172; F. CRICK, *Life Itself*, Simon and Schuster, New York 1981, s. 59-60, 88; J. MONOD, *Chance and Necessity*, Vintage Books, New York 1971, s. 97-98, 143; ORGEL, *The Origins of Life...*, s. 189; D. KENYON and G. STEINMAN, *Biochemical Predestination*, McGraw-Hill, New York 1969, s. 199-211, 263-266; OPARIN, *Genesis...*, s. 146-147; H. QUASTLER, *The Emergence of Biological Organization*, Yale University Press, New Haven, Connecticut 1964.

⁵⁰ G. WALD, „The Origin of Life”, *Scientific American* 1954, vol. 191, s. 44-53; R. SHAPIRO, *Origins: A Skeptic's Guide to the Creation of Life on Earth*, Summit Books, New York 1986, s. 121.

⁵¹ F. CRICK, „The Origin of the Genetic Code”, *Journal of Molecular Biology* 1968, vol. 38, s. 367-379; H. KAMMINGA, „Studies in the History of Ideas on the Origin of Life”, dyserta-

powstanie informacji genetycznej, choć często robiły to w połączeniu z koncepcją prebiotycznego doboru naturalnego (zob. poniżej część C).

Niemal wszyscy poważni badacze pochodzenia życia uznają obecnie „przypadek” za nieadekwatne przyczynowo wyjaśnienie powstania informacji biologicznej.⁵² Odkąd biologowie molekularni w latach 50-tych i 60-tych zaczęli doceniać sekwencyjną specyficzność białek i kwasów nukleinowych, przeprowadzono wiele obliczeń w celu określenia prawdopodobieństwa losowego uformowania się funkcjonalnych białek i kwasów nukleinowych. Różne metody obliczania prawdopodobieństw zaproponowali Morowitz, Hoyle i Wickramasinghe, Cairns-Smith, Prigogine, Yockey, a całkiem niedawno temu Robert Sauer.⁵³ Obliczenia te czysto teoretycznie zakładały często wyjątkowo sprzyjające warunki prebiotyczne (realistyczne bądź nie), znacznie więcej czasu niż rzeczywiście było go na młodej Ziemi i teoretycznie maksymalne tempo reakcji między składowymi monomerami (czyli elementami składowymi białek, DNA lub RNA). Obliczenia te ciągle wykazywały, że prawdopodobieństwo losowego otrzymania makromolekuł biologicznych o funkcjonalnych sekwencjach jest, by użyć słów Prigogine’a, „znikomo małe [...] nawet w skali [...] miliardów lat”.⁵⁴ Cairns-Smith napisał w 1971 roku:

cja doktorska, University of London 1980, s. 303-304.

⁵² C. de DUVE, „The Constraints of Chance”, *Scientific American*, January 1996, s. 112; CRICK, *Life Itself...*, s. 89-93; QUASTLER, *The Emergence...*, s. 7.

⁵³ H.J. MOROWITZ, *Energy Flow in Biology*, Academic Press, New York 1968, s. 5-12; F. HOYLE and C. WICKRAMASINGHE, *Evolution from Space*, J.M. Dent, London 1981, s. 24-27; A.G. CAIRNS-SMITH, *The Life Puzzle*, Oliver and Boyd, Edinburgh 1971, s. 91-96; I. PRIGOGINE, G. NICOLIS, and A. BABLOYANTZ, „Thermodynamics of Evolution”, *Physics Today*, 23 November 1972; YOCKEY, *Information Theory...*, s. 246-258; H.P. YOCKEY, „Self-Organization, Origin of Life Scenarios and Information Theory”, *Journal of Theoretical Biology* 1981, vol. 91, s. 13-31; BOWIE and SAUER, „Identifying Determinants...”; REIDHAAR-OLSON and SAUER, „Functionally Acceptable...”; SHAPIRO, *Origins...*, s. 117-131.

⁵⁴ PRIGOGINE, NICOLIS, and BABLOYANTZ, „Thermodynamics of Evolution...”.

Ślepy przypadek [...] jest bardzo ograniczony. Niskie poziomy kooperacji może on [ślepy przypadek] wytworzyć nadzwyczaj łatwo (ekwiwalenty liter i krótkich słów), ale bardzo szybko staje się on nieudolny, gdy zwiększa się stopień organizacji. Długie okresy oczekiwania i ogromne zasoby materiału również szybko przestają być ważne.⁵⁵

Rozważmy probabilistyczne przeszkody, jakie trzeba pokonać, by zbudować choćby jedną krótką cząsteczkę białkową długości 100 aminokwasów. (Typowe białko składa się z około 300 reszt aminokwasowych, a wiele kluczowych białek jest znacznie dłuższych).

Po pierwsze, wszystkie aminokwasy, łącząc się z innymi aminokwasami w łańcuchu białkowym, tworzą wiązanie chemiczne zwane wiązaniem peptydowym. W przyrodzie możliwych jest wiele innych rodzajów wiązań chemicznych między aminokwasami; w istocie wiązania peptydowe i niepeptydowe występują ze z grubsza równym prawdopodobieństwem. Dlatego w każdym danym miejscu wzdłuż rozrastającego się łańcucha aminokwasów prawdopodobieństwo otrzymania wiązania peptydowego wynosi w przybliżeniu $\frac{1}{2}$. Prawdopodobieństwo uzyskania czterech wiązań peptydowych jest równe $(\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2}) = 1/16$, lub $(\frac{1}{2})^4$. Prawdopodobieństwo zbudowania łańcucha 100 aminokwasów, w którym wszystkie połączenia są wiązaniami peptydowymi wynosi $(\frac{1}{2})^{99}$, lub równa się mniej więcej 1 szansie na 10^{30} .

Po drugie, w przyrodzie każdy aminokwas znajdujący w białkach (z jednym wyjątkiem) ma inne swoje lustrzane odbicie, jedną wersję lewoskrętną lub formę L, i jedną wersję prawoskrętną lub formę D. Te formy lustrzanego odbicia zwane są izomerami optycznymi. Funkcjonalne białka tolerują tylko aminokwasy lewoskrętne, mimo iż izomery prawo- i lewoskrętne są tworzone w (produkujących aminokwasy) reakcjach chemicznych z mniej więcej równą częstotliwością. Wzięcie owej „chiralności” pod uwagę zwiększa nieprawdopodobieństwo otrzymania biologicznie funkcjonalnego białka. Prawdopodobieństwo

⁵⁵ CAIRNS-SMITH, *The Life Puzzle...*, s. 95.

losowego uzyskania wyłącznie L-aminokwasów w hipotetycznym łańcuchu peptydowym o długości 100 aminokwasów wynosi $(\frac{1}{2})^{100}$ lub ponownie w przybliżeniu równa się 1 szansie na 10^{30} . Wychodząc od mieszanek form D i L, prawdopodobieństwo losowego zbudowania łańcucha o długości 100 aminokwasów, w którym wszystkie wiązania są peptydowe i wszystkie aminokwasy są lewoskrętne równa się zatem około 1 szansie na 10^{60} .

Funkcjonalne białka mają jeszcze trzeci i najważniejszy niezależny wymóg; ich aminokwasy muszą łączyć się ze sobą w specyficznym ułożeniu sekwencyjnym, tak samo jak muszą łączyć się litery, by utworzyć sensowne zdanie. W niektórych przypadkach zmiana nawet jednego aminokwasu w danym miejscu kończy się utratą funkcji białka. Co więcej, ponieważ istnieje dwadzieścia występujących w biologii aminokwasów, prawdopodobieństwo uzyskania jakiegoś specyficznego aminokwasu w danym miejscu jest małe – $1/20$. (W rzeczywistości prawdopodobieństwo jest jeszcze mniejsze, gdyż w przyrodzie istnieje również wiele nie formujących białek aminokwasów). Przy założeniu, że wszystkie miejsca w łańcuchu białkowym wymagają jednego konkretnego aminokwasu, prawdopodobieństwo otrzymania poszczególnego białka o długości 100 aminokwasów wynosiłoby $(1/20)^{100}$, lub równałoby się 1 szansie na 10^{130} . Wiemy jednak obecnie, że niektóre miejsca w łańcuchu tolerują kilka ze zwykle występujących w białkach dwudziestu aminokwasów, choć inne miejsca nie mają takiej tolerancji. Robert Sauer, biochemik z MIT, użył techniki zwanej „mutagenezą kasetową”, by określić, jak duża niezgodność aminokwasów może być tolerowana w każdym danym miejscu w kilku białkach. Uzyskane przez niego wyniki sugerują, że wzięwszy nawet pod uwagę możliwość niezgodności, prawdopodobieństwo losowego otrzymania funkcjonalnej sekwencji aminokwasów w kilku znanych (około 100-resztowych) białkach nadal jest „znikomo małe” i równa się około 1 szansie na 10^{65} .⁵⁶ (W naszej

⁵⁶ REIDHAAR-OLSON and SAUER, „Functionally Acceptable...”; D.D. AXE, „Biological Function Places Unexpectedly Tight Constraints on Protein Sequences”, *Journal of Molecular Biology* 2000, vol. 301(3), s. 585-596; M. BEHE, „Experimental Support for Regarding Func-

galaktyce istnieje 10^{65} atomów).⁵⁷ Douglas Axe z Cambridge University zastosował ostatnio ulepszoną technikę mutagenyzy w celu dokonania pomiaru specyficzności sekwencji białka barnazy, RNazy bakteryjnej. Praca Axego sugeruje, że wcześniejsze eksperymenty z mutagenyzą w rzeczywistości zbyt nisko oszacowały funkcjonalną wrażliwość białek na zmianę sekwencji aminokwasów, ponieważ z góry zakładały one (nieprawidłowo) niezależność kontekstową zmian pojedynczych reszt.⁵⁸ Jeżeli, poza nieprawdopodobieństwem uzyskania właściwej sekwencji, uwzględni się potrzebę właściwego wiązania i homochiralności, prawdopodobieństwo losowego zbudowania dość krótkiego funkcjonalnego białka staje się tak małe (nie większe niż 1 szansa na 10^{125}), że hipoteza przypadku wydaje się absurdalna. Jak powiedział Dawkins, „Każde wyjaśnienie może zawierać pewną, byle nie za wielką, ilość wydarzeń przypadkowych”.⁵⁹

Oczywiście, twierdzenie Dawkinsa aż się prosi o zadanie ilościowego pytania, mianowicie: „Jak bardzo nieprawdopodobne musi być zdarzenie, sekwencja czy system, by można było słusznie odrzucić hipotezę przypadku?” Pytanie to otrzymało ostatnio formalną odpowiedź. William Dembski, idąc śladem i udoskonalając pracę wcześniejszych probabilistów, takich jak Emile Borel, wykazał, że przypadek można wyeliminować jako wiarygodne wyjaśnienie dla wyspecyfikowanych układów o małym prawdopodobieństwie, kiedy złożoność danego wyspecyfikowanego zdarzenia lub sekwencji prze-

tional Classes of Proteins to Be Highly Isolated from Each Other”, w: J. BUELL and V. HEARN (eds.), **Darwinism: Science or Philosophy?**, Foundation for Thought and Ethics, Richardson, Texas 1994, s. 60-71; YOCKEY, **Information Theory...**, s. 246-258. W istocie Sauer za funkcjonalne uznał te sekwencje, które fałdują się w stabilne trójwymiarowe konfiguracje, mimo iż wiele fałdujących się sekwencji nie jest funkcjonalnych. Wyniki uzyskane przez Sauera zbyt nisko oszacowują omawiany tutaj problem probabilistyczny.

⁵⁷ BEHE, „Experimental Support...”.

⁵⁸ AXE, „Biological Function...”.

⁵⁹ Richard DAWKINS, **Ślepy zegarmistrz czyli, jak ewolucja dowodzi, że świat nie został zaplanowany**, przeł. Antoni Hoffman, *Biblioteka Myśli Współczesnej*, Państwowy Instytut Wydawniczy, Warszawa 1994, s. 224.

kracza dostępne zasoby probabilistyczne.⁶⁰ Oszacował on następnie skromną liczbę „wszechświatowej granicy prawdopodobieństwa” na 1 na 10^{150} , która odpowiada probabilistycznym zasobom znanego Wszechświata. Liczba ta zapewnia teoretyczną podstawę dla wykluczania możliwości odwoływania się do przypadku jako do najlepszego wyjaśnienia wyspecyfikowanych zdarzeń o prawdopodobieństwie mniejszym niż $\frac{1}{2} \times 10^{150}$. Dembski odpowiada zatem na pytanie o to, ile szczęścia – zawsze – to za dużo, by można było odwoływać się w wyjaśnieniach do przypadku.

Co ważne, nieprawdopodobieństwo zbudowania i zsekwencjonowania nawet krótkiego funkcjonalnego białka jest bliskie wszechświatowej granicy prawdopodobieństwa – punktowi, w którym odwoływanie się do przypadku zakrawa o absurd, wzięwszy pod uwagę „zasoby probabilistyczne” całego Wszechświata.⁶¹ Ponadto, przeprowadzenie obliczenia tego samego typu dla nawet umiarkowanie dłuższych białek sprawia, że miary nieprawdopodobieństwa w dużym

⁶⁰ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 175-223; E. BOREL, *Probabilities and Life*, trans. M. Baudin, Dover, New York 1962, s. 28. Dembskiego wszechświatowa granica prawdopodobieństwa dotyczy w istocie zasobów „specyfikacyjnych”, nie zaś probabilistycznych zasobów Wszechświata. Wyliczenie Dembskiego określa liczbę możliwych specyfikacji w skończonym czasie. Niemniej jednak skutkuje ono ograniczeniem „zasobów probabilistycznych”, dostępnych dla wyjaśnienia powstania jakiegoś *wyspecyfikowanego* zdarzenia o małym prawdopodobieństwie. Skoro układy żywe są precyzyjnie wyspecyfikowanymi systemami o małym prawdopodobieństwie, wszechświatowa granica prawdopodobieństwa skutecznie ogranicza zasoby probabilistyczne, dostępne dla wyjaśnienia powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej.

⁶¹ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 175-223. Eksperymenty z mutagenezą kasetową przeprowadzano zwykle na białkach o długości około 100 aminokwasów. Mimo to ekstrapolacje tych wyników mogą generować sensowne szacunki dla nieprawdopodobieństwa dłuższych cząsteczek białkowych. Na przykład wyniki Sauera, dotyczące białkowego represora lambda i represora arc, sugerują, że prawdopodobieństwo znalezienia w każdym miejscu aminokwasu, który zachowa funkcjonalną sekwencję (lub, dokładniej, który umożliwi sfałdowanie) jest średnio mniejsze niż 1 na 4 (1 na 4.4). Pomnożenie $\frac{1}{4}$ przez siebie 150 razy (w przypadku białka o długości 150 aminokwasów) daje prawdopodobieństwo równe około 1 szansie na 10^{91} . W przypadku białka o takiej długości prawdopodobieństwo uzyskania zarówno specyficznego wiązania peptydowego, jak i homochiralności, także jest równe około 1 szansie na 10^{91} . Prawdopodobieństwo otrzymania wszystkich koniecznych warunków funkcjonalności w przypadku białka o długości 150 aminokwasów przekracza więc 1 szansę na 10^{180} .

stopniu przekraczają granicę. Na przykład prawdopodobieństwo utworzenia białka o długości zaledwie 150 aminokwasów (obliczone przy zastosowaniu takiej samej metody jak powyżej) jest mniejsze niż 1 szansa na 10^{180} , a to przekracza najskromniejsze szacunki granicy prawdopodobieństwa, wyznaczonej przez wielomiliardowy wiek naszego Wszechświata.⁶² Wziąwszy pod uwagę złożoność białek, jest nadzwyczaj nieprawdopodobne, by losowe przeszukanie przestrzeni kombinatorycznie możliwych sekwencji aminokwasów mogło zakończyć się otrzymaniem choćby jednego, względnie krótkiego funkcjonalnego białka w czasie dostępnym od początku Wszechświata (a tym bardziej w czasie dostępnym na młodej Ziemi). Natomiast posiadanie uzasadnionej szansy znalezienia krótkiego funkcjonalnego białka w losowym przeszukaniu przestrzeni kombinatorycznej wymagałoby bez porównania więcej czasu niż pozwala na to kosmologia lub geologia.

Bardziej realistyczne obliczenia (uwzględniające prawdopodobną obecność niebiałkowych aminokwasów, potrzebę znacznie dłuższych białek do pełnienia specyficznych funkcji, takich jak polimeryzacja, oraz potrzebę skoordynowanego działania setek białek w celu wytworzenia funkcjonalnej komórki) zwiększają te nieprawdopodobieństwa, przekraczając niemal możliwości obliczeniowe. Na przykład wyniki ostatniej pracy teoretycznej i eksperymentalnej nad tak zwaną minimalną złożonością, wymaganą do utrzymania przy życiu najprostszego możliwego organizmu żywego, sugerują dolną granicę około 250 do 400 genów i odpowiadających im białek.⁶³ Odpowiadająca takiemu systemowi białek przestrzeń sekwencji nukleotydowych przekracza 4^{300000} . Nieprawdopodobieństwo odpowiadające tej mierze złożoności molekularnej ponownie w dużym stopniu przekracza 1

⁶² DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 67-91, 175-214; BOREL, *Probabilities...*, 28.

