

Ks. HENRYK NOWIK

ROZWÓJ POJĘCIA GENU W KLASYCZNYCH TEORIACH DZIEDZICZENIA

WSTĘP

Zagadnienie przekazywania cech z pokolenia na pokolenie interesowało człowieka od pradawnych czasów. Wraz z powstaniem i rozwojem nauk biologicznych coraz częściej zaczęto uświadamiać sobie fakt, że przekaz substancji dziedzicznej ma charakter nieśmiertelny. Wymierają bowiem tylko osobniki. Śmiertelność jest cechą organizmów, a nie samej materii ożywionej. Ona w substancji dziedzicznej trwa nieustannie. Zasada ciągłości trwania biomaterii i zasada śmiertelności organizmów nie wykluczają się wzajemnie, a to dlatego, że zanim skończy się egzystencja biosystemu to już wcześniej zostaje przekazana substancja żywa (w formie podłoża dziedzicznego) następnemu pokoleniu na drodze rozrodu. Dzięki temu istnieje ciągłość pokoleń całej biosfery. Ciągłość ta stała się podstawą do licznych rozważań teoretycznych nad zjawiskiem dziedziczności.

W badaniach nad procesem przekazu cech dziedzicznych można wyróżnić dwa główne nurty. Według jednego z nich substancja dziedziczna jest niepodzielną całością a cechy potomne są następstwem stapiania się substancji dziedzicznej obu rodziców. Natomiast według drugiego kierunku badań materia genetyczna ma strukturę korpuskularną, a właściwości osobników potomnych są następstwem działania tych jednostek (korpuskularnych).

Analiza teorii paradygmatycznych prowadzi do całego bogactwa kontrowersji między nurtami genetycznymi oraz w całej pełni ujawnia przyzmat poznawczy kierunku korpuskularnego.

W ramach tego paradygmatu otwiera się możliwość podjęcia próby sformułowania komplementarnej koncepcji genu.

Wyrażenie „*pojęcie genu*” należy rozumieć (w tych rozważaniach) w sensie „*definicji genu*”. Pokrewne zaś typy sensu tego wyrażenia będą dostatecznie widoczne ze względu na konteksty użytych wypowiedzi, w których będą występowały takie słowa jak: „*termin*”, „*koncepcja*”, „*schemat*” lub „*teoria*”.

Analiza sensu pojęcia genu zostanie przeprowadzona na kanwie syntetycznych ujęć klasycznych teorii dziedziczenia. Zostaną one potraktowane jako człony definiujące w równościowej definicji genu. Każda bowiem teoria pełni w jakimś stopniu rolę definiensu. Z tego punktu widzenia można wyrazić pogląd, że definicja ma charakter wiedzotwórczy (w sensie apragmatycznym).

Biologiczna definicja substancji dziedzicznej może stać się z kolei przedmiotem analiz logicznych. Tak też było z definicją genotypu. Tacy autorzy jak: M. Kokoszyńska, T. Kubiński i J. Słupecki w studium: „Zastosowanie pojęć logiki matematycznej do wyjaśniania niektórych pojęć przyrodoznawstwa” (Studia Logica, t. IV, 1956) postawili sobie za cel pokazanie, w jaki sposób można aparat logiki matematycznej zastosować do konstrukcji definicji genotypu. Podobnie uczyniła H. Mortimer, w artykule polemicznym: „O pewnej definicji genotypu” (Rozprawy Logiczne, Warszawa 1964). Tego rodzaju analizy należą do badań apragmatycznych, zakładających demarkację pomiędzy kontekstem odkrycia a sferą uzasadnienia.

Niniejsze rozważania będą przebiegać w ramach metodologii pragmatycznej — uhistorycznionej, która kwestionuje demarkację pomiędzy procedurą odkrycia a procesem uzasadniania. Nauka ta zaczęła się rozwijać (między innymi) pod wpływem pragmatyzmu C. S. Peirce’a i późniejszego L. Wittgensteina (z „Philosophical Investigations”) i przybrała na sile w latach sześćdziesiątych, dzięki takim autorom jak: S. Toulmin, N. R. Hanson, K. R. Popper, Th. S. Kuhn, P. K. Feyerabend i I. Lakatos. W tym samym czasie do tego nurtu badań nawiązał autor tych rozważań w artykule: „Metodologiczne warunki wyjaśniania zjawisk biologicznych” (Roczniki Filozoficzne, t. XII, z. 3, 1964), formułując warunki dobierania racji do następstwa w procedurze wyjaśniania pragmatycznego na bazie historii problemu fotosyntezy.

Metodologia o inspiracji historycznej ukazuje całe bogactwo osiągnięć procedury ademarkacyjnej z racji włączenia podmiotowej sfery nauki do procesu zrozumienia mechanizmów powstawania i rozwoju pojęć teoretycznych nauk biologicznych. Demarkacyjną koncepcję nauki winno się zastąpić komplementarną wizją metabiologii. Komplementarna metoda wzajemnych przybliżeń pokazuje, że rozwój procedury odkrycia przyczynia się do rozwoju kontekstu uzasadniania i odwrotnie — rozwój dziedziny uzasadniania warunkuje rozwój procesu odkrycia.

Metoda ta ma również swoje zastosowanie w przypadku rozwoju pojęcia genu. Rozwój bowiem teorii funkcji genu wpływa na rozwój teorii jego struktury i odwrotnie. Zależność ta stała się podstawą do sformułowania komplementarnej koncepcji genu w paradygmacie korpuskularnym.

1. PARADYGMATY GENETYKI KLASYCZNEJ

Zakres treści pojęcia paradygmatu pozostaje w stosunku podrzędnym do danej dziedziny wiedzy oraz w relacji nadrzędnej do określonej teorii.

W charakterystyce treści tego pojęcia zwraca się uwagę na perspektywę widzenia świata¹ przez społeczność uczonych (K. Ajdukiewicz), mówi się o ideach porządku naturalnego (St. Toulmin), rozprawia się o regułach gry, jako o sposobach funkcjonowania nauki (L. Wittgenstein).

Paradygmat², ściślej rzecz biorąc, wyznacza przedmiot zainteresowań nauki, warunkuje powstawanie programów badawczych oraz postuluje wzory ich rozwiązywania. Dostarcza ponadto niezbędnych środków teoretycznych (terminy, hipotezy, prawa, zasady, teorie) i eksperymentalnych (techniki pomiarowe, modele, audiowizualne aparatury badawcze). W jego świetle dokonuje się interpretacji danych obserwacyjnych oraz formułuje się warunki akceptacji uogólnień empiriologicznych w społeczności uczonych.

W dyskusji nad sensem terminu „paradygmat” można wyróżnić cztery jego aspekty³, będzie to aspekt: metafizyczny, metodologiczny, psychosocjologiczny oraz instytucjonalny.

W pierwszym przypadku mówi się o systemie filozoficznych przekonaniań i kompleksie światopoglądowych postaw w doborze programów badawczych i stylach interpretacji danych nauk szczegółowych.

W drugim zaś traktuje się sens pojęcia paradygmatu jako zespół teorii, który w swej genezie ukształtował się na kanwie teorii wiodącej. W tym znaczeniu można koncepcję paradygmatu pojmować jako „super” teorię.

Natomiast w aspekcie psychosocjologicznym zwraca się uwagę na proces naukotwórczy, który polega na ciągłym nabywaniu sprawności uprawiania nauki oraz na zdobywaniu umiejętności widzenia problemów i ich rozwiązywania w obrębie tradycji społeczności uczonych, zorganizowanych na zasadzie: wielkości geniuszu mistrza, atrakcyjności kierunku szkoły lub szerokości zasięgu środowiska naukowego.

Wreszcie w czwartym punkcie widzenia bierze się pod uwagę fakt powstawania i rozwoju: uczelni, instytutów naukowych, placówek badawczych, zakładów laboratoryjnych, wydawnictw specjalistycznych oraz

¹ Por. Z. Hajduk, *Rekonstrukcja i ocena teorii empirycznych w uhistorycznionej filozofii nauki*, Roczniki Filozoficzne, t. XXVII, z. 3. 1979 s. 33n, 58.

² Zob. Th. S. Kuhn, *The Structure of Scientific Revolutions*. Chicago 1971, s. 45, 103, 109, 111nn.

³ Kontrowersje wokół koncepcji paradygmatu wykazały zasadniczy brak jednolitego sposobu używania terminu „paradygmat”. Na podstawie dostępnej literatury można wyróżnić trzy aspekty sensu tego pojęcia, a mianowicie sens: metafizyczny, socjologiczny i konstrukcyjny. Zob. Hajduk, op. cit., s. 57.

sympozjów, organizowanych ze względu na wiedzotwórcze programy i praktyczne zadania w ramach konwencji ludzi nauki.

Metafizyczny, psychosocjologiczny oraz instytucjonalny aspekt paradygmatu wiąże wiedzę w sposób istotny z podmiotem, natomiast metodologiczny punkt widzenia wyraża ją bezpodmiotowo w logicznym systemie zdań.

Podmiotowy aspekt paradygmatu znajduje się w komplementarnym stosunku do bezpodmiotowego aspektu paradygmatu na zasadzie kolejnych przybliżeń w procesie rozwoju nauki.

