

Tomasz Perz

Molekularna teoria ewolucji w ujęciu Bernarda Olafa Küppersa

Colloquia Theologica Ottoniana nr 2, 173-188

2011

Artykuł został 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.

MOLEKULARNA TEORIA EWOLUCJI W UJĘCIU BERNARDA OLAF KÜPPERSA

Ks. Tomasz Perz
Szczecin

Wstęp

Bernard Olaf Küppers zajmuje się niełatwą problematyką powstania życia. Czyni to w ramach tzw. syntetycznej teorii ewolucji, która rozszerzając podejście darwinowskie, obok doboru naturalnego i mutacji bierze pod uwagę również wiele innych czynników genezy życia. Autor analizuje warunki prebiotyczne, stosując założenia neodarwinizmu do populacji cząsteczkowej, tworząc tzw. molekularną teorię ewolucji.

Przyrodniczy aspekt biogenetyki wyrażony jest w idei ewolucji chemicznej, tzn. stopniowym przekształcaniu się substancji nieorganicznych w organiczne i powolnym komplikowaniu się prostych układów w systemy dynamiczne, aż do pojawienia się pierwszego organizmu żywego. Różne teorie zmierzają do określenia własności podstawowych substratów życia, mechanizmów ewolucji i warunków fizykochemicznych. W ramach przyjętych teorii pragnie się ustalić określone ciągi zdarzeń i procesów syntezy, samomontażu i samoregulacji materii na poszczególnych etapach strukturalno-funkcjonalnego samoorganizowania. Istotny wpływ na kształt poszczególnych teorii mają wyjściowe założenia rozpatrujące zagadnienie życia pod określonymi aspektami.

Zapoczątkowane przez Manfreda Eigena badania nad procesami biosystemogenezy, z punktu widzenia teorii gier i teorii informacji, podejmuje Bernard Olaf Küppers, który genezę życia analizuje w aspekcie powstawania informacji biologicznej.

Celem niniejszego artykułu jest określenie natury procesów wiodących do wyłonienia się życia, które są zawarte w stworzonej przez B.O. Küppersa molekularnej teorii ewolucji. W tym celu wyjaśnię najpierw znaczenie podstawowych terminów, którymi posługuje się autor: życia i informacji. Następnie będę się starał ukazać model powstania życia, w którym istotny jest problem generowania i przetwarzania informacji. Przedstawię mechanizmy, dzięki którym możliwa stała się samoorganizacja w systemach makromolekularnych. Za autorem będę się starał pokazać procesy, które doprowadziły do spontanicznej organizacji pierwszego hipercyklu, a następnie powstania kodu genetycznego.

1. Kryteria systemu ożywionego

Starając się ukazać model abiogenezy B.O. Küppersa, należy najpierw sprecyzować kluczowe, z punktu widzenia autora, pojęcia: życia i informacji. Terminy te są z pozoru oczywiste, jednak po bliższym przyjrzeniu się widać, że podanie definicji tych pojęć nie jest sprawą prostą. Znaczenie terminów i metody analizy wpływają z określonej teorii powstania życia.

1.1. Podstawowe cechy życia

Bernard Olaf Küppers, określając pojęcie życia, wskazuje na trzy cechy niezbędne dla jego istnienia: metabolizm, samoreprodukcja i mutacjonizm¹.

Wszystkie organizmy żywe charakteryzuje metabolizm, dzięki któremu organizm jest otwarty w sensie termodynamicznym. Wymienia on ze swoim otoczeniem energię i materię, co pozwala takiemu ewoluującemu systemowi zachować kompleksowość budowy materialnej.

Drugą cechą charakteryzującą życie jest zdolność do samoreprodukcji. Jest to konsekwencja złożoności systemów ożywionych. Żywe organizmy są na tyle skomplikowane, że nie mogą powstać od nowa w każdej nowej generacji.

Trzecią cechą, która występuje w całym świecie ożywionym, jest mutacjonizm. Jeżeli organizmy tworzyłyby zawsze swoje dokładne kopie, nie pojawiłby się postęp ewolucyjny. Dzięki temu w przyrodzie możliwy jest wybór najlepiej przystosowanych do warunków otoczenia wariantów organizmu macierzystego.

¹ B.O. Küppers, *Molecular theory of evolution. Outline of physico-chemical theory of the origin of life*, Berlin 1985, s. 9.

Wspomniane wyżej cechy są konieczne, ale niewystarczające, by system mógł być nazwany ożywionym. Według autora pozwalają one na stworzenie roboczej definicji prymitywnych organizmów żywych.

1.2. Ewolucja od ilościowej do jakościowej informacji

Najmniejszym organizmem żywym znanym współczesnej biologii, ze swoim własnym metabolizmem, jest bakteria. Potrzebuje ona prawie czterech milionów nukleotydów, by zakodować swoją informację genetyczną w cząsteczkach kwasów nukleinowych. Aby zobrazować wielkość zasobu informacji, jaki zawiera poszczególne komórki bakterii, możemy porównać go do ludzkiego języka, gdzie każda cząsteczka kwasu nukleinowego oznaczałaby jedną literę alfabetu. W ten sposób informacja zawarta w jednej komórce bakterii wypełniłaby tysiącstronicową książkę. Jak widać, nawet najmniejszy organizm potrzebuje ogromnej ilości informacji. Chcąc więc poznać istotę organizmów żywych oraz jak one powstały, nie możemy – zdaniem autora – pominąć zagadnienia powstania i przetwarzania informacji.

Bernard Olaf Küppers wyróżnia trzy aspekty informacji: syntaktyczny, semantyczny i pragmatyczny².