⁶³ E. PENNISI, „Seeking Life’s Bare Genetic Necessities”, *Science* 1996, vol. 272, s. 1098-1099; A. MUSHEGIAN and E. KOONIN, „A Minimal Gene Set for Cellular Life Derived by Comparison of Complete Bacterial Genomes”, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1996, vol. 93, s. 10268-10273; C. BULT *et al.*, „Complete Genome Sequence of the Methanogenic Archaeon, *Methanococcus jannashi*”, *Science* 1996, vol. 273, s. 1058-1072.

szansę na 10^{150} , a tym samym przekracza „zasoby probabilistyczne” całego Wszechświata.⁶⁴ Jeśli rozważymy pełny zestaw funkcjonalnych cząsteczek biologicznych wymaganych do utrzymania minimalnej funkcjonalności i witalności komórki, rozumiemy dlaczego porzucano oparte na przypadku teorie powstania życia. Wciąż zachowują ważność słowa, które w 1963 roku wypowiedział Mora:

Rozważania statystyczne, prawdopodobieństwo, złożoność itd., zgodnie ze swoimi logicznymi konsekwencjami sugerują, że powstanie i kontynuacja życia nie jest kontrolowana przez takie zasady. Przyjęcie tych zasad oznacza zgodę na praktycznie nieskończoną ilość czasu na uzyskanie odpowiednich wyników. Przy zastosowaniu takiej logiki nie możemy jednak niczego udowodnić.⁶⁵

Choć prawdopodobieństwo całkowicie przypadkowego utworzenia funkcjonalnej cząsteczki biologicznej lub komórki jest niezmiernie małe, należy zwrócić uwagę, że naukowcy nie odrzucili zgodnie hipotezy przypadku tylko dlatego, że z takimi zdarzeniami wiążą się ogromne nieprawdopodobieństwa. Bardzo nieprawdopodobne rzeczy zdarzają się przez przypadek. Każde rozdanie kart czy każda kolejka rzutów kośćmi jest wysoce nieprawdopodobnym zdarzeniem. Obserwatorzy często słusznie przypisują takie zdarzenia zupełnemu przypadkowi. Uzasadnieniem eliminacji przypadku jest nie samo nastąpienie wysoce nieprawdopodobnego zdarzenia, lecz nastąpienie nieprawdopodobnego zdarzenia, które pasuje ponadto do jakiegoś rozpoznawalnego wzorca (czyli do wzorca niezależnego warunkowo; zob. część I, paragraf E). Jeżeli ktoś wielokrotnie rzuci dwiema kośćmi i wyjdzie na przykład sekwencja 9, 4, 11, 2, 6, 8, 5, 12, 9, 2, 6, 8, 9, 3, 7, 10, 11, 4, 8 i 4, to nikt nie będzie podejrzewał czegoś więcej niż współdziałania sił losowych, mimo iż sekwencja ta jest bardzo nieprawdopodobnym zdarzeniem, zważywszy na liczbę możliwości kombinatorycznych, które odpowiadają sekwencji o tej długości. Jednakże

⁶⁴ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 67-91, 175-223, 209-210.

⁶⁵ P.T. MORA, „Urge and Molecular Biology”, *Nature* 1963, vol. 199, s. 212-219.

wyrzucenie 20 (a już z pewnością 200) siódemek pod rząd słuszenie wzbudzi podejrzenie, że mamy tu do czynienia z czymś więcej niż tylko przypadkiem. Statystycy od dawna stosują metodę określania, kiedy wyeliminować hipotezę przypadku; metoda ta wymaga wcześniejszego wyznaczenia wzorca lub „obszaru odrzucenia”.⁶⁶ W powyższym przykładzie z kośćmi jako wzorzec można wyznaczyć najpierw powtarzalne wypadnięcie siódemki po to, by wykryć na przykład użycie sfalszowanych kości. Dembski uogólnił tę metodę w celu wykazania, jak istnienie jakiegoś warunkowo niezależnego wzorca, ustalonego przed zaobserwowaniem danego zdarzenia lub nie, może pomóc (w połączeniu z małym prawdopodobieństwem zdarzenia) zasadnie odrzucić hipotezę przypadku.⁶⁷

Badacze pochodzenia życia milcząco, a nieraz jawnie, stosowali ten rodzaj statystycznego rozumowania, by uzasadnić wykluczenie scenariuszy posilkujących się w dużym stopniu przypadkiem. Christian de Duve, na przykład, wyraźnie posłużył się tą logiką do wyjaśnienia, dlaczego przypadek nie nadaje się na wyjaśnienie powstania życia:

Pojedyncze, niecodzienne, wysoce nieprawdopodobne zdarzenie może nastąpić. Wiele wysoce nieprawdopodobnych zdarzeń – wylosowanie zwycięskiej liczby na loterii czy specyficzne rozdanie kart do gry w brydża – następuje bez przerwy. Jednakże ciąg nieprawdopodobnych zdarzeń – wylosowanie tego samego numeru na loterii dwukrotnie lub takie samo rozdanie kart brydżowych dwa razy z rzędu – nie wydarza się w sposób naturalny”.⁶⁸

De Duve i inni badacze pochodzenia życia od dawna wiedzieli, że komórka to nie tylko wysoce nieprawdopodobny, ale i funkcjonalnie

⁶⁶ I. HACKING, *The Logic of Statistical Inference*, Cambridge University Press, Cambridge 1965, s. 74-75.

⁶⁷ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 47-55.

⁶⁸ C. de DUVE, „The Beginnings of Life on Earth”, *American Scientist* 1995, vol. 83, s. 437.

wyspecyfikowany system. Z tego powodu w latach 60-tych XX wieku większość badaczy wykluczyło przypadek jako wiarygodne wyjaśnienie powstania wyspecyfikowanej informacji, niezbędnej do zbudowania komórki.⁶⁹ Wielu naukowców szukało innych rodzajów wyjaśnień naturalistycznych.

C. Prebiotyczny dobór naturalny: sprzeczność pojęć

Oczywiście, nawet liczne wczesne teorie ewolucji chemicznej nie polegały *wyłącznie* na przypadku jako mechanizmie przyczynowym. Na przykład sformułowana przez Oparina pierwotna teoria ewolucyjnej abiogenezy, ogłoszona po raz pierwszy na przełomie 20-tych i 30-tych lat XX wieku, jako uzupełnienie oddziaływań przypadkowych przywoływała prebiotyczny dobór naturalny. Teoria Oparina przewidywała serię reakcji chemicznych, która – jak sądził Oparin – pozwoliła złożonej komórce zbudować się stopniowo i naturalistycznie z prostych prekursorów chemicznych.

Według Oparina w pierwszym etapie ewolucji chemicznej istniały proste gazy, takie jak amoniak (NH_3), metan (CH_4), para wodna (H_2O), dwutlenek węgla (CO_2) i wodór (H_2), które miały kontakt z wczesnymi oceanami i metalicznymi związkami chemicznymi, wydobywającymi się z jądra Ziemi.⁷⁰ Z pomocą słonecznego promieniowania ultrafioletowego zaistniałe reakcje miałyby wytworzyć wysokoenergetyczne związki węglowodorowe.^{**} One z kolei łączyłyby się i rekombinowały z różnymi innymi związkami chemicznymi, tworząc aminokwasy, cukry i pozostałe „cegiełki budulcowe” złożonych cząsteczek, takich jak białka konieczne dla żywych komórek. Te elementy przypadkowo złożyłyby się w końcu w prymitywne układy

⁶⁹ QUASTLER, *The Emergence...*, s. 7.

⁷⁰ OPARIN, *The Origin of Life...*, s. 64-103; MEYER, *Of Clues and Causes...*, s. 174-179, 194-198, 211-212.

^{**} (Przypis recenzenta) Tak w oryginale.

metaboliczne w obrębie prostych komórkopodobnych struktur, które Oparin nazwał koacerwatami. Oparin mówił następnie o pewnym rodzaju darwinowskiej walki o przetrwanie między koacerwatami. Te, które przez przypadek wykształciły coraz bardziej złożone cząsteczki i procesy metaboliczne, przetrwałyby i stawałyby się bardziej złożone i skuteczne. Te, którym by się nie udało, zginęłyby.⁷¹ Jako mechanizm zachowujący coraz bardziej złożone zdarzenia Oparin przywoływał więc zróżnicowane przetrwanie i dobór naturalny, rzekomo pomagając w ten sposób pokonać trudności związane z hipotezami czystego przypadku.

Rozwój biologii molekularnej w 50-tych latach XX wieku wywołał wątpliwości wobec scenariusza Oparina. Oparin początkowo odwoływał się do doboru naturalnego, by wyjaśnić jak komórki udoskonaliły prymitywny, istniejący już metabolizm. Jego scenariusz w dużej mierze opierał się na hipotezę przypadku, by wyjaśnić początkowe utworzenie się składowych cząsteczek biologicznych, od których miał zależeć nawet prymitywny metabolizm komórkowy. Odkrycie w latach 50-tych skrajnej złożoności i specyficzności takich cząsteczek podważyło wiarygodność jego twierdzenia. Z tego i z innych powodów w 1968 roku Oparin ogłosił skorygowaną wersję swojej teorii, która przewidywała pewną rolę dla doboru naturalnego na wcześniejszych etapach procesu abiogenezy. Wedle jego nowej teorii, dobór naturalny działał na losowe polimery, gdy powstawały one i przekształcały się w protokomórkowych koacerwatach.⁷² Gdy nagromadziły się coraz bardziej złożone i skuteczne cząsteczki, lepiej radziły sobie w przetrwaniu i płodniej się rozmnażały.

Nawet w tej wersji Oparina koncepcja *prebiotycznego* doboru naturalnego działającego na początkowo niespecyficzne makrocząsteczki biologiczne jest problematyczna. Po pierwsze, zdaje się ona zakładać już istniejący mechanizm samoreplikacji. Samoreplikacja we

⁷¹ OPARIN, *The Origin of Life...*, s. 107-108, 133-135, 148-159, 195-196.

⁷² OPARIN, *Genesis...*, s. 146-147.

wszystkich istniejących obecnie komórkach zależy jednak od funkcjonalnych, a więc (w dużym stopniu) mających specyficzne sekwencje białek i kwasów nukleinowych. Ale właśnie powstanie specyficzności w tych molekułach Oparin musiał wyjaśnić. Jak stwierdził Christian de Duve, teorie prebiotycznego doboru naturalnego „potrzebują informacji, a to implikuje, że muszą one zakładać to, co należy wyjaśnić w pierwszym rzędzie”.⁷³ Oparin próbował obejść ten problem twierdząc, że pierwsze polimery nie musiały mieć bardzo specyficznych sekwencji. Twierdzenie to zrodziło jednak wątpliwości, czy jakiś precyzyjny mechanizm samoreplikacji (a tym samym doboru naturalnego) mógł w ogóle funkcjonować. Drugi scenariusz Oparina nie uwzględniał zjawiska znanego jako katastrofa błędu, w którym małe błędy lub odchylenia od funkcjonalnie koniecznych sekwencji są szybko wzmacniane podczas kolejnych cykli replikacyjnych.⁷⁴

Potrzeba wyjaśnienia pochodzenia wyspecyfikowanej informacji postawiła więc Oparina w obliczu trudnego do rozwiązania dylematu. Z jednej strony, gdyby odwoływał się do doboru naturalnego na późniejszych etapach swojego scenariusza, powstanie wysoce złożonych i wyspecyfikowanych cząsteczek biologicznych niezbędnych do samoreplikacji musiałyby zależeć wyłącznie od przypadku. Z drugiej strony, gdyby Oparin przywoływał dobór naturalny na wcześniejszych etapach procesu ewolucji chemicznej, przed powstaniem funkcjonalnej specyficzności makromolekuł biologicznych, nie mógłby wyjaśnić, jak taki prebiotyczny dobór naturalny mógł w ogóle funkcjonować (wziąwszy pod uwagę zjawisko katastrofy błędu). Dobór naturalny zakłada istnienie układu samoreplikacji, a samoreplikacja wymaga funkcjonalnych kwasów nukleinowych i białek (lub cząsteczek o podobnej złożoności) – czyli właśnie tego, co Oparin miał wyjaśnić.

⁷³ C. de DUVE, **Blueprint for a Cell: The Nature and Origin of Life**, Neil Patterson, Burlington, N.C. 1991, s. 187.

⁷⁴ G. JOYCE and L. ORGEL, „Prospects for Understanding the Origin of the RNA World”, w: R.F. GESTELAND and J.J. ATKINS (eds.), **RNA World**, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y. 1993, s. 1-25, zwłaszcza 8-13.

Dlatego Dobzhansky podkreślał, że „prebiologiczny dobór naturalny to sprzeczność pojęć”.⁷⁵

Mimo iż niektórzy odrzucili hipotezę prebiotycznego doboru naturalnego jako błąd logiczny *petitio principii*, inni odrzucili jej z powodu niemożliwości odróżnienia jej od nieprzekonujących hipotez opartych na przypadku.⁷⁶ Osąd ten poparła praca matematyka Johna von Neumanna. W 60-tych latach XX wieku von Neumann wykazał, że każdy system zdolny do samoreplikacji wymagałby podukładów, które pod względem funkcjonalnym są równoważne systemom magazynowania informacji, replikacji i przetwórczym, jakie znajdowane są we współcześnie istniejących komórkach.⁷⁷ Jego obliczenia, podobnie jak dalsze prace eksperymentalne, ustaliły bardzo wysoki minimalny próg funkcjonalności biologicznej.⁷⁸ Owe wymogi minimalnej złożoności stanowią fundamentalną trudność dla doboru naturalnego. Dobór naturalny selekcjonuje to, co jest korzystne pod względem funkcjonalnym. Nie wykonuje on żadnego działania, zanim losowe zmiany nie wytworzą jakiegoś dającego przewagę biologiczną ułożenia materii. Obliczenia von Neumanna oraz podobne obliczenia Wignera, Landsberga i Morowitza pokazały, że z całym prawdopodobieństwem (przy zaniżonych liczbach) losowe fluktuacje cząsteczek nie wytworzą minimalnej złożoności, która jest potrzebna w przypadku nawet prymitywnego systemu replikacyjnego.⁷⁹ Jak zauważyłem

⁷⁵ T. DOBZHANSKY, „Discussion of G. Schramm’s Paper”, w: S.W. FOX (ed.), **The Origins of Prebiological Systems and of Their Molecular Matrices**, Academic Press, New York 1965, s. 310; H.H. PATTEE, „The Problem of Biological Hierarchy”, w: C.H. WADDINGTON (ed.), **Toward a Theoretical Biology**, vol. 3, Edinburgh University Press, Edinburgh 1970, s. 123.

⁷⁶ P.T. MORA, „The Folly of Probability”, w: FOX, **The Origins...**, s. 311-312; L.V. BERTALANFFY, **Robots, Men and Minds**, George Braziller, New York 1967, s. 82.

⁷⁷ J. VON NEUMANN, **Theory of Self-Reproducing Automata**, zebrał i zredagował A. BERKS, University of Illinois Press, Urbana 1966.

⁷⁸ PENNISI, „Seeking...”; MUSHEGIAN and KOONIN, „A Minimal Gene Set...”; BULT *et al.*, „Complete Genome Sequence...”.

⁷⁹ E. WIGNER, „The Probability of the Existence of a Self-Reproducing Unit”, w: E. SHILS (ed.), **The Logic of Personal Knowledge**, Kegan and Paul, London 1961, s. 231-235; P.T.

powyżej, nieprawdopodobieństwo wykształcenia się zintegrowanego układu replikacyjnego jest znacznie większe niż nieprawdopodobieństwo utworzenia elementów białkowych czy składników DNA takiego systemu. Ze względu na duże nieprawdopodobieństwo i implikowany przez nie wysoki próg funkcjonalności, wielu badaczy pochodzenia życia uznało hipotezę prebiotycznego doboru naturalnego za nieadekwatną i zasadniczo nieodróżnialną od hipotezy przypadku.

Niemniej jednak w 80-tych latach XX wieku Richard Dawkins i Bernd-Olaf Koppers usiłowali wskrzesić hipotezę prebiotycznego doboru naturalnego jako wyjaśnienie powstania informacji biologicznej.⁸⁰ Obaj przyznawali daremność odwoływania się do czystego przypadku i mówili o czymś, co Koppers nazwał „darwinowską zasadą optymalizacji”. Obaj posłużyli się komputerami, by wykazać skuteczność prebiotycznego doboru naturalnego. Każdy z nich wybrał sekwencję docelową, odpowiadającą pożądanemu funkcjonalnemu polimerowi. Po stworzeniu zbioru losowo skonstruowanych sekwencji i wywołaniu w nich losowych zmian, ich komputery nasiliły następnie produkcję tych sekwencji, przy jednoczesnym wyeliminowaniu pozostałych (co miało symulować różnicowe rozmnażanie), i powtarzały ten proces. Jak powiedział Koppers: „Każda zmutowana sekwencja, która nieco lepiej zgadza się z sensowną lub docelową sekwencją [...] będzie mogła rozmnażać się szybciej”.⁸¹ W tym przypadku, po zaledwie trzydziestu pięciu pokoleniach, jego komputerowi udało się otrzymać sekwencję docelową, „NATURAL SELECTION”.

