

Piotr LENARTOWICZ SJ, Stanisław ZIEMIAŃSKI SJ

ASPEKT PORZĄDKU W ZJAWISKACH ŻYCIOWYCH

Problem porządku nie jest wcale centralnym zagadnieniem biologii. Funkcjonalność, całościowość, rozwój, adaptacja są zjawiskami znacznie bardziej dla biologii charakterystycznymi. Zjawisko porządku obserwowane jest w materii nieożywionej. Mimo to, analiza pewnych charakterystycznych cech porządku biologicznego może stanowić dobry „wstęp” do zrozumienia zagadnień specyficznie biologicznych.

W niniejszym opracowaniu rozpoczniemy od rozważań nad pojęciem porządku, omówimy warunki powstawania tego porządku (selekcję), ukażemy następnie dynamikę zjawisk uporządkowanych, by na koniec postawić kilka pytań ogólniejszej, filozoficznej natury dotyczących warunków właściwego wyjaśnienia tych zjawisk.

Porządek to „ład”, „regularność”, „prawidłowość”, „powtarzalność”. Przeciwieństwem porządku jest oczywiście „nieład”, „nieregularność”, „nieprawidłowość”, czyli *chaos*. Porządek może występować w przestrzeni (tropy zwierząt na śniegu, siatka kryształu, rysunek na tapetach ściennych, itp.), oraz w czasie (periodyczność pór roku, tykanie zegara, przyplawy i odpływy morza, itp.).

Definicja porządku

Porządek to cecha opisowa zjawisk. Ta cecha posiada dwa nierozłączne aspekty. Jeden aspekt to *powtarzalność*, drugi to *złożoność*. Sama złożoność bez powtarzalności jest chaosem. Natomiast sama powtarzalność bez złożoności to *jednorodność* (homogeniczność). Zjawisko homogeniczne (np. woda, szkło, pole grawitacyjne) nie pozwala na niearbitralne wyróżnienie w nim jakichkolwiek elementów składowych.

Konkretne zjawiska są zazwyczaj równocześnie uporządkowane pod jednym względem, chaotyczne pod innym, a homogeniczne pod jeszcze

*UWAGA: Tekst został zrekonstruowany przy pomocy środków automatycznych; możliwe są więc pewne błędy, których sygnalizacja jest mile widziana (obi@opoka.org). Tekst elektroniczny posiada odrębną numerację stron.

innym względem. Np. woda na jednym poziomie obserwacji jest zjawiskiem homogenicznym, na innym jest ona chaosem bipolarnych drobin H_2O , ale cząsteczki w tej strukturze są identyczne, choć wewnętrznie zróżnicowane; można więc mówić tu o prawdziwym porządku.

Ekstensywność i intensywność porządku

Wielkość porządku można by mierzyć albo z punktu widzenia powtarzalności, albo z punktu widzenia złożoności. Ilość powtórzeń danego zjawiska nazwiemy *ekstensywnością* porządku, wielkość wewnętrznego złożenia zjawiska uporządkowanego nazwiemy *intensywnością* porządku.

Trop sarny na przestrzeni 10 m składa się z mniejszej liczby identycznych grup odcisków niż trop sarny widoczny na przestrzeni, dajmy na to, 2 km. Choć intensywność tego porządku będzie w obu wypadkach ta sama, w drugim wypadku ekstensywność będzie większa. Intensywnie natomiast dwa identyczne budziki będą bardziej uporządkowane niż dwa kilogramy gwoździ.

Podczas krystalizacji znika chaos wzajemnej orientacji i rozmieszczenia przestrzennego cząsteczek, ale ich złożoność wewnętrzna pozostaje na tym samym poziomie. Wzrasta porządek, ale tylko ekstensywnie. W organizmie żywym natomiast, podczas jego rozwoju (czyli cyklu życiowego) wzrasta znacznie złożoność materii, ale powtarzalność elementów składowych może nawet się zmniejszać.