Wymiar syntaktyczny odnosi się do wzajemnej relacji między znakami. Jest to właściwie teoria przekazywania informacji. Rozważając ten aspekt informacji, pomija się jej sens. Jest to zatem teoria strukturalistyczna, analizująca informacje niezależnie od zawartej w nich treści. Wedle tej klasycznej teorii informacji, zwanej shannonowską³, dwa komunikaty, z których jeden niesie duży zasób sensu, a drugi jest bezsensowny, są równocenne. Tak więc np. sekwencja nukleotydów, złożona wyłącznie z jednego rodzaju nukleotydu, będzie równocenna z tak samo dużą sekwencją nukleotydów, zawierającą plan całej maszynerii replikacyjnej.

Informacja biologiczna odnosi się do drugiego wymiaru informacji, a mianowicie informacji semantycznej. Bernard Olaf Küppers wprowadza pojęcie mikro- i makrostanu⁴. Mikrostan to każda możliwość uporządkowania liter w wyraz; makrostan to sam wyraz. Semantyczny wymiar stanowi tu znaczenie,

² Tenze, *Geneza informacji biologicznej. Filozoficzne problemy powstania życia*, tłum. z niem. W. Ługowski, Warszawa 1991, s. 42–45; por. G.A. Cuadro y J. E. Calderon, *Ruido y silencio en las nuevas tecnologías de la información, Philosophia*, „Anuario de Filosofía” 68 (2008), s. 33–39.

³ C.E. Shannon, W. Weaver, *The mathematical Theory of Communication*, Urbana 1949.

⁴ B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 52–53.

jakie niesie dany mikrostan. W wymiarze semantycznym nie mamy do czynienia z informacją w sensie absolutnym. Jest ona względna, zależna od poziomu semantycznego odniesienia. Powstaje więc pytanie: w odniesieniu do jakiego poziomu semantycznego pojawia się informacja genetyczna? Na podstawie naszej wiedzy empirycznej o budowie i funkcjonowaniu układów żywych możemy stwierdzić, że biologiczne znaczenie ma informacja odnosząca się do łańcucha nukleotydów. Informacja genetyczna zaczyna działać w trakcie dziedziczenia. Znajomość informacji zawartej w łańcuchu DNA pozwala zdefiniować dany gatunek organizmów żywych. Możemy więc poziom semantyczny informacji genetycznej określić jako zdolność systemów żywych do podtrzymania drogą reprodukcji. Należy zauważyć, że semantyczny aspekt informacji ujawnia się wtedy, gdy informacja staje się istotna w sensie pragmatycznym. Nie da się oddzielić od siebie tych dwóch wymiarów informacji.

Trzeci aspekt informacji w teorii abiogenezy B.O. Küppersa odnosi się do wymiaru pragmatycznego. Ujawnia się on wszędzie tam, gdzie komunikat powoduje reakcję u odbiorcy. W przypadku organizmów żywych reakcja ta może polegać na przekształceniu strukturalnym bądź też gotowości podjęcia działań w pewnym kierunku. Ten trzeci wymiar informacji jest zależny od dwóch poprzednich.

Podstawowym budulcem świata ożywionego jest białko. Właściwości białka zależą od wchodzących w jego skład aminokwasów. Przeprowadźmy za autorem pewien eksperyment myślowy: obliczmy liczbę możliwych permutacji białka składającego się ze stu aminokwasów⁵. Skoro liczba rodzajów aminokwasów wynosi dwadzieścia, to liczba możliwych permutacji wynosi $N = 20^{100}$. Łatwo jest stąd obliczyć, że nawet jeśli mutacje dokonywałyby się co 10^{-6} sekundy, to na utworzenie wszystkich możliwych sekwencji potrzeba czasu równego 10^{124} sekundy. Dla porównania wiek Ziemi wynosi 10^{17} . Widać stąd, że prawdopodobieństwo powstania ściśle określonego białka wewnątrz istniejących wymiarów czasu i przestrzeni jest równa zero. Jeżeli będziemy kontynuować dalej eksperyment z niewielką zmianą, a mianowicie będziemy utrzymywać te aminokwasy, które są najkorzystniejsze dla funkcjonowania białka, okaże się wtedy, że dla każdego aminokwasu potrzeba będzie dokonać dwudziestu mutacji. Prawdopodobieństwo otrzymania pożądanego białka będzie wynosiło $10^{3,3}$, co jest już całkiem prawdopodobnym wynikiem. Możliwość taka pojawia się w wyniku oceny przydatności poszczególnych aminokwasów

⁵ Tamże, s. 30.

w procesie ewolucji. Takie rozumowanie zakłada istnienie semantycznego aspektu informacji biologicznej. Ocena wartości informacji zawartej w poszczególnych elementach materialnych dokonuje się za pomocą selekcji. Istnienie mechanizmu selekcji na poziomie przedbiologicznym jest głównym sprawcą generowania informacji.

2. Model powstania życia

Bernard Olaf Küppers rekonstruuje proces powstania życia w ramach molekularnej teorii ewolucji⁶. Teoria ta opisuje powstanie i wczesny rozwój życia jako proces materialnej samoorganizacji. Autor stara się wskazać niezmiennie zasady i mechanizmy leżące u podstaw historycznego procesu powstawania informacji biologicznej. Nie ma on na celu, jak sam twierdzi, podawania szczegółowego przebiegu procesu abiogenezy. Za autorem wyróżniamy trzy fazy genezy i rozwoju życia: ewolucję chemiczną, samoorganizację materii i ewolucję biologiczną.

