

Włodzimierz Ługowski  
Instytut Filozofii i Socjologii PAN

## TEORETYCZNE MODELE EWOLUCJI PREBIOTYCZNEJ

### STRESZCZENIE

Problem filozoficznych podstaw nauki o biogenezie był w ostatnich latach przedmiotem ożywionych dyskusji na łamach czasopism z zakresu biologii teoretycznej. Jak się okazało, głoszony przez akademickich filozofów (orientacji pozytywistycznej) pogląd, wedle którego „dojrzała” nauka może i powinna być wolna od filozoficznych uwarunkowań, znajduje wciąż zwolenników wśród samych badaczy. Konsekwencją przyjęcia takiego poglądu jest brak możliwości adekwatnego przedstawienia dokonań tej dziedziny badań w wymiarze teoretycznym (nie zaś wyłącznie empirycznym).

Teoria samoorganizacji materii w wymiarze przyrodniczym ukształtowała się w pierwszym zarysie w latach siedemdziesiątych głównie dzięki pracom dwóch laureatów Nagrody Nobla, Ilji Prigogine’a i Manfreda Eigena. Filozoficzny wymiar tej teorii wciąż czeka jednak na opracowanie. Bez świadomości filozoficznych fundamentów teorii samoorganizacji materii – bez świadomości ich istnienia i bez trafnego rozpoznania ich charakteru – nie sposób zdać sprawy z dokonań nauki w tym zakresie. Według moich ustaleń (na przekór temu, co twierdzą niektórzy czołowi reprezentanci filozofii biologii<sup>1</sup>) w okresie minionego półwiecza ogłoszonych zostało w tym obszarze sto kilkadziesiąt modeli teoretycznych, coraz lepiej ugruntowanych empirycznie.<sup>2</sup>

Otwarte pozostaje pytanie o możliwość rekonstrukcji teorii samoorganizacji materii w jej współczesnym kształcie. Jedno wszakże wydaje się pewne:

---

<sup>1</sup> M. Ruse, *The origin of life. Philosophical perspectives*, „Journal of Theoretical Biology” 1997, v. 187, s. 473–482. Ruse twierdzi, że przez ostatnie (bagatela) sto lat dokonań w tym zakresie nie ma żadnych (sic!).

<sup>2</sup> W. Ługowski, *U podstaw teorii biogenezy. W kwestii filozoficznej świadomości przyrodników*, „Studia Humanistyczne”, t. 2, Wrocław 2009 Akademia Medyczna, s. 39–52; tenże, *Definiowanie natury wiedzy: ewolucja „tak”, biogeneza „nie”, „Zagadnienia Naukoznawstwa”* 2010, nr 1, s. 65–83; tenże, *Filozoficzne podstawy teorii biogenezy*, w: A. Lemańska, A. Świeżyński (red.), *Filozoficzne i naukowo-przyrodnicze elementy obrazu świata*, t. 8, Warszawa 2010 wyd. UKSW, s. 170–190; tenże, *Życie jest zjawiskiem nieprawdopodobnym? Modele ewolucji przedbiologicznej*, w: „Archiw. Filozofia a Nauka” t. 1, Wyd. IFiS PAN, Warszawa 2011, s. 104–118.

przed przystąpieniem do syntezy konieczne jest rozpoznanie stanu rzeczy, to jest zidentyfikowanie istniejących teorii cząstkowych. Temu służą poniższe szkice. W każdym z nich staram się krótko ująć główną ideę danej koncepcji i jej oryginalność na tle innych, zwłaszcza tych (pozornie) najbardziej do niej zbliżonych. Pokazuję niejako życie codzienne tej dyscypliny, odnotowując zarówno mocniejsze jak i słabsze strony poszczególnych propozycji teoretycznych.

**1. TEORIA STOCHASTYCZNEGO KOREKTORA INFORMACJI<sup>3</sup>**  
(Eörs Szathmáry, László Demeter, Department of Plant Taxonomy and Ecology, Roland Eötvös University, Budapest). Główna idea: aby przezwyciężyć paradoks powstawania życia (który w tym przypadku brzmi: nie może być dużego genomu bez enzymów, tych zaś – bez odpowiednio dużego genomu), należy znaleźć sposób na zintegrowanie informacji pozostającej w stanie rozproszenia między konkurującymi ze sobą replikatorami. Model korektora stochastycznego zaproponowany został jako alternatywa dla Eigenowskiego modelu hipercyklu. Na gruncie teorii gier można wykazać, że selekcyjne charakterystyki hipercykli czynią z nich nieefektywne integratory informacji, jako że nie mogą one skutecznie konkurować ze wszelkimi rodzajami mniej efektywnych nośników informacji lub z hipercyklami sprzężonymi mutacyjnie. Tylko system wyższego rzędu, funkcjonalnie wiążący ze sobą matryce (*quasi-gatunki* RNA) zdolny jest zintegrować taką ilość informacji, która jest wystarczająca do spełnienia następujących warunków: (1) selektywna stabilność każdego z komponentów dzięki powodzeniu w konkurencji z kopiami obciążonymi błędem; (2) kooperatywne zachowanie się komponentów zintegrowanych w nową jednostkę funkcjonalną; (3) powodzenie tej jednostki w konkurencji z mniej efektywnymi systemami. Punktem wyjścia modelu matematycznego są kompartmenty (czyli odpowiedniki protokomórek), w których matryce ulegają replikacji i degradacji oraz wnoszą wkład w metaboliczną funkcję kompartmentu jako całości. W rezultacie ich działalności katalitycznej następuje podział całego kompartmentu na dwie jednostki potomne. Podział ten dokonuje się w warunkach nierównowagi selekcyjnej, cały proces zaś ma charakter stochastyczny – co pozwala na odtwarzanie najlepszego typu kompartmentu. Wedle określenia J. Maynarda Smitha, stochastyczność „generuje różnorodność, na którą działa dobór”. Jej źródła są dwojakie: pierwszym jest replikacja i degradacja matryc („stochastyczność demograficzna”), drugim zaś ich przypadkowa alokacja w kompartmentach potomnych.