Ilustracją tego twierdzenia niech będzie fakt, że w ciągu jednej minuty pojedyncza komórka wątroby szczura syntetyzuje ok. 650 wielkocząsteczkowych kompleksów funkcjonalnych zwanych rybosomami. Każdy z nich jest złożony z 58 elementów, białek i cząsteczek RNA o niezwykle skomplikowanej strukturze wewnętrznej. Wszystkie te liczne i różnorodne elementy złożone są z atomów węgla, azotu, tlenu, wodoru, siarki, fosforu, a więc powtarzalność materii, która była surowcem jest znacznie większa niż powtarzalność elementów strukturalnych gotowego rybosomu. Złożoność, oczywiście wzrosła tu bardzo wyraźnie. Złożoność surowca była bardzo mała.

Problem genezy porządku

Ze złożoności zjawisk zwykliśmy wnioskować o złożoności przyczyn, które go wywołały. Wzrost złożoności bowiem postuluje działanie przyczyny nie-prostej. Tego wymaga zasada racji dostatecznej. Z drugiej strony, z powtarzalności zjawiska zwykliśmy wnioskować o tym, że każdy z identycznych przypadków został spowodowany tą samą (lub przy-

najmniej taką samą) przyczyną. Tego wymaga zasada ekonomiczności wyjaśniania, zwana także „brzytwą Ockhama”. W takim bowiem wypadku nie istnieje żadna racja, któraby nas zmuszała do tłumaczenia genezy dwu identycznych zjawisk złożonym działaniem dwu odmiennych przyczyn.

Pojęcie porządku a pojęcie podporządkowania

Pojęcia porządku i chaosu, a więc, jak powiedzieliśmy pojęcia czysto opisowe, należy wyraźnie oddzielić od pojęć *wyjaśniających*, takich jak podporządkowanie czy przypadek. Są to pojęcia, które interpretują genezę porządku (lub chaosu) w kategoriach przyczynowości. W zależności od szerszego kontekstu, w jakim dane zjawisko zostało zarejestrowane, bywa ono tłumaczone albo przypadkiem, (czyli działaniem wielu przyczyn od siebie niezależnych), albo działaniem jednej przyczyny podporządkowującej sobie wiele działań różnorodnych. Tak więc chaotyczny ślad na śniegu może w jednych okolicznościach być interpretowany jako przypadek, w innych jako dowód, że ktoś zacierał swe ślady. Chaotyczny, niepowtarzalny wynik losowania Toto–Lotka jest skutkiem precyzyjnej konstrukcji maszyny do losowania. Niepowtarzalność (chaos) wyników kolejnych losowań nie jest więc przypadkiem. Przeciwnie, gdyby w kolejnych losowaniach padały wciąż te same wyniki usiłowano by tłumaczyć to przypadkiem, choć oczywiście sami gracze mieliby na ten temat swoje własne zdanie.

Złożoność powtarzalna jako wyraz selekcji

Wielokrotne pojawianie się identycznych struktur złożonych można traktować jako wyraz *selekcji*. Jakaś określona, konkretna forma złożoności wydaje się w takim wypadku jak gdyby faworyzowaną, podczas gdy inne, choć równie prawdopodobne, są jak gdyby eliminowane. Miarą selekcji jest ilość form, z których właśnie tylko jedna jest stale, powtarzalnie wybierana. Jeżeli ktoś rzuca kilkakrotnie monetą i za każdym razem wypada „reszka”, to eliminował on tylko jedną formę, tzn. „orła”. Jeżeli ktoś rzucając kostką stale wyrzuca „jedynekę”, to eliminuje on aż pięć pozostałych numerów. W tym więc ostatnim wypadku seria jedynek (porządek) jest przejawem selekcji pięciokrotnie wyższej niż w przypadku kolejnego wyrzucania „reszki”. Gdyby maszyna do Toto–Lotka kilkakrotnie wybrała te same numery, wielkość selekcji byłaby rzędu 49^6 , czyli ponad 10^{10} .