Pragmatyczną (podmiotową) stronę nauki referują dziedziny humanistyczne, takie jak: historia, psychologia poznania, socjologia nauki, naukoznawstwo, historia nauki oraz filozofia historii nauki.

Humanistyczne dane tych nauk pokazują sposób powstawania i rozwoju problemów naukowych; odnosi się to również do genezy i ewolucji pojęcia substancji dziedzicznej.

Historia genetyki stwierdza, że człowiek od zarania swojej obserwacji przyrody ożywionej zauważył dwa podstawowe fakty: śmiertelność organizmów i przekaz życia. Wraz z powstaniem i ewolucją genetyki coraz bardziej zaczęto uświadamiać te fakty. Opisy tych faktów przybrały rangę uniwersalnych prawidłowości biosfery i jej ewolucji. Zasada trwania dziedzicznej substancji i zasada wymieralności osobników nie wykluczają się wzajemnie. Zanim skończy się egzystencja organizmu, zostaje przekazana substancja żywa w formie podłoża dziedzicznego następnym pokoleniom na drodze rozrodu. Dzięki temu istnieje ciągłość pokoleń w całej biosferze. Ta ciągłość pokoleń stała się podstawą do rozważań nad zjawiskiem dziedziczności. W następstwie obserwacyjnych badań procesu przekazu podłoża dziedzicznego powstały różne teorie genetyczne. W ramach tych teorii rodziło się i rozwijało pojęcie substancji dziedzicznej.

Metodologiczna refleksja nad rozwojem klasycznych teorii dziedziczenia ujawnia stałą zależność między ewolucją genetyczną uogólnień a różnymi formami kształtowania się pojęcia substancji przekazu informacji biotycznej z pokolenia na pokolenie. Historia genetyki pokazuje, że hipotezy, prawa, zasady i teorie przekazu cech dziedzicznych rodzą się i rozwijają na gruncie sobie właściwych paradygmatów. Wydaje się, że w dziejach nauki o biotycznym dziedziczeniu można wyróżnić dwa istotne nurty badań, których programy badawcze i kryteria formułowania uogólnień tworzą charakterystyczną całość w procesie rozwoju genetyki ogólnej. Jeden z nich mówi o ciągłości podłoża dziedzicznego, drugi zaś o jego nieciągłości.

Paradygmat ciągłości substancji genetycznej zawiera w sobie powszechnie akceptowane wzory teorii i schematy programów badawczych,

opartych na hipokratesowskiej biologii człowieka. Natomiast paradygmat nieciągłości biotycznej struktury przekazu właściwości fenotypowych obejmuje swym zakresem ogólnie przyjmowane reguły akceptacji uogólnień i wzory programów doświadczalnych, budowanych na demokrytowskiej wizji świata.

Z punktu widzenia filozofii historii biologii pierwszy paradygmat ma charakter holistyczny i finalistyczny, drugi zaś atomistyczny i deterministyczny. Oba nurty poznania genetycznego występują w aspekcie metafizycznym.

Paradygmat ciągłości podłoża dziedzicznego miał do końca XIX wieku przeważającą ilość zwolenników. Funkcjonował na bazie tradycji praktyk i opinii hodowców zwierząt domowych. Przez całe wieki interpretowano dobór sztuczny za pomocą zasady „mieszania krwi”. Krew, jako płynny stan materii, była modelem teorii zlewania się i mieszania substancji dziedzicznej w potomstwie. Mówiono wówczas (i do dziś jeszcze się mówi) o rasach „czystej krwi”, „pełnej krwi”, „półkrwi”, „niepełnej krwi” itp. Hipoteza „procentu krwi” uznaje równy udział rodziców w przekazywaniu substancji dziedzicznej na potomstwo. Głosi ona bowiem, że organizm potomny pod względem właściwości dziedzicznych winien być średnią wypadkową cech obojga rodziców. Natomiast każdy z rodziców był średnią wypadkową swoich rodziców (dziadków); podobieństwo między wnukiem a dziadkiem wynosiło 25%, a to dlatego, że tyle substancji dziedzicznej przekazywał dziadek wnukowi, za pośrednictwem jednego z rodziców. Hipoteza ta prowadziła w konsekwencji do ilościowej koncepcji struktury substancji dziedzicznej.

Genetyczne uogólnienie, występujące pod nazwą „procentu krwi”, wywodzi się z tradycji hipokratesowskiej. W szkole ojca medycyny żywno przekonanie, że organizmem rządzą cztery podstawowe cieczy — czyli soki (łac. *humores*): krew, śluz, żółć i czarna żółć. Wiedzano powszechnie, że upływ krwi prowadzi do śmierci człowieka i zwierzęcia. Stąd krwi przypisywano największe znaczenie.

Fizjologia i patologia hipokratesowska jest nauką humoralną, a pod względem metodologicznym — indukcyjną i idiograficzną (historia choroby indywidualnego pacjenta).

Szkoła Hipokratesa, środowiska hodowców, społeczności uczonych złożyły się razem na psychosocjologiczny wymiar paradygmatu ciągłości substancji dziedzicznej. Paradygmat ten zyskał na sile życiowej dzięki K. Darwinowi (1809—1882).

Autor wielkiej teorii ewolucji wyjaśniał mechanizmy doboru naturalnego na podstawie zasady ciągłości zmian. Czynił to w oparciu o własną teorię pangenezy. Przewodnią myśl tej koncepcji można wyrazić w następujących twierdzeniach:

1) Cały organizm jest źródłem i podłożem substancji dziedzicznej. Wszystkie bowiem komórki organizmu produkują substancję dziedziczną o właściwościach całego ciała w postaci drobnych cząsteczek, zwanych gemmulami.

2) Organizm ulega wpływom swego środowiska a wraz z nim i gemmule. W języku teorii mechanizm wpływu środowiska na przekaz cech dziedzicznych nosi nazwę indukcji somatycznej.

3) Gemmule wędrują przez całe ciało do komórek rozrodczych. Dzięki temu jajo i plemnik zostają zaopatrzone w biotyczne przedstawicielstwo wszystkich komórek ciała i uzyskują zdolność inicjacji całego potomnego organizmu o właściwościach rodziców.

4) Substancja dziedziczna obu rodziców miesza się u osobników potomnych w następujących po sobie pokoleniach. Mieszanina materii dziedzicznej jest całkowita i nierozłączna. Organizm potomny posiada średnią wypadkową cech obojga rodziców.

5) Modelem teorii jest ciecz, a to dlatego, że ona najlepiej odwzorowuje fakt mieszania się substancji dziedzicznej.

Teoria pangenezy stała się ideą przewodnią w całym paradygmacie. Rozbudowała ona tym samym jego aspekt metodologiczny, dzięki któremu stał się on „super” teorią przekazu cech dziedzicznych. Metodologiczny aspekt tego paradygmatu pozwala na logiczną analizę jego teorii oraz na historyczne przesłedzenie przemian uogólnień genetycznych.

Paradygmat ciągłości zmian wraz ze swoją przewodnią ideą pangenezy stanął wobec genialnej teorii doboru naturalnego. W świetle tej konfrontacji F. Jenkin przeprowadził następujące rozumowanie. Jeśli osobnik posiada korzystną zmianę, rozumuje szkocki inżynier, to po skrzyżowaniu z innym przeleje ową zmianę w znacznie słabszym już stopniu na potomstwo. Z biegiem czasu każda korzystna zmiana zostanie całkowicie zniwelowana. Tok tego rozumowania nurtował już samego Darwina. Jeszcze przed ogłoszeniem pracy: „O powstawaniu gatunków” pisał w roku 1857 do T. H. Huxley’a: „Gdy zastanawiałem się nad (...) dziedziczeniem, miałem (...) niesprecyzowaną jeszcze myśl, że rozmnażanie przez prawdziwe zapłodnienie będzie polegało na pewnego rodzaju wymieszaniu (podkreślenie H. N.), a nie na prawdziwym zlanu się dwóch odrębnych osobników, albo raczej niezliczonych osobników, jako że każde z rodziców ma swoich rodziców i dalszych przodków. Z żadnego innego punktu widzenia nie mogę zrozumieć, w jaki sposób formy pochodzące z krzyżowania nawracają w tak wielkim zakresie do form przodków⁴”

Darwin, pisząc o wymieszaniu, a nie o całkowitym zlanu, był już

⁴ K. Darwin, *List do T. H. Huxley’a*, w: *Wybór listów*, Warszawa, 1960, s. 156n.

na tropie korpuskularnej koncepcji dziedziczenia. Pochłonięty jednak badaniami nad doborem naturalnym, nie znalazł czasu na metodyczne obserwacje zjawiska dziedziczenia w aspekcie cząsteczkowym. Należy ponadto dodać, że sama struktura pangenu ma budowę ziarnistą.