**Swoistość.** Ze względu na rodzaj zastrzeżeń wobec teorii hipercyklicznej oraz postulat wczesnej kompartmentalizacji widoczna jest tu zbieżność

---

<sup>3</sup> E. Szathmáry, L. Demeter, *Group selection of early replicators and the origin of life*, „Journal of Theoretical Biology” 1987, v. 128, nr 4, s. 463–486.

z teorią Brescha.<sup>4</sup> Zbieżność ta nie odnosi się jednak do propozycji pozytywnych: przyjętego przez Brescha modelu „upakowania” genów autorzy nie uznają za zadowalające rozwiązanie problemu integracji informacji. Dostrzegają natomiast zalety chemotonu Gántiego jako takiego właśnie kompartmentu, który mógłby ulegać podziałowi wg modelu korektora stochastycznego, nie zaś wskutek rozbudowy membrany.

**2. TEORIA PROTOZOICZNA<sup>5</sup>** (Wolfgang Ebeling, R. Feistel, Sektion Physik, Humboldt-Universität zu Berlin). Główna idea to sformułowanie takiego matematycznego modelu powstawania protokomórek (nazwanych protozoa), który zdolny byłby uniknąć głównego niedostatku klasycznej koncepcji hipercyklu, w myśl której hipercykle konkurują ze sobą na zasadzie „wszystko albo nic”. Oznacza to, że zwyciężyć wszystkie pozostałe cykle może jeden z nich z powodu przypadkowego układu warunków początkowych, niekoniecznie zaś dlatego, że jest „najlepszym mutantem”. W rezultacie najbardziej udane „okazy” tracą możliwość wzrostu i reprodukcji; cały system zaś w tych warunkach nie jest zdolny do ewolucji.

Teoria protozoiczna proponuje natomiast heterogeniczne warunki ewolucji prebiotycznej i rozważa prosty model hipercykli zlokalizowanych w kroplach koacerwatoowych. Jak się okazuje, w tych warunkach można uniknąć wskazanej trudności: hipercykle w koacerwatach wykazują cechy doboru zbieżne z własnościami systemów autokatalitycznych. Pod działaniem doboru zwiększa się efektywność procesów katalitycznych, rośnie stężenie biomolekuł i zmniejsza się minimalna liczba „uczestników” hipercyklu niezbędna do jego funkcjonowania. Inaczej mówiąc, „katalityczna doskonałość” hipercyklu umieszczonego w koacerwacie z większym prawdopodobieństwem prowadzi do jego zwycięstwa nad mniej efektywnym konkurentem. Model ten czyni więc zadość tym regułom doboru, które postuluje na gruncie swej teorii Sznol.<sup>6</sup>

**Specyfika.** Swoistość wyraża się m.in. w tym, że teoria ta ujmuje ewolucję procesów gromadzenia i przekazywania informacji przez makrocząsteczki w kategoriach gramatycznych - jako kształtowanie się „języka molekularnego” - i tu właśnie upatruje ona ów zasadniczy krok, który prowadzi poza obszar fizyki i chemii. Zasady gramatyki generatywnej Chomsky’ego stosuje ona

<sup>4</sup> C. Bresch, U. Niesert, D. Harnasch, *Hypercycles, parasites and packages*, „Journal of Theoretical Biology” 1980, v. 85, nr 3, s. 399–405.

<sup>5</sup> W. Ebeling, *Strukturbiologie bei irreversiblen Prozessen*, Leipzig 1976; W. Ebeling, *Physikalisch-chemische Grundlagen der Strukturbiologie bei Entwicklungsprozessen*, w: *Struktur und Prozess*, red. K.-F. Wessel, Berlin 1977, s. 151–171; W. Ebeling, R. Feistel, *On the evolution of biological macromolecules. I. Physico-chemical self-organization*, „Studia Biophysica” 1979, v. 75, nr 2, s. 131–146; W. Ebeling, R. Feistel, *Physik der Selbstorganisation und Evolution*, Berlin 1982; W. Ebeling, I. Sonntag, L. Schimansky-Geier, *On the evolution of biological macromolecules. II. Catalytic networks*, „Studia Biophysica” 1981, v. 84, s. 87–88.

<sup>6</sup> S.E. Sznol, *Fiziko-chemičeskie faktory biologičeskoj ewoluciji*, Moskwa 1979 [*The physico-chemical factors of biological evolution*, Chur 1981].

z powodzeniem do syntaktycznej analizy polipeptydów i polinukleotydów. „Wartość” biopolimerów w grach konkurencyjnych okazuje się ściśle związana z ich „gramatyczną” strukturą.

**3. TEORIA SAJZERÓW<sup>7</sup>** (W.A. Ratner, Instytut Cytologii i Genetyki RAN, Nowosybirsk). Główna idea: centralne miejsce w teorii powstawania organizacji molekularno-biologicznej powinny zająć takie obiekty, które wykazywałyby wszelkie zalety Eigenowskich hipercykli, ale były ponadto także systemami reprodukcji.