Ewolucja chemiczna to inaczej faza nieinstruowanej, prebiotycznej syntezy makrocząsteczek biologicznych⁷. Na tym etapie powstały w „pierwotnym bulionie” wszystkie związki chemiczne niezbędne do utworzenia pierwszych organizmów żywych. Wtedy różne składniki tworzące mieszaninę podlegały procesom polimeryzacji. Tak powstały dwie najważniejsze makrocząsteczki biologiczne: białko i kwasy nukleinowe. Wszystkie cząsteczki zostały utworzone przypadkowo, na drodze procesów fizykochemicznych. Ewolucja chemiczna miała charakter silnie dywergentny. Analizując proces z punktu widzenia informacji, można stwierdzić, że był to okres powstawania informacji syntaktycznej. Autor w swoich rozważaniach nie zajmuje się bliżej procesami ewolucji chemicznej, zakładając, że istnieją cząsteczki stanowiące podstawowy budulec pierwszych organizmów żywych, powstałe w wyniku naturalnych i powolnych przemian fizykochemicznych⁸.

⁶ Tenże, *Geneza*, dz. cyt., s. 113–158; tenże, *Molecular*, dz. cyt., s. 20, tenże, *Evolution im Raegenzglas. Zur experimentellen Untersuchung molecular Evolutionsmechanisme*, w: H. von Ditfurth (red.), *Mannheimer Forum 80/81. Ein Panorama der Naturwissenschaften*, Mannheim 1980, s. 50–82.

⁷ Tenże, *Geneza*, dz. cyt., s. 172; tenże, *Die Komplexität des Lebendiege. Möglichkeiten und grenzen objektiven Erkenntnis in der Biologie*, w: tenże (red.), *Ordnung aus dem Chaos. Prinzipien der Selbstorganisation und Evolution des Lebens*, München–Erich 1981, s. 20–30.

⁸ Aminokwasy, puryny, sacharydy czy lipidy powstały z wody, metanu, amoniaku, tlenu i dwutlenku węgla pod wpływem światła słonecznego, wyładowań atmosferycznych czy ciepła. Z nich, w wyniku polimeryzacji, powstały białka, kwasy nukleinowe i cukry. Por. tenże, *Molecular*, dz. cyt., s. 280–281; J. de Rosnay, *Powstanie życia od atomu do komórki*, tłum. z franc. L. Zagórska, Warszawa 1969, s. 114–150; W. Kunicki-Goldfinger, *Dziedzictwo i przyszłość*, Warszawa 1976, s. 157–187.

Samoorganizacja materii, czyli przejście od materii martwej do ożywionej, jest etapem, na którym skupiają się rozważania B.O. Küppersa. Z punktu widzenia problemu informacji etap ten oznacza przejście od informacji syntaktycznej (ilościowej) do semantycznej (jakościowej). Proces ten omówimy w dalszej części artykułu.

Ostatnią fazą rozwoju systemów żywych jest ewolucja biologiczna. Na tym etapie następował rozwój od prymitywnych organizmów jednokomórkowych do człowieka. Faza ta była silnie dywergentna, co sprzyjało powstaniu różnorodności organizmów żywych.

2.1. Pojemność informacyjna układów samoorganizujących się

Rozważając procesy przejścia od materii martwej do ożywionej, musimy najpierw zadać sobie pytanie o ilość magazynowanej informacji, po przekroczeniu której możliwe jest utworzenie pierwszego organizmu żywego.

Jak już wspomniano, życie zaczęło powstawać w sposób stopniowy, poprzez samoorganizację materii z początkowego chaosu molekularnego, w wyniku przypadkowych zderzeń pomiędzy różnymi związkami, bez odpowiedniego stopnia uorganizowania. O stopniu i charakterze uporządkowania systemów decyduje z kolei zasób posiadanych informacji⁹. Układ ma tym większe szanse przetrwania, im bardziej jest złożony, a więc im więcej zawiera informacji.

Küppers, rozważając zagadnienie generowania i magazynowania informacji biologicznej, bierze pod uwagę układy złożone z kwasów nukleinowych¹⁰. Czł-

⁹ Sz. Ślaga, *Życie–ewolucja*, w: M. Heller i M. Lubański (red.), *Zagadnienia filozoficzne współczesnej nauki*, Warszawa 1992, s. 299–302.

¹⁰ Manfred Eigen, zajmując się problemem pojemności informacji w układach samoorganizujących się, bierze pod uwagę również system złożony z samych białek. Zauważa, że istnieją białka zdolne do sterowania syntezą innych białek, nie odwołując się przy tym do informacji zawartej w kwasach nukleinowych. Możliwości takie są wynikiem specyficznej, trzeciorzędowej struktury białek. W układzie samoorganizującym się złożonym z samych białek tworzą one zamknięty cykl, w którym jedna cząsteczka intruuje powstanie drugiej. Układ taki charakteryzuje się dużą pojemnością informacji, jednak większość jest bezużyteczna. Poza tym układy te nie są zdolne do mutacji. Powyższe cechy nie pozwalają, aby taki model mógł być pomocny w wyjaśnianiu początków życia. Por. M. Eigen, *Molecular self-organisation and Elary stages of evolution*, „Quarterly Reviews of Biophysics”, nr 4, (1971), s. 150–210; M. Puchnarewicz, *Koncepcja przedbiologicznego doboru naturalnego w teorii M. Eigena*, w: Cz. Nowicki (red.), *Ewolucja biologiczna a problemy informacji i rozwoju, Szkice teoretyczne i metodologiczne*, Wrocław, Kraków, Gdańsk, 1976, s. 91–93; K. Kloskowski, *Koncepcja biogenezy Manfrieda Eigena i Hansa Khuna*, „Zeszyty Naukowe Wydziału Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego”, nr 7 (1987), s. 113–129; Sz. Ślaga, *Eigena model ewolucji przedbiologicznej*, w: M. Lubański i Sz. Ślaga (red.), *Z zagadnień filozofii przyrodznawstwa i filozofii przyrody*, t. 3, Warszawa 1987, s. 121–152.

