

PROBLEM ILOŚCI INFORMACJI W PROTOORGANIZMACH ŚWIATA RNA

dr inż. Krzysztof Cyran
Politechnika Śląska, Gliwice
Instytut Informatyki
krzysztof.cyran@polsl.pl

Streszczenie

W referacie przedstawiono aktualnie postulowane hipotezy powstania życia ze szczególnym uwzględnieniem hipotezy świata RNA, w ramach której rozważono problem ograniczeń na ilość informacji występującej w replikujących polinukleotydach, jak również w protogatunkach modelu kompartmentowego. W badaniach dotyczących początków życia na Ziemi obecnie najpowszechniej akceptowanym poglądem jest hipoteza świata RNA, który miałby stanowić pierwotną, ewolucyjnie wypartą przez organizmy zbudowane z białek i DNA, formę życia zdominowaną przez cząsteczki polimerów RNA pełniące wszystkie niezbędne do życia funkcje. Dzięki istnieniu zjawiska komplementarności nukleotydów istniejące już łańcuchy służyć mogą jako wzorce nowo tworzonych łańcuchów komplementarnych, te z kolei będąc wzorcem do tworzenia łańcuchów pierwotnych, mogłyby doprowadzić do nagromadzenia łańcuchów danego typu w procesie pierwotnej samoreplikacji. Łańcuchy o strukturze, która zwiększałaby zdolność do takiej replikacji, byłyby faworyzowane i akumulowane w procesie selekcji, przez co stopniowo przekształciłyby się w samoreplikujące protogatunki pierwotnego świata RNA. Ten etap, etap pierwotnej samoreplikacji, stanowi jeden z obszarów badań opisanych w referacie, a problemem, który rozważa się w tym kontekście, jest tzw. problem katastrofy błędu, określający maksymalną ilość informacji zapisanej w ewoluujących polinukleotydach RNA. Badania stanowią rozwinięcie podejścia stochastycznego Demetriusa/Kimmla z użyciem formalnego aparatu matematycznego, w którym ewolucja protogatunków RNA modelowana jest przez nadkrytyczny dyskretny markowski proces gałązkowy. Ponadto w referacie przedstawiono model kompartmentowy ze stochastycznie zmienianą ilością replikujących niezależnie od siebie (ze względu na brak chromosomów) polinukleotydów RNA. Okazuje się, że przy realistycznie dobranych wartościach parametrów tempa mutacji istnieje bardzo wąski przedział liczby genów różnego rodzaju, przy którego uwzględnieniu ewolucja populacji nie kończy się unicestwieniem. Dopuszczalna ilość genów oraz ich maksymalna długość określają z kolei ilość informacji zawartą w protokomórkach tego etapu hipotetycznego świata RNA. Na koniec poruszono kwestie metodologiczne, inspirowane niezwykle ważką dyskusją na temat teorii ewolucji widzianej

od strony naukowej, filozoficznej i teologicznej, prowadzoną w ramach międzynarodowej konferencji zorganizowanej przez Uniwersytet Pontyfikalny Gregoriana w Rzymie w 150 rocznicę wydania dzieła Darwina *O powstaniu gatunków*, a także przedstawiono złożoność interpretacji pierwszych rozdziałów Genesis w rozumieniu św. Augustyna.

1. Wprowadzenie

Powstanie życia na Ziemi stanowi jeden z najtrudniejszych do wytłumaczenia na gruncie naukowym fenomenów otaczającego nas świata. W chwili obecnej większość naukowców, choć – co warto podkreślić – nie wszyscy, zdają się podzielać pogląd, iż fazą pośrednią pomiędzy materią nieożywioną a współcześnie obserwowanym światem istot żyjących był tzw. świat RNA, tj. świat istot żywych, w których łańcuchy RNA pełniły obie podstawowe dla życia funkcje, tj. funkcję materiału genetycznego oraz funkcję strukturalną i katalityczną w procesie metabolizmu.

Hipoteza świata RNA [1, 2] jest interesująca przede wszystkim dlatego, że jest koncepcyjnie prosta i rozwiązuje tzw. dylemat jajka i kury, pojawiający się przy próbach bezpośredniego przejścia od świata abiotycznego do świata ożywionego charakteryzowanego przez komórki, w których funkcję genomu spełniają łańcuchy DNA, a funkcje strukturalne i funkcjonalne – w tym replikacyjne – realizowane są przez białka kodowane w genomie. Struktura taka wygląda na nieredukowalną: aby mogła funkcjonować, konieczne są (co najmniej) zarówno złożone łańcuchy DNA podlegające procesowi samoreplikacji, jak i kodowane przez nie białka, które proces replikacji umożliwiają. Ponadto procesem, bez którego nie da się wytłumaczyć funkcjonowania współczesnej komórki biologicznej, jest metabolizm, który jest kierowany informacją zawartą w genomie w procesie ekspresji genów.

Ponieważ jest niezmiernie mało prawdopodobne jednoczesne zajście dwóch – i tak mało prawdopodobnych – zjawisk, tj. pojawienia się replikacji i metabolizmu, coraz częściej postuluje się pojawianie się owych fenomenów przyrody ożywionej jako oddalonych w czasie. W takim scenariuszu w zasadzie powinno się mówić o hipotezie dwóch początków: początku replikacji i początku metabolizmu, jednakże o ile ich kolejność pojawienia się w historii odpowiada kolejności, w której tu zostały wymienione, współczesna literatura nazywa je hipotezami pojedynczego początku – skupiając się w tym kontekście na replikacji, zaś pojawienie się metabolizmu traktując już tylko jako kolejny etap ewolucyjnego procesu wiodącego do współczesnych form życia.

W przeciwieństwie do tego hipotezy odwracające kolejność, tj. sugerujące pierwsze pojawienie się metabolizmu, a następnie replikacji, są sensu stricto hipotezami podwójnego początku, gdyż zakładają, że replikacja pojawiła się nie jako ewolucyjny etap rozwoju metabolizujących protokomórek, lecz jako niezależny początek innych form życia, form samo replikujących, lecz nie metabolizujących – zatem form czysto pasożytniczych – w warunkach przygotowanych przez formę życia metabolizującego, lecz nie replikującego. Za tą drugą hipotezą opowiada się

między innymi Dyson [3], dokonując w swej książce przedstawionego tu podziału hipotez. Według Dysona możliwe jest powstanie protokomórek, które realizowałyby proces autokatalizy i w pewnych warunkach dokonywałyby wzrostu i podziału swych konstryktant w sposób probabilistyczny, a nie ścisły – przynależny procesowi replikacji informacji genetycznej.

Replikacja pojawiałaby się w tym ujęciu jako proces charakterystyczny dla cząsteczek RNA korzystających z prebiotycznego środowiska przygotowanego przez metabolizujące protokomórki, których enzymy mogłyby służyć jako elementy zwiększające dokładność replikacji swych pasożytów. Z czasem tego rodzaju sytuacja mogła doprowadzić do koegzystencji symbiotycznej, a jeszcze później do wzajemnego uzależnienia obu form życia, które w ten sposób przerodziłoby się w formę zbliżoną do obserwowanej współcześnie, w której replikacja i metabolizm są od siebie nierozdzielalne.