Hipercykl, będąc strukturą zdolną do reprodukcji wszystkich swych elementów, sam jako taki nie jest jednak systemem autoreprodukcji. Synteza białka w ramach hipercyklu możliwa jest tylko przy założeniu, że w całym systemie funkcjonuje już – choćby na drugim planie – aparat translacji, który sam do hipercyklu nie wchodzi. Tymczasem zdolność do samoreprodukcji jest najbardziej fundamentalną własnością obecnie istniejących systemów genetycznych. Własność ta ma za podstawę uniwersalny aparat replikacji, transkrypcji i translacji, który obsługuje wszystkie makrocząsteczki w komórce. Hipercykle tej własności nie mają, nie jest więc uzasadniony ich wybór jako podstawowej struktury organizacji molekularno-biologicznej. Na ich miejsce teoria ta proponuje sajzery (skrót od ich angielskiej nazwy: *systems of self reproduction*), czyli elementarne systemy autoreprodukcji.

Dwa najprostsze przykłady sajzerów, to: (1) mini-sajzer z dwiema sprzężonymi matrycami; matryca I koduje dwa białka: białko replikacji  $E_1$  i białko translacji  $E_2$ ; białko replikacji odtwarza matrycę, białko translacji zaś powiela na matrycy zarówno białko replikacji jak i białko translacji; (2) matryca I koduje 1 białek; matrycę reprodukuje białko replikacji  $E_1$ , translacja zaś wszystkich białek z matrycy dokonywana jest przez białko translacji  $E_2$ .

**4. TEORIA SPONTANICZNEJ EMERGENCJI METABOLIZMU<sup>8</sup>** (R.J. Bagley, J. Doynne Farmer, USA). Główna idea: sieć reakcji katalitycznych w sprzyjających okolicznościach zdolna jest dokonać konwersji niemal całej dostępnej w środowisku materii przedbiologicznej w kilka chemicznych „gatunków”. Aby tak się stało, system musi być odpowiednio oddalony stanu równowagi, musi też odpowiadać pewnym parametrom kinetycznym; ponadto warunki panujące w środowisku powinny sprzyjać polimeryzacji (np. dopływ aktywowanych pirofosforanów). Rezultatem owej konwersji jest rady-

<sup>7</sup> W.A. Ratner, *Molekularno-geneticeskije sistemy uprawlenija*, Nowosibirsk 1975; W.A. Ratner, *Metodologiceskije aspekty samowosproizwiedienija molekularno-geneticeskich sistem uprawlenija*, w: *Metodologiceskije woprosy teoreticeskoj biologii i biofiziki*, Puszczino 1986, s. 82–90; W.A. Ratner, A.A. Żarkich, N.A. Koczanow, S.N. Rodin, W.W. Solowjow, W.W. Szamin, *Problemy teorii molekularnoj ewolucyi*, Nowosibirsk 1986.

<sup>8</sup> R.J. Bagley, J.D. Farmer, *Spontaneous emergence of a metabolism*, w: Ch.G. Langton, C. Taylor, J. D. Farmer, S. Rasmussen (red.), *Artificial life II*, Redwood City CA 1991 Addison-Wesley, s. 93–140; R.J. Bagley, J.D. Farmer, W. Fontana, *Evolution of a metabolism*, op. cit., s. 141–158.

kalna zmiana środowiska prebiotycznego. Utworzone w jej wyniku „gatunki” przejmują kontrolę nad całym zbiornikiem, ich dominacja zaś uniemożliwia powstawanie „gatunków” konkurencyjnych. Ze względu na analogię tego zjawiska z metabolizmem uzyskało ono nazwę metabolizmu autokatalitycznego. W odpowiednich warunkach metabolizm autokatalityczny może ulegać ewolucji – wychodząc z prostego, niezróżnicowanego stanu początkowego i generując sekwencję wysoce zróżnicowanych stanów finalnych. Na podobieństwo współczesnych organizmów, owe stany finalne złożone są z wyspecjalizowanych, specyficznie działających polimerów.

Metabolizm autokatalityczny, co prawda, nie ma zdolności do replikacji w sensie ścisłym, może jednak rozpowszechniać się przez opanowywanie każdego środowiska o odpowiednich własnościach – utrzymując się w nim tak długo, jak długo sprzyjają mu warunki. Może on również generować szereg metabolizmów pokrewnych.

**Specyfika.** Przyjęta w tym modelu zasada ewolucji chemicznej różni się zasadniczo od Eigenowskiej autoreplikacji matrycowej: autokatalityczna produkcja metabolizmu dokonuje się tu samoistnie, to znaczy bez udziału matrycy – co znajduje analogię w teorii Rösslera.

5. **TEORIA AUTOKATALIZY**<sup>9</sup> (Melvin Calvin, Department of Chemistry, University of California, Berkeley). Główna idea to wykazanie, że kwestia powstania życia może stać się przedmiotem wyjaśniania naukowego – bez odwoływania się do jakichkolwiek kataklizmów czy innych zdarzeń mało prawdopodobnych.

Podstawę takiego właśnie – naukowego – wyjaśniania początków życia stanowić ma teoria ewolucji chemicznej. Calvin był jednym z pionierów protobiologii, zrozumiałe jest więc, że formułując swą własną koncepcję biogenezy, obok wysunięcia i uzasadnienia pewnego mechanizmu ewolucji (a mianowicie autokatalizy), który jest specyficzny akurat dla tej teorii, rozwijał jednocześnie metateoretyczne zasady całej dyscypliny. Idea ewolucji chemicznej, tak, jak formułuje ją Calvin, stała się wspólną podstawą wielu innych teorii (choć nie wszystkich).