Pomimo na pierwszy rzut oka imponujących rezultatów, takie „symulacje” posiadają oczywistą wadę: cząsteczki pierwotnie nie mają sekwencji docelowej „w umyśle”. Nie nadają też jakiegokolwiek prze-

LANDSBERG, „Does Quantum Mechanics Exclude Life?”, *Nature* 1964, vol. 203, s. 928-930; H.J. MOROWITZ, „The Minimum Size of the Cell”, w: M. O’CONNOR and G.E.W. WOLSTENHOLME (eds.), **Principles of Biomolecular Organization**, J.A. Churchill, London 1966, s. 446-459; MOROWITZ, **Energy Flow...**, s. 10-11.

⁸⁰ DAWKINS, **Ślepy zegarmistrz...**, s. 87-89; KOPPERS, „On the Prior Probability...”.

⁸¹ KOPPERS, „On the Prior Probability...”, s. 366.

wagi selekcyjnej komórce, a tym samym nie rozmnażają się różnicowo, zanim nie połączą się w ułożenie dające przewagę pod względem funkcjonalnym. Nic w przyrodzie nie odpowiada więc roli, jaką komputer gra w doborze nie przynoszących przewagi funkcjonalnej sekwencji, które przypadkiem będą zgadzać się „nieco lepiej” z sekwencją docelową niż inne. Sekwencja NORMAL ELECTION może zgadzać się bardziej z sekwencją NATURAL SELECTION niż sekwencja MISTRESS DEFECTION, lecz żadna z tych dwu sekwencji nie daje przewagi komunikacyjnej nad drugą w próbie przekazania jakiejś wiadomości o doborze naturalnym (NATURAL SELECTION). Jeśli celem jest NATURAL SELECTION, to obie sekwencje są w równym stopniu nieskuteczne. Co ważniejsze, zupełnie niefunkcjonalny polipeptyd nie przyniesie żadnej przewagi selekcyjnej hipotetycznej protokomórce, nawet jeżeli jej sekwencja będzie się przypadkiem zgadzać „nieco lepiej” z jakimś niezrealizowanym białkiem docelowym niż jakiś inny niefunkcjonalny polipeptyd.

Opublikowane wyniki symulacji przeprowadzonych przez Kuppera i Dawkinsa pokazują, że wczesne generacje różnych zdań różniwiają się w niefunkcjonalnym bełkocie.⁸² W symulacji Dawkinsa żadne pojedyncze, funkcjonalne angielskie słowo nie pojawia się przed dziesiątym powtórzeniem (odmiennie niż w bardziej szczodrym, omówionym powyżej przykładzie, który zaczyna się od prawdziwych, choć niewłaściwych słów). Dokonywanie rozróżnień na podstawie funkcji pośród sekwencji, które funkcji nie mają, nie ma jednak nic wspólnego z rzeczywistością. Takie ustalenia można czynić tylko, gdy możliwe jest rozważenie *przybliżenia do możliwej przyszłej funkcji*, ale to wymaga dalekowzroczności, której dobór naturalny nie posiada. Komputer, zaprogramowany przez istotę ludzką, może pełnić takie funkcje. Sugestia, że cząsteczki mogą robić to samo, jest nieuprawnioną personifikacją przyrody. Jeśli więc owe symulacje komputerowe cokolwiek demonstrowają, to tylko – w subtelny sposób – potrzebę czyn-

⁸² DAWKINS, *Ślepy zegarmistrz...*, s. 87-89; P. NELSON, „Anatomy of a Still-Born Analogy”, *Origins and Design* 1996, vol. 17 (3), s. 12.

ników inteligentnych, które wybierają pewne opcje i wykluczają inne – które, innymi słowy, tworzą informację.

D. Scenariusze dotyczące samoorganizacji

W związku z trudnościami teorii opartych na przypadku, łącznie z tymi polegającymi na prebiotycznym doborze naturalnym, w drugiej połowie lat 60-tych większość teoretyków pochodzenia życia spróbowała rozwiązać problem powstania informacji biologicznej w zupełnie inny sposób. Badacze zaczęli szukać samoorganizacyjnych praw i właściwości przyciągania chemicznego, które mogły wyjaśnić pochodzenie wyspecyfikowanej informacji zawartej w DNA i białkach. Zamiast odwoływać się do przypadku, teorie takie odwoływały się do konieczności. Jeśli ani przypadek, ani prebiotyczny dobór naturalny działający na przypadek nie tłumaczy powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej, to naukowcy pragnący znaleźć naturalistyczne wyjaśnienie pochodzenia życia muszą siłą rzeczy posiłkować się fizyczną i chemiczną koniecznością. Wziąwszy pod uwagę ograniczoną liczbę powszechnych kategorii eksplanacyjnych, w oczach wielu badaczy pozostała tylko jedna opcja – niewystarczalność przypadku (z lub bez prebiotycznego doboru naturalnego). Christian de Duve jasno wyraża tę logikę:

ciąg nieprawdopodobnych zdarzeń – wylosowanie tego samego numeru na loterii dwukrotnie lub takie samo rozdanie kart brydżowych dwa razy z rzędu – nie wydarza się w sposób naturalny. Wszystko to prowadzi mnie do wniosku, że życie jest obligatoryjną manifestacją materii, która w odpowiednich warunkach musi powstać.⁸³

⁸³ de DUVE, „The Beginnings of Life...”, s. 437.

Gdy biologowie zajmujący się pochodzeniem życia zaczęli rozważać perspektywę samoorganizacyjną, którą opisał de Duve, kilku badaczy zasugerowało, że siły deterministyczne („konieczność” stereochemiczna) sprawiły, że powstanie życia było nie tylko prawdopodobne, ale również nieuchronne. Niektórzy zasugerowali, że proste substancje chemiczne posiadały „właściwości samoorganizacyjne” zdolne do organizowania części składowych białek, DNA i RNA w specyficzne ułożenia, jakie mają obecnie.⁸⁴ Steinman i Cole zaproponowali na przykład, że różnicowe powinowactwa wiązania lub siły przyciągania chemicznego między pewnymi aminokwasami mogą wyjaśnić pochodzenie specyficzności sekwencji białek.⁸⁵ Podobnie jak siły elektrostatyczne łączą ze sobą jony sodu (Na⁺) i chlorku (Cl⁻) w wysoce uporządkowane wzorce w kryształach soli (NaCl), tak aminokwasy ze specjalnymi wzajemnymi powinowactwami mogą formować się w białka. W 1969 roku Kenyon i Steinman opracowali ten pomysł w książce zatytułowanej **Biochemical Predestination** [Biochemiczne przeznaczenie]. Argumentowali oni, że życie mogło być „biochemicznie przesądzone” dzięki właściwościom przyciągania występującego między składającymi się na nie częściami chemicznymi, zwłaszcza pomiędzy aminokwasami w białkach.⁸⁶

W 1977 roku Prigogine i Nicolis zaproponowali inną teorię samoorganizacji, opartą na termodynamicznej charakterystyce organizmów żywych. W **Self-Organization in Nonequilibrium Systems** [Samoorganizacja w układach nierównowagowych] Prigogine i Nicolis zaklasyfikowali organizmy żywe jako otwarte, nie znajdujące się w stanie równowagi układy zdolne do „rozpraszania” dużych ilości

⁸⁴ MOROWITZ, **Energy Flow...**, s. 5-12.

⁸⁵ G. STEINMAN and M.N. COLE, „Synthesis of Biologically Pertinent Peptides Under Possible Primordial Conditions”, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1967, vol. 58, s. 735-741; G. STEINMAN, „Sequence Generation in Prebiological Peptide Synthesis”, *Archives of Biochemistry and Biophysics* 1967, vol. 121, s. 533-539; R.A. KOK, J.A. TAYLOR, and W.L. BRADLEY, „A Statistical Examination of Self-Ordering of Amino Acids in Proteins”, *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 1988, vol. 18, s. 135-142.

⁸⁶ KENYON and STEINMAN, **Biochemical Predestination...**, s. 199-211, 263-266.

energii i materii w środowisku.⁸⁷ Zaobserwowali oni, że układy otwarte, dążące do stanu dalekiego od równowagi, często wykazują skłonności do samoorganizacji. Na przykład energia grawitacyjna tworzy wysoce uporządkowane wiry w wannie, z której odprowadzana jest woda; energia cieplna przepływająca przez gorący zlew tworzy charakterystyczne prądy konwekcyjne lub „aktywność fal spiralnych”. Proggine i Nicolis argumentowali, że zorganizowane struktury, które obserwuje się w systemach ożywionych, mogły powstać podobnie „samorodnie” z pomocą jakiegoś źródła energii. W istocie, przyznali oni, że zorganizowanie się prostych cegiełek budulcowych w wysoce uporządkowane struktury w normalnych warunkach równowagi jest nieprawdopodobne. Zasugerowali jednak, że w warunkach nierównowagi, kiedy dostarczone jest jakieś zewnętrzne źródło energii, biochemiczne cegiełki budulcowe mogą organizować się w wysoce uporządkowane wzorce.

Ostatnio, Kauffman i de Duve zaproponowali nieco mniej szczegółowe teorie samoorganizacji, przynajmniej jeśli chodzi o problem powstania wyspecyfikowanej informacji genetycznej.⁸⁸ Kauffman uznał, że metabolizm bezpośrednio z prostych cząsteczek generują tzw. właściwości katalityczne. Przewiduje on, że taka autokataliza następuje, gdy bardzo szczególne konfiguracje cząsteczek powstają w postaci bogatej „chemicznej zupy minestrone”. De Duve również przewiduje, że protometabolizm pojawił się najpierw, a później powstała informacja genetyczna jako produkt uboczny prostej aktywności metabolicznej.

⁸⁷ I. PROGGINE and G. NICOLIS, *Self-Organization in Nonequilibrium Systems*, John Wiley, New York 1977, s. 339-353, 429-447.

⁸⁸ KAUFFMAN, *The Origins of Order...*, s. 285-341; de DUVE, „The Beginnings of Life...”; C. de DUVE, *Vital Dust: Life as a Cosmic Imperative*, Basic Books, New York 1995.

E. Uporządkowanie a informacja

Z punktu widzenia licznych współczesnych badaczy pochodzenia życia modele samoorganizacyjne zdają się oferować najbardziej obiecujące podejście do wyjaśnienia powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej. Niemniej jednak krytycy zakwestionowali zarówno wiarygodność, jak i znaczenie modeli samoorganizacyjnych. Jak na ironię, niegdysiejszy prominentny zwolennik teorii samoorganizacji, Dean Kenyon, jawnie teraz odrzuca takie teorie jako niezgodne z danymi empirycznymi i niespójne teoretycznie.⁸⁹

Po pierwsze, badania empiryczne wykazały, że pomiędzy różnymi aminokwasami istnieją pewne powinowactwa różnicowe (to znaczy, pewne aminokwasy tworzą łączenia z pewnymi aminokwasami łatwiej niż z innymi).⁹⁰ Niemniej jednak takie różnice nie korelują z rzeczywistymi sekwencjami w dużych klasach znanych białek.⁹¹ Krótko mówiąc, różne powinowactwa chemiczne nie wyjaśniają wielości sekwencji aminokwasowych, istniejących w naturalnie występujących białkach czy sekwencyjnego ułożenia aminokwasów w jakimś konkretnym białku.

W przypadku DNA można to dostrzec w bardziej dramatyczny sposób. Rysunek 2 pokazuje, że struktura DNA zależy od kilku wiązań chemicznych. Istnieją na przykład wiązania między cząsteczkami cukru i fosforanu, tworzące dwa skręcające się szkielety

⁸⁹ C. THAXTON, W. BRADLEY and R. OLSEN, **The Mystery of Life's Origin: Reassessing Current Theories**, Lewis and Stanley, Dallas 1992, s. v-viii; D. KENYON and G. MILLS, „The RNA World: A Critique”, *Origins and Design* 1996, vol. 17, no. 1, s. 9-16; D. KENYON and P.W. DAVIS, **Of Pandas and People: The Central Question of Biological Origins**, Houghton, Dallas 1993; S.C. MEYER, „A Scopes Trial for the 90's”, *Wall Street Journal*, 6 December 1993; KOK *et al.*, „A Statistical Examination...”.

⁹⁰ STEINMAN and COLE, „Synthesis...”; STEINMAN, „Sequence Generation...”.

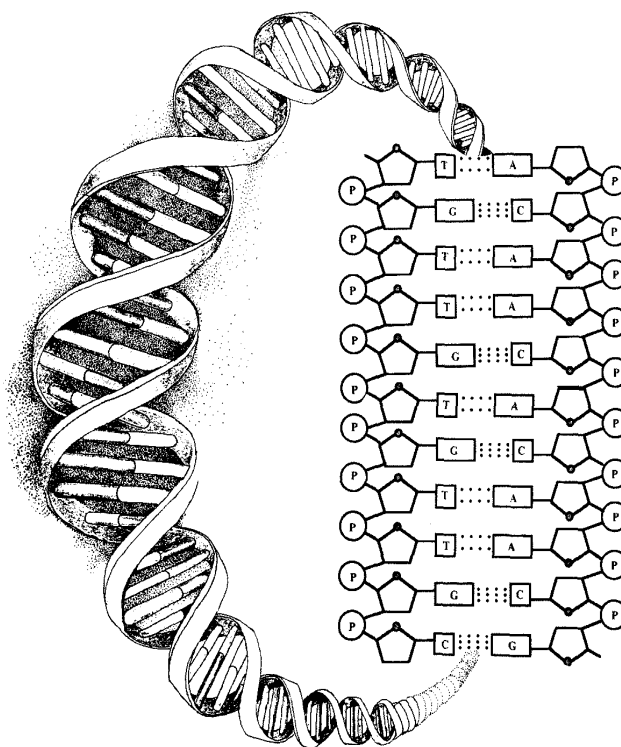
⁹¹ KOK *et al.*, „A Statistical Examination...”; B.J. STRAIT and G.T. DEWEY, „The Shannon Information Entropy of Biologically Pertinent Peptides”, *Biophysical Journal*, vol. 71, s. 148-155.

cząsteczki DNA. Są wiązania przymocowujące pojedyncze (nukleotydowe) zasady do szkieletów cukrowo-fosforanowych po każdej stronie cząsteczki. Są również wiązania wodorowe rozciągające się poziomo wzdłuż cząsteczki między zasadami nukleotydowymi, które tworzą tzw. pary komplementarne. Replikację instrukcji genetycznych umożliwiają pojedyncze słabe wiązania wodorowe, które razem utrzymują komplementarne kopie wiadomości DNA w połączeniu. Należy jednak zauważyć, że nie ma *żadnych* wiązań chemicznych między zasadami wzdłuż pionowej osi, znajdującej się w środku helisy. Ale to właśnie wzdłuż tej osi cząsteczki DNA przechowywana jest informacja genetyczna.

Co więcej, podobnie jak można łączyć i rekombinować na różne sposoby litery magnetyczne, by utworzyć różne sekwencje powierzchni metalu, tak każda z czterech zasad – A, T, G i C – może przyłączyć się z równą łatwością do któregoś miejsca na szkielecie DNA, sprawiając, że wszystkie sekwencje są równie prawdopodobne (lub nieprawdopodobne). W istocie, nie istnieją żadne powinowactwa różnicowe między jedną z czterech zasad a miejscami wiązania wzdłuż szkieletu cukrowo-fosforanowego. Ten sam rodzaj wiązania N-glikozydowego występuje między zasadą a szkieletem bez względu na to, która zasada się przyłącza. Wszystkie cztery zasady są możliwe do przyjęcia; żadna nie jest chemicznie faworyzowana. Jak zauważył Koppers, „Właściwości kwasów nukleinowych wskazują na to, że wszystkie kombinatorycznie możliwe nukleotydowe wzorce DNA są – z chemicznego punktu widzenia – równoważne”.⁹² Tak więc „samoorganizacyjne” powinowactwa wiązania nie mogą wyjaśnić specyficznego ułożenia sekwencji zasad nukleotydowych w DNA, ponieważ (1) nie ma *żadnych* wiązań między zasadami wzdłuż niosącej informację osi cząsteczki, oraz (2) nie istnieją żadne *różnicowe* powinowactwa między szkieletem a specyficznymi zasadami, które to powinowactwa mogłyby wyjaśnić zmienność sekwencji. Ponieważ podobna sytuacja zachodzi w przypadku cząsteczki RNA, badacze przypusz-

⁹² KUPPERS, „On the Prior Probability...”, s. 64.

czający, że życie miało początek w świecie RNA, również nie rozwiązali problemu specyficzności sekwencji – czyli problemu wyjaśnienia, jak przede wszystkim mogła powstać informacja w funkcjonalnych cząsteczkach RNA.



