

Radosław Siedliński

Genocentryzm versus teoria systemów rozwojowych. Dwa konkurencyjne sposoby rozumienia informacji w biologii współczesnej

Obserwacja rozwoju dowolnego żywego organizmu napawa nas zdumieniem: jak to możliwe, że pojedyncza komórka jajowa jest w stanie, poprzez szereg podziałów, rozwinąć się do postaci embrionu, który następnie przekształca się w kompletny, nieprawdopodobnie złożony organizm? Zdumienie to prowadzi z kolei do zadania pytania o mechanizmy tak niebywalej przemiany. Jak jest ona możliwa? Jakie czynniki ją determinują? Mamy tu do czynienia ze szczegółową postacią ogólniejszego zagadnienia: jakie jest źródło porządku w biosferze?

Na pytanie to udzielano rozmaitych odpowiedzi. Wskazywano na udział czynnika celowo działającego w świecie (William Paley), odwoływano się do ślepego mechanizmu doboru naturalnego (Karol Darwin), sugerowano działanie praw fizyki (D'Arcy Thompson), zwracano uwagę na zjawisko emergencji (Charlie Dunbar Broad). W latach pięćdziesiątych XX wieku pod wpływem inspiracji czerpanych z obszaru teorii informacji oraz cybernetyki udzielono odpowiedzi specyficznej: czynnikiem determinującym jest *informacja*. Układy żywe tym się różnią od nieożywionych, że są kontrolowane przez informację, która podlega ciągłej modyfikacji oraz historycznej kumulacji, natomiast z pokolenia na pokolenie jest przekazywana drogą

genetyczną. W tym samym czasie opisano przestrzenną strukturę DNA (Francis Crick, James Watson), nieco później zaś ścisłą zależność między nią a strukturą łańcuchów białkowych (Heinrich Matthaei, Marshall Nirenberg). Po tych przełomowych odkryciach stopniowo upowszechniła się idea, że informacja determinująca rozwój osobniczy (ontogenezę) organizmu jest zapisana w sekwencjach nukleotydów tworzących łańcuch DNA. Tym samym informacja rozwojowa została utożsamiona z molekularną informacją genetyczną.

Sposób myślenia o świecie ożywionym zdominowany został przez model genocentryczny, który w połowie lat sześćdziesiątych XX wieku był już dobrze ukształtowaną strukturą epistemologiczną¹. Za jego fundamenty uznać można przypisywanie cząsteczce DNA dwóch cech, którymi są: zdolność do replikowania samej siebie oraz zdolność do budowania innych cząsteczek. Przekonanie o występowaniu obu cech, aczkolwiek powszechne, jest fałszywe². Uzupełnione sformułowaną jeszcze na początku lat sześćdziesiątych ideą tzw. programu genetycznego, głoszącą, iż „genom zawiera nie tylko zestaw planów budowy [organizmu], lecz również skoordynowany program syntezy białek wraz ze środkami kontrolującymi jego wykonanie”³, konstytuują zaś paradygmat genocentryczny obowiązujący we współczesnej biologii⁴. W jego ramach molekularnie rozumiane geny obdarzono wyjątkową mocą sprawczą, zadanie kompletnego opisanie ludzkiego genomu uznano zaś za „Święty Graal” biologii⁵. Amerykański ewolucjonista i genetyk Richard Lewontin podsumował taką sytuację słowami: „Bio-

¹ Zob. S. M. Downes, *Biological Information*, w: *The Philosophy of Science: An Encyclopedia*, ed. S. Sarkar, J. Pfeifer, New York 2004, s. 64–68.

² Zob. R. Lewontin, *It ain't Necessarily so. The Dream of the Human Genome and Other Illusions*, New York 2001, s. 139–141.

³ F. Jacob, J. Monod, *Genetic Regulatory Mechanisms in the Synthesis of Proteins*, „Journal of Molecular Biology” 3 (1961) iss. 3, s. 354 (jeśli nie zaznaczono inaczej, tłum. własne).

⁴ Zob. P. Łuków, C. Żekanowski, *Pojęcie genu i genocentryczny paradygmat biologii*, „Przegląd Filozoficzny” 14 (2005) nr 53, s. 85–105.

⁵ Zob. W. Gilbert, *A Vision of the Grail*, w: *The Code of Codes. Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*, ed. D. J. Kevles, L. Hood, Cambridge 1992, s. 83–97.

logia molekularna jest dziś religią, a biologowie molekularni są jej prorokami”⁶.

W centrum współczesnej biologii znajduje się zatem pojęcie informacji, bez którego trudno wyobrazić sobie dziś uprawianie wielu kluczowych dyscyplin biologicznych. Przy jego pomocy można scharakteryzować zarówno rozmaite typy procesów biologicznych, jak i dyscypliny je badające⁷. Z tej perspektywy np. biologia molekularna zajmuje się badaniem sposobu, w jaki informacja zapisana w DNA wykorzystywana jest do budowania białek; biologia rozwoju bada, jak informacja genetyczna kształtuje fenotyp od postaci zygoty aż do dorosłego osobnika; biologia ewolucyjna stara się odpowiedzieć na pytanie, w jaki sposób informacja genetyczna w ogóle została zapisana w DNA w takiej, a nie innej postaci oraz jak zmienia się ona w czasie. Również sedno badań nad bio gen e z ą można wyrazić w postaci pytania o pochodzenie informacji genetycznej⁸. Jednak pomimo powszechnego w biologii operowania pojęciem informacji, ustalenie, co dokładnie się pod nim kryje, nastęrcza wielu kłopotów i jest wciąż przedmiotem debat.

Wydaje się, że najmniej kontrowersyjnym i najlepiej poznanym mechanizmem informacyjnym obecnym w świecie ożywionym jest funkcjonowanie tzw. kodu genetycznego⁹. Mianem tym opatrzone stałą zależność między kolejnością nukleotydów w łańcuchu DNA a kolejnością aminokwasów w łańcuchu białkowym. Dokładniej rzecz ujmując: łańcuch DNA zbudowany jest z czterech typów nukleotydów (A, C, G, T), których kolejne trójki (tzw. tryplety lub kodony) odpowiadają poszczególnym aminokwasom będącym komponentami łańcucha polipeptydowego, tworzącego białko. Istnieje jednoznaczne przyporządkowanie między liniową

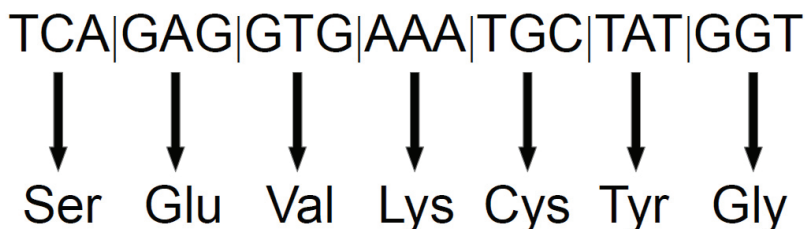
⁶ R. Lewontin, *It ain't Necessarily so...*, dz. cyt., s. 137.

⁷ Zob. E. Szathmáry, J. Maynard Smith, *The Major Evolutionary Transitions*, „Nature” 374 (1995), s. 227–232.

⁸ Zob. B. O. Küppers, *Geneza informacji biologicznej. Filozoficzne problemy powstania życia*, tłum. W. Ługowski, Warszawa 1991.

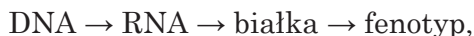
⁹ Zob. P. Godfrey-Smith, K. Sterelny, *Biological Information*, w: *The Stanford Encyclopedia of Philosophy (Summer 2016 Edition)*, ed. E. N. Zalta, <https://plato.stanford.edu/entries/information-biological> (22.11.2017).

sekwencją trypletów a liniową sekwencją aminokwasów w łańcuchu białkowym:



Właśnie ze względu na ów fakt struktura DNA traktowana jest jako nośnik informacji o tzw. pierwszorzędowej strukturze białek. Zanim jednak informacja zakodowana w DNA zostanie przełożona na białka, muszą zajść inne procesy. Informacja ta jest najpierw przepisywana (w procesie transkrypcji) z DNA na inny kwas nukleinowy – RNA, a następnie tłumaczona (w procesie translacji) z RNA na białko¹⁰.