steczki te mają zdolności autokatalityczne i działają jako matryce swojej replikacji. Dokładne badania kinetyki powyższych systemów wykazują, że układy te są zdolne do utworzenia molekuł, zwanych molekularnymi gatunkami (species)¹¹. Gatunki te na poziomie molekularnym stanowią zespół indywiduów reprezentowany przez łańcuchy DNA o bardzo zbliżonej strukturze. Rozbieżności pomiędzy poszczególnymi gatunkami pojawiają się na poziomie fenotypu. Różnią się one szybkością replikacji, dokładnością kopiowania i czasem życia. Poszczególne molekularne gatunki podlegają selekcji na skutek współzawodnictwa. Wynikiem darwinowskiej selekcji jest wyodrębnienie tzw. quasi-species. Jest to molekularny gatunek związany z dominującą sekwencją kwasów nukleinowych, która jest najwydatniej reprodukowana. W obręb quasi-species wchodzi najlepiej przystosowana sekwencja, zwana też sekwencją stałą, wraz z analogicznym zespołem zmutowanych sekwencji. W ewoluującym systemie sekwencja jest zdana na ciągłe współdziałanie ze swoimi mutantami. Istotą selekcji populacji molekularnych gatunków jest stabilizacja informacji w quasi-species.

Należy teraz zapytać za B.O. Küppersem: jaką maksymalnie dużą ilość informacji są w stanie zgromadzić takie systemy? Lub inaczej: jaka jest możliwie największa długość łańcucha cząsteczek kwasu nukleinowego, która mogłaby być reprodukowana w warunkach presji selekcyjnej¹²? Z jego obliczeń wynika, że replikacja cząsteczek RNA bez pomocy enzymów, w warunkach presji selekcyjnej, pozwala na reprodukcję łańcucha zawierającego nie więcej niż 100 cząsteczek¹³. Dokładność replikacji na jeden symbol wynosi $q = 0,995$. Większa dokładność jest możliwa w wyniku optymalizacji procesu replikacji za pomocą enzymów. Przebieg procesu w tak optymalizowanych warunkach pozwala na prawidłową reprodukcję ok. 3000 cząsteczek nukleotydów w łańcuchu. Do przebiegu tego procesu potrzeba, aby każda cząsteczka kwasu nukleinowego została „uzbrojona” w cząsteczkę aktywnego enzymu.

Z dalszym wzrostem dokładności mamy do czynienia w komórce bakterii. Jest to możliwe dzięki temu, że enzym obok funkcji optymalizującej proces replikacji pełni jeszcze rolę „korektorską” poszczególnych kroków procesu kopiowania łańcucha RNA. Mechanizmy wyżej wspomniane pozwalają na maga-

¹¹ Z. Matuszak, *Koncepcje pochodzenia informacji genetycznej. Teoria Eigena*, w: *Zeszyty Naukowe Uniwersytetu Jagiellońskiego, prace z biologii molekularnej*, z. 14, *Molekularne aspekty ewolucji organizmów*, cz. 2, Kraków 1987, s. 22–27.

¹² B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 129.

¹³ Tamże, s. 152.

zynowanie ok. 10^6 symboli molekularnych w łańcuchu RNA. Liczba ta odpowiada liczbie cząsteczek RNA w genomie bakterii. W komórkach Eucariota poziom ten wzrasta do ok. 10^9 cząsteczek kwasu nukleinowego w łańcuchu.

Bernard Olaf Küppers za M. Eigenem stwierdza, że układy zbudowane jedynie z kwasów nukleinowych nie są w stanie osiągnąć progu informacji wymaganej dla utworzenia nawet najprostszego organizmu¹⁴. Decydującym krokiem na drodze do powstania życia było przejście od replikacji cząsteczek RNA wolnej od enzymów do replikacji zależnej od enzymów. W procesie abiogenezy interesujący będzie więc model enzymatycznej replikacji cząsteczek RNA.

2.2. Formy organizacji makromolekularnych systemów

W dalszym ciągu swoich rozważań B.O. Küppers zadaje pytanie, jakie systemy są zdolne do progresywnej ewolucji w warunkach przedbiologicznych. Analizując dynamikę procesów systemów samoorganizujących się, dochodzi do wniosku, że równania, którymi się posługuje, opisują tylko czasowy przebieg procesów samoorganizacji¹⁵. Z punktu widzenia procesów abiogenezy bardziej interesujące są analizy dotyczące „długozyciowych” zachowań samoorganizujących się systemów. Aby to zbadać, B.O. Küppers stosuje metodę *fixed points analysis*¹⁶. Punkty te są stanami stałymi dynamicznego systemu, niezmiennymi w czasie, dla których makromolekularna kompozycja systemu prawie się nie zmienia.

Autor za M. Eigenem odrzuca modele systemów złożonych z samych cząsteczek RNA czy z samych białek, jako niezdolne do zapoczątkowania życia na Ziemi. Zdolny do tego jest według B.O. Küppersa system złożony z kwasów nukleinowych, mających zdolność replikacji, oraz białek o odpowiednim zasobie informacji, umożliwiających katalizę. Stąd poszukuje on najlepszego rodzaju

¹⁴ M. Eigen, *Molecular self-organization*, dz. cyt., s. 172–179.