Rys. 2. Stosunek wiązania między chemicznymi składnikami cząsteczki DNA. Cukry (oznaczone pięciokątami) i fosforany (oznaczone literami P w kółku) są chemicznie połączone. Zasady nukleotydowe (A, T, G i C) wiążą się ze szkieletem cukrowo-fosforanowym. Zasady nukleotydowe są połączone wiązaniami wodorowymi (oznaczonymi podwójnymi lub potrójnymi kropkowanymi liniami) wzdłuż podwójnej helisy. Nie ma jednak żadnych wiązań chemicznych między zasadami nukleotydowymi wzdłuż niosącego wiadomość kręgosłupa helisy. Dzięki uprzejmości Freda Heerena z Day Star Publications.

Dla tych, którzy chcą wyjaśnić powstanie życia jako rezultat właściwości samoorganizacyjnych, wrodzonych materialnym składnikom układów ożywionych, owe dość elementarne fakty biologii molekularnej mają zasadnicze konsekwencje. Najbardziej ewidentnym miejscem do szukania właściwości samoorganizacyjnych w celu wyjaśnienia powstania informacji genetycznej są elementy składowe cząsteczek, które przenoszą tę informację. Biochemia i biologia molekularna jasno jednak ukazują, że siły przyciągania między składnikami w DNA, RNA i białkach nie wyjaśniają specyficzności sekwencji owych dużych, niosących informację cząsteczek biologicznych.

Właściwości monomerów składających się na kwasy nukleinowe i białka po prostu nie sprawiają, że powstanie jakiegoś konkretnego genu, a co dopiero znanego nam życia, jest nieuchronne. (Wiemy to – w dodatku do już podanych powodów – na tej podstawie, że w przyrodzie istnieje wiele różnych polipeptydów i sekwencji genowych i że wiele jest syntetyzowanych w laboratorium). Jeśli jednak samoorganizacyjne scenariusze pochodzenia informacji biologicznej mają mieć jakieś znaczenie teoretyczne, to muszą mówić o czymś zupełnie przeciwnym. Takie opinie są czasem wypowiedzane, choć mają charakter dość ogólnikowy. Jak wyraził się de Duve, „proces, który wytworzył życie” był „wysoc deterministyczny”, sprawiając, że znane nam życie było „nieuchronne” w „warunkach panujących na prebiotycznej Ziemi”.⁹³ Wyobraźmy sobie jednak najbardziej przyjazne warunki prebiotyczne. Wyobraźmy sobie sadzawkę z wszystkimi czterema zasadami DNA i wszystkimi potrzebnymi cukrami i fosforanami; czy nieuchronnie powstałaby jakaś konkretna sekwencja genetyczna? Czy nieuchronnie powstałoby jakieś konkretne białko lub gen, nie mówiąc o specyficznym kodzie genetycznym, systemie replikacyjnym lub cyklu transdukcji sygnału, gdyby istniały wszystkie konieczne monomery? Oczywiście, że nie.

W żargonie badaczy pochodzenia życia monomery są „cegiełkami budulcowymi”, a cegiełki budulcowe można układać i przestawiać na

⁹³ de DUVE, „The Beginnings of Life...”, s. 437.

niezliczone sposoby. Właściwości cegieł kamiennych nie determinują ich ułożenia w konstrukcji budynków. Podobnie, właściwości *biologicznych* cegiełek budulcowych nie determinują ułożenia funkcjonalnych polimerów. Chemiczne właściwości monomerów zapewniają natomiast duży zestaw możliwych konfiguracji, z których przeważająca część nie pełni żadnej funkcji biologicznej. Powstanie funkcjonalnych genów lub białek nie jest bardziej nieuchronne ze względu na właściwości swoich „cegiełek budulcowych”, niż – dajmy na to – powstanie Pałacu Wersalskiego ze względu na właściwości cegieł kamiennych, użytych do jego budowy. Antropomorfizując, ani cegły i kamienie, ani litery w tekście pisanym, ani zasady nukleotydowe nie „dbają” o to, jak się układają. We wszystkich tych przypadkach właściwości elementów składowych są w dużej mierze obojętne dla wielu specyficznych konfiguracji lub sekwencji, które można z nich utworzyć. Właściwości te nie sprawiają też, że jakieś specyficzne struktury są „nieuchronne”, jak muszą twierdzić zwolennicy teorii samoorganizacji.

Co ważne, teoria informacji daje dobre wyjaśnienie tego stanu rzeczy. Gdyby powinowactwa chemiczne między składnikami w DNA determinowały ułożenie zasad, dramatycznie zmniejszyłyby one zdolność DNA do przenoszenia informacji. Pamiętajmy, że klasyczna teoria informacji utożsamia redukcję niepewności z przekazaniem informacji, czy to wyspecyfikowanej czy nie. Przekazanie informacji wymaga zatem przypadkowości fizykochemicznej. Jak zauważył Robert Stalnaker, „treść [informacji] wymaga przypadkowości”.⁹⁴ Jeżeli więc siły konieczności chemicznej całkowicie determinują ułożenie składników w danym układzie, ułożenie to nie będzie charakteryzować się złożonością lub przenosić informacji.

Rozważmy na przykład, co by się stało, gdyby pojedyncze zasady nukleotydowe (A, C, G i T) w cząsteczce DNA *rzeczywiście* oddziaływały na zasadzie konieczności *chemicznej* (wzdłuż niosącej informację osi DNA). Przypuśćmy, że przy każdym swoim wystąpieniu w

⁹⁴ R. STALNAKER, *Inquiry*, MIT Press, Cambridge 1984, s. 85.

rozrastającej się sekwencji genetycznej adenina (A) przyciągałaby do siebie cytozynę (C).⁹⁵ Przy każdym swoim wystąpieniu guanina (G) przyciągałaby natomiast tyminę (T). Gdyby tak rzeczywiście było, pionowa oś DNA byłaby usiana powtarzającymi się sekwencjami, w których A następowałaby po C, a G po T. Zamiast być genetyczną cząsteczką zdolną do wprowadzania niemal nieograniczonej nowości oraz charakteryzującą się nieprzewidywalnymi i aperiodycznymi sekwencjami, DNA zawierałoby mnóstwo powtarzających się lub redundantnych sekwencji – podobnie jak ułożenie atomów w kryształach. W kryształach siły wzajemnego przyciągania chemicznego w bardzo znacznym stopniu determinują ułożenie sekwencji jego części składowych. Sekwencje w kryształach są więc wysoce uporządkowane i powtarzalne, ale nie są ani złożone, ani bogate w informacje. W DNA natomiast, gdzie każdy nukleotyd może następować po jakimkolwiek innym, możliwy jest szeroki wachlarz nowych sekwencji, odpowiadający mnogości możliwych sekwencji aminokwasów i funkcji białek.

Siły konieczności chemicznej tworzą redundancję (powtarzalność wygenerowaną przez prawo lub regułę) lub jednostajny porządek, ale zmniejszają zdolność do przenoszenia informacji i wyrażania nowości. Tak więc, jak stwierdził chemik Michael Polanyi:

Załóżmy, że faktyczna struktura cząsteczki DNA jest związana z faktem, że wiązania jej zasad są znacznie silniejsze niż wiązania w przypadku jakiegokolwiek innego rozmieszczenia zasad. Taka cząsteczka DNA nie miałaby żadnej treści informacyjnej. Jej kodopodobny charakter byłby zatarty przez przytłaczającą redundancję. [...] Jakże nie byłoby pochodzenie konfiguracji DNA, może on pełnić funkcję kodu tylko, jeśli jego uporządkowanie nie jest związane z siłami energii potencjalnej. Owo uporządkowanie *musi być* fizycznie niezdeteminowane, podobnie jak ciąg słów na zadrukowanej kartce [podkreślenia doda-

⁹⁵ W istocie, sytuacja taka zdarza się, gdy adenina i tymina oddziałują ze sobą chemicznie w komplementarnej parze zasad *wzdłuż* niosącej informację osi cząsteczki DNA. *Wzdłuż* niosącej informację osi nie ma jednak żadnych wiązań chemicznych lub różnicowych powinowactw wiązania, które determinują proces sekwencjonowania.

ne].⁹⁶

Innymi słowy, gdyby chemicy odkryli, że powinowactwa wiązania między nukleotydami w DNA wytworzyły sekwencje nukleotydów, odkryliby jednocześnie, że mylili się na temat zdolności DNA do przenoszenia informacji. Albo, ujmując sedno sprawy ilościowo, w zależności od stopnia, w jakim siły przyciągania między składnikami danej sekwencji determinują ułożenie tej sekwencji, zdolność układu do przenoszenia informacji zmniejsza się lub zatrza przez redundancję.⁹⁷ Jak wyjaśnił Dretske:

Gdy $p(s_i)$ [prawdopodobieństwo danego warunku lub stanu rzeczy] zbliża się do 1, ilość informacji towarzyszącej wystąpieniu s_i zbliża się do 0. W krańcowym przypadku, gdy prawdopodobieństwo danego warunku lub stanu rzeczy równa się jedności [$p(s_i) = 1$], żadna informacja nie towarzyszy lub nie jest generowana przez wystąpienie s_i . Jest to jedynie inny sposób powiedzenia, że żadna informacja nie powstaje przez nastąpienie zdarzeń, dla których nie istnieją żadne możliwe alternatywy.⁹⁸

Powinowactwa wiązania, w stopniu, w jakim istnieją, hamują maksymalizację informacji, ponieważ determinują one fakt, że specyficzne wyniki są z dużym prawdopodobieństwem następstwem specyficz-

⁹⁶ M. POLANYI, „Life's Irreducible Structure”, *Science* 1968, vol. 160, s. 1308-1312, zwłaszcza 1309.

⁹⁷ Jak zauważyłem w części I w paragrafie D, zdolność do przenoszenia informacji przez każdy symbol w danej sekwencji jest odwrotnie proporcjonalna do prawdopodobieństwa jego wystąpienia. Pojemność informacyjna danej sekwencji jako całości jest odwrotnie proporcjonalna do iloczynu pojedynczych prawdopodobieństw każdego elementu w sekwencji. Skoro powinowactwa chemiczne między składnikami („symbolami”) zwiększają prawdopodobieństwo wystąpienia jednego składnika ze względu na inny (czyli konieczność zwiększa prawdopodobieństwo), takie powinowactwa zmniejszają zdolność systemu do przenoszenia informacji ze względu na siłę i względną częstość występowania takich powinowactw w układzie.

⁹⁸ DRETSKE, *Knowledge...*, s. 12.

nych warunków.⁹⁹ Zdolność do przenoszenia informacji ulega jednak maksymalizacji, gdy zachodzi dokładnie odwrotna sytuacja, mianowicie, gdy poprzedzające warunki pozwalają uzyskać wiele nieprawdopodobnych wyników.

Oczywiście, jak zauważyłem w części I w paragrafie D, sekwencje zasad w DNA charakteryzują się czymś więcej niż tylko zdolnością do przenoszenia informacji (lub syntaktyczną informacją) wedle miary klasycznej shannonowskiej teorii informacji. Sekwencje te przechowują funkcjonalnie wyspecyfikowaną informację – czyli są one wyspecyfikowane oraz złożone. Jasne jest jednak, że dana sekwencja nie może być zarówno wyspecyfikowana, jak i złożona, jeśli nie jest ona co najmniej złożona. Samoorganizacyjne siły konieczności chemicznej, które tworzą redundatne uporządkowanie i *wykluczają* złożoność, wykluczają zatem również powstanie wyspecyfikowanej złożoności (lub wyspecyfikowanej informacji). Powinowactwa chemiczne nie wytwarzają złożonych sekwencji. Nie można więc się do nich odwoływać w celu wyjaśnienia powstania informacji, czy to wyspecyfikowanej czy innej.

Cechą charakterystyczną scenariuszy samoorganizacyjnych jest skłonność do łączenia jakościowych różnic między „uporządkowaniem” i „złożonością” – dotyczy to zarówno scenariuszy przywołujących wewnętrzne właściwości przyciągania chemicznego lub zewnętrzne siły organizacyjne, bądź źródło energii. Owa tendencja podaje w wątpliwość znaczenie tych scenariuszy pochodzenia życia. Jak argumentował Yockey, kumulacja strukturalnego lub chemicznego uporządkowania nie wyjaśnia pochodzenia złożoności biologicznej czy informacji genetycznej. Przyznaje on, że energia przepływająca przez jakiś układ może produkować wysoce uporządkowane wzorce. Silne wiatry formują wirujące tornada i „oka” huraganów; termiczne kąpiele Prigogine’a tworzą interesujące prądy konwekcyjne; a pierwiastki chemiczne łączą się, tworząc kryształy. Zwolennicy teorii samoorganizacji dobrze wyjaśniają to, co wyjaśnienia nie wymaga. W

⁹⁹ YOCKEY, „Self-Organization...”, s. 18.

biologii nie ma potrzeby wyjaśniać pochodzenia uporządkowania (zdefiniowanego jako symetria lub powtarzalność), lecz wyspecyfikowanej informacji – wysoce złożonych, aperiodycznych i wyspecyfikowanych sekwencji, które umożliwiają funkcjonalność biologiczną. Yockey ostrzega:

Próby powiązania idei porządku [...] z organizacją lub specyficzną biologią należy uznać za grę słowami, która nie wytrzymuje dogłębnej analizy. Makrocząsteczki informacyjne mogą kodować wiadomości genetyczne, a tym samym przenosić informację, ponieważ [samoorganizacyjne] czynniki fizykochemiczne wywierają bardzo mały bądź zerowy wpływ na sekwencję zasad lub reszt.¹⁰⁰

W obliczu tych trudności niektórzy zwolennicy teorii samoorganizacji twierdzili, że musimy poczekać na odkrycie nowych praw przyrodniczych, które wytłumaczą powstanie informacji biologicznej. Jak argumentował Manfred Eigen, „naszym zadaniem jest znalezienie algorytmu, prawa przyrody, które prowadzi do powstania informacji”.¹⁰¹ Taka sugestia wykazuje zamieszanie w dwóch punktach. Po pierwsze, prawa naukowe na ogół nie tworzą czy nie powodują zjawisk przyrodniczych, one je opisują. Na przykład, newtonowskie prawo grawitacji opisuje – ale nie powoduje lub nie wyjaśnia – przyciąganie między obiektami planetarnymi. Po drugie, prawa z konieczności opisują wysoce deterministyczne lub przewidywalne związki między poprzedzającymi warunkami i zdarzeniami, będącymi ich następstwem. Prawa opisują wysoce powtarzalne wzorce, w których prawdopodobieństwo każdego następującego po sobie zdarzenia (ze względu na zdarzenie poprzedzające) zbliża się do jedności. Sekwencje informacyjne są jednak złożone, nie zaś powtarzalne – informacja wzrasta, gdy mnożą się *nieprawdopodobieństwa*. Stwier-

¹⁰⁰ H.P. YOCKEY, „A Calculation of the Probability of Spontaneous Biogenesis by Information Theory”, *Journal of Theoretical Biology* 1977, vol. 67, s. 377-398, zwłaszcza 380.

¹⁰¹ M. EIGEN, *Steps Toward Life*, Oxford University Press, Oxford 1992, s. 12.

dzenie więc, że prawa naukowe mogą wytworzyć informację, jest w istocie sprzecznością pojęć. Prawa naukowe opisują (niemal z definicji) wysoce przewidywalne i regularne zjawiska – czyli redundantne uporządkowanie, ale nie złożoność (czy to wyspecyfikowaną czy nie).

Mimo iż wzorce opisywane przez prawa przyrody posiadają wysoki stopień regularności, a tym samym pozbawione są złożoności charakterystycznej dla systemów bogatych w informacje, można argumentować, że być może pewnego dnia odkryjemy bardzo szczególną konfigurację *warunków początkowych*, która stale tworzy stany o dużym poziomie informacyjnym. Choć nie możemy mieć nadziei na znalezienie prawa, które opisuje bogaty w informacje *związek* między poprzedzającymi i następującymi zmiennymi, możemy znaleźć prawo, które opisuje, jak jakiś bardzo szczególny zbiór warunków początkowych stale tworzy stan o dużym poziomie informacyjnym. Jednakże nawet stwierdzenie tej hipotetycznej sytuacji samo wydaje się pozostawiać bez odpowiedzi pytanie o ostateczne pochodzenie informacji, ponieważ „bardzo szczególny zbiór warunków początkowych” przypomina właśnie bogaty w informacje – wysoce złożony i wyspecyfikowany – stan. W każdym razie, cała nasza wiedza eksperymentalna sugeruje, że ilość wyspecyfikowanej informacji obecnej w zbiorze poprzedzających warunków jest z konieczności równa lub przekracza ilość informacji każdego układu, utworzonego z tych warunków.