Dyson zdaje sobie sprawę, iż jego hipoteza dwóch początków jest rzadziej akceptowana niż hipoteza pojedynczego początku w wydaniu świata RNA, za którą opowiadają się między innymi autorzy pozycji [1, 2, 4-6]. Prawdopodobnie głównym powodem takiego stanu rzeczy jest prostsza koncepcja hipotezy pojedynczego początku, jednakże hipoteza ta musi się zmierzyć z wieloma trudnościami, z których jedną z istotniejszych jest problem przekazywania coraz większej informacji zdolnej opisywać coraz bardziej złożone struktury żywe. Problem ten, zwany problemem katastrofy błędu [3, 5, 7-9], przedstawiono w rozdziale 2 w kontekście świata RNA, jednakże jego istota jest ogólniejsza i występuje w dowolnej hipotezie, która zakłada pojawienie się fazy replikacji – fazy, która choć może pojawiać się na różnym etapie rozwoju, musi charakteryzować każdą hipotezę powstania życia, gdyż replikacja, jako obserwowana we współczesnym świecie biologicznym, musiała w jakiś sposób zaistnieć. Jednakże dla różnych hipotez wyniki tu prezentowane przedstawiają różne stopnie trudności, przede wszystkim ze względu na akceptowalność w ich ramach wartości dokładności replikacji: w przypadku świata RNA dokładność replikacji musiała być najmniejsza, bowiem samoreplikacja pojawiła się w warunkach abiotycznych i na wczesnych etapach nie mogła być wspierana przez autokatalityczne działanie replikazy RNA, będącej hipotetycznym rybozymem o kluczowym znaczeniu w dalszej ewolucji świata RNA [6].

Kolejnym problemem związanym ze wzrastającą ilością informacji w ewoluujących organizmach jest problem maksymalnej ilości genów w modelu kompartmentowym pozbawionym chromosomów, tj. w takim, w którym materiał genetyczny protokomórek segregowany jest losowo – każdy gen niezależnie od innych [10, 11]. Okazuje się, że liczba takich genów jest bardzo ograniczona – co oznacza, że bardzo niewiele genów musiało być zdolnych do zapewnienia takiego stopnia dokładności replikacji, który umożliwiłby przesunięcie granicy katastrofy błędu tak daleko, że możliwe stało się pojawienie chromosomów, które choć kodują wiele rybozymów, jednakże z punktu widzenia problemu ilości informacji mogą być rozumiane jako pojedyncze łańcuchy, ze wszystkimi tego konsekwencjami. Problem ten zostanie dokładniej przedstawiony w rozdziałach 3 i 4. Jeszcze inne problemy to sugerowana przez wielu (np. [10]) niestabilność hipercykli proponowanych przez Eigena [12] czy wyniki komputerowych symulacji Sagare i Lanceta dotyczące metabolicznych

samopodtrzymujących cykli [13] – jednak ich dokładna analiza wykracza poza ramy artykułu.

Przed przystąpieniem do szczegółowego omówienia problemów katastrofy błędu oraz ilości różnych genów w kompartmentowym modelu protokomórki, warto jeszcze podkreślić znaczenie słowa *metabolizm*, używanego w ramach hipotez podwójnego początku np. przez Dysona. Otóż metabolizm w tym ujęciu to samopodtrzymujące autokatalityczne działanie komórki zdolne do pobierania ze środowiska zewnętrznego negentropii, które to działanie niekoniecznie musi być sterowane genetycznie, jak ma to miejsce we współczesnych komórkach. To pierwsze i bardziej podstawowe znaczenie było dominujące w czasach, gdy nie znano dokładnie mechanizmów replikacji [14] oraz jak podaje Dyson [3], jest obecne do dziś zwłaszcza w literaturze niemieckojęzycznej.

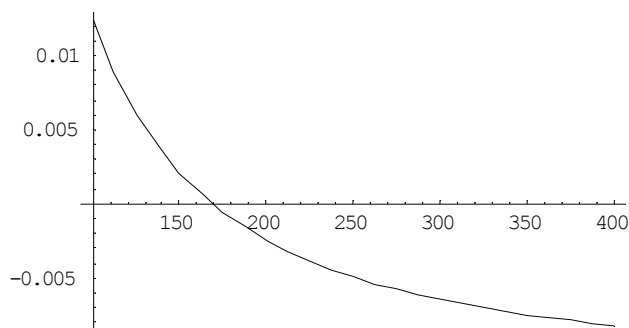
2. Katastrofa błędu w procesie samoreplikacji

Ilość informacji, którą mogły przekazywać pierwotne samoreplikujące polinukleotydy RNA, związana jest z maksymalną długością takich cząsteczek, która nie powodowałaby zjawiska zwanego katastrofą błędu. Problem katastrofy błędu samoreplikujących polinukleotydów RNA związany jest zaś z niską jakością replikacji tych cząsteczek w warunkach abiotycznych. Tempo mutacji μ , występującej w tego rodzaju replikacji przeprowadzanej w laboratoryjnej próbówce, w żadnym z takich doświadczeń nie spada poniżej wartości 10^{-2} w przeliczeniu na pojedynczy nukleotyd łańcucha [3], a najczęściej jest jeszcze większe i wynosi 2×10^{-2} lub nawet 5×10^{-2} [5]. W związku z pojawiającymi się błędami replikacji następuje kumulacja błędów, tym większa, im dłuższy jest łańcuch – gdyż mutacja działa w przybliżeniu niezależnie na dowolny nukleotyd łańcucha.

Błędy są eliminowane w procesie selekcji, prowadząc do ustalenia granicznej długości, przy której występuje równowaga mutacji i selekcji [3]. Ponieważ oszacowanie jest bardzo zgrubne, bo nieznanym jest współczynnik selekcji preferującej poprawnie replikowane łańcuchy, do tego problemu próbuje się podejść, wykorzystując inne metody. Jedną z nich jest metoda oparta o procesy gałązkowe, określająca warunki krytyczności takiego procesu, tj. warunki, przy których populacja symulowana przez proces gałązkowy wymrze z prawdopodobieństwem jeden.

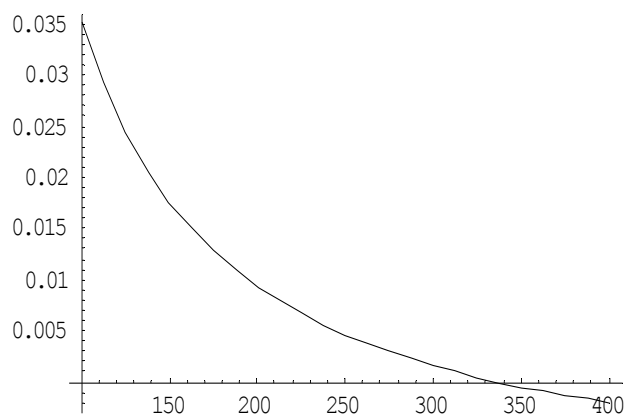
Metoda ta została zaproponowana przez Demetriusa [7], a następnie w nieco zmodyfikowanej formie podana przez Kimmla i Axelroda [8]. Autor w pracy [9] przedstawił pierwsze próby jej stosowania w celu określenia konkretnych wartości maksymalnej długości łańcucha RNA przy wartościach parametru mutacji określonych eksperymentalnie metodami biochemicznymi. Jednakże w tych wczesnych pracach korzystano z bardzo zgrubnego szacowania innego parametru, tj. prawdopodobieństwa przetrwania polinukleotydu RNA do czasu kolejnej replikacji. Dlatego w swej kolejnej pracy [15] autor zaproponował dalszą modyfikację metody, tak by – zamiast niemożliwego do laboratoryjnego oszacowania prawdopodobieństwa przetrwania do kolejnej replikacji – wykorzystać parametr określający prawdopodobieństwo rozpadu wiązania fosfodiesterowego pomiędzy nukleotydami łańcucha.