Zdaniem wielu teoretyków biologii, panujące wówczas poglądy na temat dziedziczenia wraz z teorią pangenezy, nie tłumaczyły faktów dobrze znanych samemu twórcy wielkiej teorii. Wiedział on dobrze, że sporadycznie pojawiają się nagłe zmiany, które się trwale dziedziczą, znał również fakt, że na skutek samozapyłania roślin otrzymuje się linie bardzo mało zmienne, wiedział też i o tym, że pewne cechy u mieszańców ulegają segregacji i w czystej formie mogą być przenoszone z pokolenia na pokolenie. Opisał również zjawiska, w których cechy różniące rodziców nie ulegają stopieniu u mieszańców, jak to zakłada teoria pangenezy. Co więcej, zauważył on w niektórych krzyżówkach, że pojawiły się typowe prawidłowości mendlowskie w drugim pokoleniu w relacji 3 : 1. Znał ponadto zjawisko panowania i ustępowania cech. Uchwycił też prawidłowość, że po skrzyżowaniu dwóch różnych form otrzymuje się pierwsze pokolenie mieszańców o cechach jednakowych, drugie zaś o cechach bardzo różnych. „Chociaż (...) Darwin — jak stwierdza de Beer — znał właściwie wszystkie istotne fakty, na podstawie których Mendel sformułował swoje prawa, nie zdołał dostrzec ich decydującego znaczenia”⁵. Być może, że powodem tego stanu rzeczy były niedociągnięcia metodyczne. W związku z tym obraz dziedziczenia wydawał się Darwinowi bardzo złożony i mocno zawiliły w swojej strukturze i funkcji. W konsekwencji pozostał do końca wierny swej teorii pangenezy.

Równolegle do genetycznego nurtu ciągłości zmian dziedzicznych rozwijał się paradygmat cząsteczkowego sposobu przekazu cech dziedzicznych. Nurt ten wywodzi się z filozoficznych rozważań Demokryta (ok. 460—360). Według filozofa z Abdery i jego nauczyciela Leucypa (półowa V wieku) oraz Lukrecjusza (Lukretius Carus, 95—55) cały świat jest zbudowany z atomów, zachowujących się przyczynowo. Atomy są niepodzielnymi cząsteczkami o własnościach ilościowych i o różnych relacjach ruchowych względem siebie w kosmicznej próżni. Atomistyczna teoria świata mówi o nieciągłej strukturze materii. Do tej wizji świata nieożywionego i ożywionego nawiązuje de Maupertius (1698—1759) a następnie J. G. Koelreuter (1733—1806) oraz K. F. Gaertner (1772—1850) i Ch. Naudin (1815—1899)⁶.

Prace tych autorów⁷ dobrze były znane G. Mendlowi, twórcy nowo-

⁵ Cyt. za S. Skowronem, *Narodziny wielkiej teorii*, Warszawa 1976, s. 135.

⁶ Zob. Andrzej Bednarczyk, *Filozofia biologii europejskiego oświecenia*, Warszawa 1984, s. 120nn.

⁷ Ostwalds *Klassiker der Exakten Wissenschaften*, Begründet von Wilhelm Ostwald, Bonn 1970, s. 5—14.

żytnej genetyki, którego wyniki badań odkryto powtórnie w licznych doświadczeniach takich botaników⁸ jak: H. de Vries, C. Correns, E. Tschermak-Seysenegg oraz w szeregu eksperymentach wielu zoologów, jak: W. Bates, N. Darbishire, M. Hurst, Ch. Davenport, W. Castel, L. Lange i L. Plate.

Wymienieni biolodzy, w szczególności botanicy, skupili swoją uwagę nad rozwiązaniem zagadnienia sposobu zachowania się substancji genetycznej, w procesie przekazu cech, a mianowicie: czy ona w tym procesie jawi się nam w formie ciągłej, jak to utrzymywano w ramach paradygmatu pangenetycznego, czy w formie nieciągłej, jak to pokazywały wyniki doświadczeń w obrębie genetycznego nurtu korpuskularnego.

Uczni postawili sobie pytanie do eksperymentalnego rozstrzygnięcia, co będzie, jeśli skrzyżujemy formy różniące się cechami, tworzącymi serię nieciągłą. Badacze ci spodziewali się, że eksperymentalne krzyżówki wykażą:

1) w jakim stopniu cechy mogą zlewać się ze sobą w krzyżowanych formach,

2) w jakim stopniu ich odrębność może się utrzymać po skrzyżowaniu. Zakładając możliwość istnienia zmienności ciągłej lub nieciągłej, uczeni ci pragnęli ustalić:

a) które cechy należą do zmienności ciągłej,

b) a które należą do zmienności nieciągłej. Brali oni pod uwagę poszczególne cechy na bardzo rozległym materiale i śledzili sposób pojawiania się każdej z nich oddzielnie w pierwszym i drugim pokoleniu.

W roku 1900, przy okrągłej dacie jak rzadko kiedy w dziejach nauki, dokonano wielkiego rozstrzygnięcia na rzecz korpuskularnej koncepcji dziedziczenia. Przypadło to w udziale wspomnianym już botanikom, którzy niezależnie od siebie ogłosili wyniki swych badań, nie wiedząc o tym, że identyczne rezultaty uzyskał 35 lat wcześniej Opat zakonu Augustianów w Brnie na Morawach, Grzegorz Mendel. Pierwotne zamierzenia Mendla były bardzo skromne, jak to sam podkreśla we wstępie swej pracy: „Versuche über Pflanzenhybriden” z roku 1865, chciał bowiem tylko prześledzić tok badań swoich poprzedników nad mieszaniami roślin ozdobnych w celu otrzymania nowych barw. Zauważył jednak stałe prawidłowości, jakie występowały u wszystkich form mieszańców podczas krzyżowania tych samych gatunków. W ramach tych badań Mendel dopatrzył się wielu metodycznych braków u swoich poprzedników. Braki te nie pozwalały w sposób jednoznaczny rozwiązać problemu ciągłości lub nieciągłości zmian dziedzicznych. „Kto zapozna się z dotychczasowymi pracami z tego zakresu, ten — zdaniem autora

⁸ Tamże, s. 15—20.

⁹ Tamże, s. 21n.

— dojdzie do przekonania, że pośród wielu doświadczeń żadne nie zostało przeprowadzone w taki sposób, aby było możliwe:

- 1) wyodrębnienie wszystkich różnorodnych form, które występują w potomstwie mieszańców,
- 2) zestawienie wszystkich tych form w grupy odpowiadające poszczególnym pokoleniom i
- 3) ustalenie liczebności poszczególnych form''

Mając na uwadze nieprawidłowości w zakresie metodyki badań w społeczności botaników i zoologów, Mendel przyjął nową metodykę i nowy program swych dociekań poznawczych. Na mendlowską metodykę i jego eksperymentalny program złożyły się następujące etapy postępowania poznawczego¹⁰:

1) Poszukiwał obiektu badań ze względu na ustalony program prac eksperymentalnych. Rośliny, nad którymi miał przeprowadzić swoje badania, miały odpowiadać następującym warunkom:

- a) powinny one odznaczać się cechami względnie stałymi,
- b) owe cechy winny dawać się łatwo odróżnić w kompleksie innych cech,
- c) badane rośliny musiałyby mieć kwiaty o takiej budowie, by nie mógł dostać się pyłek obcego pochodzenia — anatomia winna gwarantować zapylenie się własnym pyłkiem. Za taką roślinę Mendel uznał groch (*Pisum sativum*). Groch bowiem jest rośliną samopylną, można zatem metodycznie kontrolować zarówno samozapylenie, jak również krzyżować według przyjętego programu eksperymentalnego.

2) Zgodnie z programem badawczym skupiał całą swoją uwagę na ściśle określonych cechach. Wybrał bowiem 7 par przeciwstawnych właściwości grochu, a następnie krzyżował rośliny ze sobą w ramach tych par. Ilość obserwowanych roślin doświadczalnych dochodziła do 12.000 osobniczych jednostek. Była to wiarygodna baza eksperymentalna do stawiania hipotez i formułowania praw.

3) Ustalał czyste generacje osobników, a następnie je krzyżował, podając równocześnie szczegółowej obserwacji w następujących po sobie pokoleniach.

4) Dane eksperymentalne poddawał matematycznej analizie i budował takie hipotezy, które mogłyby być empirycznie sprawdzone.

W ciągu ośmiu lat pracy badawczej skrupulatnie przestrzegał tych wszystkich etapów poznania eksperymentalnego. Dzięki temu Mendel zbudował optymalną podstawę przesłankową do wyprowadzania ogólnych wniosków. Zbiór ogólnych zdań tworzy z kolei teorię genetyki ogólnej. A oto próba ustalenia listy najogólniejszych twierdzeń teorii

¹⁰ Tamże, s. 22.

ze względu na treść pojęcia podłoża dziedzicznego na poziomie genowym:

1) Zawiązki dziedziczne (później zwane genami) zachowują się jako niepodzielne i niezależne jednostki (korpuskularny mechanizm dziedziczenia). Nawet ustępujące jednostki zachowują swoją indywidualność, mimo że w pokoleniu F_1 były zakryte (zamaskowane) allelem panującym. W pokoleniu F_2 ujawniają się one nienaruszone i biorą udział w następujących procesach kojarzeniowych.

2) Cechy dziedziczne są uwarunkowane parzystymi zawiązkami dziedzicznymi, pochodzącymi z gamet męskich i żeńskich.