F. Inne scenariusze i przesunięcie problemu informacji

Poza przeanalizowanymi już ogólnymi kategoriami wyjaśnień badacze pochodzenia życia zaproponowali wiele bardziej szczegółowych scenariuszy, z których każdy kładzie nacisk na losową zmienność (przypadek), prawa samoorganizacyjne (konieczność), lub na oba te elementy. Niektóre z tych scenariuszy rzekomo poruszają problem informacji; inne usiłują całkowicie go obejść. Jednakże przy bliższej

analizie nawet te scenariusze, które wydają się łagodzić problem pochodzenia informacji biologicznej, przesuwiają problem gdzie indziej. Algorytmy genetyczne mogą „rozwiązywać” problem informacji, ale tylko jeśli programiści dostarczą bogatych w informacje sekwencji docelowych i kryteriów doboru. Eksperymenty symulacyjne mogą wytworzyć prekursory i sekwencje istotne pod względem biologicznym, ale tylko gdy eksperymentatorzy manipulują warunkami początkowymi lub selekcionują i kierują wynikami – czyli tylko jeśli sami dodają informację. Teorie pochodzenia życia mogą zupełnie przeskoczyć ten problem, ale tylko przy założeniu, że informacja była obecna w jakiejś innej, istniejącej już postaci.

Żaden model teoretyczny pochodzenia życia nie potrafił poradzić sobie z tą trudnością. Na przykład w 1964 roku Henry Quastler, pionier zastosowania teorii informacji do biologii molekularnej, zaproponował model pochodzenia życia głoszący, że najpierw pojawił się DNA. Przewidywał on pierwotne wyłonienie się układu niewyspecyfikowanych polinukleotydów, zdolnych do prymitywnej samoreplikacji w drodze mechanizmu dobierania się zasad w komplementarne pary. Polimery w systemie, w ujęciu Quastlera, początkowo nie byłyby specyficzne (specyficzność utożsamiał on z informacją).¹⁰² Dopiero później, gdy jego układ polinukleotydów połączył się z w pełni funkcjonalnym zestawem białek i rybosomów, specyficzne sekwencje nukleotydowe w polimerach nabierają jakiegokolwiek znaczenia funkcjonalnego. Przyrównał on ten proces do losowego doboru jakiejś kombinacji w zamku, w którym dana kombinacja dopiero później zyskuje znaczenie funkcjonalne, gdy poszczególne zapadki zostaną ustawione w ten sposób, by umożliwić owej kombinacji otworzenie zamka. Zarówno w przypadku biologicznym, jak i mechanicznym, kontekst otoczenia nadałby specyficzność funkcjonalną początkowo niewyspecyfikowanej sekwencji. Quastler scharakteryzował więc powstanie informacji w polinukleotydach jako „przypadkowo zapamiętany wybór”.

¹⁰² QUASTLER, *The Emergence...*, s. ix.

Choć sposób postrzegania przez Quastlera powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej umożliwił „łańcuchowi nukleotydów stanie się [funkcjonalnym] systemem genów bez konieczności zajścia jakiejś zmiany w strukturze”, borykał się on z nadrzędną trudnością. Nie wyjaśniał on powstania złożoności i specyficzności układu cząsteczek, których połączenie z sekwencją początkową nadało tej sekwencji znaczenie funkcjonalne. W rozważanym przez Quastlera przykładzie zamka szyfrowego to czynniki świadome wybierały ustawienia zapadek, dzięki którym początkowa kombinacja nabierała znaczenia funkcjonalnego. Quastler kategorycznie wykluczył jednak świadomy projekt jako możliwe wyjaśnienie pochodzenia życia.¹⁰³ Sugerował on w zamian, że powstanie kontekstu biologicznego – czyli kompletnego zbioru funkcjonalnie specyficznych białek (oraz układu translacji) koniecznych do utworzenia „połączenia symbiotycznego” między polinukleotydami i białkami – było wynikiem przypadku. Przeprowadził on nawet ogólne obliczenia, by pokazać, że powstanie takiego kontekstu multimolekularnego – choć nieprawdopodobne – było prawdopodobne na tyle, żeby zajść przypadkowo w bulionie pierwotnym. Obliczenia Quastlera, w świetle analizy minimalnej złożoności zawartej w części II w paragrafie B, wydają się wyjątkowo nieprzekonujące.¹⁰⁴ Co ważniejsze, Quastler „rozwiązał” problem powstania złożonej specyficzności kwasów nukleinowych tylko dlatego, że przeniósł ten problem na równie złożony i wyspecyfikowany system białek i rybosomów. Należy przyznać, że podczas gdy *każda* sekwencja polinukleotydowa początkowo byłaby wystarczająca, kolejne białka i materiał rybosomalny składający się na układ translacji musiałyby charakteryzować się niezwykłą specyficznością *względem początkowej sekwencji polinukleotydów* i względem jakichkolwiek protokomórkowych wymogów funkcjonalności. Powzięta przez Quastlera próba obejścia problemu specyficzności sekwencji jedynie przesunęła ów problem gdzie indziej.

¹⁰³ QUASTLER, *The Emergence...*, s. 1, 47.

¹⁰⁴ YOCKEY, *Information Theory...*, s. 247.

Modele samoorganizacyjne napotykały podobne trudności. Na przykład chemik J.C. Watson argumentował (odbijając echem wcześniejsze artykuły Mory), że wzorce samoorganizacyjne wytworzone w prądach konwekcyjnych tego typu, o których mówił Prigogine, nie wykraczają poza organizację czy informację strukturalną, której odpowiadał przyrząd eksperymentalny stosowany do produkcji prądów.¹⁰⁵ W podobny sposób Maynard Smith, Dyson i Shapiro wykazali, że tzw. hipercykliczny model Eigena, generujący informację biologiczną, pokazuje w istocie, że informacja z czasem ma skłonność do zaniku.¹⁰⁶ Hipercykle Eigena zakładały duży początkowy udział informacji w postaci długiej cząsteczki RNA oraz pewnych czterdziestu specyficznych białek i dlatego nie wyjaśniały ostatecznego pochodzenia informacji biologicznej. Co więcej, ponieważ hipercyklom brakowało bezbłędnego mechanizmu samoreplikacji, zaproponowany mechanizm ulegał rozmaitym „katastrofalnym błędom”, które z upływem czasu ostatecznie zmniejszały, nie zaś zwiększały, (wyspecyfikowaną) treść informacyjną układu.

Głoszona przez Stuarta Kauffmana teoria samorganizacji również subtelnie przesuwając problem pochodzenia informacji. W **The Origins of Order** Kauffman próbuje przeskoczyć problem specyficzności sekwencji poprzez zaproponowanie środków, dzięki którym samoreprodukujący się i metaboliczny system mógł wyłonić się bezpośrednio ze zbioru peptydów katalitycznych i cząsteczek RNA o „małej specyficzności”, znajdujących się w bulionie prebiotycznym lub „chemicznej zupie minestrone”. Kauffman przewiduje, jak wyraziła to Iris Fry, istnienie „zbioru polimerów katalitycznych, w którym ani jedna cząsteczka nie reprodukuje się, ale czyni to system jako całość”.¹⁰⁷

¹⁰⁵ J.C. WATSON, „Organization and the Origin of Life”, *Origins* 1977, vol. 4, s. 16-35.

¹⁰⁶ J. MAYNARD SMITH, „Hypercycles and the Origin of Life”, *Nature* 1979, vol. 280, s. 445-446; F. DYSON, **Origins of Life**, Cambridge University Press, Cambridge 1985, s. 9-11, 35-39, 65-66; SHAPIRO, **Origins...**, s. 161.

¹⁰⁷ IRIS FRY, **The Emergence of Life on Earth**, Rutgers University Press, New Brunswick, N.J. 2000, s. 158.

Kauffman argumentuje, że gdy zgromadził się wystarczająco różnorodny zbiór cząsteczek katalitycznych (w którym różne peptydy pełniłyby dość dużo różnych funkcji katalitycznych), zespół pojedynczych cząsteczek spontanicznie uległ pewnego rodzaju przejściu fazowemu, w którego wyniku powstał samoreprodukcyjny system metaboliczny. Kauffman argumentuje więc, że metabolizm może powstać bezpośrednio bez udziału informacji genetycznej, zakodowanej w DNA.¹⁰⁸

Niemniej jednak scenariusz Kauffmana nie rozwiązuje czy nie omija problemu powstania informacji biologicznej. W zamian albo zakłada on istnienie niewyjaśnionej specyficzności sekwencji, albo odwraca uwagę od takiej koniecznej specyficzności. Kauffman twierdzi, że zespół względnie krótkich i mało specyficznych peptydów katalitycznych i cząsteczek RNA wystarczy do utworzenia systemu metabolicznego. Broni on biochemicznej wiarygodności swego scenariusza na tej podstawie, że pewne białka mogą pełnić funkcje enzymatyczne o małej specyficzności i złożoności. Dla poparcia swojego twierdzenia przytacza on proteazy, takie jak tripsyna, które rozcinają wiązania peptydowe w miejscach z pojedynczymi aminokwasami i białka kaskady krzepnięcia krwi, które „odcinają przede wszystkim pojedyncze polipeptydy docelowe”.¹⁰⁹

Wywód Kauffmana boryka się jednak z dwoma problemami. Po pierwsze, z tego, że *pewne* enzymy mogą funkcjonować przy małej specyficzności, nie wynika, ani nie dzieje się tak w świecie biochemii, że *wszystkie* peptydy katalityczne (lub enzymy) potrzebne do utworzenia samoreprodukcyjnego cyklu metabolicznego mogą funkcjonować przy podobnie niskich poziomach specyficzności i złożoności. Współczesna biochemia pokazuje natomiast, że przynajmniej niektóre, a prawdopodobnie wiele, cząsteczek w zamkniętym, współzależnym systemie tego typu, o którym mówi Kauffman, wymaga białek o dużej złożoności i specyficzności. Kataliza enzymatyczna (która jest z pew-

¹⁰⁸ KAUFFMAN, *The Origins of Order...*, s. 285-341.

¹⁰⁹ KAUFFMAN, *The Origins of Order...*, s. 299.

nością konieczna w scenariuszu Kuffmana) zawsze wymaga cząsteczek na tyle długich (co najmniej 50-merowych), by utworzyć struktury trzeciorzędowe (czy to w polinukleotydach czy polipeptydach). Co więcej, owe długie polimery zawsze wymagają bardzo specyficznych trójwymiarowych geometrii (które można z kolei wywieść ze specyficznych sekwencyjnie ułożeń monomerów) po to, by katalizować niezbędne reakcje. W jaki sposób cząsteczki te uzyskują specyficzność swoich sekwencji? Kauffman nie porusza tego zagadnienia, ponieważ sposób, w jaki przedstawia on swoją teorię, mylnie sugeruje, że nie ma potrzeby go poruszać.

Po drugie, okazuje się, że nawet cząsteczki o rzekomo małej specyficzności, które Kauffman przytacza w celu wykazania wiarygodności swojego scenariusza, same w sobie nie są przykładami małej złożoności i specyficzności. Kauffman pomylił specyficzność i złożoność części polipeptydów, na które oddziałują proteazy, ze specyficznością i złożonością białek (proteaz), które mają działanie enzymatyczne. Choć trypsyna, na przykład, rozrywa wiązania peptydowe w przypadku relatywnie prostego celu (karboksylowego końca dwóch oddzielnych aminokwasów, argininy i lizyny), sama trypsyna jest wysoce złożoną i charakteryzującą się wysoką specyficznością sekwencji molekularną. Trypsyna jest niepowtarzalnym, ponad 200-resztowym białkiem, którego warunkiem funkcjonowania jest znaczna specyficzność sekwencji.¹¹⁰ Ponadto, trypsyna musi mieć znaczną specyficzność trójwymiarową (geometryczną), by mogła rozpoznawać specyficzne aminokwasy argininę i lizynę – miejsca, w których rozrywa ona wiązania peptydowe. Nie wypowiadając się jednoznacznie w trakcie omawiania kwestii specyficzności, Kauffman unika analizy wymogu znacznej specyficzności i złożoności choćby tych proteaz, na które powołuje się on w celu uzasadnienia swojego twierdzenia, że peptydy katalityczne o małej specyficzności wystarczą do utworzenia cyklu metabolicznego. Właściwie rozumiana własna ilustracja Kauffmana (to jest, bez dwuznaczności co do odpowiedniego miejsca dla specy-

¹¹⁰ Por. Protein Databank: <http://www.rcsb.org/pdb>.

ficzności) pokazuje więc, że aby jego scenariusz był wiarygodny z biochemicznego punktu widzenia, musi on *zakładać* istnienie licznych wysoce złożonych i specyficznych polipeptydów i polinukleotydów. Skąd wzięła się owa informacja w tych molekułach? I tym razem Kauffman nie wypowiada się na ten temat.

Co więcej, Kauffman musi przyznać (i zdaje się, iż to przyznaje),¹¹¹ że aby autokataliza (która nie ma jak na razie potwierdzenia eksperymentalnego) nastąpiła, cząsteczki w „chemicznej zupie minestrone” muszą utrzymywać się w stosunku do siebie w bardzo specyficznym związku przestrzenno-czasowym. Innymi słowy, aby nastąpiła bezpośrednia autokataliza zintegrowanej złożoności metabolicznej, układ cząsteczek peptydów katalitycznych musi wpieryw przybrać bardzo specyficzną konfigurację molekularną lub stan niskiej entropii konfiguracyjnej.¹¹² Wymóg ten jest jednak izomorficzny z wymogiem, że system musi zacząć od wysokiej wyspecyfikowanej złożoności. Aby zatem wyjaśnić powstanie wyspecyfikowanej złożoności biologicznej na poziomie układu, Kauffman musi zakładać istnienie wysoce specyficznych i złożonych (czyli bogatych w informację) cząsteczek, jak również wysoce specyficzne ułożenie tych cząsteczek na poziomie molekularnym. Jego praca – o ile ma jakikolwiek związek z rzeczywistym zachowaniem cząsteczek – raczej zakłada więc lub przesuwa, nie zaś wyjaśnia, ostateczne pochodzenie wyspecyfikowanej złożoności czy informacji.

Inni badacze twierdzili, że obiecujące ujęcie problemu pochodzenia życia, a przy okazji – przypuszczalnie – problemu powstania pierwszej informacji genetycznej, oferuje scenariusz mówiący o świecie RNA. Hipotezę świata RNA zaproponowano jako wyjaśnienie powstania współzależności kwasów nukleinowych i białek w komórkowym systemie przetwarzania informacji. W istniejących obecnie komórkach budowanie białek wymaga informacji genetycznej z DNA, lecz informacji zapisanej w DNA nie można przetwarzać bez udziału

¹¹¹ KAUFFMAN, *The Origins of Order...*, s. 298.

¹¹² THAXTON *et al.*, *The Mystery of Life's Origin...*, s. 127-143.

licznych specyficznych białek i zespołów białek. Pojawia się tu problem, co było pierwsze, jajko czy kura. Odkrycie, że RNA (kwas nukleinowy) ma pewne ograniczone właściwości katalityczne podobne do tych, które mają białka, podsunęło pomysł rozwiązania tego problemu. Zwolennicy hipotezy, że „RNA był pierwszy”, zaczęli mówić o stanie, w którym RNA pełniło zarówno enzymatyczne funkcje współczesnych białek, jak i funkcję przechowywania informacji, jaką pełni współczesny DNA, eliminując rzekomo w ten sposób potrzebę współzależności DNA i białek w najwcześniejszym układzie żywionym.

Niemniej jednak pojawiło się wiele fundamentalnych trudności związanych ze scenariuszem mówiącym o świecie RNA. Po pierwsze, dowiedziono, że zsyntetyzowanie (i/lub utrzymanie) wielu istotnych cząsteczek budulcowych RNA w realistycznych warunkach jest albo trudne, albo niemożliwe.¹¹³ Ponadto, warunki chemiczne wymagane do syntezy cukrów rybozy są zupełnie odmienne od warunków wymaganych do syntezy zasad nukleotydowych.¹¹⁴ Wszystkie są one jednak niezbędnymi składnikami RNA. Po drugie, RNA występujące w przyrodzie mają bardzo niewiele specyficznych enzymatycznych właściwości białek niezbędnych we współczesnych komórkach. Po trzecie, zwolennicy hipotezy świata RNA nie oferują żadnego wiarygodnego wyjaśnienia możliwej drogi ewolucji prymitywnych replikatorów RNA we współczesne komórki, które w przetwarzaniu informacji genetycznej i regulowaniu metabolizmu polegają niemal wyłącznie na białkach.¹¹⁵ Po czwarte, próby zwiększenia ograniczonych właściwości katalitycznych cząsteczek RNA w tak zwanych in-

¹¹³ R. SHAPIRO, „Prebiotic Cytosine Synthesis: A Critical Analysis and Implications for the Origin of Life”, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1999, vol. 96, s. 4396-4401; M.M. WALDROP, „Did Life Really Start Out in an RNA World?”, *Science* 1989, vol. 246, s. 1248-1249.

¹¹⁴ R. SHAPIRO, „Prebiotic Ribose Synthesis: A Critical Analysis”, *Origins of Life and Evolution of the Biosphere* 1988, vol. 18, s. 71-85; KENYON and MILLS, „The RNA World...”.