¹⁵ B.O. Küppers posługuje się danymi zaczerpniętymi z reaktora ewolucyjnego. Por. B.O. Küppers, *Molecular theory of evolution. Outline of physico-chemical theory of the origin of life*, Berlin 1985, s. s. 37–39 i 155–159; tenże, *Evolution im Raegenzglas. Zur experimentellen Untersuchung molecular Evolutionsmechanisme*, w: H. von Ditfurth (red.), *Mannheimer Forum 80/81. Ein Panorama der Naturwissenschaften*, Mannheim 1980, s. 47–113.

¹⁶ Metoda ta pozwala na ustalenie, w ramach dynamicznego systemu, pewnych stałych punktów, których połączenie liniami daje najogólniejszy obraz dynamiki systemu bez opisywania całej powierzchni. B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 159.

powiązań tych dwóch rodzajów cząsteczek. Rozważa dwa rodzaje sprzężeń: liniowe i cykliczne¹⁷.

Połączenia liniowe charakteryzują się tym, iż pierwsze ogniwa łańcucha nie są sprzężone z żadnym innym nośnikiem informacji, co powoduje, że taki rodzaj połączeń molekularnych gatunków nie daje możliwości stabilizacji zdobytej informacji¹⁸. Jeżeli jednak ostatnie ogniwo powyższego systemu oddziałuje na pierwsze, wówczas otrzymujemy całkiem nowy rodzaj systemu, oparty na sprzężeniu cyklicznym.

Cyklicznie zależny łańcuch samoreprodukujących się gatunków molekularnych nazywamy hipercyklem. Mimo że dynamika liniowych i cyklicznych sprzężeń ma bardzo wiele podobieństw, to jednak ich „długożyciowe” zachowania różnią się znacznie. Jak wykazuje analiza *fixed points* dla tych sprzężeń, kiedy liniowy system prowadzi, wraz ze wzrostem zawartości informacji, do selekcji i nie wszystkie komponenty przeżywają, to cykliczny system prowadzi do ustalenia względnej koncentracji wszystkich elementów cyklu, w której przeżywają wszystkie¹⁹. Stąd hipercykliczna zależność molekularnych gatunków ma właściwości integrujące informację. Hipercykl charakteryzuje się zdolnością do generowania i stabilizowania informacji protobiologicznej.

2.3. Hipercykliczna organizacja systemu żywego

Hipercykliczna organizacja systemu jest możliwa dzięki kooperacji poszczególnych jej członów, która pojawia się wtedy, gdy jego elementy połączone są dodatnią pętlą sprzężenia zwrotnego. Warunkiem zaistnienia pozytywnego sprzężenia zwrotnego jest sytuacja, gdy hipercykl składa się z nośników informacyjnych (dwóch komplementarnych łańcuchów kwasu nukleinowego) w ilości od I_1 do I_n , a każdy z tych nośników koduje jedną molekułę (łańcuchy polipeptydowe zdolne do kataliz) w ilości od E_1 do E_n . Tak więc każdy człon hipercyklu składa się z pary kwasu nukleinowego, który reprodukuje się automatycznie według zasady par komplementarnych. Reprodukacja kwasów nukleinowych jest katalizowana przez związane z nimi polipeptydy. Tak więc człon I_1 jest katalizowany

¹⁷ Tamże, s. 165–167; tenże, *Towards an Experimental of Molecular Self-Organization and Precellular Darwinian Evolution*, „Naturwissenschaften”, nr 66 (1979), s. 228–243.

¹⁸ Bernard Olaf Küppers wyciąga taki wniosek na podstawie analizy *fixed points* tego rodzaju sprzężenia, patrz tenże, *Molecular*, dz. cyt., s. 167–172.

¹⁹ Tamże, s. 174.

przez związany z nim polipeptyd E_{i-1} , który jest produktem translacji członu I_{i-1} . Efektem takiej współpracy jest zamknięcie się cyklu katalitycznej zależności. Stąd taki rodzaj hipercyklów nazywa się hipercyklami katalitycznymi²⁰. Wyżej określona zależność pozwala na zaistnienie kooperacji w układzie, bazującej na połączeniu poszczególnych elementów dodatnią pętlą sprzężenia zwrotnego. Zakłada to powstanie sposobu transkrypcji informacji z RNA na język funkcjonalny białek. Zagadnieniem powstania kodu genetycznego zajmiemy się później, a obecnie zwrócimy uwagę na analizę *fixed points* hipercyklów katalitycznych, dzięki którym możliwa jest progresywna ewolucja wszystkich klas, nawet niespokrewnionych nośników informacji. Przyjrzyjmy się zatem, jakie są możliwości koegzystencji systemów zorganizowanych hipercyklicznie.

Jak już powiedzieliśmy, każdy hipercykl jest zbudowany z n -molekularnych gatunków, które mogą być powiązane ze sobą w różnym stopniu kompleksowości. W najmniej skomplikowanych hipercyklach poszczególne molekularne gatunki oddziałują tylko na sąsiadujący ze sobą gatunek. W miarę wzrostu kompleksowości hipercyklów rośnie też stopień oddziaływania pomiędzy poszczególnymi jego komponentami. W całkowicie sprzężonym systemie każdy element bierze udział w ukształtowaniu innego. Z analizy dynamiki reakcji hipercyklicznych przeprowadzonych przez autora wynika, że powstanie całkowicie sprzężonego układu, przy niskiej koncentracji jego komponentów, jest prawdopodobna w niewielkim stopniu²¹. Stąd można wnioskować, że pierwsze hipercykle powstałe podczas prebiotycznej fazy ewolucji były układami o niskim stopniu kompleksowości. Autor uważa, że rozsądną podstawą do stworzenia modelu pierwszego hipercyklu jest elementarny przypadek, iż każdy *jeden komponent* oddziałuje tylko na *jeden inny*.