Podstawowym postulatem tej teorii jest odniesienie pojęcia „ewolucja”, pierwotnie zdefiniowanego wszak w terminach biologicznych, do obszaru materii nieożywionej („What I would like to do is to extend the very same terms into nonbiological systems”). Teoria ta formułuje kolejno (1) ramy czasowe ewolucji chemicznej – w przeciwstawieniu do ewolucji nuklearnej

<sup>9</sup> M. Calvin, *Chemical evolution and the origin of life*, „American Scientist” 1956, v. 44, s. 248–263; M. Calvin, *Chemical evolution*, Eugene OR 1961; M. Calvin, *Chimiczeskaja ewolucyjja*, w: *Problemy ewolucyjnojj i techniczeskojj biochimii*, Moskwa 1964, s. 34–53; M. Calvin, *Chemical evolution*, w: *Evolutionary biology*, v. 1, Amsterdam, 1967, s. 1–25; M. Calvin, *Chemical evolution. Molecular evolution towards the origin of living systems on the Earth and elsewhere*, Oxford 1969; M. Calvin, *Chemische Evolution*, „Naturwissenschaftliche Rundschau” 1976, nr 4, s. 109–112.

z jednej strony i ewolucji biologicznej, z drugiej – a więc już po ukształtowaniu się Ziemi jako planety, ale przed powstaniem żywych istot; (2) mechanizmy zapewniające powstawanie prostych biomolekuł drogą abiogenną; (3) kryterium życia; (4) możliwość znalezienia chemicznych odpowiedników biologicznych pojęć mutacji, co dla molekuł z natury rzeczy nie jest trudne, oraz selekcji – i tu właśnie z pomocą przychodzi zjawisko autokatalizy.

**Specyfika.** Ekstrapolacja pojęcia ewolucji na obszar materii nieożywionej nie jest bynajmniej zabiegiem teoretycznie i filozoficznie bezproblemowym. Calvin, w odróżnieniu od autorów wielu innych teorii, dobrze zdaje sobie z tego sprawę (stąd właśnie akcent na kwestiach metateoretycznych).

6. **TEORIA UOGÓLNIONEJ AUTOKATALIZY**<sup>10</sup> (O.E. Rössler, Lehrstuhl für Theoretische Chemie der Universität Tübingen). Główna idea polega na wykazaniu, że możliwe jest ukształtowanie się autonomicznie rosnącego systemu chemicznego. Podobnie jak w technice wykorzystuje się zasadę łączenia systemów pewnego typu uzyskując przy tym „systemy wyższego rzędu”, które pozostawiają pewną autonomię systemom rzędu niższego, taka sama zasada występuje także w biologii. Możliwa okazuje się też jej realizacja na poziomie chemicznym: już stosunkowo proste układy reakcji chemicznych potrafią wykazywać własności niezwykle w zestawieniu z własnościami wchodzących w ich skład elementów, przy czym systemy takie mogą tworzyć się spontanicznie.

Zaproponowany schemat „uogólnionej reakcji katalitycznej” świadczy o tym, że z każdej cząsteczki A po przebiegu cyklu reakcji powstaje znów cząsteczka A. Substancja A umożliwia zatem reakcję z B i utworzenie C, sama się przy tym nie zużywając. Dotyczy to także substancji C, F, ..., X. Możliwa jest więc „kataliza bez obecności katalizatora” (w sensie węższym). Szczególny przypadek tego rodzaju katalizy zachodzi w takiej sytuacji, gdy współczynnik stechiometryczny całkowitej reakcji  $A \rightarrow A$  (oraz  $C \rightarrow C$  itd.) staje się większy od jedności, mamy do czynienia z czymś więcej niż tylko z „regeneracją” uczestników cyklu: pojawia się fenomen autonomicznego wzrostu. I znów, różnica ze zwykłą autokatalizą polega na tym, że nie ma tu żadnego katalizatora w węższym sensie tego słowa.

Poszukiwany proces „autonomicznego wzrostu drugiego rzędu” od przedstawionego przed chwilą modelu „zwykłego” wzrostu autonomicznego ma się różnić tym, że wzrasta w nim – na zasadach autokatalitycznych – nie liczba powstałych cząsteczek, lecz liczba utworzonych systemów. Warunkom tym odpowiada następujący układ:  $n = f_1(N)$ ;  $N = f_2(n)$  gdzie  $n$  oznacza liczbę

<sup>10</sup> O.E. Rössler, *Ein systemtheoretisches Modell zur Biogenese*, „Zeitschrift für Naturforschung” 1971, v. 26 B, nr 8, s. 741–746; O.E. Rössler, *Chemical automata in homogeneous and reaction diffusion kinetics*, „Springer Lecture Notes in Biomathematics” 1974, v. 4B, s. 399; O.E. Rössler, *Recursive evolution*, „BioSystems” 1979, v. 11, s. 193–199; O.E. Rössler, *Deductive prebiology*, w: *Molecular evolution and protobiology*, New York 1984, s. 375–385.

substancji wchodzących w skład sieci reakcji,  $N$  to liczba początkowo działających cykli,  $f_1$  i  $f_2$  zaś to funkcje rosnące monotonicznie wraz ze wzrostem  $N$  lub  $n$ . Gdy produkty  $f_1$  i  $f_2$  przekroczą wartość 1, ów układ z dodatnim sprzężeniem zwrotnym osiąga stan „ponadkrytyczny”. Po przekroczeniu progu, czyli pewnej krytycznej liczby cykli, nagle wzrasta prawdopodobieństwo tego, że pojawi się jeszcze jeden cykl, a potem już – coraz więcej.

