

Kazimierz Kloskowski

"Models for genetics", Wolfgang
Balzer, Chris M. Dawe, Frankfurt am
Main 1997 : [recenzja]

Studia Philosophiae Christianae 35/2, 215-222

1999

Artykuł został zdigitalizowany i opracowany do udostępnienia w internecie przez Muzeum Historii Polski w ramach prac podejmowanych na rzecz zapewnienia otwartego, powszechnego i trwałego dostępu do polskiego dorobku naukowego i kulturalnego. Artykuł jest umieszczony w kolekcji cyfrowej bazhum.muzhp.pl, gromadzącej zawartość polskich czasopism humanistycznych i społecznych.

Tekst jest udostępniony do wykorzystania w ramach dozwolonego użytku.

RECENZJE

Wolfgang Balzer, Chris M. Dawe, *Models for Genetics*, Peter Lang, Frankfurt am Main – Berlin – New York – Paris – Wien 1997, ss. 184.

1. W roku 1886 Jan Grzegorz Mendel – opat klasztoru Augustianów w Brnie – opublikował wyniki własnych eksperymentów nad dziedziczeniem cech hodowlanych roślin (odmianami grochu jadalnego – *Pisum sativum*) w lokalnym naukowym piśmie Towarzystwa Historii Naturalnej. Publikacja ta jest powszechnie uważana za fundament narodzin i zapoczątkowująca równocześnie rozwój genetyki traktowanej odtąd jako odrębna dziedzina nauki. Otóż J.G. Mendel wysunął hipotezę, zgodnie z którą poszczególne dziedziczne cechy są uwarunkowane odrębnymi czynnikami dziedzicznymi na zasadzie przypadkowego ich przekazywania i łączenia. Proces przekazywania owych czynników – obecnie określonych mianem: geny – zachodzi dzięki funkcjom komórek rozrodczych (gamet) z pokolenia na pokolenie. W momencie zapłodnienia pojawiają się rozmaite układy tworzące najróżniejsze zestawienia cech w potomstwie. Ze względu jednak na braki wiedzy o strukturze i funkcjonowaniu komórki a także całych organizmów, publikacja J. G. Mendla była niezrozumiała i pozostawała nieznaną aż do roku 1900. Wówczas to niemal równocześnie trzech uczonych: C. Correns, H. Tschermak oraz Hans de Vries zweryfikowali „intuicje” genialnego J. G. Mendla. Potwierdzili zarówno jego doświadczenia, jak i ich wyjaśnienie w kontekście współczesnej im wiedzy o budowie komórek, cyklach życiowych organizmów oraz cytologii. Chodzi tutaj o dwa prawa J. G. Mendla. Pierwsze z nich nazwano prawem czystości gamet i brzmi następująco: allele wykluczają się wzajemnie w gametach.

Jak się wydaje, warto tutaj wyjaśnić termin „czystości gamet”. W genetyce osobnikiem „czystym” jest ten, który posiada jednakowe allele, czyli jest homozygotą (osobnika tzw. mieszańca określa się mianem heterozygota). A ponieważ gamety posiadają tylko po jednym allelu a więc są zawsze „czyste” (nie mogą mieć różnych alleli).

Drugie prawo J. G. Mendla nazwano prawem niezależnego dziedziczenia cech. Prawo to głosi, że cechy wyznaczone przez geny należące do różnych par alleli dziedziczą się niezależnie od siebie. Inaczej mówiąc geny należące do różnych par alleli dziedziczą się niezależnie.

Kolejnym ważnym krokiem w rozwoju genetyki była wysunięta w 1902 roku przez W. G. Suttona oraz w 1903 roku przez Th. Boveri'ego hipoteza lokalizacji genów w chromosomach. Hipoteza ta została doświadczalnie potwierdzona w latach 1910–1914 przez Th. Morgana i jego współpracowników. Następnie uzasadniono liniowy układ genów w chromosomach oraz naturę chemiczną genów (lata czterdzieste bieżącego stulecia). W kolejnych latach podjęto badania nad strukturą białek oraz znaczeniem DNA w ich syntezie.

Konsekwentnie uważa się, że genetyka to nauka badająca procesy dziedziczości oraz zmienności żywych organizmów. W jej ramach analizuje się więc mechanizmy przekazywania cech dziedzicznych z pokolenia na pokolenie oraz bada naturę fizyczną genów. Nadto ustala się charakter i zakres roli genów w procesach pojawiania się poszczególnych dziedzicznych własności organizmów.