Jakiego rzędu selekcja zachodzi w organizmie żywym? Tworzy on powtarzalnie złożone struktury aminokwasów, cukrów i węglowodorów, zasad purynowych i pirymidynowych, tworzy z tych „półproduktów” struktury białek, kwasów nukleinowych, wielocukrów, lipidów. Z tego surowca organizm buduje złożone twory zwane organellami komórkowymi, itd. itd. Czy można tu mówić o jakiejś selekcji, a jeśli tak, to jaką jest miara tej selekcji?

Złożoność białek funkcjonalnych

Mówiąc o złożoności białek należy odróżnić pojęcie białko w sensie chemicznym i pojęcia białka funkcjonalnego. Czym jest białko w sensie chemicznym? Jest to dowolnie długi łańcuch spolimeryzowanych związków typu aminokwasów. Znaczy to, że dowolna ilość związków organicznych wyposażonych w przynajmniej jedną grupę karboksylową ($-\text{COOH}$) i przynajmniej jedną grupę aminową ($-\text{NH}_2$) łączy się ze sobą poprzez owe grupy (wiązaniami peptydowymi). W białku fizjologicznym, tzn. białku produkowanym przez organizmy żywe występują tylko *określone*, specyficzne aminokwasy (większość białek funkcjonalnych utworzona jest z dwudziestu rodzajów aminokwasów, choć w szczególnych wypadkach, różnorodne organizmy produkują szczególne odmiany aminokwasów, których to odmian naliczono dotychczas ok. 140). Dalej, w białku funkcjonalnym aminokwasy połączone są ze sobą w ściśle określonej kolejności (tzw. struktura I-szo rzędowa). Powstały łańcuch polipeptydu skręca się następnie i zwija w ściśle określony sposób (struktura II-go i III-rzędowa). Wreszcie w wielu białkach funkcjonalnych do całości cząsteczki należą mniej lub bardziej złożone niebiałkowe związki organiczne, w ściśle określonej ilości (myoglobina posiada w swej strukturze jeden taki związek, hemoglobina cztery takie związki, ... itd.) i w ściśle określony sposób powiązane z całością (struktura IV-to rzędowa).

Wbrew rozpowszechnionym jeszcze długo po II wojnie światowej poglądom opartym na tzw. „koloidalnej teorii białek”, białka funkcjonalne nie są więc wcale substancją o nieokreślonej strukturze chemicznej. Przeciwnie, różnica pomiędzy „substancją białkową”, czyli „byle jakim” polipeptydem, a białkiem funkcjonalnym jest znacznie większa niż różnica pomiędzy bryłką metalu a trybikiem szwajcarskiego chronometru.

Myoglobina, białko funkcjonalne występujące w mięśniach, składa się ze 153 aminokwasów i Kendrew, który za rozszyfrowanie jej trójwymiarowej struktury otrzymał w 1962 roku nagrodę Nobla (wspólnie z Perutzem) wybrał ją do badań dlatego, że „jest ona jedną z najmniejszych

i prawdopodobnie najprostszych cząsteczek białka. Niektóre z nich są 10 a nawet 100 razy większe (Kendrew, 1961).

Myoglobina składa się z prawie 2600 atomów węgla, tlenu, wodoru, azotu, siarki i jednego atomu żelaza. Ilość różnorodnych konfiguracji przestrzennych, jakie mógłby przyjąć polipeptydowy łańcuch myoglobiny, wynosi od 4^{153} do 9^{153} (por. Anfinsen, 1973). A tylko jedna z nich jest konfiguracją funkcjonalną.