Ów ogólny model ma zastosowanie do „ziemskiej” biogenezy – po spełnieniu pewnych minimalnych warunków odnoszących się do obecności odpowiednich substancji w pierwotnym środowisku.

7. **TEORIA KWANTYTATYWNA**<sup>11</sup> (Steen Rasmussen, Physics Laboratory and Center for Modelling, Nonlinear Dynamics and Irreversible Thermodynamics, Technical University of Denmark, Lyngby).

Główna idea: najważniejszym krokiem w ewolucji prebiotycznej było pojawienie się katalitycznego RNA, ponieważ umożliwiło to zapoczątkowanie tworzenia się struktur kooperatywnych. Matematyczny model kreacji pierwszych realnych systemów genetycznych pozwolić ma między innymi na określenie ilości czasu niezbędnego do emergencji genetycznego systemu autoreplikacji w warunkach prebiotycznych. Ogólnie biorąc, problemy dotyczące emergencji jakościowo nowych cech w systemach dynamicznych z trudem poddają się formalizacji. Tu zastosowanie znalazła teoria grafów przypadkowych, przy czym punkty zaczepienia grafów interpretowane są jako specyficzne typy nośników informacji, strzałki zaś jako interakcje katalityczne. Model ten pokazuje, jak pojawiają się nowe własności systemu wraz z kształtowaniem się sprzężeń autokatalitycznych. Sprzężenia takie pozwalają systemowi prebiotycznemu na wytworzenie i nagromadzenie puli polimerów, a następnie na stopniowe specjalizowanie ich funkcji.

Formalizm teorii grafów przypadkowych zaadaptowany do sytuacji, w której mamy do czynienia z dużą liczbą różnorodnych samoreplikujących się „gatunków” RNA, umożliwia ilościową ocenę średniego tempa tworzenia się cykli sprzężeń autokatalitycznych a także dystrybucji tychże cykli. Po uwzględnieniu aspektów kinetycznych otrzymuje się wyrażenie określające  $t_{em}$ , czyli „czas emergencji pierwszej sieci sprzężeń autokatalitycznych”. W świetle tego modelu wydaje się wysoce prawdopodobne, że do ukształtowania się struktury pierwszych genów opartych na RNA mogło dojść w czasie krótkim w zestawieniu ze skalą geologiczną i w reaktorze o objętości niewielkiego jeziora. Tak skromne wymagania temporalne i spacialne pozwalają przypuszczać, że możliwe okaże się laboratoryjne modelowanie tego procesu

<sup>11</sup> S. Rasmussen, *Toward a quantitative theory of the origin of life*, w: *Artificial life*, Redwood City CA 1989, s. 79–104; S. Rasmussen, R. Knudsen, R. Feldberg, M. Hindsholm, *The coreworld. Emergence and evolution of cooperative structures in a computational chemistry*, „Physica” 1990, v. 42 D, s. 111–134.

(„life *de novo*”), co odpowiadałoby nadziejom zwolenników silnej wersji „artificial life”.

**Specyfika.** Główne zagadnienie tej teorii, jakim jest emergencja układów autokatalitycznych, za centralne uważają też między innymi Kauffman<sup>12</sup> oraz Bagley & Farmer (zob. powyżej). Główna różnica polega na tym, w jaki sposób w ramach danego modelu tworzą się długie nici. Tu mianowicie długie nici mogą powstawać tylko przez dołączanie pojedynczych zasad do już istniejących sekwencji, w innych modelach zaś mogą one powstawać także drogą łączenia się poszczególnych nici między sobą, co powodowałoby, że pula długich polimerów pojawia się niejako *ab initio*.

**8. TEORIA PROTOZYMOWA**<sup>13</sup> (Anastasia Kanavariotti, Department of Chemistry and Biochemistry, University of California, Santa Cruz). Główny zamysł tej teorii to znalezienie wyjścia z trudności, jaką dla wszelkich koncepcji „świata RNA” (*vide* na przykład Gilbert) stwarza konieczność uzyskania dużej i zróżnicowanej populacji cząsteczek RNA z aktywowanych rybomononukleotydów na drodze nieenzymatycznej syntezy matrycowej (*template-directed*, TD). Przyjęta w ramach tej teorii hipoteza protozymowa głosi, że w ramach populacji powstających w warunkach abiotycznych peptydów i polinukleotydów oraz ich analogów, niektóre molekuly uzyskały pewne własności katalityczne. Nadana im nazwa „protozimy” podkreślać ma to, że stanowią one pierwsze (proto)katalizatory o naturze organicznej, przy czym końcówka „-zyme” nie przesądza, czy chodzi tu o cząsteczkę peptydu, czy RNA, czy też zbliżoną do RNA. W początkowych fazach procesu TD wystarczały krótkie protozimy o minimalnej aktywności enzymatycznej, natomiast w późniejszych fazach potrzebne były dłuższe i bardziej efektywne. Hipoteza o istnieniu protozymów znajduje poparcie w fakcie, że aktywność katalityczną mogą wykazywać już nawet bardzo krótkie peptydy i cząsteczki RNA.