W określonych warunkach, które są wiarygodnymi geologicznie warunkami wczesnej Ziemi, parametr ten może być określony w laboratoryjnych badaniach. Dopóki to jednak nie nastąpi, przyjęto szeroki, bo różniący się o dwa rzędy, zakres możliwych wartości tego parametru na podstawie pracy [16]. Za wartość maksymalną tego parametru oznaczonego jako r przyjęto wartość 10^{-3} , co odpowiada dość niekorzystnym warunkom, tj. takim, w których rozpad polinukleotydów jest stosunkowo prawdopodobny. Za wartość minimalną z kolei przyjęto $r = 10^{-5}$, co odpowiada bardzo korzystnym warunkom na wczesnej Ziemi, przy których łańcuchy RNA rzadko podlegałyby hydrolizie. Wykresy określające maksymalną długość łańcucha przy $\mu = 10^{-2}$ i różnych wartościach r przedstawiono na rys. 1 – 3.

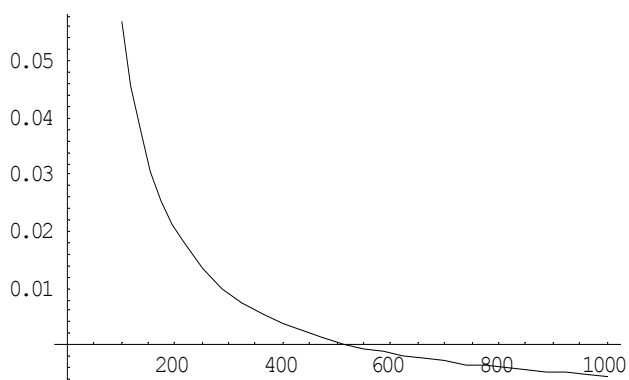


Rys. 1. Maksymalna długość łańcucha RNA: wartość na osi odciętej w punkcie przecięcia krzywej z osią, przy założeniu prawdopodobieństwa rozpadu wiązania fosfodiesterowego pomiędzy nukleotydami $r = 10^{-3}$ oraz tempa mutacji na nukleotyd $\mu = 10^{-2}$ (na podstawie [15]).

Z przedstawionych wykresów wynika, że maksymalna długość polinukleotydu RNA replikującego przy tempie mutacji $\mu = 10^{-2}$ wynosi od 170 do 500 nukleotydów, w zależności od tempa hydrolizy cząsteczek RNA określonego w modelu przez wartość parametru r , tj. prawdopodobieństwa zerwania wiązania fosfodiesterowego w warunkach panujących na wczesnej Ziemi.



Rys. 2. Maksymalna długość łańcucha RNA: wartość na osi odciętej w punkcie przecięcia krzywej z osią, przy założeniu prawdopodobieństwa rozpadu wiązania fosfodiesterowego pomiędzy nukleotydami $r = 10^{-4}$ oraz tempa mutacji na nukleotyd $\mu = 10^{-2}$ (na podstawie [15]).



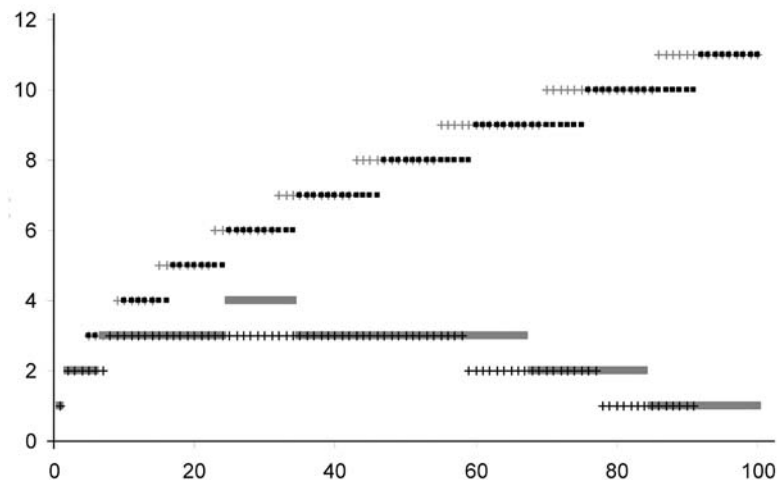
Rys. 3. Maksymalna długość łańcucha RNA: wartość na osi odciętej w punkcie przecięcia krzywej z osią, przy założeniu prawdopodobieństwa rozpadu wiązania fosfodiesterowego pomiędzy nukleotydami $r = 10^{-5}$ oraz tempa mutacji na nukleotyd $\mu = 10^{-2}$ (na podstawie [15]).

3. Ilość genów w stochastycznym modelu kompartmentowym

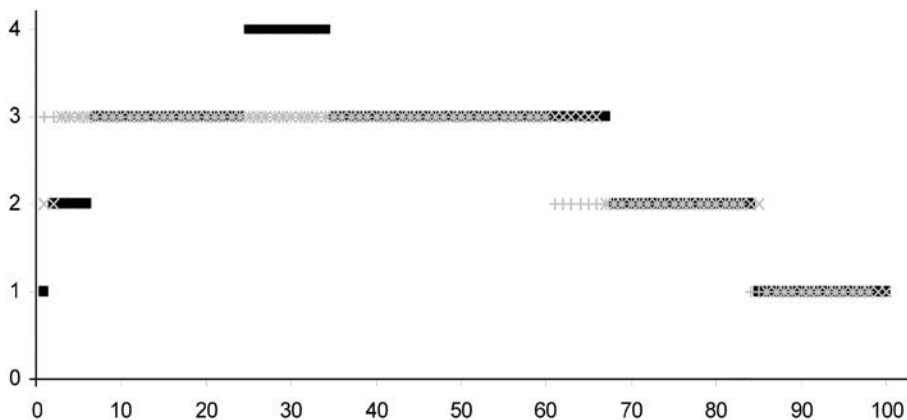
Kolejnym etapem świata RNA był prawdopodobnie etap protokomórek zawierających kilka rodzajów genów, z których jednym zapewne była replikaza RNA. Ponieważ geny te stanowiły niezależne jednostki replikujące – ze względu na brak chromosomów – dlatego podział takich protokomórek powodował losowy przydział materiału genetycznego do komórek potomnych. Okazuje się (por. wyniki intensywnych symulacji komputerowych przedstawione na rys. 4 i 5 na podstawie badań prowadzonych przez Myszora i Cyrana [17]), że przy niezerowych prawdopodobieństwach mutacji i przypadkowego rozpadu protokomórki, maksymalna liczba różnych genów nie mogła przekroczyć czterech.