3) W czasie powstawania gamet zawiązki dziedziczne oddzielają się od siebie i segregują się w ten sposób, że do każdej gamety wchodzi tylko jeden zawiązek dziedziczny danej pary. Uogólnienie to często nosi nazwę pierwszego prawa Mendla lub prawa segregacji.

4) Jeżeli w czasie krzyżowania spotkają się dwa zawiązki dziedziczne, należące do jednej pary przeciwstawnych cech, to powstający osobnik wykaże się tylko cechą panującą, a cecha ustępująca zostanie zamaskowana. Jest to reguła panowania i ustępowania.

5) Jeżeli w grę wchodzi zawiązki dziedziczne dwu lub więcej par przeciwstawnych cech, to zostają one rozdzielone pomiędzy gamety w sposób losowy, ale zawsze w określonych stosunkach liczbowych. To twierdzenie nosi nazwę drugiego prawa Mendla lub prawa niezależnego przekazywania zawiązków dziedzicznych.

Poszczególne uogólnienia powstawały w następstwie rozwoju metodyki badań w obrębie społeczności uczonych i pasji dociekań poszczególnych badaczy oraz aprobowanych wzorów pytań problemowych niesionych przez tradycję paradygmatu korpuskularnego. Droga zatem dochodzenia do tych twierdzeń ma charakter uhistoryczniony i na wskroś podmiotowy. Jest to psychosocjologiczny aspekt paradygmatu nieciągłości zmian dziedzicznych.

Korpuskularna teoria Mendla, w toku rozwoju, znalazła się na drodze swych przemian w obrębie teorii T. H. Morgana¹¹ (1866—1945). Genetyczna koncepcja tego autora nosi nazwę teorii chromosomowej. W szkole Morgana zauważono duże podobieństwo między zachowaniem się genów a funkcją chromosomów. Ustalono dotychczas następujące podobieństwa genetyczne:

1) Chromosomy układają się w pary; Mendel założył parzystą strukturę genów.

2) Chromosomy każdej pary w czasie mejozy rozdzielają się w ten

¹¹ Teoria Mendla wyłożona w pracy: *Versuche über Pflanzenhybriden* (Vorgelegt in den Sitzungen vom 8. Februar und 8. März 1865), znalazła swoje uzupełnienie w pracach T. H. Morgana i jego szkoły. Zob. A. M. Srb, R. D. Owen, *General Genetics*, California 1955, s. 93, 107, 132, 173, 188, 190, 192, 374nn, 417.

sposób, że każda gameta otrzymuje tylko po jednym z nich; Mendel sformułował prawo segregacji genów w procesie powstawania gamet.

3) Jeżeli obserwujemy więcej niż jedną parę chromosomów, to uważamy losowy ich rozdział w czasie mejozy; Mendel podyktował prawo niezależnego przekazywania genów.

Analogia ta przyczyniła się do powstania teorii chromosomowej. W najogólniejszym zarysie można ją przedstawić w następujących twierdzeniach:

1) Ilość i morfologia chromosomów są charakterystyczne dla danego gatunku, przy czym ta ilość jest stała w jądrach wszystkich komórek organizmu.

2) Ustalenie lokalizacji genów w chromosomach wyjaśnia jednakowy udział samca i samicy w procesie przekazu cech. Obserwacja zachowania się jąder komórkowych w czasie rozrodu wykazała, że w każdej parze jeden chromosom homologiczny pochodzi od matki a drugi od ojca.

3) Zasada występowania parami chromosomów homologicznych jest naruszona przez mechanizm dziedziczenia płci. Chromosomy osobników samczych nie są identyczne. O ile u samicy występuje para chromosomów o symbolu „XX”, to u samca o zapisie kształtu „XY” Należy dodać, że płci męskiej towarzyszą takie cechy, których geny występują na terenie różnych chromosomów.

4) Podział mitotyczny zapewnia równomierny rozdział substancji dziedzicznej do wszystkich komórek organizmu. Dzięki niezwyklej precyzji odtwarzania garnituru chromosomowego komórki potomne nie różnią się w stosunku do siebie nawzajem ani też w relacji do komórki macierzystej.

5) Mejozytyczna redukcja chromosomów do połowy, a następnie przywrócenie normalnej ich ilości w efekcie zapłodnienia przez zlanie się dwu jąder gamet partnerskich jest tym mechanizmem, który tłumaczy sposób przebiegu krzyżówek genetycznych.

6) Ustalono fakty, że niektóre cechy współistniejące u jednego z rodziców zwykle współtowarzyszą także u potomstwa, inne zaś przejawy fenotypowe występują u potomstwa niezależnie, tzn. że pewne właściwości organizmu są przekazywane w sposób sprzężony, a inne podlegają rekombinacji.

7) Mechanizm rekombinacyjnej wymiany nazywa się crossing over. Składa się on z następujących elementów strukturalno-funkcjonalnych:

- a) geny w chromosomie są ułożone liniowo;
- b) jeśli gen „A” i jego allel „a” występują w chromosomie homologicznym, to gen oraz jego allel zajmują w tym chromosomie naprzeciwległe miejsca;

c) rekombinacja zachodzi między parami alleli, znajdującymi się w tej samej parze chromosomów (crossing over zachodzi między miejscami położenia odpowiednich genów);

d) zjawisko crossing over występuje zwykle przy pierwszym podziale mejotycznym (istnieje również crossing over mitotyczny);

e) mejotyczny crossing over pojawia się podczas procesu podziału jądra między dwoma spośród czterech chromatyd (przeważnie między niesiostrzanymi) homologicznych chromosomów, w następstwie czego rekombinacja dotyczy tylko dwóch spośród czterech komórek pochodzenia mejotycznego;

f) w stałych warunkach genetycznych i środowiskowych rekombinacja zachodzi ze względnie stałą częstotliwością, co jest właśnie wykorzystywane do wykreślenia map liniowego ułożenia genów w chromosomach;

g) najmniejszy fragment chromosomu, który na drodze crossing over daje się przenieść do homologicznego chromosomu odpowiada mendlowskiemu zawiązkowi dziedzicznemu, czyli genowi. Fragment ten jest niepodzielną całością morfologiczną i pozostaje w stałych relacjach do całości chromosomu. Każda zmiana, która narusza ową całość, prowadzi do nowej formy genetycznej lub do jej rozpadu.

Zmiany genetyczne, w języku genetyki klasycznej, noszą nazwę mutacji. Mogą one być spontaniczne lub indukowane. Pierwsze występują w naturze samoczynnie, drugie zaś są indukowane czynnikami sztucznymi.

Pod koniec ubiegłego stulecia nagromadziło się już wiele danych z zakresu występowania zmian skokowych (mutacyjnych) u roślin i u zwierząt. Dla wyjaśnienia tych zmian, nazywanych przez S. Korzyńskiego heterozją, H. de Vries sformułował teorię mutacji, którą przedstawił w dziele: *Die Mutationstheorie*. „Zadaniem tego dzieła — pisze autor — jest wykazanie, że gatunki powstają skokowo i że poszczególne skoki są zjawiskiem, które można obserwować jak każdy inny proces fizjologiczny¹²” Z biegiem czasu wypracowano precyzyjne metody obserwacji, dzięki którym można było spostrzegać bardzo drobne zmiany skokowe. Pierwsze metodyczne spostrzeżenia nad zmiennością skokową dotyczyły mutacji spontanicznych. Mutacje genów mogą zachodzić w każdym punkcie chromosomu. Częstotliwość mutacji zależy od struktury genu. Jedne geny mutują częściej inne rzadziej, a są też i takie, które zupełnie nie zdradzają tendencji do zmian. Dziedziczne zmiany genu są odwracalne. Znane są też i takie fakty, że ten sam gen może wytwarzać dwa lub więcej nowych alleli. Przysługuje im wówczas nazwa: „alleli wielokrotnych”.

¹² Leipzig 1901, Bd. I, s. 3.

Częstotliwość występowania mutacji wzrasta pod wpływem czynników zewnętrznych. Dogodnym materiałem doświadczalnym okazały się mikroorganizmy. Pionierskie badania S. E. Lurii, M. Delbrücka i M. Demereca nad gatunkiem bakterii pałeczki okrężnicy (*Escherichia coli*), który jest atakowany przez bakteriofagi, wykazały dużą zależność między pewnymi czynnikami, takimi jak: promienie „X”, iperyt, formaldehyd, fenol, chlorek manganu itp. a wzrostem mutacji. Zależność ta jest jednak bezkierunkowa.

Teoria mutacji spontanicznych i indukowanych, podobnie jak teoria crossing over, prowadzi do aspektowej definicji genu. Koncepcja genu jest ściśle uzależniona od tych teorii (w myśl postulatów wprowadzenia pojęć) oraz od paradygmatu korpuskularnego w aspekcie metodologicznym. Punkt widzenia w tym nurcie badań genetycznych jest całkowicie zdeterminowany komplementarnymi względem siebie teoriami Mendla i Morgana. Teorie te okazały się później niezwykle płodne. Doprowadziły bowiem do sformułowania dalszych uogólnień, takich jak teoria biochemicznej funkcji genu oraz teoria ontogenetycznej roli genu. Uogólnienia te powstały na skutek rozwoju metody indukcyjnej. Dzięki bowiem indukcyjnej metodzie mutantów biochemicznych wykrywamy poszczególne ciągi reakcji biochemicznych, uwarunkowanych poszczególnymi genami. Podobnie ustalamy okresowe pojawianie się określonych łańcuchów reakcji biochemicznych na skutek okresowych funkcji odpowiednich genów w obrębie ontogenezy osobnika.