W obecnym stanie wiedzy biologicznej zwykle wskazuje się na genetykę populacji (badającą częstość występowania genów w populacji), genetykę behawioralną (podejmującą problematykę uwarunkowań genetycznych sposobów zachowania się zwierząt i człowieka) oraz genetykę człowieka zajmującą się badaniem dziedzicznych podstaw własności fizycznych człowieka.

Warto zauważyć, że w ostatnich latach, dzięki zastosowaniu w genetyce bardzo wyrafinowanych metod badawczych m.in. programów komputerowych oraz prób eliminowania poznawanych wciąż chorób dziedzicznych rozwinęła się biotechnologia, którą określam jako genetykę stosowaną, bądź traktuję jako specyficzny dział przemysłu. W biotechnologii wykorzystuje się techniki: inżynierii genetycznej tj. „sztuczne” wywołanie „pożądanych” mutacji i rekombinacji, klonowanie tj. przeszczepianie jądra komórki jakiegoś organizmu do komórki jajowej innego organizmu, zapłodnienie *in vitro*. W związku z tym rozwój genetyki ujmowany z perspektywy wymienionych możliwości manipulacji genetycznych może okazać się niezwykle przydatny i użyteczny, ale równocześnie stać się zmorą ludzkości. Analizy nad tego typu alternatywą domagają się refleksji bioetycznych. W takim kontekście niezwykle zaskakująca okazuje się recenzowana książka. Napisana została jakby w zupełnym wyizolowaniu od sugerowa-

nych powyżej faktów dziejowych rozwoju genetyki. Publikacja ta to swoista logika genetyki, refleksja logiczno-metodologiczna na temat charakteru i struktury nauki określanej mianem genetyki.

2. Pierwszymi sygnałnymi publikacjami problematyki podjętej w recenzowanej książce są artykuły tychże Autorów z 1982 oraz 1986 roku. Dotyczą one formalizacji obrazu struktury i analizy porównawczej najważniejszych teorii genetycznych. Konsekwentnie, autorzy rozwijają te idee i podejmują w książce próbę zaprezentowania jasnych i precyzyjnych pojęciowych modeli fundamentalnych działań genetyki. Celem tej operacji jest zintegrowanie wiedzy genetycznej w jak najprostszej formie. Powstałe na tej drodze modele stanowią podstawę analizowej wiedzy w świetle przyjętych programów komputerowych. Co więcej, prowadzą do stawiania w stosunkowo krótkim czasie nowych hipotez.

Autorzy recenzowanej książki uporządkowali swoje przemyślenia i refleksje w ośmiu rozdziałach. Nadto publikację tę tworzą wstęp, bibliografia, indeks cytowanych autorów oraz wykaz podstawowych terminów i symboli komputerowych.

Rozdział pierwszy traktuje o jedności genetyki, którą warunkuje, po pierwsze, zestaw naukowych faktów utrudniających historyczny jej rozwój; po drugie, wspólne metody badawcze wykorzystywane w różnych działach genetyki (przechodzenie od tzw. genetyki przekazu do genetyki molekularnej); po trzecie, wskazuje na strukturalną identyczność różnych dyscyplin genetycznych; inaczej mówiąc: jeden prezentuje wspólny identyczny model dla różnych struktur przekazu genetycznego na poziomie podstawowym.

Treść rozdziału drugiego koncentruje się na poszukiwaniu adekwatnego modelu dla współczesnej genetyki; określają go Autorzy mianem: *conceptual models*. Przy czym wskazują na różne rozumienia terminu model. I tak modelem w sztuce jest namalowany obraz; modelem można uznać także mapę geograficzną jakiegoś fragmentu naszej planety. Niemniej najważniejsze z punktu refleksji zawartych w książce jest rozumienie modelu w naukach szczegółowych. Z reguły model jest w tych naukach traktowany jako hipotetyczna konstrukcja wykorzystywana dla zrozumienia mechanizmów fizykochemicznych poszczególnych badanych zjawisk. Najbardziej charakterystyczna jest, przy tym, relacja zachodząca pomiędzy modelem a samą realną rzeczywistością ujmowaną schematycznie właśnie przez ów „konceptualny” model. Odnosząc powyższe do genetyki, należy

podkreślić, iż przeprowadzone w jej ramach badania mają charakter empiryczny. W związku z tym z punktu widzenia logiczno-metodologicznego niezwyklej wprost wagi nabierają refleksje metateoretyczne wokół genetyki jako nauki. Zabieg ten uzasadnia zastosowanie „redukcji złożoności” tejże nauki, dokonywanie bazowych analiz porównawczych oraz poszukiwanie „elementów charakterystycznych”, ważnych dla tworzenia heurystycznie płodnych programów komputerowych. Programy te stanowiąc o jakości modelu całościowego, hipotetycznego dla genetyki, zawierają zarówno abstrakcyjne, jak i pojęciowe wyłącznie składniki. Przy czym jedna lub kilka hipotez może być charakteryzowana poprzez sieć możliwych modeli, w których kluczem jest poziom osobniczy (model bazowy), poziom zjawiskowy (model obserwacyjny) oraz poziom teoretyczny.