Ponadto jeżeli uwzględnimy element losowości ilości replikowanych molekuł, jaki na pewno miał miejsce w rzeczywistości, maksymalna liczba różnych genów spada do trzech (bez względu na rodzaj losowości oraz jej siłę w zakresie podanym w opisach rysunków). W symulacjach uwzględniano wartości trzech parametrów: tempa mutacji pasożytniczej i letalnej (w przeliczeniu na cały gen) oraz prawdopodobieństwa przypadkowego rozpadu kompartmentu. Wartości tych parametrów ustawione odpowiednio na 0,1; 0,01 oraz 0,01 wydają się dość ostrożne, nawet przyjmując, że jednym z genów jest replikaza zmniejszająca tempo mutacji na nukleotyd do $\mu = 10^{-3}$.

Wartości te są ostrożne, gdyż mutacja 0,1 na gen odpowiada (przy tempie mutacji 10^{-3} na nukleotyd) długości genów 100 nukleotydów, tj. znacznie mniejszej niż możliwej do osiągnięcia w modelu pojedynczych samoreplikujących łańcuchów RNA. Jeżeli będziemy zwiększać długość genów do 200 nukleotydów, wówczas tempo mutacji pasożytniczej na gen (przy $\mu = 10^{-3}$) wynosi 0,2. Dla takiej wartości tego parametru maksymalna liczba różnych genów w protokomórce wyniosła 2 (czyli replikaza RNA i jeden dodatkowy gen), i to bez względu na to, czy uwzględniano losowość, czy jej brak w ilości replikowanych molekuł.



Rys. 4. Maksymalna liczba różnych rodzajów genów jako funkcja ilości replikowanych molekuł. Czarne kwadraciki oraz szare krzyżyki reprezentują wynik symulacji z wyłączoną mutacją oraz przypadkowym rozpadem kompartmentu. Dla szarych kwadracików oraz czarnych krzyżyków tempo mutacji pasożytniczej na łańcuchach RNA wynosi 0,1; tempo mutacji letalnej na łańcuchach RNA wynosi 0,01, a tempo przypadkowego rozpadu jest równe 0,01. Szare kwadraciki i krzyżyki reprezentują odrzucenie hipotezy zerowej o przeżywalności populacji na poziomie istotności 0,05, tzn. 95% symulowanych historii wymiera, a tylko 5% przeżywa. Analogicznie czarne kwadraciki i krzyżyki reprezentują odrzucenie hipotezy zerowej o wymiarciu populacji na poziomie istotności 0,05, tzn. 95% symulowanych historii przeżywa, a tylko 5% wymiera (na podstawie [17]).



Rys. 5. Maksymalna liczba różnych rodzajów genów jako funkcja wartości oczekiwanej ilości replikowanych molekuł. Ilość replikujących molekuł zmienia się zarówno z pokolenia na pokolenie, jak i w ramach pokolenia między kompartmentami i ma rozkład normalny z odchyleniem standardowym równym 15 (szare znaczki x) oraz 30 (szare krzyżyki), natomiast czarne kwadraciki reprezentują zerową wariancję. Tempo mutacji pasożytniczej na łańcuchach RNA wynosi 0,1, tempo mutacji letalnej na łańcuchach RNA wynosi 0,01, a tempo przypadkowego rozpadu jest równe 0,01. Wykres reprezentuje warunki odrzucenia hipotezy zerowej o przeżywalności populacji na poziomie istotności 0,05, tzn. dla zaznaczonych punktów 95% symulowanych historii wymiera, a tylko 5% przeżywa (na podstawie [17]).

4. Ilość informacji we wczesnych fazach świata RNA

Ze względu na fakt, że materiał genetyczny zarówno w łańcuchach DNA, jak i RNA oparty jest na czterowartościowym alfabecie zasad: adeniny (A), cytozyny (Z), guaniny (G), oraz tyminy (T) w DNA czy uracylu (U) w RNA, zatem ilość informacji przechowywanej w genomie wyrażona w bitach jest dwa razy większa niż długość łańcucha. Wynika stąd, że zanim wyewoluował rybozym replikazy RNA, w warunkach abiotycznych i przy założeniu rozpadu wiązania fosfodiesterowego pomiędzy momentami replikacji działającego ze średnią częstością wynoszącą 10^{-4} , a także przy prawdopodobnym tempie mutacji (bez pomocy replikazy) równej około 2×10^{-2} , maksymalna długość samoreplikujących cząsteczek RNA nie mogła przekroczyć 200 nukleotydów [15], zatem system ten mógł zawierać nie więcej niż 400 bitów informacji.

Jeżeli założy się dwukrotnie mniejsze tempo mutacji równe 10^{-2} , co jest bardzo optymistycznym oszacowaniem, wówczas maksymalna długość łańcucha nie może przekroczyć 350 nukleotydów (rys. 2), tj. 700 bitów informacji; a jeśli dodatkowo przyjmie się wyjątkowo korzystne dla rozwoju życia warunki wczesnej Ziemi, powodujące rozpad ze względu na hydrolizę tylko jednego na 10^5 wiązań fosfodiesterowych łączących nukleotydy w cząsteczkach RNA, wówczas maksymalna długość samoreplikujących cząsteczek nie może być dłuższa niż 500 nukleotydów (1000 bitów informacji). Wynika stąd, że przyjęcie wyjątkowo korzystnych warunków dopuszcza możliwość kodowania w tej fazie świata RNA maksymalnie 1 Kbitów informacji, lecz najprawdopodobniej było to około 0,5 Kbitów.

Większa ilość informacji w sposób pewny prowadzić musiała do katastrofy błędu, zatem aby jej uniknąć, życie musiało znaleźć sposób na zwiększenie dokładności replikacji. Przyjmuje się, że działanie prymitywnej replikazy RNA było w stanie zwiększyć dokładność o rząd wielkości, przez co tempo mutacji mogło spaść do ok. 10^{-3} . Teoretycznie mogło to z kolei prowadzić do dalszego wzrostu informacji, jednakże informacja ta nie była w stanie kodować bardziej skomplikowanej struktury złożonej z wielu genów, a mogła jedynie zwiększać skuteczność replikazy RNA.

Problem leży w tym, że aby wiele genów mogło być kodowanych w pojedynczym łańcuchu, konieczne jest stworzenie kompartmentu izolującego produkty tych genów od środowiska i umożliwiające ich wzajemne współdziałanie. Jednakże ten etap, etap z proto-chromosomalną budową genomu, musiał być poprzedzony etapem, w którym wyewoluowały te inne geny w sposób od siebie w dużej mierze niezależny. Eigen postulował tworzenie z kilku takich niezależnie powstałych proto-genów hyper cykli [12], jednakże idea ta została poddana krytyce przez Niesert et al. w pracy [10], sugerującej inny model: model kompartmentowy z losową segregacją kilku rodzajów genów zamkniętych w proto-komórze.