A oto inny przykład. Hemoglobina, białko występujące w erytrocytach (czerwonych krwinkach), złożone jest z dwu łańcuchów polipeptydu alfa (po 141 aminokwasów każdy), z dwu łańcuchów polipeptydu beta (po 146 aminokwasów każdy), oraz z czterech cząsteczek ferroporfiryny IX zawierającej w swym centrum atom żelaza. W sumie, hemoglobina jest to kompleks ok. 10 tys. różnorodnych atomów a każdy z nich ma ściśle określoną pozycję wewnątrz cząsteczki. Z 574 aminokwasów wchodzących w skład hemoglobiny można by zbudować ponad 20^{574} różnych polipeptydów. By uświadomić sobie ogrom tych możliwości można posłużyć się zmodyfikowanym nieco porównaniem Pringle'a (1963). Otóż wyobraźmy sobie, że cały poznany do dzisiaj Wszechświat jest ciasno wypełniony cząsteczkami wspomnianych wyżej polipeptydów (oczywiście nie wystarczyłoby we Wszechświecie materii do ich utworzenia; ilość protonów we Wszechświecie wynosi znacznie poniżej 10^{100}). Wyobraźmy też sobie, że te wszystkie fikcyjne polipeptydy przekształcają się w inny polipeptyd z szybkością 10^{13} przekształceń na sekundę. Gdyby proces tych przekształceń rozpoczął się 18 miliardów lat temu, czyli w momencie powstania Wszechświata, to do dzisiejszego dnia zdążyłoby się pojawić tylko ok. 10^{134} polipeptydów, a przecież z aminokwasów hemoglobiny można by, przez zmianę ich kolejności, utworzyć 20^{574} , czyli 10^{746} polipeptydów.

Jeżeli więc w jednym milimetrze sześciennym krwi znajduje się parę milionów erytrocytów, a każdy z nich posiada w swym wnętrzu ok. 280 milionów identycznych cząsteczek hemoglobiny, selektywność i dokładność produkcji białka funkcjonalnego musi być znacznie bardziej precyzyjna niż jakkolwiek, najnowocześniejszy proces technologiczny człowieka.

Przejdźmy obecnie do omówienia dynamiki porządku biologicznego, a więc do spojrzenia na sam proces tworzenia się tego porządku.

Próby wglądu w dynamikę biologicznych procesów porządkujących

Badanie struktury uporządkowanej, choćby była tak złożona jak cząsteczki białka, jest znacznie łatwiejsze, niż badanie procesu powstawa-

nia tej struktury. Najsilniejsze ze znanych mikroskopów nie są w stanie ujawnić procesów dokonywających się na poziomie międzyatomowym. Zresztą większość technik mikroskopowych wymaga unieruchomienia przedmiotu obserwacji, odsłonięcia jednej tylko płaszczyzny, a więc warunków, które są nie do pogodzenia z próbą wniknięcia w trójwymiarowy proces tworzenia się struktur biologicznych. By ominąć tę trudność, stosuje się metody pośrednie, oparte w znacznej mierze na wyciąganiu nieuniknionych, logicznych wniosków wynikających z obserwacji wielkich zbiorów cząsteczek.

Pomiary czasu reakcji chemicznych w komórce żywej

Jeżeli znamy choćby w przybliżeniu, zawartość konkretnego związku organicznego w komórce i znamy czas wystarczający do podwojenia się (tzw. „podziału”) komórki, możemy obliczyć z jaką szybkością komórka syntetyzuje ów związek organiczny. Otrzymałą w ten sposób szybkość możemy porównać z teoretycznie obliczoną maksymalną szybkością reakcji i ocenić jak komórce żywej daleko do „ideału”. Zilustrujemy zasadę tego rozumowania „przypowieścią” o zawodach radioamatorów-majsterkowiczów. Zakładamy, że zawody polegają na prawidłowym połączeniu (zlutowaniu) 15-tu końcówek rozmaitych elementów radioodbiornika. Założmy też, że lutowanie jednego styku nie może trwać krócej niż 2 sekundy. Stąd, możemy przewidzieć, że zawodnik który prawidłowo przylutował wszystkie elementy w ciągu 30-tu sekund, nie pomylił się w lutowaniu, w kolejności połączeń ani razu. Gdyby się bowiem pomylił, musiałby któreś z połączeń lutować dwa razy, a więc nie zmieściłby się w czasie 30-tu sekund.