Rozdział trzeci odnosi się do genetyki kinematycznej, opisującej zjawiska zachodzące pomiędzy rodzicami a protogenami bez uwzględniania sił, które te zjawiska wywołują. Zaproponowany przez Autorów tegoż model ma charakter statyczny bądź *quasi* statyczny. Ważne jest to, że dzięki utworzeniu takiego modelu można określić cytochemiczne bazowe procesy oraz poznać i zrozumieć mechanizm zmian kinematycznych (mejoza, zapłodnienie) a także relacje zachodzące pomiędzy fenotypem i genotypem. Co więcej, w modelu tym najważniejszym elementem okazują się wszelkiego rodzaju powiązania z genotypem, który określa się komputerowym mianem: COMBINATOR

W rozdziale czwartym Autorzy koncentrują się na genetyce przekazywania (*transmission genetics*), która obejmuje zastosowania chemicznego typu związków i powiązań w mechanizmach dziedziczenia populacji. Głównym założeniem metodologicznym jest tutaj przyjęcie, że dane ujmowane w ramach programu MATOR określają prawdopodobieństwo pojawiania się różnorodnych fenotypów w progenach. Co więcej, te dane są systematyzowane i wyjaśniane w ramach wysuwanych genetycznych hipotez. Hipotezy te stawiane i weryfikowane są w oparciu o relacje zachodzące pomiędzy dwoma parametrami komputerowymi określanymi jako COMBINATOR i DETERMINATOR.

Konsekwentnie, staje się możliwe zrozumienie mechanizmu zastosowań fenotypów oraz charakteru relacji zachodzących pomiędzy populacjami a ich częstością występowania. Należy równocześnie zaznaczyć, że fenotypy nie decydują o wszystkich cechach pojawiających się w populacji. Problem ten znakomicie prezentują liczne schematy oraz matematyczne obliczenia.

Z kolei w rozdziale piątym W. Balzer i Ch. M. Dawe koncentrują się na wskazaniu trudności w adekwatnym zdefiniowaniu genetyki molekularnej. Nadto podejmują próbę określenia charakteru relacji zachodzących pomiędzy poszczególnymi działami genetyki, głównie koncentrują się na genetyce przekazywania (*transmission genetics*). Proponują przy tym możliwość zbudowania ogólnego modelu genetyki na bazie twierdzeń genetyki molekularnej oraz zjawisk i sytuacji pragmatycznych, wynikających z zastosowania metody *in vitro*.

Szósty rozdział recenzowanej książki omawia modele stochastyczne. Okazuje się, że pozwalają one określić równocześnie charakter zastosowań genetycznych na dwóch poziomach: osobniczym i populacyjnym. Niemniej jednak w konkluzji rozważań, Autorzy wskazują na konieczność tworzenia różnorodnych modeli, jeśli pragnie się precyzyjnie określić przypadkowość zjawisk genetycznych w ich przebiegu czasowym. Chodzi tutaj z jednej strony o model własności populacyjnych, z drugiej zaś o model mechanizmu dziedziczności. Są to modele stochastyczne, gdyż dotyczą fundamentalnych cech genetycznych procesów o charakterze losowym. Procesy te określa funkcja $x(t)$ zależna od czasowego parametru t , której wartości w określonej chwili są zmiennymi przypadkowymi.

W rozdziale siódmym szczególnie owocna okazała się idea ujednoczenia różnorodnych modeli genetycznych. Ta idea możliwa jest do zrealizowania pod warunkiem: (1) określenia relacji redukowania genetyki przekazywania do genetyki molekularnej, (2) odnoszenia twierdzeń poszczególnych działów genetyki do komputerowego systemu, który stanowią intersubiektywnie sensowne i sprawdzalne tezy, (3) odróżniania formalnej i empirycznej perspektywy badań genetycznych; przy tym wysuwane na tej drodze tezy i twierdzenia powinny być satysfakcjonujące przede wszystkim pod względem logiczno-metodologicznym.