Model kompartmentowy z losową segregacją i stochastycznie zmienną ilością powielanych genów został zaproponowany przez Niesert w pracy [11] – jednakże jego symulacyjne badania przeprowadzone były w czasach, kiedy moc obliczeniowa komputerów była niewspółmiernie niższa niż obecnie, a ponadto jak się wydaje, dla zbyt optymistycznie określonych parametrów związanych z tempem

mutacji pasożytniczej. Jak pokazano w [17] i streszczono w rozdziale trzecim tego referatu, przyjmując tempo mutacji pasożytniczej na 10^{-3} na nukleotyd – co zdaje się stanowić kres dokładności replikacji z użyciem pierwotnej replikazy RNA – ilość niezależnych genów w kompartmentie przy uwzględnieniu efektów stochastycznych wynosić może maksymalnie 3 (tj. replikaza RNA i jeszcze dwa geny), ale tylko wtedy, gdy replikaza (oraz te pozostałe dwa geny) mają maksymalnie po ok. 100 nukleotydów. System taki kodowałby zatem 600 bitów informacji, tj. ilość zbliżoną do modelu pojedynczego łańcucha RNA.

Bardziej prawdopodobne jest, że replikaza RNA wymaga więcej niż 100 nukleotydów. Jeżeli miałyby ok. 200 jednostek – co notabene jest najbardziej prawdopodobnym rezultatem modelu pojedynczego łańcucha RNA – wówczas model kompartmentowy z losową segregacją mógłby pomieścić maksymalnie dwa geny (replikaza i jeszcze tylko jeden gen o długości do 200 nukleotydów), w związku z czym ilość informacji w takim modelu wzrosłaby do 800 bitów.

Porównując tę liczbę z najbardziej prawdopodobną ilością informacji w modelu pojedynczego łańcucha (między 400 a 700 bitów), widać, że model kompartmentowy z losową segregacją, po wyewoluowaniu replikazy RNA jest w stanie nieznacznie zwiększyć ilość kodowanej w genomie informacji w stosunku do modelu pojedynczego łańcucha RNA przed powstaniem replikazy, ale przede wszystkim umożliwia podział genomu na kilka oddzielnych genów. Natomiast warto zwrócić uwagę, że po powstaniu replikazy i zmniejszeniu tempa mutacji również model pojedynczego łańcucha jest w stanie (nawet bardziej niż model kompartmentowy z losową segregacją) zwiększyć ilość kodowanej informacji, jednakże informacja ta mogłaby być wykorzystywana tylko do coraz bardziej wyrafinowanego kodowania coraz dłuższej i bardziej wydajnej replikazy.

Aby mogły być kodowane również inne geny, wydaje się niezbędne wprowadzenie modelu kompartmentowego z losową segregacją – ale i ten etap nie wprowadza możliwości znaczącej rozbudowy funkcjonalnej protokomórki, gdyż ilość genów w tym modelu nie może być większa niż dwa (dwustu- nukleotydowe) lub trzy (stu-nukleotydowe). Dlatego aby umożliwić dalsze zwiększenie zarówno ilości informacji kodowanej w systemie, jak i jej zróżnicowanie wyrażone w różnorodności kodowanych genów niezbędne było powstanie chromosomów. Dyskusja tego etapu wykracza poza ramy referatu, jednakże z opisu tu przedstawionego wynika, że chromosomy musiały powstać w bardzo prostych systemach kompartmentowych złożonych z maksymalnie trzech niezależnie segregowanych rodzajów genów i opisywanych przez mniej niż 1Kbitów informacji. Tym wnioskiem kończy się część naukowa referatu.

5. Kwestie metodologiczne: na styku nauki i teologii

Część filozoficzną rozpoczniemy od pytań. Dlaczego warto stosować metodologiczny naturalizm? Dlaczego teoria ewolucji przez wielu określana jest jako sprzeczna z Pismem Świętym? Dlaczego samoograniczenie się naukowca do respektowania metodologicznego naturalizmu nie powinno być rozumiane jako

jego afirmacja naturalizmu ontologicznego? I wreszcie dlaczego naturalistyczne w swej istocie rezultaty jego pracy twórczej nie mogą stanowić dowodu dla naturalizmu metafizycznego, lecz są neutralne pod względem ontologicznym? To pytania szczególnie istotne dla styku nauki i wiary.

Na początek zweryfikujmy stwierdzenie, że Pismo święte nie może służyć jako wyznacznik prawdziwości bądź fałszywości teorii naukowej. Większość naukowców bez problemów zaakceptuje tę zasadę, jednakże istnieje w kręgach chrześcijańskiej grupy badaczy, dla której probierzem prawdziwości teorii naukowej jest jej zgodność (subiektywnie przez nich określana) lub brak zgodności z Biblią. W opinii autora referatu, popełniają oni błąd metodologiczny dwojakiego rodzaju.

Po pierwsze, nowożytnie nauki przyrodnicze – tzn. ta część wiedzy, którą w języku angielskim określa się jako dziś jako Science – i której sukcesy są niepodważalne, jako bezwzględną zasadę przyjmuje swą autonomię w zakresie przyjmowania pewnych twierdzeń za prawdziwe lub fałszywe. Kryterium w tym względzie stanowią tylko eksperyment oraz ścisłe zasady logiki/matematyki i w związku z tym stwierdzenie, że teoria X jest nieprawdziwa, gdyż jest niezgodna z Pismem świętym, jest samo w sobie nienaukowe. Nawet gdyby teoria X była w istocie nieprawdziwa, o jej nieprawdziwości naukowiec może mówić tylko na podstawie fałszyfikującego ją eksperymentu i/lub ściśle logicznego rozumowania z eksperymentu płynącego. Postępowanie takie polega na przyjęciu metodologicznego naturalizmu i nie ma nic wspólnego z wyznawanym poglądem religijnym badacza, czy to z naturalizmem ontologicznym, czy z wiarą w istnienie Transcendencji.

Po drugie, stwierdzenie, że coś (niekoniecznie naukowa teoria) jest niezgodne z Pismem Świętym, jest historycznie obciążone popełnianymi w tym względzie błędami, których źródłem wielokrotnie (lecz ponieważ) okazywało się niewłaściwe rozumienie Pisma. Jednym z podstawowych błędów w rozumieniu Pisma jest przyjęcie go jako autorytetu naukowego – podczas gdy celem Pisma jest przekazanie Objawienia Bożego dotyczącego relacji stworzenia do Stworzyciela, a nie wprowadzanie drogi na skróty w dążeniu człowieka do poznania zasad rządzących otaczającym go światem fizycznym. Powyższy błąd jest dzisiaj często konsekwencją przyjęcia jednej z zasad teologicznych protestantyzmu, tj. zasady *sola Scriptura*, o ile jest dodatkowo połączone z charakterystycznym dla fundamentalizmu rozszerzeniem zakresu jej obowiązywalności poza sferę wiary.

Polemika z tą zasadą na gruncie teologii jest problemem ekumenicznego dialogu katolicyzmu z protestantyzmem, zaś sama zasada, jak pokazuje o. Salij [18], jest w istocie skutkiem nominalizmu, obecnego co ciekawe nie tylko w protestantyzmie, lecz i wśród niemałej liczby katolików. Jednakże tak długo, jak długo zasada nie wykracza poza kwestie związane z rozumieniem Objawienia – jej akceptacja przez protestantyzm lub odrzucenie przez katolicyzm jest kwestią neutralną dla interpretacji badań naukowych. Zasada natomiast staje się poważnym problemem na gruncie fundamentalizmu, bo wówczas jej teologiczne znaczenie zaczyna być znaczeniem absolutnym, a sama zasada w tym wydaniu zaczyna uzurpować sobie prawo do oceny prawdziwości lub fałszywości teorii naukowych na podstawie ich zgodności z Biblią (oczywiście fundamentalistycznie w tym wypadku rozumianą).