¹¹⁵ G.F. JOYCE, „RNA Evolution and the Origins of Life”, *Nature* 1989, vol. 338, s. 217-224.

zynieryjnych eksperymentach nad rybozymem niezbędnie wymagały znacznego udziału badacza. Jeśli w ogóle cokolwiek, ukazuje to potrzebę inteligentnego projektu, nie zaś skuteczność niekierowanego chemicznego procesu ewolucyjnego.¹¹⁶

Co najważniejsze dla naszych obecnych rozważań, hipoteza świata RNA zakłada, lecz nie wyjaśnia, powstanie specyficzności sekwencji lub informacji w funkcjonalnych już cząsteczkach RNA. Scenariusz mówiący o świecie RNA zaproponowano jako wyjaśnienie problemu współzależności funkcjonalnej, a nie problemu informacji. Tak czy inaczej, niektórzy zwolennicy hipotezy świata RNA zdają się próbować obejść problem specyficzności sekwencji. Wyobrażają sobie oligomery RNA powstające przypadkowo na prebiotycznej Ziemi i nabywające następnie zdolność do polimeryzowania własnych kopii – czyli do samoreplikacji. W takim scenariuszu zdolność do samoreplikacji sprzyjałaby przetrwaniu tych cząsteczek RNA, które ją posiadają, a tym samym faworyzowane byłyby specyficzne sekwencje, występujące w pierwszych samoreplikujących się cząsteczkach. Tak więc sekwencje, które pierwotnie powstały przez przypadek, uzyskałyby później znaczenie funkcjonalne jako „przypadkowo zapamiętany wybór”.

Podobnie jak w przypadku zaproponowanego przez Quastlera modelu, że DNA był pierwszy, sugestia ta przesuwą problem specyficzności. Po pierwsze, aby nici RNA pełniły funkcje enzymatyczne (łącznie z przeprowadzaną przez enzymy samoreplikacją), muszą one, tak jak białka, mieć bardzo specyficzne ułożenia składowych cegiełek budulcowych (w przypadku RNA – nukleotydów). Co więcej, nici muszą być dość długie, by mogły sfałdować się w złożone trójwymiarowe kształty (by utworzyć tak zwane struktury trzeciorzędowe). Każda cząsteczka RNA zdolna do pełnienia funkcji enzymatycznej musi posiadać właściwości złożoności i specyficzności, jakie mają DNA i białka. Cząsteczki takie muszą zatem posiadać znaczącą (wy-

¹¹⁶ A.J. HAGER, J.D. POLLAND Jr. and J.W. SZOSTAK, „Ribozymes: Aiming at RNA Replication and Protein Synthesis”, *Chemistry and Biology* 1996, vol. 3, s. 717-725.

specyfikowaną) treść informacyjną. Lecz wyjaśnienie, jak cegiełki budulcowe RNA mogły zorganizować się w funkcjonalnie wyspecyfikowane sekwencje, nie okazuje się łatwiejsze od wyjaśnienia, jak mogą robić to części składowe DNA, zwłaszcza przy uwzględnieniu wysokiego prawdopodobieństwa niszczyielskich reakcji krzyżowych między pożądanymi i niepożądanymi molekułami w każdym realistycznym bulionie prebiotycznym. Jak zauważył de Duve, krytykując hipotezę świata RNA, „szczępanie ze sobą składników we właściwy sposób stwarza dodatkowe problemy o takiej wadze, że nikt jeszcze nie próbował tego zrobić w kontekście warunków prebiotycznych”.¹¹⁷

Po drugie, aby jednoniciowy katalizator RNA dokonywał samoreplikacji (jedynej funkcji, która mogłaby być selekcjonowana w środowisku prebiotycznym), musi napotkać w bliskim sąsiedztwie inną katalityczną cząsteczkę RNA, która pełniłaby funkcję szablonu, gdyż jednoniciowy RNA nie może funkcjonować jednocześnie jako enzym i szablon. Nawet jeśli zatem pierwotna niewyspecyfikowana sekwencja RNA może później uzyskać znaczenie funkcjonalne przez przypadek, może ona w ogóle pełnić jakąś funkcję wyłącznie wtedy, gdy inna cząsteczka RNA – to jest, cząsteczka posiadająca wysoce specyficzną sekwencję zbliżoną do cząsteczki pierwszej – powstała w bliskim jej sąsiedztwie. Próba pominięcia potrzeby specyficzności sekwencji w pierwotnym katalitycznym RNA przesuwają jedynie problem specyficzności gdzie indziej, mianowicie do drugiej i z konieczności wysoce specyficznej sekwencji RNA. Mówiąc inaczej, poza specyficznością wymaganą do powstania zdolności do samoreplikacji w pierwszej cząsteczce RNA, musiałaby powstać również druga cząsteczka RNA o wyjątkowo specyficznej sekwencji – posiadająca w gruncie rzeczy tę samą sekwencję co cząsteczka pierwsza. Zwolennicy hipotezy świata RNA nie wyjaśniają jednak powstania wymaganej specyficzności ani w cząsteczce pierwszej, ani w cząsteczce bliźniaczej. Joyce i Orgel obliczyli, że realna szansa zetknięcia się dwóch identycznych cząsteczek RNA o długości wystarczającej do

¹¹⁷ de DUVE, *Vital Dust...*, s. 23.

pełnienia funkcji enzymatycznych wymagałaby biblioteki RNA, liczącej około 10^{54} cząsteczek RNA.¹¹⁸ Masa takiej biblioteki znacznie przekracza masę Ziemi, a to sugeruje wyjątkową niewiarygodność przypadkowego powstania prymitywnego systemu replikacyjnego. Nie można odwoływać się do doboru naturalnego w celu wyjaśnienia powstania takich prymitywnych replikatorów, ponieważ dobór naturalny działa dopiero, gdy powstanie samoreplikacja. Ponadto, zasady RNA, podobnie jak zasady DNA, nie wykazują samoorganizacyjnych powinowactw wiązania, które mogłyby wyjaśnić specyficzność ich sekwencji. Mówiąc krótko, ten sam rodzaj problemów ze świadectwami empirycznymi i teorią pojawia się niezależnie od tego, czy ktoś proponuje hipotezę, że informacja genetyczna powstała najpierw w cząsteczkach RNA czy też DNA. Próba obejścia problemu sekwencji, która zaczyna się od replikatorów RNA, przenosi jedynie problem na specyficzne sekwencje, które umożliwiają zaistnienie takich replikatorów.

Część III

A. Powrót hipotezy projektu

Jeśli próby rozwiązania problemu informacji jedynie przenoszą go w inne miejsce i jeśli ani przypadek, ani konieczność fizyko-chemiczna, ani łączne ich działanie nie wyjaśniają ostatecznego pochodzenia wyspecyfikowanej informacji biologicznej, to co je wyjaśnia? Czy znamy jakiś byt, który posiada władze sprawcze do stworzenia dużej ilości wyspecyfikowanej informacji? Znamy. Jak przyznał Henry Qu-

¹¹⁸ JOYCE and ORGEL, „Prospects for Understanding...”, s. 1-25, zwłaszcza 11.

astler, „tworzenie nowej informacji zwykle wiąże się z aktywnością czynników świadomych”.¹¹⁹

Doświadczenie potwierdza, że wyspecyfikowana złożoność lub informacja (określana dalej jako *wyspecyfikowana złożoność*) stale powstaje dzięki działaniu czynników inteligentnych. Użytkownik komputera, który szuka źródła informacji pojawiających się na ekranie, nieuchronnie dociera do *umysłu* – umysłu twórcy oprogramowania. Podobnie, informacja zawarta w książce lub gazecie wywodzi się ostatecznie od pisarza – od umysłowej, nie zaś ściśle materialnej, przyczyny.

Ponadto, nasza oparta na doświadczeniu wiedza o przepływie informacji potwierdza, że systemy o dużej ilości wyspecyfikowanej złożoności lub informacji (zwłaszcza kody i języki) *nieuchronnie* wywodzą się z inteligentnego źródła – czyli umysłu lub czynnika osobowego.¹²⁰ Co więcej, generalizacja ta dotyczy nie tylko seman-

¹¹⁹ QUASTLER, *The Emergence...*, s. 16.

¹²⁰ Możliwy wyjątek od tej generalizacji może występować w ewolucji biologicznej. Jeżeli darwinowski mechanizm doboru naturalnego działającego na losową zmienność może wyjaśnić powstanie wszystkich złożonych form życia, to istnieje mechanizm, który może wytworzyć duże ilości informacji – zakładając, oczywiście, dużą ilość *istniejącej już* informacji biologicznej w jakimś samoreplikującym się układzie ożywionym. Jeżeli więc nawet założymy, że mechanizm doboru i zmienności może wytworzyć całą informację wymaganą do makroewolucji złożonych form życia z form prostszych, to ów mechanizm nie wystarczy do wyjaśnienia powstania informacji niezbędnej do wytworzenia życia z nieożywionych substancji chemicznych. Jak zobaczyliśmy, odwoływanie się do *prebiotycznego* doboru naturalnego pozostawia bez odpowiedzi kwestię pochodzenia wyspecyfikowanej informacji. Posiłkując się doświadczeniem, możemy potwierdzić następujące uogólnienie: „w przypadku wszystkich układów niebiologicznych duże ilości (por. przypis 118) wyspecyfikowanej złożoności lub informacji wywodzą się wyłącznie z działalności umysłu, świadomej aktywności czy inteligentnego projektu”. Ściśle rzecz biorąc, *doświadczenie* może nawet potwierdzić mniej umiarkowaną generalizację (taką jak „duże ilości wyspecyfikowanej informacji nieuchronnie wywodzą się z inteligentnego źródła”), skoro twierdzenie, że dobór naturalny działający na losowe mutacje może wytworzyć duże ilości nowej informacji genetycznej, opiera się na dyskusyjnych argumentach teoretycznych i ekstrapolacji z obserwacji małoskalowych zmian mikroewolucyjnych, które same w sobie nie wykazują dużych przyrostów informacji biologicznej. Dalej w tym tomie [**Darwinism, Design and Public Education**] (w artykule „The Cambrian Explosion: Biology’s Big Bang”) Meyer, Ross, Nelson i Chien argumentują, że ani mechanizm neodarwinowski, ani żaden inny współczesny mechanizm naturalistyczny nie

tycznie wyspecyfikowanej informacji, występującej w językach naturalnych, lecz także innych postaci informacji lub wyspecyfikowanej złożoności, czy to występującej w kodach maszynowych, maszynach czy dziełach sztuki. Tak jak w przypadku liter w akapicie sensownego tekstu, części działającego silnika reprezentują wysoce nieprawdopodobną, choć funkcjonalną wyspecyfikowaną konfigurację. Podobnie, wysoce nieprawdopodobne kształty wyryte w skale w Mount Rushmore pasują do niezależnie danego wzorca: twarzy amerykańskich prezydentów, znanych z książek i obrazów. Oba układy charakteryzują się więc dużą ilością tak zdefiniowanej wyspecyfikowanej złożoności lub informacji. Nieprzypadkowo one również powstały za pomocą inteligentnego projektu, nie zaś przypadku i/lub konieczności fizykochemicznej.

Ta generalizacja – że inteligencja jest jedyną znaną przyczyną wyspecyfikowanej złożoności lub informacji (przynajmniej począwszy od źródła niebiologicznego) – otrzymała poparcie z samych badań nad pochodzeniem życia. W ciągu ostatnich czterdziestu lat żaden zaproponowany model naturalistyczny nie wyjaśniał powstania wyspecyfikowanej informacji genetycznej wymaganej do budowy żywej komórki.¹²¹ Umysł lub inteligencja, albo to, co filozofowie nazywają „świadomą przyczynowością”, jest więc obecnie jedyną znaną przyczyną, która potrafi generować duże ilości informacji, zaczynając od stanu nieożywionego.¹²² W rezultacie, obecność sekwencji bogatych

wyjaśniają adekwatnie pochodzenia informacji wymaganej do tworzenia nowych białek i planów budowy, które powstały w eksplozji kambryjskiej. W każdym razie bardziej umiarkowana generalizacja empiryczna (sformułowana powyżej w tym przypisie) wystarczy do wsparcia przedstawionego tu argumentu, skoro niniejszy esej stara się jedynie wykazać wyższość hipotezy inteligentnego projektu nad wszystkimi innymi wyjaśnieniami pochodzenia wyspecyfikowanej informacji koniecznej do powstania *pierwszej* formy życia.

¹²¹ K. DOSE, „The Origin of Life: More Questions than Answers”, *Interdisciplinary Science Reviews* 1988, vol. 13, s. 348-356; YOCKEY, *Information Theory...*, s. 259-293; THAXTON *et al.*, *The Mystery of Life's Origin...*, s. 42-172; THAXTON and W. BRADLEY, „Information...”, s. 193-197; SHAPIRO, *Origins...*

¹²² Oczywiście, wyrażenie „duże ilości wyspecyfikowanej informacji” znów wymaga postawienia pytania ilościowego, mianowicie, „Jak dużo wyspecyfikowanej informacji lub złożoności minimalnie złożona komórka musiałaby posiadać, żeby implikowała projekt?”. Przy-

w wyspecyfikowaną informację w nawet najprostszych układach ożywionych będzie implikowała inteligentny projekt.¹²³

Ostatnio rozwinięto formalne, teoretyczne ujęcie rozumowania o projekcie, które wspiera ten wniosek. W **Design Inference** matematyk i probabilista William Dembski zauważa, że czynniki racjonalne często wnioskuje lub wykrywają wcześniejszą aktywność innych umysłów na podstawie charakteru pozostawionych przez nie skutków. Archeologowie zakładają na przykład, że czynniki racjonalne stworzyły inskrypcje na kamieniu z Rosetty; detektywi ubezpieczeniowi wykrywają pewne „wzorce oszustwa”, które sugerują zamierzoną manipulację okolicznościami, nie zaś „naturalne” katastrofy; kryptografowie odróżniają losowe sygnały od tych, które niosą wiadomości. Praca Dembskiego pokazuje, że rozpoznawanie aktywności czynników inteligentnych stanowi powszechną i w pełni racjonalną metodę wnioskowania.¹²⁴

Co ważniejsze, Dembski identyfikuje dwa kryteria, które zwykle umożliwiają obserwatorom ludzkim rozpoznawanie aktywności inteli-

pomnijmy sobie, że Dembski obliczył wszechświatową granicę prawdopodobieństwa na $1/10^{150}$, odpowiadającą probabilistycznym/specyfikacyjnym zasobom znanego Wszechświata. Przypomnijmy sobie jeszcze, że prawdopodobieństwo jest odwrotnie związane z informacją poprzez funkcję logarymiczną. Mała wszechświatowa granica prawdopodobieństwa $1/10^{150}$ przekłada się więc na około 500 bitów informacji. Sam przypadek nie stanowi zatem przekonującego wyjaśnienia powstania żadnej nowej wyspecyfikowanej sekwencji lub systemu zawierającego więcej niż 500 bitów (wyspecyfikowanej) informacji. Ponadto, skoro układy charakteryzujące się złożonością (brakiem redundantnego uporządkowania) opierają się wyjaśnieniu przez prawa samoorganizacyjne i skoro odwoływanie się do prebiotycznego doboru naturalnego zakłada, lecz nie wyjaśnia powstania wyspecyfikowanej informacji koniecznej do wytworzenia minimalnie złożonego samoreplikującego się układu, to inteligentny projekt najlepiej wyjaśnia powstanie ponad 500-set bitowej wyspecyfikowanej informacji wymaganej do wytworzenia pierwszego minimalnie złożonego układu ożywionego. Przy założeniu niebiologicznego punktu wyjściowego (por. przypis 116), powstanie 500-set lub więcej bitów nowej wyspecyfikowanej informacji będzie więc wiarygodnie wskazywało na projekt.

¹²³ Twierdzenie to i tym razem stosuje się przynajmniej w przypadkach, w których rywalizujące byty przyczynowe lub warunki są niebiologiczne – lub tam, gdzie mechanizm doboru naturalnego można bezpiecznie wyeliminować jako nieadekwatny środek produkcji wymaganej wyspecyfikowanej informacji.

¹²⁴ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 1-35.

gentnej i rozróżnianie skutków takiej aktywności od skutków pozostawionych przez przyczyny wyłącznie materialne. Zauważa on, że stale przypisujemy systemy, sekwencje lub zdarzenia, które łączą w sobie właściwości „wysokiej złożoności” (lub małego prawdopodobieństwa) i „specyfikacji” (zob. część I, paragraf E), przyczynom inteligentnym – projektowi – nie zaś przypadkowi czy prawom fizykochemicznym.¹²⁵ Zauważa też, że zazwyczaj przypisujemy przypadkowi zdarzenia o małym lub średnim prawdopodobieństwie, które nie wpasowują się w rozpoznawalne wzorce. Konieczności przypisujemy natomiast wysoce prawdopodobne zdarzenia, które ciągle zachodzą ponownie w regularny lub przypominający prawo sposób.