Szczegóły całego mechanizmu są dobrze poznane, a używanie do jego opisu terminologii informacyjnej nie budzi kontrowersji. Niemniej jednak informacyjna (również w znaczeniu – „formująca”, „przyczynująca”) interpretacja roli pełnionej przez DNA w komórce rozciąga się daleko poza kodowanie struktury pierwszorzędowej. Białka, będące podstawowymi składnikami strukturalnymi i funkcjonalnymi komórek, zaangażowane są bowiem w konstrukcję kompletnego fenotypu. Otrzymujemy zatem następujący schemat:



¹⁰ Operowanie terminologią opartą na pojęciu informacji oraz szeregu pojęć z nią sprzężonych („kod”, „program”, „translacja”, „transkrypcja” *etc.*) jest charakterystyczne dla genocentryzmu (zob. P. Łuków, C. Żekanowski, *Pojęcie genu...*, dz. cyt.). Wplecenie tego rodzaju terminów w siatkę pojęciową nowoczesnej biologii molekularnej jest efektem inspiracji czerpanych przez jej pionierów (M. Delbrücka, J. Lederberga, F. Cricka, J. Watsona i in.) bezpośrednio z matematycznej teorii informacji, cybernetyki oraz informatyki (zob. M. Cobb, *Największa tajemnica życia. Jak rozszyfrowano kod genetyczny*, tłum. A. Tuz, Warszawa 2017).

w którym strzałki przedstawiają zachodzenie relacji przyczynowania czy też determinowania kolejnych etapów. Tym samym DNA urasta do rangi *causa prima* żywego organizmu¹¹. W taki oto skrajnie uproszczony sposób rola DNA postrzegana jest często zarówno przez naukowców, jak i przez laików zainteresowanych nauką¹².

Kłopot polega jednak na tym, że redukcjonowanie komórki do zestawu białek jest uproszczeniem. Do jej prawidłowego funkcjonowania niezbędnych jest wiele innych związków chemicznych (kwasów tłuszczowych, cukrów, jonów), które nie są kodowane przez DNA. I dopiero niezwykle złożona sieć łączących je relacji chemicznych (ostatnia strzałka na powyższym schemacie) tworzy kompletny fenotyp komórkowy. Ciężko wobec tego uznać go za bezpośredni efekt odczytu informacji genetycznej¹³. Żywy organizm to złożony system współzależnych reakcji chemicznych, którego stabilność i funkcjonalność zależą od wielu rozmaitych czynników wewnętrznych i zewnętrznych (środowiskowych).

Szczególnie często informacja genetyczna przywoływana bywa w dwóch przypadkach: w celu wyjaśnienia procesów rozwojowych (informacja genetyczna = informacja rozwojowa) oraz jako czynnik wyjaśniający międzypokoleniowe przekazywanie cech, czyli zjawisko dziedziczności (informacja genetyczna = informacja dziedziczna). W niniejszym artykule odwoływać się będę przede wszystkim do pierwszego, rozwojowego rozumienia pojęcia informacji. W jego dalszej części przedstawię funkcjonujące w literaturze przedmiotu dwa różne rozumienia pojęcia informacji biologicznej (bioinformacji). Najpierw krótko omówię inspirowane matematyczną teorią informacji stosunkowo proste ujęcie kauzalne. Następnie przedstawię bogatsze od niego ujęcie intencjonalne (semantyczne) autorstwa Johna Maynarda Smitha, wydające się lepszym kandydatem dla peł-

¹¹ Przytoczyć tu można komentarz filozofa biologii Davida Hulla, który stwierdził, że za wyjątkiem transmisji kulturowej u niektórych gatunków zwierząt geny są jedyną przyczyną istnienia uporządkowanych struktur w świecie istot żywych. Zob. K. Sterelny, K. C. Smith, M. Dickson, *The Extended Replicator*, „Biology and Philosophy” 11 (1996), s. 380.

¹² Zob. E. F. Keller, *The Century of the Gene*, Cambridge 2000.

¹³ Zob. D. Noble, *The Music of Life. Biology Beyond Genes*, Oxford 2006.

niejszego oddania specyfiki bioinformacji. W dalszej kolejności zaprezentuję wybrane zarzuty stawiane genocentrycznemu podejściu Maynarda Smitha przez krytyków oraz przedstawię konkurencyjne ujęcie intencjonalności autorstwa Ewy Jablonki. Następnie przejdę do prezentacji tzw. teorii systemów rozwojowych, operującej diametralnie odmiennym rozumieniem pojęcia bioinformacji i pozostającej w wyraźnej opozycji wobec genocentryzmu.

1. Kausalne rozumienie informacji – informacja jako korelacja – *parity thesis*

W ujęciu tym informacją jest cokolwiek, co zmienia stan fizyczny układu. Dokładniej rzecz ujmując: informacja jest tu pewną mierzalną własnością sygnału przesyłanego przez kanał łączący dwa układy fizyczne, z których jeden jest nadawcą, a drugi – odbiorcą. Informacja jest więc k o r e l a c j ą między stanami, w których znajdują się dwa układy fizyczne. Odbiornik uznać można za nośnik informacji o źródle, jeżeli jego stany są systematycznie skorelowane ze stanami źródła. Odbiornik dostarcza więcej informacji o źródle, jeżeli jego obserwacja pozwala na bardziej dokładny opis jego stanu fizycznego, mniej – jeżeli pozwala na opis mniej dokładny. W tym sensie dym niesie informację o ogniu, fenotyp zaś niesie informację o genotypie¹⁴. Posługiwanie się tego typu rozumieniem informacji nie wprowadza żadnego specjalnego rodzaju relacji lub własności. Zakłada się przy tym, że obserwowane korelacje zakotwiczone są w faktycznych relacjach przyczynowych, ufundowanych na znanych nauce (bądź możliwych do poznania) prawach przyrody.

Ujęcie to okazuje się jednak niewystarczające dla tych badaczy, którzy chcą uchwycić specyfikę informacji zapisanej w DNA. Chcąc przy jego pomocy opisać relację między genotypem a fenotypem, możemy rzecz jasna potraktować geny jako źródło informacji, środowisko jako kanał przesyłu, fenotyp zaś jako jej odbiorcę. Jest to możliwe, zważywszy na fakt istnienia wyraźnej korelacji między

¹⁴ Zob. P. Griffiths, *Genetic Information: A Metaphor in Search of a Theory*, „Philosophy of Science” 68 (2001), s. 394–412.

pewnymi fragmentami DNA kodującymi białka (genami) a pewnymi cechami fenotypowymi. Nic jednak nie powstrzymuje nas przed odwróceniem sytuacji i stwierdzeniem, że korelacja zachodzi między elementami środowiska a fenotypem. Wówczas geny traktować możemy jako kanał przekazywania informacji, a nie jako jej źródło. Na gruncie kauzalnej teorii informacji zabieg taki jest jak najbardziej możliwy i nie budzi kontrowersji. Krótko mówiąc: czynniki środowiskowe również mogą być traktowane jako źródło informacji o fenotypie. Konsekwencje takiego stanu rzeczy są treścią zasady opatrywanej w filozofii biologii mianem *parity thesis*, głoszącej, że uprzywilejowywanie jednych typów przyczyn kosztem innych jest nadużyciem mogąącym prowadzić do błędnych wniosków¹⁵. Tym samym twierdzenie, iż wyłącznie geny traktować można jako źródło informacji biologicznej, na gruncie ujęcia kauzalnego byłoby trudne do obronienia. Wydaje się zatem, że kauzalne rozumienie informacji jako korelacji między stanami układów fizycznych jest zbyt słabe, aby oddać specyfikę informacji genetycznej.

2. Intencjonalne rozumienie informacji – ujęcie Johna Maynarda Smitha

Chcąc opisać zależność między genami a białkami tudzież cechami fenotypowymi, potrzebujemy pojęcia informacji zdolnego oddać fakt, że poszczególne układy i organy istnieją w istotach żywych po coś, że mają konkretne zadanie do spełnienia¹⁶. Część badaczy skłoniło to do poszukiwania bogatszego ujęcia bioinformacji. Jedną z częściej dyskutowanych w najnowszej literaturze propozycji jest koncepcja przedstawiona przez wybitnego brytyjskiego ewolucjonistę

¹⁵ Zob. P. Griffiths, R. Knight, *What Is the Developmentalist Challenge?*, „Philosophy of Science” 65 (1998) no. 2, s. 253–258.