Sprawa określenia genu jako biochemicznej jednostki funkcjonalnej oraz jako ontogenetycznej jednostki funkcjonalnej nie jest jednak prosta. Każda pozornie najprostsza cecha morfologiczna wielokomórkowego organizmu lub najkrótszy okres ontogenezy jest przecież następstwem niezwykle skomplikowanych procesów rozwojowych organizmu i jest w istocie wynikiem olbrzymiej ilości (a teoretycznie biorąc, wszystkich) genów organizmu.

Koncepcja genu w aspekcie: funkcjonalnym, mutacyjnym i strukturalnym jest zdeterminowana przez odpowiednie teorie genetyczne. Mówią o tym postulaty użyteczności pojęć empiriologicznych. Pierwszy z nich mówi, że pojęcie winno być sformułowane w ramach tej teorii, w której ma pełnić swą rolę poznawczą. Rola ta polega na tym, że wprowadzone pojęcie wyodrębnia swój zakres przedmiotów w oparciu o właściwości konstytutywne i pozwala na sformułowanie wszystkich twierdzeń tej teorii. Drugi postulat zaś głosi, że definicja danego pojęcia winna tworzyć całość wraz z tą teorią, która jest podstawą do jej zbudowania.

Teoria, która determinuje treść i zakres danego pojęcia, jest treściowo określona przez swój paradygmat. Istnieje bowiem ścisła zależność

między daną teorią a jej właściwym paradygmatem. Zależność tę wyznaczają postulaty naukowej użyteczności teorii. Pierwszy z nich głosi, że teoria winna być zbudowana w oparciu o taki paradygmat, w którym ma pełnić swą rolę poznawczą. Funkcja ta polega na tym, że sformułowana teoria wyodrębnia swój zakres przedmiotów w oparciu o cechy konstytutywne i pozwala na sformułowanie wszystkich twierdzeń tego paradygmatu w aspekcie metodologicznym. Natomiast drugi postulat mówi, że teoria winna tworzyć całość z tym paradygmatem, który jest bazą do jej powstania i rozwoju.

Postulaty te jawią się na gruncie rozważań nad rozwojem genetyki klasycznej w nurcie ciągłości zmian dziedzicznych i w nurcie nieciągłości zmian genetycznych. Teorie klasyczne pojawią się ze względu na określony paradygmat, a ten zaś rozwija się dzięki powstawaniu sobie właściwych teorii. W konsekwencji empiriologiczna użyteczność pojęcia substancji dziedzicznej jest uwarunkowana daną teorią i jej właściwym paradygmatem. Logiczna analiza teorii, w obrębie danego paradygmatu, prowadzi do ustalenia definicyjnej treści pojęcia substancji dziedzicznej.

2. ANALIZA TEORII GENETYKI OGÓLNEJ

Różne teorie podłoża dziedzicznego warunkują różne typy sensu pojęcia substancji dziedzicznej. Teorie: Darwina, Weismanna, Mendla i Morgana, można potraktować jako logiczny układ twierdzeń empiriologicznych, opisujących podłoże dziedziczne. Taki zbiór zdań jest zarazem odpowiedzią na pytanie kształtu: „co to jest substancja dziedziczna?”.

Schemat tego pytania wyznacza formułę odpowiedzi. W zapisie wygląda to w sposób następujący: „substancja dziedziczna jest to x”. Wyznaczona w ten sposób forma odpowiedzi nosi nazwę datum quaestionis. Zespół logicznie powiązanych twierdzeń prawdziwych (zgodnych z rzeczywistością empiryczną), sformułowanych na gruncie danej teorii genetycznej i podstawiony za zmienną pytajną w datum quaestionis jest odpowiedzią na postawiony problem.

Na tak postawiony problem poznawczy otrzymujemy odpowiedź ogólną bez szczegółowych charakterystyk. Na gruncie teorii pangenezy odpowiedź ta brzmi w sposób następujący: substancja dziedziczna jest to taka materia biotyczna, która zlewa się w potomstwie i przechodzi przez pokolenia w sposób ciągły. Natomiast w obrębie teorii genowej odpowiedź definicyjna mówi, że substancja dziedziczna jest to taka bioma-

teria, która w potomstwie się mierza i rozczepia się w pokoleniach według stosunków ilościowych. W tych odpowiedziach jest widoczny brak dodatkowych kwalifikacji empiriologicznych, zdobytych w toku rozwoju genetyki ogólnej. Pojawiają się one wówczas, gdy postawimy pytania odnośnie: struktury, funkcji i rozwoju substancji dziedzicznej. Pytania te w formie rozwiniętej przybierają następujące kształty:

- 1) w jaki sposób jest zbudowana substancja dziedziczna?
- 2) w jaki sposób funkcjonuje substancja dziedziczna?
- 3) w jaki sposób zachowuje się substancja dziedziczna w rozwoju ontogenetycznym?
- 4) w jaki sposób zmienia się substancja dziedziczna w rozwoju filogenetycznym?

W zdaniach tych z łatwością wyróżniamy:

- 1) wyrażenie pytajne: „w jaki sposób”,
- 2) znak zapytania „?” oraz
- 3) fragmenty zdań oznajmujących, które możemy przedstawić w formie następującej:

- a) jest zbudowana substancja dziedziczna,
- b) funkcjonuje substancja dziedziczna,
- c) zachowuje się substancja dziedziczna w rozwoju ontogenetycznym,
- d) zmienia się substancja dziedziczna w rozwoju filogenetycznym.

Jeżeli owe fragmentaryczne zdania oznajmujące uzupełnimy zmienną „x” w postaci wyrażenia „w sposób x”, zaopatrując zmienną „x” w odpowiednie indeksy kwalifikacyjne typu: x_s , x_f , $x_{r.o.}$, $x_{r.f.}$, stosownie do rodzajów opisywanych zjawisk genetycznych, otrzymamy wówczas schematy odpowiedzi następującej postaci: 1. substancja dziedziczna jest zbudowana w sposób x_s , 2. substancja dziedziczna funkcjonuje w sposób x_f , 3. substancja dziedziczna zachowuje się w rozwoju ontogenetycznym w sposób $x_{r.o.}$, 4. substancja dziedziczna zmienia się w rozwoju filogenetycznym w sposób $x_{r.f.}$

Każdy z tych schematów odpowiedzi nosi nazwę, jak już wiemy, datum quaestionis. Zmienne, które występują w datum quaestionis, nazywają się niewiadomymi. W celu rozwiązania tych niewiadomych powstają różne teorie empiriologiczne. Teorie te pełnią rolę narracji. Z ogólnego punktu widzenia narracją nazywamy logicznie usystematyzowaną odpowiedź na określone pytanie problemowe. Narracjom przysługują określone kwalifikacje empiriologiczne, które określają fragmentaryczne zdania oznajmujące (zdań pytajnych) oraz pragmatyczne reguły, zawarte implicite w wyrażeniach pytajnych. Dyrektywy te można explicite wyrazić w następujących formułach:

- 1) zbadaj sposób budowy substancji dziedzicznej,
- 2) zbadaj sposób funkcjonowania substancji dziedzicznej,

3) zbadaj sposób zachowania się substancji dziedzicznej w rozwoju ontogenetycznym,

4) zbadaj sposób przebiegu zmiany substancji dziedzicznej w rozwoju filogenetycznym.

Kwalifikacyjne dyrektywy pragmatyczne wyznaczają programy badawcze na drodze powstawania i rozwoju teorii genetycznych. Teorie te jawią się i rozwijają jako odpowiedzi o charakterze narracyjnym na problemowe pytania genetyki. A oto bardzo ogólny zestaw twierdzeń poszczególnych teorii ze względu na definicyjny opis substancji dziedzicznej w aspekcie struktury, funkcji i rozwoju. Zestaw ten w przypadku teorii pangenezy reprezentują następujące twierdzenia definicyjne:

- a) wszystkie komórki organizmu produkują substancję dziedziczną;
- b) podłoże genetyczne pozostaje pod wpływem środowiska zewnętrznego i tym samym cechy nabyte są dziedziczne;
- c) substancja dziedziczna obu rodziców u osobników potomnych przybiera stan niepodzielnej całości (mieszanina).

Teoria ta nie wyróżnia oddzielnego szlaku płciowego. Pojmuje podłoże dziedziczne w sposób organizmalno-środowiskowy. Mimo braku koncepcji specyficznej substancji dziedzicznej, występuje jednak opis przekazu cech rodzicielskich w aspekcie struktury, funkcji i rozwoju.

Teorią, która opisuje odrębny szlak płciowy w strukturze organizmu, jest koncepcja Weismanna. Według tego ujęcia przebiegu zjawiska dziedziczenia, substancję genetyczną charakteryzują poniższe twierdzenia:

- a) substancja dziedziczna jest odrębnym szlakiem płciowym;
- b) w komórkach płciowych znajduje się hierarchicznie zróżnicowana plazma zarodkowa;
- c) podłoże genetyczne oddziałuje na ciało osobnika, ale nie odwrotnie.