Scenariusz prebiotycznej syntezy „świata RNA” obejmuje trzy stadia. (1) Synteza oligonukleotydów katalizowana przez jony metali i powierzchnie minerałów, prowadząca do powstania krótkich oligomerów zbliżonych do RNA, liczących od dwóch do dziesięciu zasad azotowych (N<sub>2</sub>-N<sub>10</sub>), bez specyficznej sekwencji. Niektóre z nich mogły łączyć się w łańcuchy liczące do dwudziestu zasad. (2) Oligomery te posłużyły jako matryce do syntezy oligonukleotydów i wydłużania krótkich łańcuchów. Niektóre z nich mogły okazać się protozymami i katalizować takie procesy jak synteza rybonukleotydów. (3) W obecności aktywowanych reagentów i przy udziale katalizatorów mineralnych niektóre z polimerów mogły osiągać długość rzędu stu jednostek.

<sup>12</sup> S.A. Kauffman, *Origins of order in evolution: self-organization and selection*, „Journal of Theoretical Biology” 1986, v. 119, nr 1, s. 1–24.

<sup>13</sup> A. Kanavariotti, *Template-directed chemistry and the origins of the RNA world*, „Origins of Life and Evolution of the Biosphere” 1994, v. 24, s. 479–494.



One z kolei działały jako matryce i przedłużały krótkie oligomery – przy asyście protozemu zbliżonego do polimerazy. Wraz z postępującą dywersyfikacją pojawiały się też doskonalsze protozomy – ale przypadkowo, nie zaś wskutek działania doboru.

**Specyfika.** W ramach tej teorii powstanie protokomórek nie było rezultatem jednej „potężnej” reakcji i nie daje się zamknąć w jednej formule, jak chciałoby wielu badaczy.

9. **TEORIA CYKLU CIEPLNEGO**<sup>14</sup> (David A. Usher, Chemistry Laboratory, Cornell University, Ithaca). Główna idea, to wykorzystanie cyklicznych (na przykład dobowych) zmian temperatury jako mechanizmu powstawania biopolimerów w pierwotnym środowisku. Ideę tę ilustruje taki oto prosty schemat. W fazie gorącej makromolekuły pozostałe z poprzedniej fazy cyklu cieplnego mają postać pojedynczych nici. Gdy Słońce zachodzi i temperatura spada, różnorodne nici (a także monomery) mogą łączyć się między sobą (wiązaniami wodorowymi). Skoro brak jest jednak enzymów (a w każdym razie brak enzymów wystarczająco efektywnych), to należy przyjąć, że stopa błędów jest wysoka. Gdy dwa monomery należące do różnych łańcuchów zostaną przytwierdzone do pewnej matrycy słabym wiązaniem wodorowym, mogą one utworzyć między sobą wiązanie kowalencyjne, tworząc w ten sposób dłuższą nić. Tym sposobem długa nić może działać jako matryca w stosunku do samej siebie – umożliwiając swą własną replikację, przynajmniej częściową. Gdy Słońce wschodzi i temperatura rośnie, słabe wiązania wodorowe pękają, natomiast silne wiązania kowalencyjne pozostają nienaruszone. Znowu zatem mamy kolekcję pojedynczych nici, z tym, że długie łańcuchy są teraz liczniejsze.

**Swoistość.** Idea cyklu cieplnego jako motora ewolucji przedbiologicznej odgrywa ważną rolę także w teorii Kuhna<sup>15</sup> oraz Andersona i Steina<sup>16</sup>, z tym, że u Kuhna, podobnie jak tu, pełni ona funkcję głównej siły napędowej całego procesu, dwaj pozostali zaś autorzy uznają teoretyczną atrakcyjność tej idei tylko w sferze zjawisk gromadzenia informacji prebiotycznej, natomiast w zakresie zróżnicowania zdolności przeżycia i mechanizmu selekcji odwołują się do formalizmu szkła spinowego.

<sup>14</sup> D.A. Usher, *Early chemical evolution of nucleic acids. A theoretical model*, „Science” 1977, v. 196, s. 311–313; Usher D.A., McHalle A.H., *Hydrolytic stability of helical RNA. A selective advantage for the natural 3', 5' bond*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA” 1976, v. 73, s. 1149–1153; D.A. Usher, A. H. McHalle, *Nonenzymatic joining of oligoadenylates on a poliuridic acid template*, „Science” 1976, v. 192, s. 53–54.

<sup>15</sup> H. Kuhn, *Selbstorganisation molekularer Systeme und die Evolution des genetischen Apparates*, „Angewandte Chemie” 1972, nr 9, s. 838–862.

<sup>16</sup> P.W. Anderson, D.L. Stein, *A model for the origin of biological catalysis*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA” 1984, v. 81, nr 6, s. 1751–1753.

10. **TEORIA SAMOORGANIZACJI SYSTEMÓW MAKROMOLEKULARNYCH**<sup>17</sup> (Lloyd Demetrius, USA). Głównym zadaniem teorii ewolucji prebiotycznej powinno być wyjaśnienie przejścia od przypadkowo tworzących się oligomerów do stabilnej samoreplikującej się jednostki. Teoria ta proponuje matematyczny model samoorganizacji, uwzględniający w szczególności wyniki badań eksperymentalnych nad dwoma przypadkami makromolekularnego montażu (*assembly*): polimerazy DNA i replikazy Q-beta. Przyjęty tu mechanizm samoorganizacji nie ogranicza się do przypadkowego dryftu i doboru naturalnego – jak to ma miejsce na gruncie biologii populacyjnej w klasycznych pracach Wrighta i Fishera – ale uwzględnia także organizujący wpływ przypadkowych czynników środowiskowych na dobór naturalny. Do scharakteryzowania wpływu tych czynników na ewolucję makromolekuł zaadaptowane zostało pojęcie wartości przystosowawczej (*adaptive value*) używane wcześniej w genetyce populacyjnej. W kontekście ewolucji prebiotycznej opisuje ono korelację między zmiennością środowiska a tempem replikacji i mutacji makromolekuł.