¹⁶ Klasycznym przykładem pokazującym słabość ujęcia kauzalnego jest serce, które pompując krew, równocześnie wydaje dźwięki. Między skurczami mięśnia sercowego a krążeniem krwi w żyłach oraz słyszeniem przez nas dźwięku bicia istnieje ewidentna relacja przyczynowa. Niemniej funkcją serca nie jest wydawanie dźwięku, lecz wyłącznie pompowanie krwi. Zob. L. Wright, *Functions*, „The Philosophical Review” 82 (1973) no. 2, s. 139–168.

Johna Maynarda Smitha. Fundamentalne jego zdaniem rozróżnienie w biologii zachodzi między przyczynami genetycznymi a środowiskowymi. Tylko cechy determinowane genetycznie mogą być dziedziczone, a te zależne od środowiska wprost przeciwnie. Tym samym podstawowy mechanizm ewolucji – dobór naturalny – może operować wyłącznie na dziedzicznym materiale genetycznym. Ten zaś decyduje o poziomie dostosowania organizmu będącego jego nosicielem do środowiska. Do wyrażenia tej zależności potrzebne jest odpowiednio bogate pojęcie informacji¹⁷.

W biologii stwierdzenie, że A niesie informację o B, pociąga za sobą stwierdzenie, że A posiada taką, a nie inną postać dlatego, że niesie tę informację. Cząsteczka DNA ma konkretną sekwencję [nukleotydów] dlatego, że wyznacza konkretne białko; chmura nie jest ciemna dlatego, że zwiastuje deszcz. Źródłem owej intencjonalności jest dobór naturalny¹⁸.

Ażeby uchwycić specyfikę świata ożywionego, potrzebujemy zatem rozumienia informacji zdolnego wyrazić celowość. Kodująca sekwencja nukleotydów w DNA ma zaś bardzo konkretny cel: konstrukcję odpowiedniego białka. Możemy zatem uznać gen za nośnik informacji ze względu na cel, rozumiany tu jako funkcja pełniona w organizmie przez zakodowane w nim białko. Krótko mówiąc: gen zawiera informację nie przez wzgląd na korelację z cechą fenotypową, lecz przede wszystkim dlatego, że jego funkcją jest wytworzenie tejże konkretnej cechy (poprzez konstrukcję białka w nim zakodowanego). Geny są intencjonalnie nakierowane na efekt: kodują konkretną cechę, a ich funkcją jest powodowanie pojawienia się tejże cechy¹⁹. Ostatecznym celem całości informacji zakodowanej w genomie jest zbudowanie kompletnego i zdolnego do życia organizmu. Za tak rozumianą intencjonalnością nie stoi oczywiście jakikolwiek celowo działający agent, lecz ślepy proces ewolucji w drodze doboru

¹⁷ Zob. J. Maynard Smith, *The Concept of Information in Biology*, „Philosophy of Science” 67 (2000) no. 2, s. 177–194.

¹⁸ J. Maynard Smith, *The Concept of Information...*, dz. cyt., s. 189–190.

¹⁹ Zob. P. Łuków, C. Żekanowski, *Pojęcie genu...*, dz. cyt., s. 94.

naturalnego faworyzujący osobniki o wyższym poziomie dostosowania. Można zatem rzec, iż DNA zawiera zakodowane instrukcje, jak wytworzyć cechy fenotypowe, które były faworyzowane przez dobór w procesie ewolucji. Propozycja Maynarda Smitha jest zatem wyraźnie genocentryczna: nośnikami intencjonalnie rozumianej informacji są w niej wyłącznie molekularnie traktowane geny.

Uzasadniając konieczność przyjęcia mocniejszego niż tylko kauzalne rozumienia informacji biologicznej, Maynard Smith wskazuje na dwie specyficzne własności kodu genetycznego: jego arbitralność oraz podatność na błędy. **A r b i t r a l n o ś ć** kodu genetycznego zasadza się na fakcie, że nie widać żadnej chemicznej konieczności, aby tryplety nukleotydowe kodowały aminokwasy akurat w ten sposób, który faktycznie obserwujemy w naturze. Kod genetyczny mógłby być inny. W tym sensie można mówić, że ma on charakter symboliczny²⁰. Relacja między genem a cechą fenotypową z nim skorelowaną nabiera w tym ujęciu charakteru podobnego do relacji łączącej słowo z obiektem nim opisywanym. Druga własność kodu – **p o d a t n o ś ć** **n a** **b ł ę d y** **w** **o d c z y c i e** (*misreading*) – wydaje się równie ciekawa. Jeżeli przyjmiemy, że gen nie jest wyłącznie skorelowany z cechą fenotypową, lecz zawiera zakodowaną informację niezbędną do jej zaistnienia, to brak danej cechy w fenotypie (lub pojawienie się cechy nietypowej) traktować można jako efekt błędnego odczytania informacji genetycznej. Co więcej, okazuje się, że komórki zawierają wyspecjalizowaną maszynę białkową, istniejącą właśnie po to, aby znajdować i korygować takie błędy²¹. Łatwo zauważyć, że w przypadku informacji rozumianej wyłącznie jako korelacja taka sytuacja nie zachodzi. Trudno byłoby powiedzieć, że dym jest błędnie skorelowany z ogniem, a kolor chmury burzowej – z jej nasyceniem cząsteczkami wody. Obie wymienione cechy łączą naturalny kod genetyczny z kodami sztucznymi, zaprojektowanymi przez człowieka, takimi jak kod Morse’a lub kod ASCII²².

²⁰ Zob. J. Maynard Smith, *The Concept of Information...*, dz. cyt., s. 185.

²¹ Zob. P. Godfrey-Smith, *Information, Arbitrariness, and Selection: Comments on Maynard Smith*, „Philosophy of Science” 67 (2000) no. 2, s. 202–207.

²² Zob. J. Maynard Smith, *The Concept of Information...*, dz. cyt., s. 183.

3. Krytyka teorii Maynarda Smitha

Zaproponowane przez Maynarda Smitha intencjonalne rozumienie bioinformacji, aczkolwiek interesujące, poddane zostało wielorakiej krytyce. Filozof biologii Peter Godfrey-Smith zauważa, że orzekanie arbitralności kodu genetycznego jest problematyczne. W istocie bowiem każdą relację kauzalną można postrzegać jako arbitralną, o ile tylko między pierwszą przyczyną a efektem finalnym pośredniczy odpowiednio długi łańcuch przyczyn pośrednich, z których każda może zostać zakłócona, co wpłynie na efekt finalny²³. Z kolei Kim Sterelny zwraca uwagę, że nośnikami informacji w rozumieniu Maynarda Smitha mogą być nie tylko geny, ale i inne elementy wewnątrzkomórkowe. Gradienty chemiczne w cytoplazmie komórki jajowej decydują o włączaniu poszczególnych genów we wczesnej fazie rozwoju embrionalnego. Taka jest ich funkcja. Czy powinniśmy zatem powiedzieć, że gradienty, tak jak geny, są nośnikami bioinformacji?²⁴ Co więcej, wiele gatunków zwierząt i roślin dziedziczy symbiotyczne drobnoustroje, które przekazywane są wewnątrz komórki jajowej i spełniają istotne funkcje w prawidłowym rozwoju embrionu gospodarza²⁵. Mechanizmy takiego przekazu zostały najwyraźniej wyselekcjonowane przez dobór naturalny. Czy wobec tego symbionty również należy potraktować jako nośniki informacji intencjonalnej?²⁶ Sterelny zadaje również inne ważne pytanie: czy możemy założyć istnienie dyskretnego, względnie autonomicz-

²³ Zob. P. Godfrey-Smith, *Information in Biology*, w: *The Cambridge Companion to the Philosophy of Biology*, ed. D. L. Hull, M. Ruse, Cambridge 2007, s. 103–119. Okazuje się jednak, że istnieją przesłanki, aby domniemywać, iż kod genetyczny przyjął znaną nam postać nie na skutek czystego przypadku, lecz celem minimalizowania skutków losowych pomyłek w odczycie informacji zapisanej w DNA. Zob. S. Freeland, L. Hurst, *Ewolucja języka genów*, „Świat Nauki” (2004) nr 5, s. 56–63.

²⁴ Zob. K. Sterelny, *Symbiosis, Evolvability and Modularity*, w: *Modularity in Development and Evolution*, ed. G. Schlösser, G. P. Wagner, Chicago 2004, s. 490–518.