Bardzo prymitywna komórka bakterii *Escherichia coli* zawiera w swym wnętrzu pojedynczą cząsteczkę tzw. kwasu dezoksyrybonukleinowego (DNA) złożoną z ok. 8 milionów nukleotydów. Istnieje wiele różnych form nukleotydów; w samej *E. coli* występuje ich kilkanaście. Do produkcji owej olbrzymiej cząsteczki DNA mogą być użyte tylko cztery z tych form: adenina, tymina, cytozyna oraz guanina. Nukleotydy są produkowane przez komórkę, a proces produkcji każdego z nich jest wieloetapowy; na każdym etapie zaś konieczna jest obecność odpowiednich enzymów, swoistych dla danej reakcji syntetycznej. Te 8 milionów nukleotydów owych czterech rodzajów musi być wyprodukowane w krótkim, kilkudziesięciminutowym okresie czasu oddzielającym jeden kolejny podział komórki od drugiego. A więc kilkadziesiąt przynajmniej milionów reakcji, w ściśle określonym porządku, przy idealnie precyzyjnym dozowaniu porcji energii koniecznej do syntezy to jest minim teore-

tyczne najbardziej ekonomiczne czasowo, które bez cudu może wyjaśnić pojawienie się w komórce nowej kompletnej cząsteczki DNA. Reakcje chaotyczne, wpadające w „ślepe uliczki” prowadzące do produkcji niewłaściwych produktów pomnażają, w sposób nieunikniony, ilość reakcji koniecznych do produkcji, powielenia cząsteczki DNA. Komórka jednak zawsze „mieści się w czasie”, a przy tym analiza chemiczna nie wykazuje obecności związków, które by nieuchronnie powstały gdyby synteza miała charakter chaotyczny. Czy więc komórka wykonuje swe działania w sposób „idealny”? Kategoryczna odpowiedź byłaby dziś przedwczesną. Struktura wewnętrzna komórki jest jeszcze wciąż znana tylko fragmentarycznie. Mimo to, już dzisiaj można bezpiecznie stwierdzić, że margines ewentualnego błędu syntezy nie może być w komórce szeroki. Przeciwnie, wszystko wskazuje na to, iż jest zaskakująco wąski.

Pomiary zużycia energii w komórce żywej

Pewną orientację w dynamice działań porządkujących komórki mogą też dać rozważania nad ilością zużywanej przez komórkę energii. Zasadę rozumowania zilustrujemy powracając do naszych majsterkowiczów posługujących się kolbą elektryczną. Jeśli byłyby one połączone z indywidualnymi licznikami zużytego prądu, odczyt na liczniku pozwoliłby na rozstrzygnięcie konkursu. Można bowiem dość precyzyjnie założyć minimalną ilość watów konieczną do przylutowania jednej końcówki. Im bliżej zawodnik zbliży się w zużyciu energii do obliczonej teoretycznie minimalnej ilości prądu koniecznego przy lutowaniu określonej ilości końcówek, tym większą musiał osiągnąć precyzję i bezbłądność w lutowaniu podłączeń.

Z drugiej strony, każda reakcja przekazywania energii połączona jest nieuchronnie z nieodwracalną stratą pewnej ilości tej energii. Mówi o tym prawo entropii. Stracona energia ujawnia się w postaci ciepła. Podczas funkcjonalnego, precyzyjnego przekazywania energii potrzebnej do przekształcania struktur chemicznych, gdy jest ona dozowana przestrzennie i czasowo w minimalnych a mimo, to skutecznych porcjach, wielkość energii rozproszonej jest bardzo mała. Obniżenie funkcjonalności, a więc precyzji i ekonomii gospodarki energią, prowadzi do nagrzewania struktur zaangażowanych w procesach energetycznych. Badając temperaturę pracujących organów, tkanek, można obliczyć ekonomię ich gospodarki energetycznej, a więc pośrednio precyzję i ład wewnętrzny na poziomie cząstek chemicznych organizmu.