Dzięki mutacyjnym zmianom kwasów nukleinowych pierwsze proste hipercykle mogły ewoluować, tworząc coraz bardziej skomplikowane formy.

²⁰ Bernard Olaf Küppers podaje model hipercyklu katalitycznego za M. Eigenem, który opracował go w swojej teorii samoorganizacji materii i ewolucji makromolekuł biologicznych. Manfred Eigen opublikował ten model w pracy pod tym samym tytułem w 1971 roku, por. M. Eigen, *Self-organisation of master and evolution of biological macromolecules*, „Naturwissenschaften”, nr 58 (1971), s. 465–526; M. Eigen i P. Schuster, *The hypercycle a principle of natural selforganisation*, Berlin 1979. Opis tego modelu możemy znaleźć m. in. u Z. Matuszak, *Koncepcje pochodzenia informacji biologicznej*, s. 21–39; K. Kloskowski, *Hipercykl jako model abiogenezy*, w: *Z zagadnień filozofii przyrodoznawstwa i filozofii przyrody*, t. 8, Warszawa 1985, s. 262–264.

²¹ B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 177–180.

Możliwość ewolucji jest cechą, która odróżnia katalityczne hipercykle od innych form samoorganizacji i czyni ten model zdolnym do wyjaśnienia genezy życia²².

Hipercykle mogą ewoluować, ponieważ niezależne cykle konkurują ze sobą, w wyniku czego podlegają selekcji i ulepszają się. Mechanizm ten dokonuje się według zasady *wszystko albo nic*, co wpływa na dużą szybkość ewolucji hipercyklów.

Bernard Olaf Küppers, przyglądając się konkurencji powyższych układów, wskazuje na trzy możliwości współistnienia mieszanych populacji hipercyklów²³. Autor rozpatruje najpierw model populacji złożonej z niezależnie rosnących hipercyklów. Analizując kinetykę selekcji takiej populacji, dochodzi do wniosku, że selekcja pomiędzy niezależnymi hipercyklami jest o wiele ostrzejsza niż pomiędzy niesprzężonymi molekularnymi gatunkami. Rozwój populacji może zaistnieć, gdy istnieje możliwość włączenia mutantów do populacji. Decyzja taka ma charakter zachowawczy, tzn. podjęta raz kiedyś trwa na zawsze²⁴. Inną formą zachowania się populacji hipercyklów jest jej reakcja na pojawienie się pasożytów. Jeżeli jakiś pojedynczy hipercykl wytworzy odgałęzienia pasożytnicze, wtedy niższa wartość selekcyjna tego odgałęzienia spowoduje, że zostanie ono wyeliminowane.

Ostatnią formą współistnienia hipercyklów rozważaną przez autora jest sieć hipercyklów. Bernard Olaf Küppers rozważa możliwość takiego współistnienia na przykładzie układu złożonego z dwóch hipercyklów. Sprzężenie jest możliwe wtedy, gdy oba hipercykle produkują taką samą substancję promującą ich wzrost. Powiązania takie mogą następować na różne sposoby, prowadząc do powstania całej sieci hipercyklów. Korzyści są bezsprzeczne – połączenie cykli pozwala na znaczne zwiększenie ilości magazynowanej informacji.

3. Powstanie i rozwój pierwszych układów żywych

Przedstawiając swój model powstania życia, Bernard Olaf Küppers zajmuje się problemem generowania i przetwarzania informacji i ukazuje mechanizmy,

²² Sz. Ślaga, *Eigena fizyczny model ewolucji prebiotycznej*, w: *Z zagadnień filozofii przyrodoznawstwa i filozofii przyrody*, t. 3, Warszawa 1979, s. 132–135; K. Fuchs-Kittowski, H.A. Rosenthal, *Samoorganizacja i ewolucja*, „Człowiek i Światopogląd”, nr 9 (1974), s. 95–99.

²³ B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s.189–204.

²⁴ Por. Z. Matuszak, *Koncepcje pochodzenia informacji genetycznej. Teoria Eigena*, w: *Zeszyty Naukowe Uniwersytetu Jagiellońskiego, Prace z biologii molekularnej. Molekularne aspekty ewolucji organizmów*, z. 14, cz. 2, Kraków 1987, s. 34–35.

dzięki którym możliwa stała się samoorganizacja w systemach makromolekularnych. Wskazuje na niezmiennie zasady i mechanizmy leżące u podstaw powstawania informacji biologicznej i stara się następnie ukazać warunki historycznego procesu abiogenezy. Stąd stawia sobie pytanie: w jaki sposób doszło do spontanicznej organizacji pierwszego hipercyklu? Co jest równoważne pytaniu: w jaki sposób doszło do powstania pierwszego organizmu żywego? Z pytania tego wypływa kolejne zagadnienie dotyczące powstania mechanizmu translacji, czyli kodu genetycznego wspólnego dla całego świata ożywionego.