Owe wzorce wnioskowania odzwierciedlają naszą wiedzę o sposobie działania świata. Skoro doświadczenie uczy, na przykład, że złożone i wyspecyfikowane zdarzenia lub układy powstają zawsze na skutek przyczyn inteligentnych, to możemy wnioskować o inteligentnym projekcie na podstawie zdarzeń, które łączą w sobie właściwości złożoności i specyficzności. Praca Dembskiego proponuje procedurę oceny porównawczej do odróżniania przyczyn naturalnych od inteligentnych, opartą na pozostawionych przez nie probabilistycznych cechach czy „podpisach”.¹²⁶ Ów proces oceniania stanowi, w rezultacie, naukową metodę wykrywania aktywności inteligencji w pozostawionych przez nią skutkach.

Opracowaną przez Dembskiego metodę i kryteria wykrywania projektu ilustruje prosty przykład. Gdy przybysze docierają do Victoria Harbor w Kanadzie od strony morza, widzą zbocze wypełnione czerwonymi i żółtymi kwiatami. Gdy zbliżają się do zbocza, natychmiast poprawnie wnioskuje o projekcie. Dlaczego? Obserwujący szybko rozpoznają złożony i wyspecyfikowany wzorec, aranżację kwiatów tworzącą zdanie „Welcome to Victoria”. Wnioskuje oni o przeszłej aktywności jakiejś inteligentnej przyczyny – w tym przypadku, starannego planu ogrodników. Gdyby kwiaty były porozrzucane

¹²⁵ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 1-35, 136-223.

¹²⁶ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 36-66.

na chybił trafił, tak że nie dałoby się rozpoznać żadnego wzorca, obserwujący mogliby zasadnie przypisać tę aranżację przypadkowi – na przykład rozrzucającym nasiona losowym podmuchom wiatru. Gdyby barwy były posegregowane według wysokości wzniesienia, wzorzec ten można by wyjaśnić jakąś przyrodniczą koniecznością, taką jak w przypadku pewnych typów roślin, które wymagają szczególnych rodzajów środowiska lub gleby. Skoro jednak aranżacja ta charakteryzuje się zarówno złożonością (specyficzne ułożenie kwiatów jest wysoce nieprawdopodobne, biorąc pod uwagę przestrzeń możliwych ułożeń), jak i specyficznością (wzorzec utworzony z kwiatów pasuje do niezależnych wymogów gramatyki i słownictwa języka angielskiego), to obserwatorzy w sposób naturalny wnioskują o projekcie. Jak się okazuje, te bliźniacze kryteria są równoważne (lub izomorficzne, zob. część I, paragraf E) pojęciu informacji w sensie stosowanym przez biologów molekularnych. Zastosowanie teorii Dembskiego do biologii molekularnej implikuje zatem, że w powstanie (wyspecyfikowanej) informacji biologicznej zaangażowany był inteligentny projektant.

Rachunek logiczny będący podstawą tego wnioskowania operuje w myśl uzasadnionej i dobrze ustalonej metody stosowanej w naukach historycznych i kryminalistyce. W naukach historycznych wiedza o obecnych mocach przyczynowych różnych bytów i procesów pozwala naukowcom wnioskować o możliwych przeszłych przyczynach. Kiedy wyczerpująca analiza różnych możliwych przyczyn wskaże tylko jedną adekwatną przyczynę dla danego skutku, specjaliści w dziedzinie nauk historycznych i kryminalistyki mogą przeprowadzić ostateczne wnioskowanie o wydarzeniach z przeszłości.¹²⁷

Krajobraz marsjański, na przykład, posiada cechy erozyjne – rowy i bruzdy – które przypominają te utworzone na Ziemi przez przemieszczającą się wodę. Choć obecnie na powierzchni Marsa nie wy-

¹²⁷ DEMBSKI, *The Design Inference...*; E. SOBER, *Reconstructing the Past*, MIT Press, Cambridge, Mass. 1988, s. 4-5; M. SCRIVEN, „Causes, Connections, and Conditions in History”, w: W. DRAY (ed.), *Philosophical Analysis of History*, Harper and Row, New York 1966, s. 238-264, zwłaszcza 249-250.

tępują znaczne ilości wody w stanie ciekłym, niektórzy planetolodzy niemniej wywnioskowali, że w przeszłości na powierzchni Marsa występowały znaczne ilości wody. Dlaczego? Geolodzy i planetolodzy nie zaobserwowali żadnych innych przyczyn niż przemieszczająca się woda, które mogłyby wytworzyć taki rodzaj widocznych dzisiaj na Marsie cech erozyjnych. Skoro zgodnie z naszym doświadczeniem tylko woda tworzy rowy i bruzdy erozyjne, to obecność tych cech na Marsie pozwala planetologom wnioskować o niegdysiejszym działaniu wody na powierzchni czerwonej planety.

Rozważmy jeszcze inny przykład. Kilka lat temu jeden z patologów sądowych z pierwotnej Komisji Warrena, która prowadziła dochodzenie w sprawie zabójstwa prezydenta Kennedy'ego, przemówił otwarcie, by położyć kres plotkom o drugim strzelcu strzelającym z przodu kawalkady. Dziura po kuli w tyle czaszki prezydenta Kennedy'ego wyraźnie ukazywała charakterystyczny ukośny wzorec, który jasno wskazywał, że kula przeszła jego czaszkę od tyłu. Patolog nazwał ten ukośny wzorec „charakterystyczną diagnozą”, ponieważ wskazywał on jeden możliwy kierunek wejścia kuli. Skoro wejście kuli od tyłu było konieczne do utworzenia ukośnego wzorca w tyle czaszki prezydenta, to ów wzorec pozwolił patologowi sądowemu ustalić trajektorię lotu kuli.¹²⁸

Logicznie rzecz biorąc, można wywnioskować przyczynę z pozostawionego przez nią skutku (lub poprzednik z następnika), jeśli wiemy o przyczynie (lub poprzedniku), że jest konieczna do wytworzenia danego skutku. Jeśli to prawda, że „tam, gdzie jest dym, tam jest też ogień”, to obecność dymu kłębiącego się nad zboczem pozwala nam wnioskować o ogniu, który jest niewidoczny naszym oczom. Wnioskowania oparte na wiedzy o empirycznie koniecznych warunkach lub przyczynach („charakterystycznych diagnozach”) powszechnie występują w naukach historycznych i kryminalistyce i często prowadzą do wykrycia inteligentnych oraz naturalnych przyczyn i zdarzeń. Skoro palce kryminalisty X są jedyną znaną przyczyną odci-

¹²⁸ McNeil-Lehrer News Hour, Transcript 19, May 1992.

sków palców kryminalisty X, to odciski palców X-a na broni, przy pomocy której dokonano morderstwa, z dużym stopniem pewności obciążają X-a. Podobnie, skoro inteligentny projekt jest jedyną znaną przyczyną dużych ilości wyspecyfikowanej złożoności lub informacji, to obecność takiej informacji implikuje inteligentne źródło.

W istocie, skoro doświadczenie potwierdza, że umysł lub inteligentny projekt jest koniecznym warunkiem (i konieczną przyczyną) informacji, to można wykryć (lub poddać retrodykcji) przeszłe działanie inteligencji na podstawie bogatego w informację skutku – nawet jeśli nie można bezpośrednio zaobserwować samej przyczyny.¹²⁹ Wzorec z kwiatów tworzących zdanie „Welcome to Victoria” pozwala zatem przybyszom wnioskować o aktywności czynników inteligentnych, nawet jeżeli nie widzieli, jak sadzono lub układano kwiaty. Podobnie, wyspecyfikowane i złożone ułożenie sekwencji nukleotydowych – informacja – w DNA implikuje przeszłe działanie inteligencji, nawet jeśli taka aktywność umysłowa nie może być bezpośrednio zaobserwowana.

Naukowcy z wielu dziedzin widzą związek między inteligencją a informacją i przeprowadzają odpowiednie wnioskowania. Archeologowie zakładają, że jakiś skryba wytworzył inskrypcje na kamieniu z Rosetty; antropologowie ewolucyjni ustalili inteligencję wczesnych hominidów na podstawie odłamków krzemieni, które mają zbyt nieprawdopodobnie wyspecyfikowaną formę (i funkcję), by mogły je wytworzyć przyczyny naturalne; prowadzony przez NASA program poszukiwania inteligencji pozaziemskiej (SETI) zakłada, że każda informacja występująca w sygnałach elektromagnetycznych, pochodzących z kosmosu, będzie wskazywała na inteligentne źródło.¹³⁰ Jak dotąd ra-

¹²⁹ MEYER, *Of Clues and Causes...*, s. 77-140.

¹³⁰ W nauce i przemyśle występuje mniej egzotyczna (i bardziej skuteczna) procedura wykrywania projektu. Wykrywanie fałszerstw, kryminalistyka i kryptografia polegają na zastosowaniu probabilistycznych lub informacyjnych kryteriów teoretycznych wykrywania inteligentnego projektu (DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 1-35). Wielu ludzi przyzna, że *możemy* zasadnie wnioskować o przeszłym działaniu inteligencji ludzkiej (w zakresie historii ludzkiej) na podstawie bogatych w informację artefaktów lub zdarzeń, ale tylko dlatego, że

dioastronomowie nie znaleźli jednak żadnych takich niosących informację sygnałów. Ale znacznie bliżej nas, biologowie molekularni zidentyfikowali bogate w informację sekwencje i układy w komórce, które sugerują, podążając tą samą logiką, inteligentną przyczynę tych skutków.

B. Argument z niewiedzy czy wnioskowanie do najlepszego wyjaśnienia?

Można postawić zarzut, że każdy argument na rzecz projektu jest argumentem z niewiedzy. Przeciwnicy zarzucają, że zwolennicy hipotezy projektu wykorzystują naszą obecną niewiedzę o jakiejś wystarczającej naturalnej przyczynie powstania informacji jako jedyną podstawę dla wnioskowania o inteligentnej przyczynie powstania informacji występującej w komórce. Ponieważ jeszcze nie wiemy, jak mogła powstać informacja biologiczna, przywołujemy tajemnicze pojęcie inteligentnego projektu. Wedle tego poglądu, hipoteza inteligentnego projektu funkcjonuje nie jako wyjaśnienie, lecz jako skupisko niewiedzy.

wiemy, iż umysły ludzkie istnieją. Jednakże, argumentując, skoro nie wiemy, czy jakiś czynnik(i) inteligentny istniał przed ludźmi, to wnioskowanie o działaniu czynnika projektującego, który poprzedza ludzi, nie może być zasadne, nawet jeśli obserwujemy bogaty w informację skutek. Zauważmy jednak, że badacze z programu SETI nie wiedzą jeszcze, czy inteligencja pozaziemska istnieje. Zakładają oni mimo to, że obecność dużej ilości wyspecyfikowanej informacji (takiej jak ciąg pierwszych 100 liczb pierwszych) definitywnie ustaliłaby istnienie takiej inteligencji. W istocie, SETI chce właśnie ustalić istnienie innych inteligencji w nieznanym terenie. Podobnie, antropologowie często rewidowali swoje oszacowania dla początku historii ludzkiej lub cywilizacji, ponieważ odkrywali bogate w informację artefakty, datowane na okres poprzedzający wcześniejsze obliczenia. Większość wnioskowań o projekcie ustala istnienie lub aktywność czynnika umysłowego działającego w czasie i miejscu, w którym obecność takiego działania była wcześniej nieznaną. Wnioskowanie o aktywności inteligencji projektującej dla czasu poprzedzającego pojawienie się ludzi na Ziemi nie ma więc jakościowo odmiennego statusu epistemologicznego od innych wnioskowań o projekcie, które krytycy już akceptują jako zasadne (T.R. McDONOUGH, *The Search for Extraterrestrial Intelligence: Listening for Life in the Cosmos*, Wiley, New York 1987).

Mimo iż wnioskowanie o projekcie na podstawie obecności informacji w DNA nie jest dedukcyjnie pewnym dowodem inteligentnego projektu (oparte na empirii argumenty naukowe rzadko są takie), nie stanowi ono też błędnego argumentu z niewiedzy. Argumenty z niewiedzy występują, gdy świadectwo empiryczne przeciw twierdzeniu X proponuje się jako jedyną (i konkluzywną) podstawę dla przyjęcia jakiejś alternatywy Y.

Wnioskowanie o projekcie, w formie przedstawionej powyżej (zob. część III, paragraf A), nie popełnia tego błędu. To prawda, że we wcześniejszej części niniejszego eseju (zob. część II, paragrafy A-F) argumentowałem, iż aktualnie żaden typ naturalnych przyczyn i mechanizmów nie wyjaśnia powstania informacji biologicznej ze stanu prebiotycznego. I rzeczywiście, ów brak wiedzy o jakiegokolwiek adekwatnej przyczynie naturalnej częściowo zapewnia bazę dla wnioskowania o projekcie na podstawie zawartej w komórce informacji. (Można jednak równie łatwo argumentować, że nawet ten „brak wiedzy” w istocie stanowi wiedzę o braku). W każdym razie, nasza „niewiedza” o jakiejś wystarczającej przyczynie naturalnej stanowi tylko część podstawy dla wnioskowania o projekcie. *Wiemy* również, że czynniki inteligentne mogą i produkują bogate w informacje systemy: mamy pozytywną, opartą na doświadczeniu wiedzę o alternatywnej przyczynie, która jest wystarczająca, mianowicie o inteligencji.

Z tego powodu bronione tutaj wnioskowanie o projekcie nie jest argumentem z niewiedzy, lecz wnioskowaniem do najlepszego wyjaśnienia.¹³¹ Wnioskowania do najlepszego wyjaśnienia nie stwierdzają adekwatności jednego wyjaśnienia przyczynowego wyłącznie na podstawie nieadekwatności jakiegoś innego wyjaśnienia przyczynowego. W zamian porównują one moc eksplanacyjną wielu rywalizujących hipotez po to, by ustalić, która hipoteza, jeśli jest prawdziwa, dostarczy najlepszego wyjaśnienia dla jakiegoś zbioru istotnych danych. Ostatnie prace nad metodą „wnioskowania do najlepszego

¹³¹ P. LIPTON, *Inference to the Best Explanation*, Routledge, New York 1991, s. 32-88.

wyjaśnienia” sugerują, że określanie, które wyjaśnienie spośród danego zbioru możliwych wyjaśnień jest najlepsze, zależy od wiedzy o władzach sprawczych rywalizujących bytów eksplanacyjnych.¹³²

Na przykład, zarówno trzęsienie ziemi, jak i bomba mogą być wyjaśnieniem zniszczenia budynku, lecz tylko bomba może być wyjaśnieniem obecności osmalenia i odłamków pocisku na gruzowisku. Trzęsienia ziemi nie tworzą odłamków pocisku ani osmalenia, a przynajmniej nie same. Bomba jest zatem najlepszym wyjaśnieniem tego wzorca zniszczenia w miejscu, gdzie stał budynek. Byty, warunki lub procesy, które mają zdolność (lub władze sprawcze) do wytworzenia danego świadectwa, stanowią lepsze jego wyjaśnienia niż te, które tej zdolności nie mają.

Wynika z tego, że proces ustalania najlepszego wyjaśnienia obejmuje często stworzenie listy możliwych hipotez, porównanie ich znanych (lub teoretycznie wiarygodnych) władz sprawczych przy uwzględnieniu odpowiednich danych, stopniową eliminację potencjalnych, lecz nieadekwatnych wyjaśnień i wreszcie – w najlepszym wypadku – wybór jednego adekwatnego przyczynowo wyjaśnienia.

W niniejszym eseju wykorzystałem tę właśnie metodę, by sformułować argument na rzecz inteligentnego projektu jako najlepszego wyjaśnienia powstania informacji biologicznej. Oceniałem i porównałem sprawczą skuteczność czterech szerokich kategorii wyjaśnień – przypadku, konieczności, mieszanki tych dwu, oraz inteligentnego projektu – pod względem ich zdolności do tworzenia dużej ilości wyspecyfikowanej złożoności lub informacji. Jak zobaczyliśmy, ani scenariusze oparte na przypadku, ani te oparte na konieczności (ani

¹³² LIPTON, *Inference to the Best Explanation...*; S.C. MEYER, „The Scientific Status of Intelligent Design: The Methodological Equivalence of Naturalistic and Non-Naturalistic Origins Theories”, w: M.J. BEHE, W.A. DEMBSKI and S.C. MEYER (eds.), *Science and Evidence for Design in the Universe*, Ignatius Press, San Francisco 2000, s. 151-212; S.C. MEYER, „The Demarcation of Science and Religion”, w: G.B. FERNGREN (ed.), *The History of Science and Religion in the Western Tradition: An Encyclopedia*, Garland, New York 2000, s. 17-23; E. SOBER, *The Philosophy of Biology*, Westview Press, San Francisco 1993; MEYER, *Of Clues and Causes...*, s. 77-140.

mieszanka tych dwu) nie wyjaśniają powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej w środowisku prebiotycznym. Ten rezultat zgadza się ze stałym ludzkim doświadczeniem. Procesy przyrodnicze nie tworzą bogatych w informację struktur, począwszy od czysto fizycznych i chemicznych struktur poprzedzających. Materia, działająca na oślep lub pod wpływem konieczności fizykochemicznej, nie układa się też w złożone, bogate w informację sekwencje.