By powielić swą cząsteczkę DNA, komórka *E. coli* musi wydatkować kilkanaście (minimum) cząsteczek ATP (kwasu adenozyno-

trójfosforowego, który jest nośnikiem porcji energii w komórce), na produkcję każdego z 8 milionów nukleotydów. Ale proces łączenia tych nukleotydów w łańcuch DNA, proces „odczytywania” starej, wzorcowej cząsteczki wymaga (minimum) kilku dalszych cząsteczek ATP. Tak więc do zbudowania nowej cząsteczki DNA komórka potrzebuje dziesiątków, czy setek milionów cząsteczek ATP, które muszą być „naładowane” energią w ciągu kilkudziesięciu minut, i w takim samym tempie muszą być doprowadzone we właściwe rejony komórki i tam „uwalniane” z tej energii w sposób precyzyjny przestrzennie i czasowo. Obliczono, że komórka *E. coli* podczas swych procesów energetycznych, budując replikę swego własnego ciała, zużywa w jednej sekundzie ok. 2 mln. cząsteczek ATP. Nie nagrzewa się przy tym prawie wcale, a skopiowana replika jest idealnie funkcjonalna strukturalnie. Hipoteza nieprecyzyjnego, chaotycznego przekazywania porcji energii prowadziłaby z konieczności do pomnożenia ilości używanego ATP. A przecież nie pojawia się on w przyrodzie martwej. Komórka musi produkować go sama. Podobnie hipoteza chaotycznych procesów energetycznych jest trudną do pogodzenia z faktem izotermii procesów komórkowych. Można dodać, że energia rozproszona w wyniku chaotycznych bezskutecznych, wzgl. nieekonomicznych przesunięć energii zagrażałaby integralności delikatnych struktur komórki.

Tak więc obliczenia i pomiary energii zużywanej przez komórkę mogą być interpretowane jako wyraz niezwykłego ładunku przestrzennego i czasowego panującego na chemicznym poziomie struktur życiowych.

Podsumowanie

Opisane wyżej próby zrekonstruowania przebiegu procesów biochemicznych pozwalają, jak się zdaje, na wysunięcie następujących stwierdzeń:

1. Precyzyjność struktur chemicznych komórki żywej nie ustępuje precyzji struktur anatomicznych, a raczej znacznie je przewyższa.
2. Owe precyzyjne struktury są budowane *de novo*, z chaotycznych elementów materii otaczającej, wchłoniętych selektywnie przez komórkę.
3. Szybkość procesu budowania nowych struktur jest znaczna i trudna do pogodzenia z hipotezą chaosu w procesach biochemicznych.
4. Podobnie, ekonomia energetyczna w/w procesów jest trudną do pogodzenia z hipotezą chaotycznego ruchu energii wewnątrz komórki.

5. Życie, na poziomie zjawisk chemicznych, jawi się jako nieprzerwany, powtarzalny, precyzyjny proces budowania złożonych struktur funkcjonalnych.
6. Powtarzalność owego wzrostu złożoności postuluje trudną do wyjaśnienia *selektywność* procesów biochemicznych.

Na tle tych uogólnień pojawia się bardzo ważne pytanie. Czy sam opis porządku charakterystycznego dla zjawisk życiowych jest równocześnie adekwatnym wyjaśnieniem ich trwania? Czy redeskrypcja struktur biochemicznych jest wyjaśnieniem procesu ich powstawania? Czy dynamika, porządek procesu budowania komórki tłumaczą się *same przez się*? Czy też, przeciwnie, ów dynamiczny porządek powinien kierować nasz umysł ku poszukiwaniu adekwatnej przyczyny tego porządku?

W dalszej perspektywie pojawić się może pytanie, czy życie to powtarzalne struktury, czy też raczej uporządkowany ruch prowadzący do ich powstawania. Jeśli to drugie, to początkiem życia byłoby pojawienie się ruchu uporządkowanego, tzn. powtarzalnej, selektywnej tendencji do budowania złożoności funkcjonalnej.

marzec 1979

Piotr Lenartowicz SJ
Stanisław Ziemiański SJ
Kraków