²⁵ Zob. S. A. Frank, *Host Control of Symbiont Transmission: The Separation of Symbionts into Germ and Soma*, „The American Naturalist” 148 (1996) no. 6, s. 1113–1124.

²⁶ Zob. K. Sterelny, *The “Genetic Program” Program: A Commentary on Maynard Smith on Information in Biology*, „Philosophy of Science” 67 (2000) no. 2, s. 195–201.

nego mechanizmu mapującego z przestrzeni genotypu w przestrzeń fenotypu? Choć jesteśmy w stanie wskazać mechanizm mapowania różnic genotypowych na różnice białkowe (odkryto go w latach pięćdziesiątych i sześćdziesiątych XX wieku), nie oznacza to, że analogiczny mechanizm musi istnieć dla nadrzędnego poziomu organizacji, jakim jest kompletny fenotyp. Załóżmy, że geny są nośnikami informacji intencjonalnej w sensie Maynarda Smitha. Wiemy, że istnieje wyraźna i stabilna odpowiedniość między sekwencjami DNA a cechami fenotypowymi. Wiemy też, że pierwszy poziom tej odpowiedniości – kod łączący geny z białkami – ma charakter dyskretny. Nie wiemy jednak, czy ewentualne kolejne poziomy mają taki sam charakter. Czy np. drobne różnice stężeń związków chemicznych w cytoplazmie komórkowej nie mogłyby być odczytywane przez jakiś analogowy odpowiednik i przekładać się na drobne różnice fenotypowe?²⁷ Zważywszy na fakt, że zakres zmienności warunkowanej czynnikami epigenetycznymi jest wciąż obiektem badań, pytanie to pozostaje otwarte.

Ciekawą krytykę wycelowaną w analogię między ekspresją materiału genetycznego a wykonaniem programu komputerowego sformułował Marcel Weber²⁸. Otóż Maynard Smith wprost przyrównuje ewolucyjne kształtowanie informacji zapisanej w genomie do pisania programu przez programistę. Zarówno genom, jak i program pisany przez człowieka są nośnikami informacji intencjonalnej²⁹. Jeżeli tak, powiada Weber, to odpowiednio przygotowany inżynier, mając wgląd w kod źródłowy programu, byłby w stanie wywnioskować zeń zamysł programisty. Przy bliższej inspekcji analogii Maynarda Smitha z tego punktu widzenia wyłaniają się następujące dwa problemy. *Primo*: DNA może zawierać kodujące fragmenty powstałe w wyniku czysto losowych mutacji i mające korzystny wpływ na zdolność przeżycia swojego nosiciela. Fragmentom takim winniśmy przypisać informację intencjonalną dokładnie tak samo jak genom, które zostały uprzednio wyselekcjonowane przez dobór naturalny.

²⁷ Zob. K. Sterelny, *The "Genetic Program" Program...*, dz. cyt.

²⁸ Zob. M. Weber, *Philosophy of Experimental Biology*, Cambridge 2005.

²⁹ Zob. J. Maynard Smith, *The Concept of Information...*, dz. cyt., s. 190.

Skoro bowiem ich funkcja jest taka sama jak genów „dostrzeżonych” przez dobór, to nie widać powodów, dla których nie mielibyśmy tak uczynić. Niemniej jednak w semantycznym ujęciu Maynarda Smitha nie da się im przypisać posiadania takowej informacji, jako że ta ugruntowana jest właśnie w działaniu doboru naturalnego³⁰.

Secundo: zapytajmy, co dokładnie ów odpowiednio przygotowany inżynier byłby w stanie wywnioskować z analizy kodu źródłowego programu. Maynard Smith sugeruje, że program wciela (*embody*) intencje programisty, a zatem jego stany mentalne. Kłopot polega jednak na tym, że stany mentalne, o które tutaj chodzi, posiadają wyłącznie ludzie. Program komputerowy jest sekwencją symboli, która nabiera znaczenia jedynie dla programistów, rozumiejących, co dany program robi i w jakim celu. Co więcej, daną maszynę liczącą uznać możemy za komputer wyłącznie w odniesieniu do celowo działającego agenta w odpowiedni sposób interpretującego stany fizyczne urządzenia. Natomiast celowo działający i posiadający stany mentalne programista jest dokładnie tym, czego brakuje w świecie przyrody. Przypisanie posiadania stanów mentalnych, a co za tym idzie – intencji mechanizmowi doboru naturalnego wymagałoby nieliczej ekwilibrystyki intelektualnej. Dlatego jest on kiepskim kandydatem do bycia instancją nadającą znaczenie w ramach świata ożywionego³¹.

Z jeszcze innych pozycji wyszła krytyka propozycji Maynarda Smitha przedstawiona przez izraelską biolog polskiego pochodzenia Ewę Jablonkę. Brytyjski ewolucjonista, o czym pisałem powyżej, przyjmuje, iż intencjonalność informacji genetycznej wynika z faktu jej wyselekcjonowania w procesie ewolucji darwinowskiej. Informacja genetyczna została niejako zaprogramowana przez dobór naturalny, aby pełnić określone funkcje³². Ujmując rzecz w kategoriach teorii informacji, możemy zatem powiedzieć, że źródło jej intencjonalności znajduje się po stronie nadawcy komunikatu. Jablonka natomiast odwraca tę sytuację, przyjmując, że intencjonal-

³⁰ Zob. M. Weber, *Philosophy of Experimental...*, dz. cyt., s. 252.

³¹ Zob. M. Weber, *Philosophy of Experimental...*, dz. cyt., s. 252.

³² Zob. J. Maynard Smith, *The Concept of Information...*, dz. cyt., s. 190.

ność informacji zasadza się na możliwości jej wykorzystania na rzecz interesów odbiorcy.

O źródle – obiekcie bądź procesie – można powiedzieć, że posiada informację, jeżeli odbiorca reaguje na nie w odpowiedni sposób. Reakcja odbiorcy na źródło musi dopuszczać możliwość zmiany stanu odbiorcy na sposób dlań (zazwyczaj) korzystny. Ponadto istnieć musi spójna relacja między zmianami stanu źródła a odpowiadającymi im zmianami stanu odbiorcy³³.

W świetle podanej definicji geny przestają pełnić wyróżnioną rolę informacyjną, stając się zaledwie jednym z wielu możliwych źródeł bioinformacji. Zasadnicza różnica między propozycją Maynarda Smitha a koncepcją Jablonki tkwi zatem w tym, że w tej drugiej nośnikami informacji mogą być obiekty bądź procesy, które nie zostały „zaprogramowane” przez dobór do pełnienia jakichkolwiek funkcji. Stąd przekonanie Jablonki, że zarówno natężenie oświetlenia, kolor chmur, stężenie związku chemicznego, jak też określony fragment DNA lub RNA mogą, w pewnych warunkach i dla określonych odbiorców, stać się źródłami informacji³⁴. O danym obiekcie możemy zatem powiedzieć, że jest nośnikiem informacji, nie dlatego że został wyselekcjonowany przez dobór, lecz ponieważ reakcja odbiorcy na ów bodziec została wyselekcjonowana³⁵.

4. Krytyka genocentryzmu

Teoria informacji Maynarda Smitha może zostać uznana za modelowy przykład genocentryzmu, będącego w biologii współczesnej zjawiskiem powszechnym. Nie oznacza to jednak, że ograniczanie zakresu bioinformacji do kwasów nukleinowych nie budzi żadnych kontrowersji. Wielu spośród przywoływanych krytyków propozycji Maynarda Smi-

³³ E. Jablonka, *Information: Its Interpretation, Its Inheritance, and Its Sharing*, „Philosophy of Science” 69 (2002) no. 4, s. 582.

³⁴ Zob. E. Jablonka, *Information: Its Interpretation...*, dz. cyt., s. 583.

³⁵ Zob. K. Waters, *Molecular Genetics*, w: *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, ed. E. N. Zalta, <https://plato.stanford.edu/entries/molecular-genetics> (22.11.2017).

tha odsłania uproszczenia i ukryte założenia u podstaw paradygmatu genocentrycznego. Godfrey-Smith wskazuje, że odwołanie się do kodu genetycznego rozwiązuje wyłącznie jeden problem: kwestię liniowego uszeregowania aminokwasów w łańcuchu białkowym. Poza tym kontekstem mówienie o kodowaniu czegokolwiek, w szczególności cech fenotypowych, przez geny jest nieuprawnione³⁶. Z kolei Jablonka uważa za niepokojący fakt, że dyskusja o informacji biologicznej domyślnie przyjmuje DNA i system transkrypcyjno-translacyjny za modelowy przykład układu informacyjnego. Tym samym już w punkcie wyjścia stawia się geny na uprzywilejowanej pozycji, niejako sugerując wtórność bądź niepełność innych systemów przekazywania informacji³⁷.