3.1. Warunki powstania pierwszych hipercykłów

Bernard Olaf Küppers, wyjaśniając powstanie pierwszych hipercykłów, formułuje dla nich podstawowe zasady ewolucyjne. Zastanawia się, jak mogła zajść optymalizacja, która doprowadziła do powstania hipercykłów. Autor szacuje najpierw prawdopodobieństwo, z jakim hipercykl mógł powstać spontanicznie²⁵. Okazuje się, że szansa spontanicznej nukleacji jest bardzo mała. Aby zrozumieć, jak indywidualne nośniki utworzyły system hipercykliczny, B.O. Küppers odwołuje się do koncepcji quasi-species. Autor bierze pod uwagę dwa mutanty tego samego quasi-species, które są powiązane z cząsteczkami aminokwasów, katalizującymi reprodukcję cząsteczek kwasów nukleinowych. Powiązanie ich w jeden system umożliwia powstanie informacji biologicznej.

W tworzeniu tej informacji istotną rolę odgrywają dobór naturalny i mutacje. Dobór naturalny, zdaniem autora, niekoniecznie musi być związany z istnieniem systemów żywych; może także pojawiać się w systemach nieożywionych, o ile są one otwarte termodynamicznie i mają autokatalityczne właściwości²⁶. Mutacje natomiast wypływają z niedokładności replikacji quasi-gatunku w danych warunkach fizykochemicznych.

Jeśli istnieje równowaga między funkcjonowaniem doboru naturalnego i przypadkowymi nukleacjami, wówczas system znajduje się w stanie stacjonarnym. Dokładność kopiowania poszczególnych sekwencji nukleotydów związana jest ze stanem stabilnym. Przypadkowe fluktuacje systemu, spowodowane działaniem czynników zewnętrznych (temperatury czy stężenia reagentów itp.) lub

²⁵ B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 229; por. M. Eigen, R. Winkler, *Gra. Prawa natury sterują przypadkiem*, tłum. z niem. K. Wolski, Warszawa 1983, s. 215–246.

²⁶ B.O. Küppers, *Geneza*, dz. cyt., s. 141.

wewnętrznych, naruszają stan uprzedniej równowagi²⁷. W warunkach dalekich od równowagi termodynamicznej, w ściśle określonych granicach, następuje sprzężenie własności replikacyjnych RNA z pojemnością informacyjną białek. Sprzężenie to nie jest możliwe w warunkach równowagi.

Biologiczna informacja związana ze strukturą hipercykliczną zależy więc, zdaniem B.O. Küppersa, od kontekstu fizykochemicznego, tzn. od określonych warunków. Autor, powołując się na analizy M. Eigena, twierdzi, że hipercykliczna organizacja dokonała się w warunkach nierównowagowych²⁸ pod wpływem mutacji i selekcji. Hipercykle, rozwijając się, uległy procesom podziału i indywidualizacji. Rozwój ten doprowadził do powstania pierwszej istoty żywej. Hipercykle, stanowiąc pierwsze systemy żywe, są jednocześnie ostatnim członem molekularnej ewolucji. Następnym etapem to ewolucja kodu genetycznego.

3.2. Powstanie kodu genetycznego

Hipercykle są nową jakością w zagadnieniu samoorganizacji materii, mimo to same z siebie nie są w stanie wytłumaczyć fenomenu powstania życia. Warunkiem nukleacji katalitycznej hipercyklu jest powstanie aparatu translacyjnego, który tłumaczy informację zawartą w kwasach nukleinowych na język funkcjonalny białek, co implikuje powstanie kodu genetycznego. Autor przedstawia dwie hipotezy powstania kodu genetycznego²⁹. Pierwsza z nich, zwana *Stereochemical Hypothesis*, postuluje istnienie pewnych specyficznych wiązań chemicznych łączących poszczególne aminokwasy z kodującymi je nukleotydami. Jednak eksperymenty, jak dotychczas, wykazały brak istnienia takich właściwości chemicznych³⁰. Z tego względu B.O. Küppers więcej uwagi poświęca

²⁷ Por. I. Prigogine, I. Stenges, *Z chaosu ku porządkowi. Nowy dialog człowieka z przyrodą*, tłum. z ang. K. Lipszyc, Warszawa 1990, s. 48; I. Prigogine i G.N.A. Babloyantz, *Termodynamika ewolucji*, tłum. z ang. M. Cieplak, w: *Postępy fizyki* nr 26 (1975), s. 253–280; I. Prigogine, *Die physikalisch-chemischen Wurzeln des Lebens*, w: H. Meler (red.), *Die Herausforderung der Evolutionsbiologie*, München–Zürich 1988, s. 19–52.

²⁸ B.O. Küppers, *Die Kontextabhängigkeit biologischer information*, w: L. Krüger i B. Falkenburg (red.), *Physik, Philosophie und die Einheit der Wissenschaft*, Berlin–Oxford 1995, s. 260–277; tenże, *Molekulare Selbstorganisation und Entstehung biologischer information*, w: U. Jüdes, G. Eulefeld, Th. Kapune (red.), *Evolution der Biosphäre*, Stuttgart 1990, s. 89–104.

²⁹ B.O. Küppers, *Wissenschaftsphilosophie Aspekte der Lebensentstehung*, w: *Selbstorganisation. Die Entstehung von Ordnung in Natur und Gesellschaft*, München, Zürich 1986, s. 81–101; B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 210–215; W. Ługowski, *Kategoria zmiany jakościowej a biogeneza*, Wrocław–Ossolineum, 1985, s. 141–156.

³⁰ B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 210.

drugiej hipotezie, zwanej *frozen accident*³¹. Głosi ona, że kodem stała się losowa sekwencja nukleotydów, która przypadkowo połączyła się z odpowiadającą mu sekwencją aminokwasów w peptydzie zdolnym do określonych funkcji. Rodzi się pytanie: jakie było prawdopodobieństwo zajścia takiego zdarzenia? Autor uznaje, że prawdopodobieństwo połączenia się sekwencji nukleotydów z odpowiednią sekwencją aminokwasów jest zależne od ilości kodowanych cząsteczek aminokwasów³². Dla sekwencji dwóch aminokwasów prawdopodobieństwo wynosi $p = 2 \times 10^{-2}$, dla czterech – $p = 1,6 \times 10^6$, dla ośmiu – $p = 4 \times 10^{-16}$, dla wszystkich – $p = 5 \times 10^{-50}$.