Pragmatyczna reguła badania struktury genetycznej zaowocowała tu w postaci koncepcji odrębnego szlaku płciowego w procesie dziedziczenia. Dane funkcjonalne, badane fenotypowo, przyczyniały się coraz bardziej do rozwoju wiedzy o strukturze podłoża genetycznego. Po ustaleniu jego odrębności, zaczęto snuć domysły na temat korpuskularnej struktury genotypu. Sukces w tym względzie przypadł w udziale Mendlowi. Otóż w świetle jego teorii jednostkami dziedziczenia są zawiązki dziedziczne (geny). Opisują je następujące twierdzenia:

- a) zawiązki dziedziczne zachowują się w sposób niezależny, a cechy fenotypowe determinują one na zasadzie parzystych alleli;
- b) w gametogenezie allele ulegają segregacji i wchodzą pojedynczo do komórek rozrodczych, a następnie w zygocie zachowują się według reguły panowania i ustępowania (w przypadku dwu cech przeciwstawnych);
- c) wieloparzyste cechy przeciwstawne dziedziczą się w sposób losowy.

Mendlowska koncepcja genu ma charakter przeliczeniowy, rachunkowy, formalny. Jest jednostką hipotetyczną, podlegającą prawidłowościom matematycznym w każdorazowej procedurze obserwacyjnej.

Urealnienie struktury genu nastąpiło dopiero w uogólnieniach Morgana. Prace tego autora stworzyły podwaliny pod teorię chromosomową. Według tej teorii gen jest realną jednostką dziedziczenia, którą opisują następujące twierdzenia:

- a) chromosomy na całej swej długości wykazują morfologiczne zróżnicowanie na autonomiczne odcinki, zwane genami;
- b) geny posiadają zdolność samopowielania się, wykorzystując do tego materiał komórkowy;
- c) biochemiczne reakcje komórkowe są swoiście uwarunkowane tymi jednostkami dziedziczenia.

Wymienione twierdzenia pełnią rolę narracji strukturalnej, funkcjonalnej i historycznej.

Narracja strukturalna charakteryzuje się następującymi cechami:
— przedstawia zbiór elementów oraz relacji między tymi elementami;
— dobór elementów i wzajemnych stosunków między nimi występuje ze względu na całość zbioru, zwanego systemem;
— owa całość może być podsystemem układu nadrzędnego, zależnie od określonej teorii rzeczywistości.

Schematyczny zestaw cech narracji strukturalnej przybiera swą konkretną treść na gruncie dowolnej teorii biologicznej. W przypadku zaś klasycznej genetyki będą to cechy następujące:

- kompleks nukleinowych i proteinowych makrocząsteczek buduje strukturę chromosomową;
- odcinek chromosomu niepodzielny w zjawisku crossing-over jest najmniejszą jednostką dziedziczenia;
- owa jednostka wchodzi w relacje sprzężenia z innymi jednostkami tego samego rzędu, tworząc strukturę zwaną sprzężeniem genów.

Tak scharakteryzowana narracja strukturalna buduje definiens równościowej definicji genu. Definiujący człon tej definicji ma zatem cechę strukturalności. Jest to cecha logiczna. Narzuca się ona z konieczności w procesie formułowania pojęcia genu w aspekcie morfologiczno-strukturalnym. Bez uwzględnienia narracji strukturalnej nie można zbudować pojęcia genu. Cecha „strukturalność” jest bowiem charakterystyczną własnością pojęć genetycznych. Własność ta jest logicznym następstwem powstawania, funkcjonowania i rozwoju teorii dziedziczenia. Z punktu widzenia klasycznych teorii można zdefiniować najmniejszą jednostkę genetyczną w sposób następujący: gen jest to taki odcinek chromosomu, który w zjawisku crossing-over zachowuje się jako niepodzielna całość i pozostaje w stosunku sprzężenia z innymi jednostkami tego

samego rzędu w określonych procesach ilościowych. W świetle tej definicji gen jest jednostką struktury.

Drugim aspektem badań genetycznych jest fakt poszukiwania odpowiedzi na kolejne pytanie, które (jak już wiadomo) dotyczy funkcji substancji dziedzicznej. Od czasów Mendla odnosi się ono do funkcji genu. Odpowiedzią na to pytanie jest narracja funkcjonalna. Treść tej narracji przedstawia następujący schemat:

- ogół akcji lub reakcji układu ożywionego pozostaje w dynamicznym stosunku do środowiska wewnętrznego lub zewnętrznego ze względu na zachowanie równowagi bioobjektu jako całości;
- podstawową strukturą akcji lub reakcji jest podukład x w dynamicznym stosunku do podukładu y ze względu na zachowanie całości równowagi układu u ;
- dynamiczny stosunek może przybierać trzy różne funkcje charakterystyczne:
 - a) jeżeli y zostaje wyprowadzony ze stanu równowagi to x tak się zachowuje, że y powraca do stanu wyjściowego;
 - b) jeżeli y zostaje wyprowadzony ze stanu równowagi ze swoim układem u to x tak się zmienia, że y powraca do stanu wyjściowego dla zachowania funkcji u ;
 - c) jeżeli y zostaje wyprowadzony ze stanu równowagi z nadrzędnym układem u' to x przybiera taki sposób zachowania się, że u' powraca do wyjściowego stanu równowagi.

Schematyczna charakterystyka narracji funkcjonalnej znajduje swą konkretyzację w teoriach biologicznych a tym samym i w uogólnieniach genetycznych. Zatem narrację funkcjonalną można przedstawić w genetyce klasycznej w sposób następujący:

- struktura genu występuje w akcji lub reakcji w stosunku do środowiska wewnętrznego lub zewnętrznego ze względu na zachowanie niezmienniczej równowagi procesów biochemicznych układu ożywionego jako całości;
- podstawową jednostką tych procesów jest relacja: gen — enzym w sensie bezpośrednim lub pośrednim;
 - a) gen warunkuje powstanie i funkcjonowanie enzymu na pewnym etapie procesu metabolicznego na poziomie: komórki, tkanki, organu, systemu lub organizmu;
 - b) zmiana struktury genu prowadzi do utraty zdolności wytwarzania normalnych metabolitów lub przyczynia się do nagromadzenia prekursorów molekularnych bez możliwości dalszej reakcji.

Przedstawiona narracja funkcjonalna pełni rolę definiensu w równościowej definicji genu. W tej definicji człon definiujący posiada logiczną cechę „funkcjonalności” Bez tej cechy nie można określić sensu po-

jęcia genu. Cecha funkcjonalności jest koniecznym następstwem narracji funkcjonalnej, będącej odpowiedzią na stawiane pytania w obrębie klasycznej genetyki. Najbardziej syntetyczną odpowiedzią na pytanie kształtu: „w jaki sposób funkcjonuje gen?” jest definicja genu w aspekcie funkcjonalnym. A oto próba sformułowania takiej definicji. Gen jest to taki odcinek molekularnej struktury chromosomu, który warunkuje powstanie i funkcjonowanie określonego enzymu na odpowiednim etapie procesu metabolicznego na poziomie: komórki, tkanki, organu, systemu lub organizmu, a każda mutacja jego struktury prowadzi do zablokowania funkcji przez utratę zdolności do wytwarzania normalnych metabolitów, lub przez gromadzenie prekursorów przemian biochemicznych bez możliwości dalszej przemiany. Najogólniejszą treścią tej definicji jest to, że gen jest jednostką funkcji.

Trzecim punktem widzenia w procesie badań genetycznych jest poszukiwanie odpowiedzi na pytanie w formie: „w jaki sposób zachowuje się gen w rozwoju ontogenetycznym?” Rozwój teorii genetycznych, a zwłaszcza ostatnio ustalone uogólnienia, umożliwiają sformułowanie odpowiedzi w ramach narracji ontogenetycznej.

Z ogólnego punktu widzenia owa narracja charakteryzuje się następującymi właściwościami:

- przedstawia pewną cechę, zdarzenie, zjawisko lub stan układu jako końcowe ogniwo jakiegoś procesu;
- proces ten opisuje jako ciąg zdarzeń, zjawisk lub stanów układu poprzedzających w czasie ogniwo ostatnie;
- podaje jedynie przybliżone warunki pojawienia się ogniwa końcowego;
- omawia ostatnie ogniwo w sposób idiograficzny (geneza konkretnego ogniwa) lub nomotetyczny (geneza ogniwa pewnego rodzaju).

Narrację ontogenetyczną w ujęciu klasycznej nauki o dziedziczeniu można przedstawić za pomocą następujących twierdzeń:

- cechy fenotypowe są końcowymi ogniwami procesów metabolicznych;
- procesy te są zdeterminowane genetycznie z chwilą pojawienia się zygoty;
- określone geny pełnią swoje funkcje rozwojowe w poszczególnych etapach ontogenezy na zasadzie współzależności morfologicznych;
- opis cech fenotypowych ma charakter nomologiczny.