Z ciekawą krytyką genocentryzmu wystąpił biolog F r e d e r i k N i j h o u t, identyfikując trzy fundamentalne przekonania dotyczące relacji między genami a ontogenezą organizmów: 1) geny kontrolują procesy rozwojowe, 2) geny są nośnikami informacji, 3) genom zawiera program dla rozwoju organizmu³⁸. Żadnego z nich nie da się utrzymać. Po pierwsze: geny nie mogą kontrolować procesów rozwojowych, gdyż cząsteczki DNA są całkowicie bierne chemicznie i niczego nie „robią”. Mogą co najwyżej zostać uznane za repozytorium wzorów dla pierwszorzędowej struktury białek, aczkolwiek aby można było z nich skorzystać, wymagane jest uprzednie istnienie wyspecjalizowanej maszyny białkowej, która na nich operuje³⁹. I nawet istnienie systemu genów regulatorowych niczego tutaj zasadniczo nie zmienia, jako że z jednej strony geny te również podlegają regulacji przez chemiczne czynniki wewnątrzkomórkowe, natomiast z drugiej oddziałują nie bezpośrednio, lecz poprzez swoje produkty, czyli białka⁴⁰.

Po drugie: nie dysponujemy powszechnie akceptowaną i niekontrowersyjną definicją informacji w ogóle, a bioinformacji w szczególności. Nie istnieje również, przynajmniej na razie, żadna metoda

³⁶ Zob. P. Godfrey-Smith, *On the Theoretical Role of “Genetic Coding”*, „Philosophy of Science” 67 (2000), s. 26–44.

³⁷ Zob. E. Jablonka, *Information: Its Interpretation...*, dz. cyt., s. 579.

³⁸ Zob. F. Nijhout, *Metaphors and the Role of Genes in Development*, „BioEssays” 12 (1990) iss. 9, s. 441–446.

³⁹ Zob. R. Lewontin, *It ain't Necessarily so...*, dz. cyt., s. 141–142.

⁴⁰ Zob. F. Nijhout, *Metaphors and the Role...*, dz. cyt., s. 442.

mierzenia ilości informacji w systemie ożywionym. W istocie zatem kiedy mówimy, że geny niosą informację, chodzi nam wyłącznie o fakt, że struktura fragmentu DNA jest wzorem dla struktury łańcucha polipeptydowego, który (po zwinięciu do odpowiedniej postaci trójwymiarowej) stanie się białkiem. Wszelkie użycia tego terminu poza powyższym kontekstem są jedynie wyrazem naszych przekonań czy też oczekiwań, że genom „w jakiś sposób” zawiera informacje również dla bardziej złożonych własności istot żywych⁴¹.

Wreszcie po trzecie: nie ma dobrych empirycznych przesłanek na rzecz istnienia „genetycznego programu kontrolnego” dla ontogenezy. Istnieją natomiast dwa powody, dla których postulujemy jego istnienie. *Primo*: gdybyśmy byli w stanie zaprojektować system o poziomie złożoności choćby zbliżonym do żywej komórki, to z pewnością jego funkcjonowanie poddałibyśmy kontroli stosownego oprogramowania. *Secundo*: trudno jest nam pogodzić się z myślą, że system tak złożony jak komórka mógłby być w dużym stopniu samoorganizujący się. Nie mamy bowiem dobrej teorii opisującej procesy replikacji i dziedziczenia dla takich systemów⁴².

Z kolei amerykańska psycholog i filozof Susan Oyama stwierdza, iż genocentryzm jest w gruncie rzeczy nowoczesną postacią starej idei preformacjonistycznej. Klasyczny preformacjonizm zakładał, że zapłodniona komórka jajowa zawiera w sobie małą wersję dojrzałego organizmu – homunkulusa, o którym po raz pierwszy pisał Paracelsus w XVI wieku. W tym ujęciu rozwój organizmu polega po prostu na wzroście czegoś, co zostało już uprzednio uformowane⁴³. Genocentryczna postać preformacjonizmu jest oczywiście bardziej wyszukana. Nie ma w niej mowy o preformowanym organizmie. Jego miejsce zajmuje natomiast informacja, która zawiera plan budowy organizmu oraz program kierujący jego realizacją. Mamy tu zatem do czynienia z preformacją nie samego organizmu, ale jego zakodowanej, molekularnej reprezentacji⁴⁴.

⁴¹ Zob. F. Nijhout, *Metaphors and the Role...*, dz. cyt., s. 443.

⁴² Zob. F. Nijhout, *Metaphors and the Role...*, dz. cyt., s. 443.

⁴³ Zob. C. Pinto-Correira, *The Ovary of Eve. Egg and Sperm and Preformation*, Chicago 1997.

⁴⁴ Zob. S. Oyama, *The Ontogeny of Information*, Cambridge 1985.

Krytyka genocentryzmu nie jest sprawą nową. Ważną rolę w dostarczeniu rozmaitych słabości tego stanowiska odegrała, jak sądzę, publikacja sławnej książki brytyjskiego biologa Richarda Dawkinsa pt. *Samolubny gen* w roku 1976. Zarówno ona, jak i kolejna pozycja tego samego badacza – *Fenotyp rozszerzony* (1982) – zaowocowały szeregiem tekstów krytycznych pod adresem lansowanego w nich genocentryzmu oraz adaptacjonizmu (poglądu zakładającego, że wszystkie cechy fenotypowe organizmów są przystosowaniami do warunków środowiskowych, powstałymi w drodze doboru naturalnego). Dawkins znalazł nieustępliwego adwersarza w osobie amerykańskiego ewolucjonisty Stephena Jaya Goulda, stąd spór między nimi toczył się długo i był niezwykle zacięty⁴⁵. Innym ważnym przeciwnikiem genocentryzmu jest przywoływany już Lewontin. Na początku lat osiemdziesiątych XX wieku zakwestionował on m.in. prawomocność ostrego wyodrębniania organizmu ze środowiska, sugerując, że środowisko nie jest tłem, na którym działają żyjące w nim organizmy, lecz raczej winno być postrzegane jako funkcja siebie samego oraz tychże organizmów⁴⁶. Sugerował również, że warunkiem pełnego zrozumienia procesów ontogenezy jest wyjście poza genocentryzm w kierunku ujęcia systemowego, uwzględniającego istnienie skomplikowanej i niejednoznacznej siatki zależności między genami, organizmem a środowiskiem⁴⁷.

5. Teoria systemów rozwojowych (DST)

Idee rozwijane przez Lewontina zostały po raz pierwszy zaprezentowane w postaci całościowej i spójnej propozycji teoretycznej w połowie lat osiemdziesiątych, w przywołanej już książce autorstwa

⁴⁵ Więcej na temat tej polemiki pisze R. Gaczoł w artykule pt. *Spór Richarda Dawkinsa ze Stephenem Jayem Gouldem wokół teorii samolubnego genu*, „Przegląd Filozoficzno-Literacki” 31 (2011) nr 2–3, s. 87–106.

⁴⁶ Zob. R. Lewontin, *Organism and Environment*, w: *Learning, Development, and Culture*, ed. H. C. Plotkin, New York 1982, s. 151–170.

⁴⁷ Zob. R. Lewontin, *Gene, Organism and Environment*, w: *Evolution from Molecules to Men*, ed. D. S. Bendall, Cambridge 1983, s. 273–286.

Oyamy⁴⁸. Praca ta uznawana jest dzisiaj za tekst założycielski dla nakreślonej z rozmachem ogólnej teoretycznej perspektywy dla ujmowania procesów rozwoju, dziedziczności i ewolucji⁴⁹. Perspektywę tę przyjęło się opatrywać w literaturze mianem „teorii systemów rozwojowych” (*Developmental Systems Theory*, DST). Zwolennicy tego podejścia rozpoznają obecnie panujący w biologii paradygmat jako jednoznacznie genocentryczny. DNA traktowany jest w nim jako „cząsteczka zarządzająca” (*master molecule*), a procesy rozwoju, dziedziczenia i ewolucji opisywane są jako efekty zmian w jej strukturze oraz jej międzypokoleniowego przekazywania. Rozmaite niegenetyczne przyczyny zmian zachodzących w żywych organizmach zbierane są pod wspólną nazwą „wpływów środowiskowych” i traktowane jako drugoplanowe. Za szczególnie wpływową postać genocentryzmu teoretycy DST uznają koncepcję „samolubnych genów” autorstwa Dawkinsa. DST jest pomyślana jako kontrpropozycja wobec takiego podejścia⁵⁰.