Błąd przyjęty w założeniach często skutkuje błędami we wnioskach. Ci spośród chrześcijan, którzy zasadę *sola Scriptura* są skłonni absolutyzować i rozciągać jej stosowalność na sferę nauki, są podatni na błąd metodologiczny podany jako pierwszy, tzn. uciekanie się do Pisma w wartościowaniu logicznym teorii naukowych. W odczuciu takich osób jest to reakcja jak najbardziej racjonalna: bo przecież jeżeli *sola Scriptura*, to już nie eksperyment, lecz niezgodność z Biblią może być kryterium, według którego odrzuca się teorię – na przykład teorię ewolucji. Oczywiście, naukowcy związani z ideami kracjonizmu lub inteligentnego projektu podają szereg argumentów (ich zdaniem) falsyfikujących teorię ewolucji – jednakże jest to działanie wtórne. Dla wielu z nich problemem podstawowym jest rzekoma niezgodność z Pismem. Myślę, że dobrym eksperymentem myślowym, pokazującym co jest rzeczywistym powodem odrzucenia teorii ewolucji, jest odpowiedź na następujące pytanie: czy gdyby teoria ewolucji potrafiła wyjaśnić problemy naukowe, z którymi ciągle się mierzy, to mogłaby być teorią prawdziwą? Jeżeli odpowiedź jest twierdząca, to naukowiec ją formułujący przyjąłby zasadę naturalizmu metodologicznego, jeżeli przecząca, ów naukowiec przestałby uprawiać naukę. Ponieważ, jak mierniam, każdy naukowiec naukę uprawiać zamierza – aby mógł to robić rzetelnie, powinien być metodologicznym naturalistą.

Jeżeli jednak naukowiec jest metodologicznym naturalistą, to czy może być chrześcijaninem, czy też musi podążać torem wyznaczonym przez R. Dawkinsa [19]? Czy jeżeli na podstawie wielości niezależnych dowodów wskazujących na prawdziwość teorii ewolucji uzna jej słuszność, to czy musi żyć w psychologicznie niestabilnej sytuacji wyznawania dwóch przeciwstawnych sobie prawd: prawdy naukowej potwierdzającej ewolucję i prawdy religijnej ewolucji zaprzeczającej? Będzie w tej trudnej sytuacji tylko wtedy, gdy z Biblii wyczyta fakt należący do sfery naukowego poznania, że ewolucji biologicznej nie było, a ponadto zapomni, że naturalizm metodologiczny, który stał u podstaw jego badań, jest samoograniczeniem, które świadomie nauka na siebie nakłada, po to by mogła być nauką, lecz w związku z tym może istnieć wiedza, z nauką niesprzeczna, której nauka nie może ani potwierdzić, ani jej zaprzeczyć.

W związku z tym nieprawomocne są pozanaukowe dywagacje R. Dawkinsa (reprezentującego w tym względzie ateistyczny fundamentalizm) o naturalizmie ontologicznym będącym konsekwencją naturalistycznych w swej istocie (bo metodologicznie niemogących być niczym innym) teorii naukowych, do rozwoju których Dawkins się na pewno pozytywnie przyczynił. Od czasów Gödla wiadomo bowiem, że prawa fizyki, jako sformalizowany twór matematyczny, nie mogą być dowodliwe same z siebie (nie mogą zawierać dowodu prawdziwości samych siebie), zatem ich prawdziwość może być tylko potwierdzona przez eksperyment. W języku filozofii oznacza to, że prawa fizyki muszą być niekonieczne. (W książce [20] podaje się, że sam Wszechświat powstały w wyniku Wielkiego Wybuchu musi być przygodny, jednakże w świetle teorii o kwantowym charakterze Wszechświata i postulowanej wielości „wszechświatów” – pisane w cudzysłowie, gdyż ich wielość zaprzecza nazwie, którą się je określa – bezpieczniej jest przesunąć granicę niekonieczności na same prawa odpowiedzialne za możliwość generowania takich „wszechświatów”).

W istocie, nawet kwantowa natura praw fizyki dopuszczająca rodzenie się „wszechświatów” nie ogranicza bowiem treści zawartej w pytaniu Leibniza „dlaczego raczej coś niż nic?”, a tylko przesuwając pytanie o szczebel wyżej, tj. na najgłębsze prawa Natury. Niesprzeczności sformalizowanych systemów opisujących te prawa, dzięki drugiemu twierdzeniu Gödla o niedowodliwości niesprzeczności, nie da się udowodnić w ramach tych systemów – aby taki dowód móc przeprowadzić, niezbędny jest system wyższego rzędu, którego niesprzeczności w ramach niego samego również nie da się dowieść – i tak *ad infinitum*. Oznacza to, że wszelkie teorie naukowe oparte o matematycznie sformalizowane prawa nie mogą wywieść (w swych ramach) prawdziwości tych teorii (mogą prawdziwość oprzeć tylko na zgodności z eksperymentem, ale wtedy stają się niekonieczne, z wszystkimi tego filozoficznymi konsekwencjami – w szczególności w zakresie możliwości dowodzenia istnienia/nieistnienia Absolutu, z założenia wykraczającego poza eksperyment).

Dlatego nauka oparta o takie sformalizowane systemy, których prawdziwość jest ograniczona przez możliwości eksperymentu, nie może ani potwierdzić, ani zaprzeczyć istnienia Absolutu i metodologicznie błędzą zarówno poszukujący naukowych dowodów na istnienie, jak na nieistnienie Boga. Prawdą jest, że jedyną racjonalną przesłanką uzasadniającą obowiązywanie takich, a nie innych praw Natury (praw obowiązujących nie z logicznej konieczności, zatem przygodnych) może być tylko istnienie Absolutu, bytu w sposób konieczny (a nie przygodny) istniejącego i w ten sposób przerywającego problem poszukiwania wyjaśnień *ad infinitum* – ale być może prawa te po prostu nie mają racjonalnego wyjaśnienia – są jakie są i nie mają żadnej przyczyny, dlaczego tak jest. Wybór jednego lub drugiego to kwestia wiary, nie dowodu. Odpowiedzią na pytanie Leibniza może być albo Bóg, albo uznanie, że odpowiedzi nie ma.

Co zaś do kwestii rzekomego zapisu Pisma świętego mającego świadczyć, że ewolucji nie było, to chrześcijanin uniknie takiej literalnej interpretacji, jeżeli będzie się starał czytać teksty święte w jedność z Kościołem, uznając, że *są w nich sprawy trudne, które ludzie niedouczeni i mało utwierdzeni opacznie tłumaczą na własną swą zgubę* (2 P 3,16). Jeżeli tak głęboko wierzący chrześcijanie, jak Pius XII, Jan Paweł II czy Benedykt XVI, nie wspominając o Theillardzie de Chardin, czy abp. Życińskim, są w stanie pogodzić Objawienie z teorią ewolucji, to doprawdy dużej teologicznej nonszalancji potrzeba, by bez gruntownego egzegetycznego przygotowania starać się pokazać coś przeciwnego, nie przyjmując powszechnie stosowanych we współczesnej egzegezie metod hermeneutyki tekstu i upierając się przy tłumaczeniu mniej lub bardziej literalnym, rozciągającym się ponadto na sferę pozareligijną, tzn. na sferę poznania naukowego.