Model samoorganizacji oparty został na analogii między mechaniką statystyczną i genetyką populacyjną. W szczególności fundamentalna zasada równowagowej mechaniki statystycznej, która głosi, że stan równowagi charakteryzuje się minimalizacją energii swobodnej okazuje się odpowiednikiem podstawowej tezy teorii doboru naturalnego, zgodnie z którą stanowi równowagi odpowiada maksymalna wartość parametru maltuzjańskiego (obejmującego rozrodczość i wymieranie). Obie te zasady odnoszą się wszakże do systemów bez interakcji z otoczeniem.

Pojęcie wartości przystosowawczej pozwala na uogólnienie zasady doboru naturalnego z uwzględnieniem wpływów środowiskowych na dynamikę populacji. W rezultacie okazuje się, że możliwe jest powstawanie zorganizowanych struktur nie w rezultacie maksymalizacji parametru maltuzjańskiego, lecz pod wpływem szumów środowiska: one to właśnie zmuszają system do przejścia do nowego stanu, charakteryzującego się maksymalną wartością przystosowawczą.

**Specyfika.** Uwzględnienie wpływu czynników środowiskowych i potraktowanie ich jako siły organizującej różni tę teorię od innych modeli odwołujących się do związku między mechaniką statystyczną i biologią ewolucyjną, w szczególności modeli Andersona i Dysona.

---

<sup>17</sup> L. Demetrius, *Selection and evolution in macromolecular systems*, „Journal of Theoretical Biology” 1983, v. 103, nr 4, s. 619–643; L. Demetrius, *Self-organization in macromolecular systems: the notion of adaptive value*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA” 1984, v. 81, nr 19, s. 6068–6072; L. Demetrius, *The meaning of selective advantage in macromolecular evolution*, „Chemica Scripta” 1986, v. 26 B, s. 67–72.

11. **TEORIA STEREOCHEMICZNA, „C<sub>4</sub>N THEORY”<sup>18</sup>** (Mikio Shimizu, Institute of Space and Aeronautical Science, Tokyo University). Główna idea: powstanie życia było rezultatem fizyczno-chemicznej konieczności; w szczególności, takie istotne cechy układów żywych jak kod genetyczny czy aktywność optyczna mają przyczyny natury stereochemicznej nie są zaś dziełem „zamrożonego przypadku”. Najważniejsza teza głosi, że centralną rolę w kształtowaniu się mechanizmów syntezy białka odegrał fakt, że kompleks złożony z czterech nukleotydów (nazwany krótko: C<sub>4</sub>N), w tym trzech zasad antykodonowych i jednej zasady rozpoznającej, miał taką budowę przestrzenną, że tworzył swego rodzaju kieszeń – zdolną do rozpoznawania odpowiedniego aminokwasu. „Kieszeń” ta w prymitywnym tRNA miała konstrukcję bardzo prostą, później dopiero uzyskała kształt precyzyjny, od początku jednak zdolna była do rozpoznawania aminokwasów typu L. Rolę prymitywnego tRNA odegrała „połówka” tRNA.

**Specyfika.** W przeciwieństwie do teorii „zamrożonego przypadku” (*the frozen accident theory*), która głosi, że kodony przypisane zostały poszczególnym aminokwasom, co prawda, raz na zawsze, ale na zasadzie loterii, teoria C<sub>4</sub>N stwierdza, że relacja ta została zdeterminowana względami strukturalnymi równie ściśle, jak dopasowanie klucza do zamka („a key hole – key relation”).

Kluczowe stadium proponowanego scenariusza wygląda następująco. Prymitywna cząsteczka rRNA (w formie tak zwanego *hairpin*) przyciągała dwie T-pętle „pół-tRNA” na mRNA umożliwiając dwóm aminokwasom przytwierdzonym do końcówek „pół-tRNA” utworzenie wiązania peptydowego. Współczesna syntetaza jest dimerem złożonym z dwóch takich samych monomerów, którą to funkcję mogła pełnić prymitywna syntetaza w stadium „pół-tRNA”. W późniejszym stadium dwa monomery prymitywnej syntetazy połączyły się antyrównolegle tworząc dimer, zdolny już do budowania dwóch bloków C<sub>4</sub>N. Aby w drugim stadium mogło dojść do utworzenia się kompleksu prymitywna synteza „pół-tRNA” – prymitywny rybosom musiał wcześniej istnieć najprostszy tRNA z pętlą antykodonową i zasadą rozpoznającą ale bez pętli T – co nie wymagało obecności ani syntetazy, ani rybosomu. To właśnie było stadium pierwsze.

<sup>18</sup> M. Shimizu, *Origin and evolution of the genetic code*, w: *Origin of life*, Dordrecht 1981, s. 423–430; M. Shimizu, *Evolution of the terrestrial atmosphere and its fossils in biosystems*, w: *Origin of life*, Dordrecht 1981, s. 465–471; M. Shimizu, *Origin of chirality. A structural theory*, „Origins of Life” 1984, v. 14, s. 397–404; M. Shimizu, *Origin and evolution of heredity-metabolism system*, „Origins of Life” 1984, v. 14, s. 531–538.