Istotny z punktu widzenia niniejszego artykułu trop podsuwa już sam tytuł książki Oyamy (pol. *Ontogeneza informacji*). Ażeby jednak właściwie go zrozumieć, należy najpierw zaprezentować zarys głównych myśli w niej przedstawionych. Podstawowym pojęciem DST jest oczywiście s y s t e m r o z w o j o w y. Pod pojęciem tym kryje się „heterogeniczne i skomplikowane kauzalnie zbiorowisko oddziałujących między sobą obiektów oraz wpływów, które wytwarza c y k l ż y c i a (*life cycle*) organizmu”⁵¹. Elementy składające się na owo zbiorowisko – z a s o b y r o z w o j o w e (*developmental resources*) – mogą należeć do każdego poziomu organizacji układu ożywionego, począwszy od molekularnego, przez komórkowy, tkankowy, organizmalny, aż po ekologiczny, społeczny i – w przypadku ludzi – kulturowy. Wspólnie

⁴⁸ Zob. S. Oyama, *The Ontogeny of Information*, dz. cyt. Przedmowę do nowego wydania książki napisał właśnie Lewontin.

⁴⁹ Zob. S. Oyama, P. E. Griffiths, R. D. Gray, *Introduction. What Is Developmental Systems Theory?*, w: *Cycles of Contingency. Developmental Systems and Evolution*, ed. S. Oyama, P. E. Griffiths, R. D. Gray, Cambridge 2001, s. 1–11.

⁵⁰ Zob. S. Oyama, P. E. Griffiths, R. D. Gray, *Introduction...*, dz. cyt., s. 1–2.

⁵¹ S. Oyama, *Evolution's Eye. A Systems View of the Biology-Culture Divide*, Durham–London 2000, s. 1.

tworzą one dynamiczny, samoorganizujący się i samoodtworzający układ, który zwykliśmy nazywać organizmem. Ciąg następujących po sobie i połączonych przyczynowo pojedynczych organizmów – cykliów życiowych – tworzy ewoluującą linię filogenetyczną. Podstawą ewolucji jest tu przekazywanie oraz odtwarzanie zasobów rozwojowych pomiędzy cyklami. Ponieważ dziedziczone w ten sposób zasoby należeć mogą do każdego z wymienionych poziomów organizacji biologicznej, tym samym DST operuje niezwykle pojemnym rozumieniem dziedziczności, uwzględniającym zarówno czynniki genetyczne, jak i epigenetyczne, a nawet środowiskowe i kulturowe. W tym momencie zrozumiałe staje się bezkompromisowe sformułowanie głównego celu przyświecającego badaniom nad DST:

(...) teoria ta ma na celu dostarczyć wyjaśnienie międzypokoleniowej stabilności form, które nie odwoływałyby się do genetycznego przekazywania planu czy też programu – owego pseudowyjaśnienia hamującego prace nad autentycznymi mechanizmami rozwoju. [Zamiast tego] skupia się ona na zasobach rozwojowych, które będąc obecne w każdym pokoleniu, odpowiedzialne są za cechy stabilnie odtwarzane w danej linii rozwojowej⁵².

Zauważmy, że cecha samoreplikacji, w genocentryzmie przypisywana cząsteczce DNA, jest tutaj atrybutem całego cyklu życia organizmu, który odtwarza sam siebie w kolejnych pokoleniach przy wykorzystaniu dziedziczonych zasobów rozwojowych. Współgra to z uwagą Lewontina, że „jeżeli o czymkolwiek na świecie można powiedzieć, że się samoreplikuje, to nie jest to gen, lecz cały organizm jako układ złożony”⁵³.

Z powyższej charakterystyki wynika, że powszechnie używane w biologii ostre rozróżnienia pomiędzy organizmem a środowiskiem, czynnikami genetycznymi i pozagenetycznymi, cecha-

⁵² P. Griffiths, R. Gray, *Developmental Systems and Evolutionary Explanation*, „The Journal of Philosophy” 91 (1994) no. 6, s. 286.

⁵³ Zob. R. Lewontin, *Biology as Ideology. The Doctrine of DNA*, New York 1993, s. 48.

mi wrodzonymi i nabytymi są nietrafne i prowadzą do błędnego rozpoznania mechanizmów rządzących biosferą. Wszystkie one opierają się na założeniu, że da się klarownie odseparować dwa typy przyczyn: genetyczne i środowiskowe, organizm powstaje zaś jako wypadkowa interakcji między nimi. Co najmniej od czasów Francisa Galtona toczy się w nauce zacięty spór dotyczący stopnia i zakresu wpływu, który geny i środowisko mają na rozwijający się organizm (tzw. *nature vs. nurture debate*). Jego temperatura gwałtownie wzrasta, gdy tylko dyskutowanym obiektem staje się człowiek, głos w dyskusji zabierali zaś badacze tej miary co Franz Boas, Ruth Benedict, James Watson, Edward Wilson, Richard Lewontin czy Steven Pinker. Jednakże z punktu widzenia DST cała dyskusja jest bezprzedmiotowa, gdyż problem wyjściowy jest źle postawiony. Ontogenezy nie da się sprowadzić do prostej interakcji między czynnikami genetycznymi i środowiskowymi, w której problemem pozostaje jedynie ustalenie proporcji między obydwojoma. DST odrzuca sztywny, dychotomiczny, interakcyjny obraz świata ożywionego, w jego miejsce proponując kontekstowość i współzależność rozmaitych elementów tworzących system rozwojowy⁵⁴. Geny są zaledwie jednym z wielu dostępnych zasobów rozwojowych, obok białek, cytoplazmy komórki jajowej, pożywienia, symbiontów, rozmaitych czynników ekologicznych czy wreszcie – kulturowych. Oczywiście każdy z tych zasobów pełni odmienną rolę w innym miejscu i czasie w ramach rozwoju organizmu, ale nie widać żadnych powodów, dla których mielibyśmy dzielić je wszystkie na dwie odrębne kategorie. Rola genów w tej skomplikowanej sieci zależności nie jest bardziej wyjątkowa niż jakiegokolwiek innego elementu⁵⁵.

Jasnym staje się, że czynniki modelujące dynamiczny rozwój tak rozumianego organizmu nie mogą być sztywno ulokowane w jakiegokolwiek wyizolowanej strukturze fizycznej. Jeżeli nawet chcielibyśmy za taki czynnik uznać informację, to nie sposób wskazać na konkretny obiekt i stwierdzić: „informacja biologiczna znajduje się

⁵⁴ Zob. P. Łuków, C. Żekanowski, *Pojęcie genu...*, dz. cyt., s. 103.

⁵⁵ Zob. P. Griffiths, R. Gray, *Developmental Systems...*, dz. cyt., s. 277.

właśnie tutaj”⁵⁶. Informacja rozwojowa zdaje się raczej rozproszona w całym systemie. Co więcej, nie jest ona przekazywana międzypokoleniowo w postaci zakodowanych pakietów, jak tego chcą zwolennicy genocentryzmu, lecz każdorazowo odtwarzana (z modyfikacjami) w procesie ontogenezy kolejnego cyklu życia w danej linii filogenetycznej. Informacja nie jest tu stabilna, lecz dynamiczna, nie jest kopiowana, lecz rekonstruowana, nie zostaje ulokowana, lecz wyłania się z interakcji pomiędzy różnymi zasobami rozwojowymi⁵⁷. Tak właśnie należy rozumieć tytuł książki Oyamy – informacja nie tylko nie determinuje ontogenezy; w każdym kolejnym cyklu rozwojowym ona sama jest rekonstruowana i odbudowywana – ma własną ontogenezę.