Na koniec przykład św. Augustyna niech pokaże, że krytyczne dla absorpcji przez chrześcijan teorii ewolucji początkowe wersy księgi *Genesis* są wieloznaczne i dla osób o różnej wiedzy co innego w sensie faktograficznym mogą znaczyć, mimo że wszystkie ich interpretacje oparte na różnej faktografii są równie poprawne teologicznie i właściwie oddają relacje Stwórcy do stworzenia. Oto co pisze Augustyn w księgach XI i XII swych *Confessiones* o różnorodnych interpretacjach pierwszych rozdziałów *Księgi Rodzaju*, ponad tysiąc pięćset lat przed Darwinem, tj. w czasie, gdy nie mógł otrzymać żadnych naukowych dowodów na to, że lite-

ralna interpretacja tej księgi zaprzeczy kiedyś naukowym odkryciom. Zwróćmy uwagę również na niezwykłą intuicję Augustyna w określeniu własności czasu – aż do czasów Einsteina intuicja Augustyna, że należy on do stworzonego świata, byłaby uznana przez fizyków ery post-newtonowskiej za niezgodną z rozumianym przez nich absolutnym i niezależnym od materii charakterem czasu. Dopiero Teoria Względności, definiując pojęcie czasoprzestrzeni, potwierdziła słuszność niżej cytowanego stwierdzenia Augustyna, że nie może czas istnieć bez stworzenia (materii). Niech więc wybrane poniżej fragmenty przemówią geniuszem swego autora i staną się zachętą do odkrycia na nowo *Wyznań* jednego z największych myślicieli europejskich, jakim był biskup z Hippony:

(...) „Na początku uczynił Bóg niebo i ziemię”. Lecz w jaki sposób stworzyłeś niebo i ziemię? (...) Słowem je stworzyłeś swoim. Lecz jak przemówiłeś? (...) Tak nas prowadzisz, abyśmy zrozumieli Słowo będące Bogiem u Ciebie Boga. Wypowiadane jest Ono wiecznie i wszystkie rzeczy są Nim wiecznie wypowiedane. (...) Ty poprzedzasz czas, ale nie w czasie go poprzedzasz. Gdybyś poprzedzał w czasie, nie poprzedzałbyś wszelkiego czasu. Ty na wyżynie zawsze obecnej wieczności jesteś przed wszelką przeszłością i po wszelkiej przyszłości. (...) Nie było więc takiego czasu, w którym byłbyś bezczynny. Bo i sam czas Ty stworzyłeś. (...) Czymże więc jest czas?(...) wydało mi się że, czas nie jest niczym innym jak rozciągłością. (...) Niechże więc zrozumieją, że nie może istnieć czas bez stworzenia – i niech przestaną zadawać niedorzeczne pytania. (...) Niechże już nikt mnie nie dręczy, powiadając: „Nie to myślał Mojżesz, co ty mówisz, lecz to co ja mówię”. (...) Boże mój, w którego łonie sprzeczności nie ma, racz moje serce zrosić deszczem cierpliwości, abym potrafił obcować z takimi ludźmi. Bo oni tak stanowczo się wypowiadają nie dlatego, jakoby byli mężami Bożymi albo jakoby potrafili czytać w sercu Twojego sługi, lecz po prostu dlatego, że są pyszni. Oni nie Mojżesza zdanie pojęli, lecz swoje zdanie umiłowali, nie dlatego, że prawdziwe, ale dlatego, że ich własne. Gdyby było inaczej, to żywiliby równy szacunek dla odmiennej opinii, też niesprzecznej z prawdą – jak i ja považam, to co oni mówią, ilekroć ich opinia jest zgodna z prawdą, nie dlatego, że to ich opinia, ale dlatego, że prawdziwa. (...) Jeśli ludzie szanują jakieś poglądy dlatego, że są prawdziwe, to są one i ich, i moje, stanowiąc wspólną własność wszystkich miłośników prawdy. Natomiast nie uznaję ich uroszczenia, że Mojżesz miał na myśli nie to, co ja mówię, ale to, co oni mówią. Odstreż mnie takie uroszczenie, bo nawet gdyby ich opinia była trafna, ich pewność siebie wyrasta nie z wiedzy, ale z zarozumiałości. (...) Skoro tak wiele różnych znaczeń, całkowicie harmonizujących z prawdą, można wydobyć z owych słów Księgi Rodzaju, czyż nie widzisz, jaką głupotą jest lekomyślne upieranie się, że Mojżesz to właśnie albo tamto szczególnie miał na myśli, i obrażanie, zgubnymi sporami, tej miłości, z powodu której ów wielki mąż mówił to wszystko, co chcemy wyjaśnić? (...) Pragnąłbym (...) gdybyś to mnie nakazał napisać Księgę Rodzaju – pragnąłbym gorąco, aby mi był dany taki talent literacki i taka umiejętność kompozycji, żeby nawet ci, którzy jeszcze nie potrafili zrozumieć, w jaki sposób Bóg stwarza, nie odrzucili moich słów,

*jakoby przekraczających ich pojęcie, jak też aby ci, którzy już to rozumieją, mogli znaleźć w zwięzłych słowach Twego sługi potwierdzenie każdego trafnego wniosku, do jakiego doszli rozumowaniem; **a gdyby w świetle prawdy ktoś inny wyciągnął wniosek inny – żeby można było i takie znaczenie w owych słowach wyczytać.** (...) Niektórzy ludzie, czytając słowa Mojżesza albo ich słuchając, wyobrażają sobie Boga jakoby człowieka (...). Kiedy ci ludzie słyszą, że Bóg powiedział: „Niech się stanie” to czy tamto – myślą oni o słowach zaczynających się i kończących, takich które brzmiałyby przez jakiś czas i przeminęły, a po ich przeminieciu natychmiast powstałoby to, czego powstanie było nakazane. (...) Ale są też inni, dla których słowa Pisma świętego to już nie gniazdo, lecz cieniasty sad, w którym się domyślają ukrytych owoców. (...) Pojmują, że Twoja wola, będąc tym samym, czym Ty jesteś, nigdy nie uległa zmianie i że nie stworzyłeś świata jakimś nowym, przedtem nieistniejącym aktem woli; że nie wyłoniłeś go z siebie jako swoje podobieństwo i formę wszystkich rzeczy, **lecz uczyniłeś z niczego, jako niepodobny do Ciebie i bezkształtny, aby się kształtował na Twoje podobieństwo** (...) [21], (wytluszczenia i podkreślenie autora referatu).*