Narracja ontogenetyczna dostarcza treści do formułowania członu definiującego w definicji genu w aspekcie ontogenetycznym. Definiens tej definicji wnosi do pojęcia genu logiczną cechę „rozwojowości ontogenetycznej” Ze względu na tę logiczną właściwość pojęcie genu odnosi się do takiego fragmentu struktury chromosomu, który w określonym stadium zygoty włącza się do funkcji biotycznej na zasadzie współdzia-

łania z powstałymi już formami rozwoju w ramach norm reakcji podłoża dziedzicznego. Formuła ta w najogólniejszym zarysie stwierdza, że gen jest jednostką ontogenetycznego rozwoju.

Gen jako biosystem jest niezmienniczy w procesie ontogenezy. Posiada on strukturę bardzo trwałą. Granice wytrzymałości tej struktury są jednak naruszalne. Pojawiają się bowiem okresowe zmiany spontaniczne, które prowadzą do nowego typu stałości i niezmienności. Tego rodzaju zmiany są źródłem nowych własności strukturalnych i funkcjonalnych. Zmiany te, jak wiadomo, noszą nazwę „mutacji”. Opis zjawiska mutacji jest odpowiedzią na pytanie kształtu: „w jaki sposób zmienia się gen?” Odpowiedź ta jest narracją historyczną. Chodzi tu bowiem o zmianę trwałych konfiguracji genu z równoczesnym wyznaczeniem nowych jego funkcji przez nową strukturę. Pomiedzy strukturą a funkcją zachodzą ściśle współzależności. Zbiór takich współzależności ze względu na zachowanie całości genu możemy nazwać jego organizacją. Biologiczne kryteria oceny organizacji (ekologiczne, fizjologiczne, energetyczne i informacyjne) pozwalają na wyróżnienie licznych szeregów biosystemów, uporządkowanych według relacji: „lepszy od” Jeżeli te ciągi posiadają właściwość relacyjną: „wcześniejszy od” oraz „pochodzi od”, to przysługuje im nazwa „rozwoju” Bardziej szczegółowo zmianę rozwojową opisują poniższe twierdzenia:

- biosystem posiada cechy stałe i czasowe;
- właściwości stałe opisują taksonomiczną tożsamość bioobiektu, a cechy czasowe jego funkcję;
- zmiana cech stałych konfiguracyjnych pociąga za sobą zmianę taksonomicznej tożsamości układu ożywionego;
- jeżeli biosystem o zmienionej tożsamości taksonomicznej pozostaje w relacji: „późniejszy od” oraz „lepszy od” to taki układ ożywiony jest ogniwem rozwoju biosystemów.

Wymienione twierdzenia w interpretacji teorii mutacji przybierają następującą formę:

- gen jest jednostką strukturalną i funkcjonalną;
- struktura genu zawiera informację taksonomiczną w aspekcie zachowania się organizmu;
- spontaniczne lub indukowane mutacje genu są tworzywem dla działania doboru naturalnego;
- pseudoallele i złożone serie alleli wielokrotnych mają związek z powstawaniem nowych genów na drodze mutacji;
- mutacje wraz z dobozem naturalnym prowadzą do wzrostu organizacji biosystemu.

Twierdzenia te tworzą narrację historyczną. Podobnie jak poprzednie typy narracji buduje ona definiens równościowej definicji genu.

Z tego punktu widzenia gen jest to taki odcinek chromosomu, któremu przysługuje właściwość trwałej organizacji z możliwością spontanicznej lub indukowanej zmiany bezkierunkowej w granicach typowej tolerancji właściwej dla danego genu.

Mutacja ma charakter historyczny. Przyczynia się ona do ewolucyjnego rozwoju biosystemów. Ścisłej rzecz biorąc należałoby mówić o mutacji jako zmianie historycznej. Definiens, przytoczonej definicji genu w aspekcie teorii mutacji, posiada cechę „historyczności”. Jest to cecha logiczna. Bez narracji historycznej nie można byłoby podać pełnej definicji genu. Narrację tę wyznacza rozwój genetyki klasycznej. W świetle tych ustaleń najogólniej można powiedzieć, że gen jest to mutacyjna jednostka rozwoju. Ten aspekt podobnie jak poprzednie mają charakter analityczny bez pogłębionej syntezy.

3. KOMPLEMENTARNE POJĘCIE GENU

Dotychczasowe sformułowania treści pojęcia genu w aspekcie: struktury, funkcji, ontogenezy i filogenezy są ujęciami częściowymi. Każda z tych charakterystyk treści pojęcia genu jest konieczna, ale niewystarczająca. Łączne potraktowanie aspektowych ujęć treści pojęcia genu tworzy dopiero integralny sens omawianego terminu. Syntezę aspektowych definicji genu można uzyskać, jak mi się wydaje, na kanwie zasady komplementarności¹³.

Z metodologicznego punktu widzenia zasadą jest zdanie przesłankowe lub regułowe. A oto próba określenia sensu terminu „zasada”:

- zdanie „z” jest zasadą w języku nauki „j” wtedy i tylko wtedy, gdy zdanie „z” jest przesłanką w rozumowaniu i nie jest usprawiedliwione w obrębie nauki „N”;
- zdanie „z” jest zasadą w języku nauki „j” wtedy i tylko wtedy, gdy zdanie „z” w obrębie nauki „N” jest pierwotną regułą uznawania twierdzeń za prawdziwe.

Zasada komplementarności jest twierdzeniem metodologicznym w sensie dyrektywalnym (regułowym). Występuje ona we wszystkich dziedzinach poznania empiriologicznego. Po raz pierwszy pojawiła się ona na terenie fizyki w rozważaniach mikrofizycznych u Nielsa Bohra w związku z nieokreślonością cząstek elementarnych. „Całkowite na-

¹³ Koncepcję komplementarnego opisu mikrozjawisk fizycznych zaproponował Niels Bohr, *Atomic Theory and the Description of Nature*. Cambridge, 1934, s. 96; *Atomic Physics and Human Knowledge*. New York 1958, s. 39n. Do tej koncepcji w biologii nawiązał Adolf Meyer-Abich, *The principle of complementarity in biology*, „Acta Biotheoretica” XI, 1953—1956, s. 57—73.

świetenie jednego i tego samego przedmiotu — stwierdza autor — może wymagać odrębnych punktów widzenia nie dających się połączyć w ramach jednego opisu” Analiza pojęcia komplementarności w pracach tego autora ujawnia trzy zasadnicze wątki myślowe:

1) Ze wzrostem akcentu w obserwacji właściwości falowych mikroobietu eksperymentalnego wiąże się spadek przejawu jego cech korpuskularnych i odwrotnie. W przypadku zaś krańcowym system przybiera wyłącznie cechy falowe lub korpuskularne.

2) W każdym eksperymencie mikrofizycznym zaciera się granica pomiędzy obserwatorem a zjawiskiem spostrzeganym. W procesie poznania jesteśmy nie tylko widzami ale i też aktorami.

3) Wybór określonej aparatury pojęciowej do opisu danych eksperymentalnych wyklucza tym samym możliwość pełnego zastosowania innego systemu pojęć. Na przykład opis aspektu falowego mikrokosmosu wyklucza język teorii korpuskularnej. Opis położenia mikroobietu nie daje się pogodzić z opisem jego pędu.

W tych trzech przypadkach występuje klasyczny dualizm poznania naukowego. Twórca fizycznej szkoły kopenhaskiej rozszerza zakres stosowania zasady komplementarności na inne dziedziny ludzkiego poznania, a mianowicie na biologię (mechanycyzm — organizmalizm), psychologię (behawioryzm — psychoanaliza), filozofię (determinizm — indeterminizm) i teologię (miłość i sprawiedliwość Boska). Niektórzy autorzy idą o wiele dalej i mówią o komplementarności pomiędzy naukami szczegółowymi a naukami teologicznymi.

Wydaje się, że granice stosowalności zasady komplementarnego poznania przybrały rozmiar nieprawomocny. Należałoby zatem podać metodologiczne warunki stosowalności tej zasady. Oto próba ich prezentacji:

1) Zasada komplementarności ma charakter epistemologiczno-metodologiczny a nie ontologiczny. Zasada bowiem mówi nam o sposobie przejawu danych obserwacyjnych w metodach badawczych; natomiast nie wypowiada się na temat sposobu istnienia obiektywnej rzeczywistości.

2) Rola tej zasady jest tylko zastępcza w całości procedury opisu, wyjaśniania i przewidywania. Tam gdzie nie można zbudować jednolitej teorii badanej rzeczywistości wprowadza się koniunkcyjny schemat rezultatów procedury poznawczej.

3) Komplementarny schemat zabiegów poznawczych winien spełniać walory natury prakseologicznej. Chodzi oto, by z tego koniunkcyjnego złożenia poznawczych procedur i ich rezultatów nie wynikały konsekwencje niezgodne z doświadczeniem, by ów schemat był skuteczny, ekonomiczny i wydajny.

4) Zasadę komplementarności winno się stosować w przypadku takiego dualizmu poznawczego, który występuje w obrębie tej samej dziedziny wiedzy (np. w: fizyce, biologii, psychologii, socjologii itp.).

5) Zasada ma zastosowanie tam, gdzie jedna procedura poznawcza ogranicza tym samym drugą i na odwrót.