Niemniej jednak nie można powiedzieć, że nie wiemy, jak powstaje informacja. Wiemy z doświadczenia, że świadome czynniki inteligentne mogą stworzyć sekwencje i systemy informacyjne. Zacytuję ponownie słowa Quastlera: „tworzenie nowej informacji zwykle wiąże się ze świadomą aktywnością”.¹³³ Ponadto, doświadczenie uczy, że kiedykolwiek duże ilości wyspecyfikowanej złożoności lub informacji są obecne w danym artefakcie czy bycie, którego historia przyczynowa jest znana, rolę przyczynową w jego powstaniu zawsze miała inteligencja stwórcza – inteligentny projekt. Gdy znajdujemy taką informację w cząsteczkach biologicznych, które są konieczne do życia, możemy więc wnioskować – opierając się na naszej *wiedzy* o ustalonych związkach przyczynowo-skutkowych – że jakaś przyczyna inteligentna wytworzyła w przeszłości wyspecyfikowaną złożoność lub informację konieczną do powstania życia.

Tak sformułowane, wnioskowanie o projekcie wykorzystuje ten sam sposób argumentacji i rozumowania, którym na ogół posługują się naukowcy z dziedziny nauk historycznych. W **O powstawaniu gatunków** Darwin również sformułował swój argument na rzecz uniwersalnej wspólnoty pochodzenia w postaci wnioskowania do najlepszego wyjaśnienia. Jak tłumaczył w liście do Asy Graya:

Przetestowałem tę hipotezę [wspólnoty pochodzenia] porównując ją z tak wieloma ogólnymi i dość dobrze ugruntowanymi propozycjami, jakie udało mi się znaleźć – przy uwzględnieniu rozmieszczenia geograficznego, historii geolo-

¹³³ QUASTLER, *The Emergence...*, s. 16.

gicznej, podobieństw itd. itp. I wydaje mi się, że – zakładając, iż taka hipoteza ma wyjaśnić takie ogólne propozycje – w zgodzie z powszechną metodą postępowania we wszystkich naukach powinniśmy uznać ją, dopóki nie znajdzie się jakaś lepsza hipoteza [podkreślenia dodane].¹³⁴

Co więcej, tak sformułowany, opierający się na informacji zawartej w DNA argument na rzecz projektu przestrzega także standardowych uniformitarianistycznych kanonów metody stosowanej w naukach historycznych. Zasada uniformitarianizmu stwierdza, że „teraźniejszość jest kluczem do przeszłości”. W szczególności, zasada ta przewiduje, że nasza wiedza o teraźniejszych związkach przyczynowo-skutkowych powinna kierować naszą oceną wiarygodności wnioskowań, które czynimy w stosunku do odległej przeszłości przyczynowej. Jednakże to dokładnie taka wiedza o związkach przyczynowo-skutkowych wspiera wnioskowanie o inteligentnym projekcie. Skoro wiemy, że czynniki inteligentne tworzą duże ilości informacji, i skoro wszystkie znane procesy naturalne tego nie dokonują (lub nie potrafią tego dokonać), to możemy wnioskować, że projekt jest najlepszym wyjaśnieniem powstania informacji w komórce. Ostatnie osiągnięcia nauk informacyjnych (takie jak praca Dembskiego w **The Design Inference**) pomagają zdefiniować i sformalizować wiedzę o takich związkach przyczynowo-skutkowych, umożliwiając nam przeprowadzanie wnioskowań na temat historii przyczynowych różnych artefaktów, istot czy zdarzeń, na podstawie posiadanej przez nie złożoności i cech teoretyczno-informatycznych.¹³⁵

W każdym razie, wnioskowanie o projekcie zależy od aktualnej wiedzy o – odpowiednio – zademonstrowanych władzach sprawczych bytów przyrodniczych i działaniu inteligencji. Nie jest to w większym stopniu argument z niewiedzy niż jakiegokolwiek inne dobrze ugruntowane wnioskowanie w geologii, archeologii czy paleontologii, gdzie

¹³⁴ Francis DARWIN (ed.), *Life and Letters of Charles Darwin*, vol. 1, D. Appleton, London 1896, s. 437.

¹³⁵ DEMBSKI, *The Design Inference...*, s. 36-37, zwłaszcza 37.

teraźniejsza wiedza o związkach przyczynowo-skutkowych kieruje wnioskowaniami, które naukowcy przeprowadzają odnośnie przeszłych przyczyn.

Oponenti nadal mogą przeczyć zasadności wnioskowania o inteligentnym projekcie (nawet jako najlepszego wyjaśnienia), ponieważ nie wiemy, co przyszłe badania mogą odkryć w kwestii władz sprawczych innych materialnych bytów lub procesów. Niektórzy będą mówić, że zaprezentowane tu wnioskowanie o projekcie jest bezpodstawne i nienaukowe, gdyż polega ono na negatywnej generalizacji – to jest, „przyczyny czysto fizyczne i chemiczne nie tworzą dużych ilości wyspecyfikowanej informacji” – którą przyszłe odkrycia mogą później sfalsyfikować. Powinniśmy „nigdy nie mówić nigdy”, powiadają.

Nauka często jednak mówi „nigdy”, nawet jeśli nie może powiedzieć tego na pewno. Negatywne lub proskryptywne generalizacje często grają ważną rolę w nauce. Jak wykazało wielu naukowców i filozofów nauki, prawa naukowe często mówią nam nie tylko o tym, co się wydarza, ale także o tym, co się nie wydarza.¹³⁶ Prawa zachowania w termodynamice, na przykład, zakazują pewnych skutków. Pierwsze prawo mówi, że energia nigdy nie jest tworzona lub niszczona. Drugie prawo mówi, że entropia zamkniętego układu nigdy nie zmniejszy się z upływem czasu. Ci, którzy twierdzą, że takie „proskryptywne prawa” nie są *wiedzą*, ponieważ są one oparte na przeszłym, a nie przyszłym doświadczeniu, nie zajdą daleko, jeżeli spróbują posłużyć się swoim sceptycyzmem w celu uzasadnienia dofinansowania badań nad – dajmy na to – maszynami znajdującymi się w nieustannym ruchu.

Ponadto, bez generalizacji proskryptywnych, bez wiedzy o tym, co różne możliwe przyczyny mogą lub czego nie mogą wytworzyć, na-

¹³⁶ OPARIN, *The Origin of Life...*, s. 28; M. ROTHMAN, *The Science Gap*, Prometheus, Buffalo, N.Y. 1992, s. 65-92; K. POPPER, *Droga do wiedzy. Domysły i refutacje*, przeł. Stefan Amsterdamski, *Biblioteka Współczesnych Filozofów*, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 1999, s. 63-70.

ukowcy z dziedziny nauk historycznych nie mogliby czynić ustaleń na temat przeszłości. Rekonstruowanie przeszłości wymaga przeprowadzania wnioskowań abdukcyjnych, wychodząc od obecnych skutków i dochodząc do przeszłych zdarzeń przyczynowych.¹³⁷ Dokonywanie takich wnioskowań wymaga stopniowej eliminacji rywalizujących hipotez przyczynowych. Decyzja, które przyczyny przestać brać pod uwagę, wymaga wiedzy o tym, jakie skutki dana przyczyna może – a jakich nie może – wytworzyć. Gdyby naukowcy z dziedziny nauk historycznych nigdy nie mogli określić, czy jakieś poszczególne byty nie mają poszczególnych władz sprawczych, to nigdy nie mogliby ich wyeliminować, choćby tymczasowo, ze swoich analiz. Nigdy nie mogliby więc wnioskować, że w przeszłości działała jakaś konkretna przyczyna. Jednakże naukowcy z dziedziny nauk historycznych oraz kryminolodzy nieustannie przeprowadzają takie wnioskowania.

Co więcej, podane przez Dembskiego przykłady wnioskowań o projekcie – z dziedzin, takich jak archeologia, kryptografia, wykrywanie oszustw i kryminalistyka – wskazuje, że często wnioskujemy o przeszłej aktywności przyczyny inteligentnej i robimy to, najwyraźniej nie martwiąc się, że stosujemy błędny argument z niewiedzy. I robimy tak z dobrego powodu. Duża część ludzkiego doświadczenia pokazuje, że czynniki inteligentne posiadają unikatowe władze sprawcze, których nie posiada materia (zwłaszcza ta nieożywiona). Gdy obserwujemy cechy lub skutki, o których wiemy z doświadczenia, że mogą je wytworzyć jedynie czynniki inteligentne, słusznie wnioskujemy o uprzednim działaniu inteligencji.

Aby ustalić najlepsze wyjaśnienie, naukowcy nie muszą mówić „nigdy” z absolutną pewnością. Wystarczy, że powiedzą, iż dana postulowana przyczyna jest najlepsza, wzięwszy pod uwagę to, co aktualnie wiemy o obserwowanych władzach sprawczych rywalizujących bytów lub działań. Jeśli przyczyna C może wytworzyć skutek E, to jest ona lepszym wyjaśnieniem skutku E niż przyczyna D, która

¹³⁷ MEYER, *Of Clues and Causes...*, s. 77-140; E. SOBER, *Reconstructing the Past...*, s. 4-5; de DUVE, „The Beginnings of Life...”, s. 249-250.

nigdy nie wytworzyła skutku E (szczególnie gdy przyczyna D wydaje się do tego niezdolna już na gruncie teoretycznym), nawet pomimo tego, że przyczyna D może zademonstrować później władze sprawcze, o których w tej chwili nie wiemy.¹³⁸

Zarzut, że wnioskowanie o projekcie jest argumentem z niewiedzy sprowadza się w istocie do ponownego stwierdzenia problemu indukcji. Ten sam zarzut można jednak postawić każdemu prawu lub wyjaśnieniu naukowemu, bądź każdemu wnioskowaniu historycznemu, które dotyczy obecnej, lecz nie przyszłej, wiedzy o prawach przyrody i władzach sprawczych. Jak zauważyli Barrow i Tipler, krytyka argumentów na rzecz projektu, taka jak Hume'a, tylko dlatego, że zakładają one jednakowość (i normatywny charakter) praw przyrody, uderza równie mocno w „racjonalną podstawę każdej formy badań naukowych”.¹³⁹ Nasza wiedza na temat tego, co może, a co nie może wytworzyć dużych ilości wyspecyfikowanej informacji, może później zostać zrewidowana, ale tak samo może być w przypadku praw termodynamiki. Wnioskowania o projekcie mogą w przyszłości okazać się nieprawidłowe, ale podobnie może być z innymi wnioskowaniami, implikującymi różne przyczyny naturalne. Takie możliwości nie hamują naukowców przed tworzeniem generalizacji w odniesieniu do władz sprawczych różnych bytów lub przed stosowaniem tych generalizacji do identyfikowania prawdopodobnych czy najbardziej wiarygodnych przyczyn w konkretnych przypadkach.

Wnioskowania oparte na przeszłym i teraźniejszym doświadczeniu są wiedzą (aczkolwiek tymczasową), nie zaś niewiedzą. Ci, którzy sprzeciwiają się takim wnioskowaniom, przeciwstawiają się *nauce* w tym samym stopniu, w jakim sprzeciwiają się poszczególnym, zakorzenionym w nauce hipotezom projektu.

¹³⁸ R. HARRE and E.H. MADDEN, *Causal Powers*, Basil Blackwell, London 1975.

¹³⁹ J. BARROW and F. TIPLER, *The Anthropic Cosmological Principle*, Oxford University Press, Oxford 1986, s. 69.

C. Czy to w ogóle jest nauka?

Oczywiście, wielu ludzi po prostu odmawia rozważania hipotezy projektu na tej podstawie, że nie jest ona „naukowa”. Tacy krytycy uznają wykraczającą poza doświadczenie zasadę nazywaną naturalizmem metodologicznym.¹⁴⁰ Naturalizm metodologiczny stwierdza, że – z definicji – aby dane hipotezy, teorie lub wyjaśnienia były „naukowe”, muszą odwoływać się wyłącznie do przyrodniczych lub materialnych bytów. Wedle tej definicji, jak twierdzą krytycy, hipoteza inteligentnego projektu nie kwalifikuje się jako naukowa. Z przyjęcia tej definicji nie wynika jednak, że jakaś nienaukowa (wedle definicji naturalizmu metodologicznego) lub metafizyczna hipoteza nie może stanowić lepszego, bardziej adekwatnego przyczynowo wyjaśnienia. W niniejszym eseju argumentowałem, że – niezależnie od jej zaklasyfikowania – hipoteza projektu jest lepszym wyjaśnieniem od konkurencyjnych naturalistycznych czy materialistycznych hipotez powstania wyspecyfikowanej informacji biologicznej. Z całą pewnością samo zaklasyfikowanie argumentu jako metafizycznego nie obala go.

W każdym razie, naturalizmowi metodologicznemu brakuje obecnie uzasadnienia jako normatywnej definicji nauki. Po pierwsze, próby uzasadnienia naturalizmu metodologicznego przez odniesienie się do metafizycznie neutralnego (czyli nie budzącego wątpliwości) kryterium demarkacji nie powiodły się.¹⁴¹ Po drugie, uznawanie naturalizmu metodologicznego jako zasady normatywnej dla całej nauki ma


¹⁴⁰ M. RUSE, „*McLean v. Arkansas: Witness Testimony Sheet*”, w: M. RUSE (ed.), **But Is It Science?**, Prometheus Books, Amherst, N.Y. 1988, s. 103; MEYER, „The Scientific Status...”; MEYER, „The Demarcation...”.

¹⁴¹ MEYER, „The Scientific Status...”; MEYER, „The Demarcation...”; L. LAUDAN, „The Demise of the Demarcation Problem”, w: RUSE, **But Is It Science...**, s. 337-350; L. LAUDAN, „Science at the Bar – Causes for Concern”, w: RUSE, **But Is It Science...**, s. 351-355; A. PLANTINGA, „Methodological Naturalism?”, *Origins and Design* 1986, vol. 18, no.1, s. 18-26; A. PLANTINGA, „Methodological Naturalism?”, *Origins and Design* 1986, vol. 18, no. 2, s. 22-34.

negatywny wpływ na praktykowanie pewnych dyscyplin naukowych, zwłaszcza nauk historycznych. W badaniach nad pochodzeniem życia, na przykład, naturalizm metodologiczny sztucznie ogranicza dociekania i hamuje naukowców przed poszukiwaniem hipotez, które mogłyby być najlepszymi, najbardziej adekwatnymi przyczynowo wyjaśnieniami. Jeśli poszukujemy prawdy, pytanie, na które badania nad pochodzeniem życia muszą odpowiedzieć, nie brzmi „Który materialistyczny scenariusz wydaje się najbardziej adekwatny?”, lecz „Co naprawdę spowodowało powstanie życia na Ziemi?”. Jedną z możliwych odpowiedzi na to drugie pytanie jest następująca: „Życie zaprojektował jakiś czynnik inteligentny, który istniał przed pojawieniem się ludzi”. Jeśli akceptuje się jednak naturalizm metodologiczny jako zasadę normatywną, naukowcy mogą nigdy nie brać pod uwagę hipotezy projektu jako możliwie prawdziwej. Taka wykluczająca logika umniejsza znaczenie każdego twierdzenia o wyższości teoretycznej jakiegóż innej hipotezy i stwarza możliwość, że najlepsze „naukowe” wyjaśnienie (wedle definicji naturalizmu metodologicznego) może tak naprawdę nie być najlepsze.

Jak uznaje wielu historyków i filozofów nauki, ocena teorii naukowej to przedsięwzięcie ze swej natury porównawcze. O teoriach, które zyskują akceptację w sztucznie ograniczonej rywalizacji, nie można powiedzieć, że są „najprawdopodobniej prawdziwe” czy „najbardziej adekwatne empirycznie”. Teorie te można co najwyżej uważać za „najprawdopodobniej prawdziwe lub adekwatne spośród sztucznie ograniczonego zbioru możliwości”. Otwartość na hipotezę projektu wydaje się zatem nieodzowna w przypadku każdej w pełni racjonalnej biologii historycznej – to znaczy, dla tego, kto szuka prawdy, „wszystkie chwytaki są dozwolone”.¹⁴² Biologia historyczna, podążająca za świadectwami empirycznymi dokądkolwiek one prowadzą, nie wykluczy z góry hipotez, podpierając się metafizyką. Do oceny konkurencyjnych hipotez będzie ona natomiast stosować jedynie neutral-

¹⁴² Percy W. BRIDGMAN, *Reflections of a Physicist*, 2nd ed., Philosophical Library, New York 1955, s. 535.

ne metafizycznie kryteria – takie jak moc eksplanacyjna i adekwatność przyczynowa. To bardziej otwarte (i wyraźnie racjonalne) podejście do oceniania teorii naukowych prowadzi obecnie do sugestii, że teoria inteligentnego projektu jest najlepszym, najbardziej adekwatnym przyczynowo wyjaśnieniem powstania informacji koniecznej do zbudowania pierwszego organizmu żywego. 

Stephen C. Meyer