6. Krytyka DST

Perspektywa tak heterodoksyjna, a zarazem krytyczna wobec dominującego paradygmatu oraz ambitna, jak DST nie mogła nie zostać skrytykowana. Kim Sterelny, Kelly C. Smith i Michael Dickson zwracają uwagę na fakt, że przy tak szerokim, inkluzywnym rozumieniu systemu rozwojowego nie jesteśmy w stanie nakreślić jego granic, a co za tym idzie – jednoznacznie wskazać, które elementy doń należą, a które już nie. Czy Elvis Presley jest częścią mojego systemu rozwojowego ze względu na rolę, jaką pełni w wykształceniu mojej wrażliwości muzycznej, czy raczej nie? Nie widać wszakże żadnego biologicznie akceptowalnego sposobu dla włączenia Presleya w mój cykl życia⁵⁸. Ci sami autorzy wskazują również, że chociaż systemy rozwojowe odtwarzają się międzypokoleniowo, to jednak trudno jest wskazać granicę między poszczególnymi pokole-

⁵⁶ S. I. Walker, P. C. W. Davies, *The Algorithmic Origins of Life*, „Journal of the Royal Society Interface”, <http://rsif.royalsocietypublishing.org/content/10/79/20120869> (28.11.2017).

⁵⁷ Zob. J. S. Roberts, B. K. Hall, W. M. Olson, *Bridging the Gap between Developmental Systems Theory and Evolutionary Developmental Biology*, „BioEssays” 10 (2001) no. 23, s. 954–962.

⁵⁸ Zob. K. Sterelny, K. C. Smith, M. Dickson, *The Extended Replicator*, dz. cyt., s. 382.

niami. Systemu rozwojowego nie można bowiem utożsamiać z klasycznie rozumianym organizmem. W którym momencie rozpoczyna się dany system? Czy powinniśmy liczyć go od ptaka do ptaka? Od jaja do jaja? A może od gniazda do gniazda?⁵⁹

Thomas Pradeu z kolei zwraca uwagę na niespójność w podejściu do organizmu w ramach DST. Okazuje się, że w teorii tej funkcjonują *de facto* dwa różne rozumienia tego terminu: pierwsze odnosi się do jednostkowych procesów rozwojowych, a drugie używane jest do przeformułowania idei ewolucji przy użyciu siatki pojęciowej DST. Pradeu wykazuje, że są to dwie różne definicje, i dochodzi do wniosku, że teoria, która nimi operuje, nie może zostać uznana za zunifikowaną wizję rozwoju i ewolucji, wbrew temu, co deklarują jej zwolennicy⁶⁰.

7. Krytyka pojęcia informacji biologicznej

Przedstawione powyżej teorie, pomimo dzielących je różnic, nie negują fundamentalnego sensu posługiwania się pojęciem informacji w biologii. Proponują co najwyżej jego odmienną konceptualizację na gruncie różnych założeń i przesłanek. Poniżej natomiast przedstawię filozoficzne krytyki podważające ogólną trafność i użyteczność posługiwania się tym pojęciem w naukach o życiu.

Sahotra Sarkar, bazując na szczegółowych analizach historii rozwoju biologii molekularnej, identyfikuje powody, dla których przedstawiciele tej subdyscypliny powinni być szczególnie ostrożni w odniesieniu do pojęcia informacji (a nie są). Następnie stawia tezę, że pojęcie informacji biologicznej „jest niewiele więcej niż metaforą przebraną w szaty pojęcia teoretycznego i (...) prowadzącą do błędnego wyobrażenia co do istoty możliwych wyjaśnień w biologii molekularnej”⁶¹. Rozważania swoje wieńczy następującą alternatywą:

⁵⁹ Zob. K. Sterelny, K. C. Smith, M. Dickson, *The Extended Replicator*, dz. cyt., s. 383.

⁶⁰ Zob. T. Pradeu, *The Organism in Developmental Systems Theory*, „Biological Theory” 5 (2010) iss. 3, s. 216–222.

⁶¹ S. Sarkar, *Biological Information: A Sceptical Look at some Central Dogmas of Molecular Biology*, w: *The Philosophy and History of Molecular Biology: New Per-*

albo pojęcie informacji w odniesieniu do układów badanych przez biologię molekularną zostanie odpowiednio wyeksplikowane, albo dyscyplina ta powinna całkowicie odrzucić posługiwanie się terminologią informacyjną (*information talk*) na rzecz konsekwentnego fizykalizmu terminologicznego. I dorzuca pesymistyczną konkluzję, że aczkolwiek oba rozwiązania są możliwe, to jednak drugie z nich wydaje się bardziej prawdopodobne.

Przyjmując krytykę Sarkara za punkt wyjścia, Barton Moffat stwierdza, że chcąc odpowiedzieć na pytanie o sens pojęcia informacji w biologii, powinniśmy przyjrzeć się praktyce biologów. Tymczasem toczone (głównie przez filozofów) dyskusje mówią więcej o kondycji współczesnej filozofii niż o biologii. Filozofowie powinni wiedzieć, co dokładnie robią biolodzy, gdy używają terminu „informacja”, nim zaczną ganić bądź chwalić ich za używanie tego pojęcia. Błąd popełniany przez filozofów polega na tym, że zaczynają oni od rozwinięcia pewnej teorii informacji, w której pojęcie to jest szczegółowo zdefiniowane, po czym stosują ją do biologii, dochodząc zazwyczaj do wniosku, że praktyka użycia tego pojęcia przeczy ich oczekiwaniom, co świadczyć ma jakoby o pomieszaniu konceptualnym w biologii. W miejsce dyskusji nad informacją proponuje on zatem dyskusję nad pojęciem „sygnału”, które jego zdaniem jest powszechnie stosowane w biologii, tymczasem nie doczekało się jeszcze rzetelnej filozoficznej analizy. Moffat proponuje rozumienie tego terminu przez pryzmat pojęcia funkcji. Być sygnałem to pełnić określoną funkcję w układzie biologicznym. Posługując się przykładami z zakresu biologii komórki i mikrobiologii, pokazuje on, że pojęcie sygnału wystarcza do wyjaśnienia procesów zachodzących w komórkach bakteryjnych bądź między nimi, bez konieczności odwoływania się do pojęcia informacji z całym jego obciążeniem filozoficznym, respektując jednocześnie badawczą praktykę biologiczną⁶².

spectives, ed. S. Sarkar, Dordrecht 1996, s. 187.

⁶² Zob. B. Moffat, *A Reexamination of Biological Information from the Perspective of Practice*, <http://philsci-archive.pitt.edu/4803> (22.11.2017).

Podsumowanie

Syntezę opisanych różnic między genocentrycznym a rozwojowym rozumieniem bioinformacji zawiera poniższa tabelka.

Ujęcie genocentryczne	Teoria systemów rozwojowych
Informacja rozwojowa jest tożsama z genetyczną informacją molekularną zapisaną w łańcuchu DNA (redukcjonizm).	Informacja rozwojowa nie jest redukowalna do informacji genetycznej (nie jest ulokowana, lecz rozproszona oraz kontekstowa – pluralizm).
Jej istnienie wyprzedza i determinuje rozwój osobniczy (preformacjonizm).	Jest ona każdorazowo konstruowana w procesie ontogenezy, a nie – przekazywana w procesie replikacji DNA lub „tłumaczona” na białka.
Pozagenetyczne elementy organizmu nie pełnią funkcji informacyjnej, lecz wyłącznie pomocniczą lub budulcową.	Wyraźny podział na obiekty będące nośnikami informacji oraz takie, które umożliwiają jej odczyt i ekspresję (same nie będąc nośnikami), nie jest możliwy.
Zakłada się możliwość klarownego wyodrębnienia organizmu ze środowiska (istnieje wyraźna granica między organizmem a jego otoczeniem).	Nie jest możliwe dokonanie wyraźnego rozdziału na organizm i środowisko; zamiast tego postuluje się myślenie w kategoriach cykli życia (life cycles).
Środowisko traktowane jest jako źródło presji selekcyjnej kształtującej pulę genetyczną populacji w czasie i napędzającej w ten sposób proces ewolucji w drodze doboru naturalnego.	Proces ewolucji nie dotyczy wyłącznie molekularnej informacji genetycznej zapisanej w DNA, lecz całych systemów rozwojowych.

Sądzę, że istotę zmiany proponowanej w ramach teorii systemów rozwojowych trafnie można opisać jako propozycję porzucenia genocentrycznej wizji świata ożywionego, w której jednoznacznie zidentyfikowano przyczyny rozwoju organizmów (intencjonalnie rozumiana informacja ulokowana w molekularnie rozumianych genach) na rzecz dynamicznego ujęcia interakcyjnego, w którym informacja jest własnością systemową i rozproszoną, geny są zaś koniecz-

nym, ale bynajmniej nie wystarczającym warunkiem funkcjonowania organizmów⁶³.