Czyż to nie ewolucja jest tym procesem, który powoduje owo *kształtowanie świata na podobieństwo Boga*? Przecież końcowy jej twór – człowiek – jest właśnie stworzony na podobieństwo Boga (por. Rdz 1,27). Nawet jeśli Augustyn nie miał ewolucji bezpośrednio na myśli, to przecież zostawił dla niej miejsce, gdy nieco wcześniej twierdził, że Pismo święte z takim zamysłem zapewne jest napisane, by: *gdyby w świetle prawdy (odkryć naukowych?) ktoś inny (Darwin?) wyciągnął wniosek inny (ewolucja?) – żeby można było i takie znaczenie w owych słowach wyczytać.* Jakże odmienna postawa, otwartego na prawdę, żyjącego w IV w. biskupa katolickiego, od postawy współczesnych fundamentalistów, naginających prawdę (naukową) do własnych interpretacji Biblii i stawiających tych, którzy nie potrafią prawdy naukowej o ewolucji zignorować (w tej liczbie papieży Piusa XII, Jana Pawła II, Benedykta XVI, a także abp. Życińskiego, ks. Hellera, o. Salija, i wielu, wielu innych), gdzieś poza nawiasem chrześcijaństwa. Naiwność, bo przecież nie zła wola, takiego fundamentalistycznego czytania świętych tekstów jest niezwykle celnie ujęta w następujących słowach o. Salija:

Przeciwstawiać prawdę o stworzeniu teoriom ewolucji to tak samo, jakby przeciwstawiać sobie prawdę, że jestem stworzeniem Bożym, prawdzie, że pochodzę od moich rodziców [22].

Podziękowania

Badania naukowe prezentowane w referacie w rozdziałach 1 – 4 są finansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego ze środków wspierających naukę w latach 2008-2010 jako projekt badawczy o numerze N N519 319035.

Rozdział 5, poświęcony zagadnieniom filozoficzno-teologicznym inspirowanym problemami ewolucji, zawdzięcza swe istnienie dyskusjom z przyjaciółmi

autora, również z tymi, którzy nie podzielają jego zdania co do kwestii tam wyrażanych. Ale jeszcze bardziej inspiracją do jego napisania stała się międzynarodowa konferencja zorganizowana przez Papieski Uniwersytet Gregoriana w Rzymie w 150-lecie wydania książki Darwina *O powstaniu gatunków*, będącej kolejnym etapem kopernikańskiego przewrotu w naszym rozumieniu świata. Konferencja ta, oprócz czysto naukowych sesji poświęconych ewolucji, prezentowanych przez najwybitniejszych przedstawicieli świata nauki (np. z zakresie ewolucji na poziomie molekularnym, będącej tematem najbardziej autora interesującym, referat wygłosił laureat nagrody Nobla w medycynie W. Arber), w końcowej swej części dotyczyła problemów styku nauki, filozofii i teologii. Koncepcje tam wypracowane, w zgodzie z przywoływanym przesłaniem Ojca Świętego Jana Pawła II do członków Papieskiej Akademii Nauk z 22.10.1996 r., podkreślały autonomię nauki i konieczność akceptacji przez teologów faktów naukowych, po to, by uprawiana przez nich teologia nie stanowiła źródła konfliktu, lecz komplementarnego opisu rzeczywistości. Wszystkim zaproszonym prelegentom rzymskiej konferencji, zarówno wierzącym, jak ateistom, autor niniejszego tekstu składa wyrazy głębokiej wdzięczności za intelektualne przeżycia, których dzięki nim mógł doświadczyć, z jednymi się zgadzając, z innymi polemizując, a od wszystkich się ucząc. Na koniec nie może autor nie wspomnieć wdzięczności, jaką odczuwa wobec św. Augustyna – *Confessiones* to niezatarty wpływem stuleci skarb wspomnień głęboko wierzącego geniusza logiki, zostawiony przyszłym pokoleniom, by choć w niewielkim stopniu mogły podążać za jego myślą. Za myślą biskupa Hippony, którego serce tak długo było niespokojne, dopóki nie spoczęło w Tobie...

Bibliografia

- [1] Gilbert, W., "The RNA World", *Nature*. 319(1986), s. 618-618.
- [2] Joyce, G. F., "RNA Evolution and the Origins of Life", *Nature*. 338(1989), s. 217-224.
- [3] Dyson, F., *Origins of Life. Revised Edition*. Cambridge University Press, 1999.
- [4] Szathmary, E., Demeter, L., "Group Selection of Early Replicators and the Origin of Life", *J. Theor. Biol.*. 128(1987), s. 463-486.
- [5] Smith, J., Szathmary, E., *The Origins of Life. From the Birth of Life to the Origin of Language*. Oxford University Press, 1999.
- [6] McGinness, K. E., Joyce, G. F., "In Search of Replicase Rybozyme – Review", *Chem. Biol.*.10(2003), s. 5-14.
- [7] Demetrius, L., Schuster, P., Sigmund, K., "Polynucleotide Evolution and Branching Processes", *Bull. Math. Biol.* 47(1985), s. 239-262.
- [8] Kimmel, M., Axelrod, D., *Branching Processes in Biology*. Springer-Verlag, New-York, 2002.
- [9] Cyran, K. A., Stańczyk, U., "Stochastic simulations of branching processes: Study on complexity threshold of RNA-world species", *Materiały XXXVI Ogólnopolskiej Konferencji Zastosowań Matematyki*, Zakopane – Poland 2007, s. 19-22.
- [10] Niesert, U., Harnasch, D., Bresch, C., "Origin of Life between Scylla and Charybdis", *J. Mol. Evol.*. 17(1981), s. 348-353.

- [11] Niesert, U., "How many genes to start with? A computer simulation about the origin of life", *Orig. Life Evol. Biosph.* 17(1987), nr 2, s. 155-169.
- [12] Eigen, M., Gardiner, W., Schuster, P., Winckler-Oswatitch, R., "The Origin of Genetic Information", *Sci. Am.* 244(1981), nr 4, s. 88-118.
- [13] Sagre, D., Lancet, D., "A Statistical Chemistry Approach to the Origin of Life", *Chemtracts–Biochem. Mol. Biol.* 12(1999), nr 6, s. 382-397.
- [14] Schroedinger, E., *What is Life? The Physical Aspect of the Living Cell*. Cambridge, Cambridge University Press, 1944.
- [15] Cyran, K. A., "Information amount threshold in self-replicating RNA-protospecies: branching processes approach", *International Journal of Mathematics and Computers in Simulation*, 3(2009), s. 20-29.
- [16] Ma, W., Yu, Ch., Zhang, W., "Monte Carlo Simulation of Early Molecular Evolution in the RNA World", *BioSystems*. 90(2007), 28-39.
- [17] Myszor, D., Cyran, K. A., "Estimation of the number of primordial genes in a compartment model of RNA World", *Advances in Soft Computing*, (2009), przyjęto do druku.
- [18] Salij, J., *Nadzieja poddawana próbom*, wyd. „W drodze”, Poznań 1998.
- [19] Dawkins, R., *The God Delusion*, Bentam Books, 2006.
- [20] Jaki, S. L., *God and the Cosmologists*. Scottish Academic Press, Edinburgh, 1988.
- [21] Św. Augustyn, *Wyznania*, wyd. Znak, Kraków 1995.
- [22] Salij, J., *Pytania nieobojętne*, wyd. „W drodze”, Poznań 1998.