6) Komplementarne procedury poznawcze i ich rezultaty winny odnosić się do tego samego obiektu badania.

7) Kompozycyjna interpretacja rezultatów poznawczych winna odbywać się w ramach tej i tylko tej dziedziny wiedzy, do której należy obiekt badany.

8) Metoda kolejnych przybliżeń winna przebiegać w obrębie tej i tylko tej dziedziny wiedzy, do której należy historia programu badawczego.

Metodologiczne warunki stosowalności zasady komplementarnej ujawniają jej aspekt pragmatyczny i apragmatyczny. W pierwszym przypadku zasada ta funkcjonuje w procedurze dochodzenia do twierdzeń, w drugim zaś pełni swą rolę w logicznej analizie i kompozycyjnej syntezie rezultatów poznawczych.

Aspekt pragmatyczny tej zasady jawi się nam w metodologicznej analizie historii pojęcia genu. Natomiast punkt widzenia apragmatyczny dany jest nam w logicznej analizie aspektowych ujęć genu. Oba aspekty poznawcze ujawniają dualizm genetyki klasycznej. Dualizm ten pojawia się bowiem w dziedzinie:

- 1) metod badawczych,
- 2) języka genetyki oraz
- 3) w obrębie interakcji pomiędzy przedmiotem poznania a podmiotem poznającym.

Metody genetyki klasycznej są nastawione na badanie czystych linii, natomiast metody ekologii odnoszą się do zjawisk adaptacyjnych. Ściślej rzecz biorąc możemy powiedzieć, że metody pierwszego rodzaju odnoszą się do struktury podłoża dziedzicznego, drugiego zaś do fenotypowej jego funkcji. Dane uzyskane na drodze metod genetycznych i ekologicznych, biologia opisuje za pomocą różnych języków dyscyplinarnych.

Język genetyki ma bowiem charakter redukcjonistyczny (kartezjański) a język ekologii antyredukcjonistyczny (darwinowski). Gen jest elementem struktury genotypu, natomiast cecha jest następstwem całości kształtu funkcjonowania genu i złożonych reakcji biochemicznych komórki a nawet organizmu oraz środowiska jako całości.

Złożony przedmiot genetycznego poznania determinuje określone techniki poznawcze, te zaś zakłócają sondaż informacji na temat struktury i funkcji genów w relacji do cech organizmu w jego środowisku. Każdy eksperyment utrudnia bowiem wymianę materii, energii i infor-

macji z otoczeniem, a w większości programów badawczych zakłada laboratoryjną śmierć badanego organizmu.

Wymienione wątki treściowe zasady komplementarności różnicują się na szereg aspektów. Do najbardziej istotnych należy aspekt:

1) metodologiczny (dualizm metod badawczych — metodyka strukturalistyczna i funkcjonalistyczna oraz strukturalistyczna i ewolucjonistyczna),

2) konceptualny (dualizm opisów — język kartezjański i darwinowski),

3) epistemologiczny (dualizm podmiotowo-przedmiotowy — obserwacja wpływa na układ badany i układ wpływa na organizację sposobu poznania).

Aspekty te prowadzą do procedury wyróżnienia szeregu typów zasady komplementarności ze względu na pragmatyczny i apragmatyczny punkt widzenia. A oto próba ich klasyfikacji:

1) zasada komplementarności pragmatycznej: a) z. metodologiczna, b) z. konceptualna, c) z. epistemologiczna,

2) zasada komplementarności apragmatycznej: a) z. metodologiczna, b) z. konceptualna, c) z. epistemologiczna.

W niniejszych rozważaniach analiza pojęcia genu przebiega na kanwie historii genetyki klasycznej w aspekcie komplementarnej zasady pragmatycznej w aspekcie konceptualnym. Natomiast płaszczyzna apragmatyczna rysuje się w samym pokazie cząstkowych (aspektowych) charakterystyk komplementarnych.

Charakterystyki te są autonomiczne treściowo ze względu na zawarte w nich cechy logiczne takie jak: strukturalność, funkcjonalność, rozwojowość ontogenetyczna i rozwojowość filogenetyczna (mutacje). Właściwości te, mimo swej autonomii, pozostają do siebie w stosunku dopełnienia. Stosunek ten opisuje zasada komplementarności w aspekcie konceptualnym. W ramach tej zasady komplementarności definicja genu łączy w swoim definiensie opis: strukturalny, funkcjonalny, ontogenetyczny i filogenetyczny w jedną kompozycyjną całość. Ogólny schemat takiej komplementarnej definicji równościowej genu można przedstawić za pomocą następującego schematu:

DEFINIENDUM

ŁĄCZNIK

DEFINIENS KOMPLEMENTARNY

GEN

JEST TO

KONIUNKCJA ASPEKTOWYCH OPISÓW

GENU:

a) opis strukturalny — jednostka struktury,

b) opis funkcjonalny — jednostka funkcji,

c) opis ontogenetyczny — jednostka rozwoju ontogenetycznego,

d) opis filogenetyczny — jednostka rozwoju filogenetycznego (mutacje).

Logiczna konstrukcja tej definicji jest następstwem rozwoju pojęcia genu w aspekcie zasady komplementarności. Rozwój tego pojęcia dokonał się i wciąż się dokonuje na drodze metody wzajemnych przybliżeń. Metodę tę można schematycznie przedstawić w sposób następujący:

1) wyodrębnia się dwa względnie niezależne zadania poznawcze lub stwierdza się ich naukową obecność w biologii w procesie jej rozwoju;

2) ustala się ich wzajemną komplementarność;

3) komplementarne zadania poznawcze oznaczamy np. literami A i B, stwierdzając przy tym, że rozwiązanie zadania B zależy od istnienia rozwiązania zadania A i odpowiednio: rozwiązanie zadania A od istnienia rozwiązania B;

4) jeśli przez symboliczny znak: „ $+ \rightarrow$ ” będziemy rozumieć zależność rozwiązania zadania B od istniejącego rozwiązania zadania A, to możemy symbolicznie przedstawić logiczną strukturę metody kolejnych przybliżeń w sposób następujący:

$$+ \rightarrow A^i + \rightarrow B^j + \rightarrow A^k + \rightarrow B^l + \rightarrow A^m + \rightarrow B^n + \rightarrow \dots$$

Litery: i, j, k, l, m, n, oznaczają indeksy czasowe, gdyż proces poznawczy ma charakter historyczny.

Metoda kolejnych przybliżeń w ramach funkcjonowania komplementarnej zasady pragmatycznej sugeruje fakt, że rozwój wiedzy genetycznej rozwijał się według modelu ewolucyjnego a nie rewolucyjnego. Zmiany rewolucyjne byłyby szczególnym przypadkiem ewolucyjnej struktury genetyki klasycznej.

ZAKOŃCZENIE

Rozległy materiał teoretyczny z dziedziny historii genetyki klasycznej i z obszaru metodologii uhistorycznionej oraz z obrębu zasady komplementarności, został potraktowany ramowo ze względu na edytorskie parametry artykułu. Materiał ten mimo swej ogólności był jednak wystarczający do przeprowadzenia szeregu analiz, związanych z tematem tych rozważań.

Metateoretyczna analiza rozwoju pojęcia substancji dziedzicznej potwierdziła w całej rozciągłości heurystyczną wartość rozważań metodologicznych o inspiracji historycznej. Okazało się bowiem, że istnieje poznawcza zależność między pragmatycznym a apragmatycznym punktem widzenia w procesie rozwoju pojęcia genu. Należałoby może bardziej uwypuklić relację epistemologiczno-metodologiczną w procesie powsta-

wania i rozwoju pojęcia genu w sensie teoretycznym i na tle przemian paradygmatycznych. Sprawa ta niewątpliwie zasługuje na szersze opracowanie w relacji do zasady komplementarności w aspekcie konceptualnym.

Logiczno-historyczna refleksja nad tą zasadą, w aspekcie warunków jej stosowalności, doprowadziła do jej zróżnicowania, dając tym samym szereg różnych możliwości interpretacyjnych wielu bardzo różnym uogólnieniom genetycznym. Do tych najważniejszych sformułowań teoretycznych należy idea integracji praw struktury, funkcji i rozwoju genu. Została ona ukazana w ramach zasady komplementarności w aspekcie konceptualnym w ujęciu pragmatycznym i apragmatycznym.

Do bardzo ciekawych zagadnień należy metodologiczny punkt widzenia tej zasady, w przypadku wyjaśniania procesu przekazu cech dziedzicznych. Poruszenie tego zagadnienia niewątpliwie przyczyniłoby się do lepszego uwypuklenia intuicyjnej treści zagadnienia komplementarnej koncepcji genu w genetyce klasycznej.

STRESZCZENIE

Sens pojęcia genu jest wieloaspektowy. Każdy aspekt tego pojęcia jest wyróżnialny ze względu na określoną cechę logiczną. Analiza ewolucji teorii klasycznych ujawnia takie cechy jak: strukturalność, funkcjonalność, rozwojowość ontogenetyczną i rozwojowość filogenetyczną (mutacyjną). Pomędzy tymi właściwościami genu istnieje zależność komplementarna.