DST bywa krytykowana za niemożność zaproponowania spójnej strategii doświadczalnej dla badania układów o tak dużym stopniu wewnętrznej złożoności, jak systemy rozwojowe. Być może jednak najważniejszą lekcją płynącą z lektury teoretyków DST jest pytanie o obiektywne istnienie (bądź nieistnienie) poziomów organizacji biologicznej, stanowiących punkty odniesienia w praktyce badawczej nad procesami rozwojowymi oraz procesami ewolucji⁶⁴.

Summary

Genocentrism versus developmental systems theory. Two competing ways of understanding information in modern biology

There are (at least) two opposing concepts of biological information, or bioinformation, discussed in the modern philosophy of biology: genocentric (gene-based) and holistic. As a main proponent of the former I consider British evolutionist John Maynard Smith and his teleosemantic theory of bioinformation. The latter was proposed by American philosopher Susan Oyama in the form of so-called Developmental Systems Theory (DST).

In Maynard Smith proposal bioinformation is strictly gene-based and any non-genetic element of a living organism cannot be considered as a vehicle of informational content. Such information is transmitted from parents to offspring inside the germ cells and every time serves as a blueprint for building the whole organisms. DST claims the opposite: bioinformation cannot be reduced to genetic elements only and is scattered throughout the whole living system. What is more, biological information is not simply transmitted between generations but every time rebuilt from available developmental resources: bioinformation has not only it is phylogeny, but it is ontogeny as well.

The aim of this paper is twofold. First: to present the foundations of both aforementioned theories to the reader and second: to discuss the different objections raised against them.

Keywords: genocentrism, Developmental Systems Theory, biological information, bioinformation, John Maynard Smith, Susan Oyama

⁶³ Zob. F. Nijhout, *Metaphors and the Role...*, dz. cyt., s. 444.

⁶⁴ Zob. P. Łuków, C. Żekanowski, *Pojęcie genu...*, dz. cyt., s. 103.

Bibliografia

- Cobb M., *Największa tajemnica życia. Jak rozszyfrowano kod genetyczny*, tłum. A. Tuz, Warszawa 2017.
- Downes S. M., *Biological Information*, w: *The Philosophy of Science: An Encyclopedia*, ed. S. Sarkar, J. Pfeifer, New York 2004.
- Frank S. A., *Host Control of Symbiont Transmission: The Separation of Symbionts into Germ and Soma*, „The American Naturalist” 148 (1996) no. 6, s. 1113–1124.
- Freeland S., Hurst L., *Ewolucja języka genów*, „Świat Nauki” (2004) nr 5, s. 56 – 63.
- Gaczol R., *Spór Richarda Dawkinsa ze Stephenem Jayem Gouldem wokół teorii samolubnego genu*, „Przegląd Filozoficzno-Literacki” 31 (2011) nr 2–3, s. 87–106.
- Gilbert W., *A Vision of the Grail*, w: *The Code of Codes. Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*, ed. D. J. Kevles, L. Hood, Cambridge 1992.
- Godfrey-Smith P., *Information in Biology*, w: *The Cambridge Companion to the Philosophy of Biology*, ed. D. L. Hull, M. Ruse, Cambridge 2007.
- Godfrey-Smith P., *Information, Arbitrariness, and Selection: Comments on Maynard Smith*, „Philosophy of Science” 67 (2000) no. 2, s. 202–207.
- Godfrey-Smith P., *On the Theoretical Role of “Genetic Coding”*, „Philosophy of Science” 67 (2000), s. 26–44.
- Godfrey-Smith P., Sterelny K., *Biological Information*, w: *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, ed. E. N. Zalta, <https://plato.stanford.edu/entries/information-biological> (22.11.2017).
- Griffiths P., *Genetic Information: A Metaphor in Search of a Theory*, „Philosophy of Science” 68 (2001), s. 394–412.
- Griffiths P., Gray R., *Developmental Systems and Evolutionary Explanation*, „The Journal of Philosophy” 91 (1994) no. 6, s. 277–304.
- Griffiths P., Knight R., *What Is the Developmentalist Challenge?*, „Philosophy of Science” 65 (1998) no. 2, s. 253–258.
- Jablonka E., *Information: Its Interpretation, Its Inheritance, and Its Sharing*, „Philosophy of Science” 69 (2002) no. 4, s. 578–605.

- Jacob F., Monod J., *Genetic Regulatory Mechanisms in the Synthesis of Proteins*, „Journal of Molecular Biology” 3 (1961) iss. 3, s. 318–356.
- Keller E. F., *The Century of the Gene*, Cambridge 2000.
- Küppers B. O., *Geneza informacji biologicznej. Filozoficzne problemy powstania życia*, tłum. W. Ługowski, Warszawa 1991.
- Lewontin R., *Biology as Ideology. The Doctrine of DNA*, New York 1993.
- Lewontin R., *Gene, Organism and Environment*, w: *Evolution from Molecules to Men*, ed. D. S. Bendall, Cambridge 1983.
- Lewontin R., *It ain't Necessarily so. The Dream of the Human Genome and Other Illusions*, New York 2001.
- Lewontin R., *Organism and Environment*, w: *Learning, Development, and Culture*, ed. H. C. Plotkin, New York 1982.
- Łuków P., Żekanowski C., *Pojęcie genu i genocentryczny paradygmat biologii*, „Przegląd Filozoficzny” 14 (2005) nr 53, s. 85–105.
- Maynard Smith J., *The Concept of Information in Biology*, „Philosophy of Science” 67 (2000) no. 2, s. 177–194.
- Moffat B., *A Reexamination of Biological Information from the Perspective of Practice*, <http://philsci-archive.pitt.edu/4803> (22.11.2017).
- Nijhout F., *Metaphors and the Role of Genes in Development*, „BioEssays” 12 (1990) iss. 9, s. 441–446.
- Noble D., *The Music of Life. Biology Beyond Genes*, Oxford 2006.
- Oyama S., *Evolution's Eye. A Systems View of the Biology-Culture Divide*, Durham–London 2000.
- Oyama S., Griffiths P. E., Gray R. D., *Introduction. What Is Developmental Systems Theory?*, w: *Cycles of Contingency. Developmental Systems and Evolution*, ed. S. Oyama, P. E. Griffiths, R. D. Gray, Cambridge 2001.
- Oyama S., *The Ontogeny of Information*, Cambridge 1985.
- Pinto-Correia C., *The Ovary of Eve. Egg and Sperm and Preformation*, Chicago 1997.
- Pradeu T., *The Organism in Developmental Systems Theory*, „Biological Theory” 5 (2010) iss. 3, s. 216–222.
- Roberts J. S., Hall B. K., Olson W. M., *Bridging the Gap between Developmental Systems Theory and Evolutionary Developmental Biology*, „BioEssays” 10 (2001) no. 23, s. 954–962.

- Sarkar S., *Biological Information: A Sceptical Look at some Central Dogmas of Molecular Biology*, w: *The Philosophy and History of Molecular Biology: New Perspectives*, ed. S. Sarkar, Dordrecht 1996.
- Sterelny K., Smith K. C., Dickson M., *The Extended Replicator*, „Biology and Philosophy” 11 (1996), s. 377–403.
- Sterelny K., *Symbiosis, Evolvability and Modularity*, w: *Modularity in Development and Evolution*, ed. G. Schlösser, G. P. Wagner, Chicago 2004.
- Sterelny K., *The “Genetic Program” Program: A Commentary on Maynard Smith on Information in Biology*, „Philosophy of Science” 67 (2000) no. 2, s. 195–201.
- Szathmáry E., Maynard Smith J., *The Major Evolutionary Transitions*, „Nature” 374 (1995), s. 227–232.
- Walker S. I., Davies P. C. W., *The Algorithmic Origins of Life*, „Journal of the Royal Society Interface”, <http://rsif.royalsocietypublishing.org/content/10/79/20120869> (28.11.2017).
- Waters K., *Molecular Genetics*, w: *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, ed. E. N. Zalta, <https://plato.stanford.edu/entries/molecular-genetics> (22.11.2017).
- Weber M., *Philosophy of Experimental Biology*, Cambridge 2005.
- Wright L., *Functions*, „The Philosophical Review” 82 (1973) no. 2, s. 139–168.