Ostatni ósmy rozdział to wnioski i perspektywy podjętych refleksji. Koncentrują się one głównie na stwierdzeniach, że zaproponowane w pracy metateoretyczne modele można bardzo skutecznie odnosić do innych tj. pozagenetycznych dyscyplin naukowych. Modele te są po prostu kompatybilne pomiędzy sobą, jak i z algebrą, rachunkiem prawdopodobieństwa oraz z wieloskładnikowymi pojęciami takimi jak populacja, gatunek i pokolenie. W związku z tym W. Balzer i Ch. M. Dawe pragną podjąć się w przyszłości stworzenia modelu określającego relacje zachodzące pomiędzy zjawiskiem ewolucji a molekularną genetyką.

3. Wolfgang Balzer jest profesorem logiki i filozofii na Uniwersytecie w Monachium. W swoich licznych publikacjach zafascynowany jest ideami strukturalizmu, ujmowanymi zarówno od strony ontologicznej (świat, kultura stanowią swoistą całość, której struktura nie stanowi jedynie jakichś układów elementów składowych), jak i od strony epistemologiczno-metodologicznej (opis badanej struktury nie da się zredukować do opisu jej elementów). Z kolei drugi Autor: Chris Dawe studiował genetykę, medycynę oraz filozofię nauki. Obecnie mieszka w Kent (Wielka Brytania).

Głównym przesłaniem książki napisanej przez wymienionych Autorów jest to, że istnieje możliwość tworzenia bazowych modeli genetycznych teorii. Wykład jest prowadzony dwutorowo. Obok refleksji wyłącznie przedmiotowych dotyczących genetyki (omówione zostały mechanizmy dziedziczności, translacji, rekombinacji, a także chromosomowa teoria dziedziczności, fenotypy, genotypy itd.) pojawiają się i dominują w recenzowanej książce refleksje z pogranicza filozofii nauki oraz matematyki i cybernetyki. Szczególne miejsce zajmują tutaj – w perspektywie metaprzekładowej – zagadnienia związane z programami komputerowymi i ich praktycznym zastosowaniem w genetyce. Wszystko to ukazuje szerokie i bardzo zróżnicowane dziedziny wiedzy, składowe genetyki. I właśnie, by nie zagubić ich istoty oraz dokonać porównań metodologicznych pomiędzy sobą, Autorzy proponują więc wiele różnych modeli tworzonych z myślą o samym procesie nauczania, jak i studentach, przyszłych nauczycielach genetyki, biologii i medycyny. Niemniej jednak lektura tychże rozważań sprawia wiele kłopotu i niestety wprowadza Czytelnika w zakłopotanie swoimi kontrowersyjnymi sformułowaniami. Chodzi mi przede wszystkim o to, że recenzowana książka, którą określić można jako logikę genetyki niejako zakłada ogromną erudycję Czytelnika w dziedzinach bardzo odległych od siebie; precyzyjnie mówiąc „sprawy” genetyczne stosunkowo łatwe są przedstawione w sposób niezwykle skomplikowany, wręcz trudny. Albowiem jak się wydaje, różne zjawiska genetyczne, w zupełnie prosty sposób można zaprezentować i wytłumaczyć poprzez umiejętne posługiwanie się normalną arytmetyką i rachunkiem prawdopodobieństwa, a także zasadami logiki klasycznej: przykładowo sprzężenia cech, niezależne dziedziczenie własności; tymczasem są one w pracy przedstawione przy pomocy niezwykle wyrafinowanej i super formalistycznej symboliki, że aż stają się wręcz niezrozumiałe. Recenzentowi narzuca się w tym miejscu jednoznaczne pytanie: czy sto-