Biorąc pod uwagę wiek Ziemi oraz fakt, że pierwotny kod miał mniejszą długość niż 20 aminokwasów, prawdopodobieństwo zajścia takiego zdarzenia jest bardzo duże³³. Pierwotny kod genetyczny, który był mniejszy od obecnego, w toku ewolucji doskonił się i rozwinął do dzisiejszych rozmiarów. Koncepcja powyższa jest zwolniona od założenia istnienia specyficznych oddziaływań między cząsteczkami aminokwasów i ich adapterami.

Wynikiem powyższego procesu jest utworzenie jednakowego kodu genetycznego dla niemalże wszystkich organizmów żywych. Przyporządkowuje on wszystkie aminokwasy poszczególnym trypletom nukleotydowym. Zawiera również tryplety mające znaczenie znaków interpunkcyjnych. Wspólny kod genetyczny dowodzi, według B.O. Küppersa, podstawowej tezy darwinowskiej o wspólnym pochodzeniu wszystkich istot żywych³⁴.

Zakończenie

W powyższej pracy starałem się przedstawić zarys procesu rozwoju informacji biologicznej w ramach przyjętego przez B.O. Küppersa fizykalizmu. Za autorem podałem definicję życia, która została ujęta jako zdolność do: meta-

³¹ Hipotezę tę autor przytacza za M. Eigenem i Schusterem. Por. K. Kloskowski, *Hipercykl jako model abiogenezy*, w: *Z zagadnień filozofii przyrodznawstwa i filozofii przyrody*, t. 8, Warszawa 1985, s. 257–280.

³² B.O. Küppers, *Molecular*, dz. cyt., s. 257–280.

³³ Manfred Eigen przyjmuje, że pierwotny kod zawierał od czterech do ośmiu aminokwasów. Por. tenże, *Stufen zum Leben. Die frühere Evolution im Visier der Molekularbiologie*, München–Zürich 1993, s. 179–258; tenże, *Molecular self-organization and the early stages of evolution*, dz. cyt., s. 197; por. K. Kloskowski, *Koncepcja biogenezy Manfreda Eigena i Hansa Kuhna*, „Zeszyty Naukowe Wydziału Biologii, Geografii i Oceanologii Uniwersytetu Gdańskiego”, nr 7 (1987), s. 117.

³⁴ B.O. Küppers, *Geneza*, dz. cyt., s. 34.

bolizmu, samoreprodukcji i mutacjonizmu. Istotnym mechanizmem ewolucji jest selekcja naturalna. Zarówno cechy życia, jak i mechanizm rozwoju, zdaniem B.O. Küppersa są ściśle określone przez prawidłowości fizyki i chemii, co oznacza, że istotne elementy życia również można do nich sprowadzić. Powstanie i rozwój informacji biologicznej, której autor używa zamiennie z pojęciem życia, siłą rzeczy podległe jest fizykalistycznym uwarunkowaniom.

Bernard Olaf Küppers wyróżnia trzy fazy rozwoju życia: ewolucję chemiczną, samoorganizację materii i ewolucję biologiczną. Molekularna teoria ewolucji wyjaśnia drugą fazę, dotyczącą powstania cyklu biosyntetycznego opartego na samoorganizacji.

Właściwości materii zdecydowały o wygenerowaniu i przetwarzaniu informacji biologicznej. Autor rozpatruje właściwości kwasów nukleinowych ze zdolnością replikacji. One stanowiły podstawowe ogniwo w dalszym rozwoju życia. Kwasy nukleinowe nie zawierają informacji potrzebnych do bezbłędnej replikacji. Konieczny okazał się cykl o większej pojemności informacyjnej, którą spełniają cząsteczki białek. Połączenie RNA i białek nie było możliwe w warunkach stanu równowagi; dokonało się w warunkach dalekich od niego. Połączenie zdolności replikacyjnych RNA z pojemnością informacyjną białek stworzyło możliwość zaistnienia najprostszego systemu żywego – hipercyklu.

MOLECULAR THEORY OF EVOLUTION IN TERMS OF BERNARD OLAF KÜPPERS

Summary

Bernard Olaf Küppers has been addressing the origin of life. The author continues the study initiated by Manfred Eigen bio system genesis the processes from the perspective of game theory and information theory, distinguishing three stages of abiogenesis: the evolution of chemical self-organization of matter (the creation of the first hipercycle) and biological evolution. This article defines the nature of the processes leading to the emergence of life under the B.O. Küppers developed by molecular evolution. This theory describes the origin and development of life as a process of material self-organization. Suggests unchangeable principles and mechanisms underlying the historical process of formation of biological information. In this work first explained the meaning of basic terms which are used by B.O. Küppers: the life and information. Then it was shown to model the origin of life, which is an important problem, generate and process information.

Have shown mechanisms by which it was possible to self-organization in macromolecular systems. Next, illustrated the processes leading to the spontaneous organization of the first hipercycle, and following the emergence of the genetic code.

This work outlines the development of biological information, in part, adopted by B.O. Küppers physicalism. A key point in the process of abiogenesis has become a combination of the ability of RNA replication proteins of information capacity, which gave the possibility of the existence of the simplest living system – hipercycle.

Translated by Mirosława Landowska