12. **TEORIA PREBIOEKTONÓW**<sup>19</sup> (Noam Lahav, Faculty of Agriculture, The Hebrew University of Jerusalem). Główna idea głosi, że biotyczna synteza krótkich nici zbliżonych do RNA, nazwanych prebioektonami, dokonywała się na posiadanych przez nie domenach matrycowych pod działaniem fluktuujących wpływów ze strony środowiska, przy czym wpływ ten miał być dominujący również w następnej fazie ewolucji, czyli kształtowaniu się matrycowej syntezy białka. W myśl tej teorii, krótkie, samoformujące się łańcuchy prebioektonów posiadały pewne domeny zdolne do przyłączania aminokwasów i z tej racji stały się prekursorami tRNA (proto-tRNA). Narzucane przez środowisko cykle, np. nawilżania i osuszania, prowadziły do tworzenia się na prebioektonach domen komplementarnych, a następnie do oddysocjowywania ich domen matrycowych i wiązania (ligacji) z utworzeniem prekursorów mRNA (proto-tRNA).

**Specyfika.** Teoria ta stanowi próbę syntezy popularnej w ostatnich latach koncepcji "świata RNA" i odsuniętych przez nie nieco w cień wizji "świata białek". Idea bardzo wczesnej kooperacji między prymitywnymi prekursorami RNA i peptydami uwzględnia dwa istotne fakty, z jednej strony – brak eksperymentalnych świadectw na rzecz możliwości prebiotycznej syntezy RNA (vide Shapiro, Joyce, Kanavariotti), z drugiej zaś – łatwość syntezy aminokwasów.

## UWAGI KOŃCOWE

Nauka o powstaniu życia liczy sobie już kilka dziesięcioleci. Jej dorobek z trudem jednak toruje sobie drogę nie tylko do szerszej świadomości, ale nawet do kręgów specjalistów. Co więcej, podejmowane niekiedy próby prezentacji teoretycznych badań nad biogenezą przynoszą efekty – delikatnie mówiąc – zgoła niefortunne i to nawet (czy też: zwłaszcza) wówczas, gdy podejmowane są przez uczonych-przyrodników twórczo pracujących w tej dziedzinie. Nadzwyczaj wyrazistym przykładem jest (wydana przez renomowaną skądinąd oficynę) książka Noama Lahava;<sup>20</sup> teorie biogenezy spotykamy w niej (głównie) w tytule. Pisałem już o tym w swoim czasie dość

<sup>19</sup> N. Lahav, *The synthesis of primitive 'living' forms: definitions, goals, strategies and evolution synthesizers*, „Origins of Life” 1985, v. 16, nr 2, s. 129–149; N. Lahav, *Exon-intron-like pattern of the first propagating molecule?*, „Journal of Molecular Evolution” 1989, v. 29, nr 6, s. 475–479; N. Lahav, *Prebiotic co-evolution of self-replication and translation of RNA world?*, „Journal of Theoretical Biology” 1991, v. 151, s. 531–539; N. Lahav, S. Chang, *The possible role of solid surface area on condensation reactions during chemical evolution: reevaluation*, „Journal of Molecular Evolution” 1976, v. 8, nr 4, s. 357–380; N. Lahav, D. White, *The possible role of clay-water systems in the production of ordered oligomers and polymers*, „Journal of Molecular Evolution” 1980, v. 16, nr 1, s. 11–21.

<sup>20</sup> N. Lahav, *Biogenesis. Theories of life's origin*, Oxford University Press, New York 1999.

obszernie,<sup>21</sup> wskazując na jedną z przyczyn tego rodzaju zjawisk, jaką jest brak filozoficznej samoświadomości uczonych. Niestety, wydana niedawno encyklopedia astrobiologii<sup>22</sup> (imponująca skądinąd w zamyśle i niewątpliwie pożyteczna w warstwie empiryczno-faktograficznej) nie stanowi pod tym względem wyjątku. Innym już jednak razem spróbuję napisać o tym, jak sportretowana w niej została (a raczej: dlaczego, wbrew deklaracjom, *nie* została) nauka o biogenezie w warstwie teoretycznej (i filozoficznej). Tu wyrażę tylko na zakończenie nadzieję, że inna encyklopedia (do której tekst niniejszy stanowi jedną z przysmiarek) brak ten będzie mogła wyrównać.

### **THEORETICAL MODELS OF PREBIOLOGICAL EVOLUTION**

#### **ABSTRACT**

The problem of philosophical foundations of the theories of prebiological evolution and life's origin has been vividly discussed in the recent years. As it outcomes, the opinion according which a "mature" branch of science can and should be "philosophy-free" (expressed by academic philosophers of neopositivistic orientation) is, unfortunately, shared sometimes also by scientists themselves. In the present article it is argued that the lack of philosophical consciousness by some origin-of-life researchers may deeply cause an erroneous presentation of this branch of science.

**Keywords:** life's origin, self-organization, theories of prebiological evolution.

Adres Autora: wlugowsk@ifispan.waw.pl

---

<sup>21</sup> W. Ługowski, *Caveat emptor, czyli o naukowości teorii biogenezy*, „Zagadnienia Naukoznawstwa” 2004, nr 4, s. 713–728.

<sup>22</sup> M. Gargaud (editor in chief), *Encyclopedia of Astrobiology*, Springer, Berlin 2011.