sunkowo proste zjawiska genetyczne muszą być prezentowane w sposób skomplikowany, czyli intersubiektywnie niezrozumiały? Być może odpowiedzią na to pytanie stanowią wymagania stawiane Autorom przez Wydawnictwo – by publikacja intrygowała tajemniczością prezentowanych znaków formalnych i licznych schematów obrazujących myślenie strukturalno-redukjonistyczne. Niewątpliwie jednak należy przyznać, że używany w recenzowanej książce język jest zapewne bardzo charakterystycznych dla programistów. Co więcej, ma on – moim zdaniem – właśnie zastosowanie w poszukiwaniu nowych pomysłów dydaktycznych podczas edukacji genetycznej w szkole. Konsekwentnie, zweryfikowanie tychże wymaga konfrontacji z realną rzeczywistością dotyczącą recepcji i użyteczności naukowej proponowanych modeli teorii genetycznych. Są one niezwykle subtelne, ale czy adekwatnie odzwierciedlają osobliwości genetyczne, w których przypadek odgrywa bardzo istotną rolę. Nie można pominąć przy tym świadomego wyboru przez Autorów poziomu abstrakcji tłumaczonych zjawisk, realizowanego poprzez język ściśle naukowy. Niewątpliwie zaletą podjętych rozważań jest permanentnie stosowana precyzacja terminów i operatorów. Przy tym włączona zostaje w tym zabiegu zarówno intuicja, wyniki obserwacji genetycznej, a także inwencja twórcza W. Balzera i Ch. Dawe, nadając ich rozumowaniu walor uniwersalności zastosowań matematyczno-logicznych. Ważne okazują się także kategorie i sama budowa używanych znaków i ich eksplikacja, uwzględnia się także stałe i zmienne definicje zawierające owe zmienne; konsekwentnie wpisuje się powyższe w myślowe procesy wynikania zobrażowane modelami teorii orzekania genetycznego oraz dedukcyjnymi środkami stosowanymi w programach komputerowych oraz genetyce. W związku z tym, stosunkowo łatwo zauważyć, że pojęcie teorii w recenzowanej książce traktowane jest jako swoista metoda otrzymywania nowej wiedzy. Szkoda tylko, że Autorzy nie pokusili się o scharakteryzowanie relacji teoria – model (refleksje metaprzedmiotowe); brak też wskazań roli przestrzeni i czasu (analizy przedmiotowe) w tworzeniu jednolitej wizji zjawisk genetycznych. W związku z tym ocena adekwatności proponowanych modeli sprowadza się do odpowiedzi przynajmniej na dwa kolejne pytania – wątpliwości: (1) czy prezentowane modele można realnie zastosować do opisywanej złożonej klasy zjawisk genetycznych? oraz (2) czy modele pomagają zrozumieć złożoność omawianych procesów oraz ciągów myślowych wyrażanych poprzez programy komputerowe?

Niemniej jednak, lektura recenzowanej książki uświadomiła mi prawdziwość słów Jana Pawła II wypowiedzianych podczas Einstenowskiej Sesji Akademii Pontyfikalnej w 1979 r: człowiek może „ponownie odkryć swoje królestwo nad światem i pełne panowanie nad rzeczami, które sam wytwarza”, ale w królestwie tym musi obowiązywać zasada przykładania większej wagi ludziom niż rzeczom oraz „wyższości ducha nad materią”. Jeszcze mocniejszą wypowiedź stanowi następująca dywagacja prof. W. Kunickiego–Goldfingera: (*Znikąd donikąd*, Warszawa 1993, s.260) „Dramat czy tragifarsa życia rozgrywały się i mogą się w przyszłości rozgrywać mniej więcej tak samo i bez nas. Ale jesteśmy chyba jedynymi aktorami na scenie, którzy to wiedzą i którzy mogą choćby częściowo pisać swoją rolę. Nie piszmy jej jak idioci i łajdacy. Stać nas bowiem na dobry i piękny scenariusz”.

Kazimierz Kłoskowski
Wydział Filozofii Chrześcijańskiej, ATK

Steven Rose, *Lifelines. Biology beyond determinism*, Oxford University Press, Oxford – New York 1998, ss. 335.

Autor recenzowanej książki – Steven Rose, jest profesorem biologii Brytyjskiego Uniwersytetu Otwartego i zajmuje się głównie badaniem molekularnych mechanizmów pamięci. Napisał kilka książek, m.in. *The Making of Memory*, *The Conscious Brain*, *Not in Our Genes*.

Zasadniczą ideą omawianej pracy jest próba stworzenia alternatywnej wizji życia w stosunku do skrajnie darwinowskich poglądów R. Dawkinsa, E. O. Wilsona, Daniela Dennetta. Chodzi tutaj autorowi o zakwestionowanie poglądów redukcjonistycznych i deterministycznych, zgodnie z którymi głosi się, że geny stanowią klucz do zrozumienia szczególnie ludzkiej natury oraz złożoności i wielo-wymiarowości życia organicznego w ogólności. Konsekwentnie, polemizuje on przede wszystkim z ideami zawartymi w pracach R. Dawkinsa: *Ślepy zegarmistrz*, *Samolubny gen* (tłum. z ang. M. Skoneczny, Warszawa 1996), *Rzeka genów* (tłum. z ang. M. Jannasz, Warszawa 1995), *Rozciągliwy fenotyp* (w Polsce nieopublikowana, Freemon 1982). Warto – jak sądzę – w tym miejscu zaznaczyć, że dla R. Dawkinsa organizmy są właściwie wehikułami genów. Nadto uznaje geny za podstawowe jednostki ewolucji. „Siłą napędową” ewolucji jest po prostu sama bu-