

Pod redakcją **DAVIDA KLINGHOFFERA**

KONTROWERSYJNY PODPIS

**ODPOWIEŹ
NA KRYTYKĘ KSIĄŻKI
PODPIS W KOMÓRCIE**

Niewielu krytyków
naprawdę uchwyciło istotę
argumentów Meyera. Jest to
znamienne i wymowne.

- *David Klinghoffer*



Kontrowersyjny podpis

Odpowiedź
na krytykę książki
Podpis w komórce



SERIA INTELIGENTNY PROJEKT

Seria Inteligentny Projekt to pierwsza tak ambitna i bogata propozycja na polskim rynku wydawniczym, w ramach której ukazują się książki dotyczące teorii inteligentnego projektu – Intelligent Design (ID).

Autorzy zastanawiają się: czy różnorodność życia na Ziemi może być wyjaśniona wyłącznie przez procesy czysto przyrodnicze? Czy złożone struktury biologiczne mogły powstać drogą przypadku i konieczności, bez udziału inteligencji? Czy Ziemia jest tylko jedną z wielu niczym niewyróżniających się planet?

Teoria inteligentnego projektu jest ogólną teorią rozpoznawania projektu i ma szerokie zastosowanie w takich dziedzinach nauki, jak kryminalistyka, historia, kryptografia, astronomia i inżynieria. Seria Inteligentny Projekt pokazuje, że koncepcja ID powinna być stosowana również w zagadnieniach pochodzenia i rozwoju różnych form życia, a także w próbie zrozumienia nas samych.

Jest zatem tylko jedna droga prowadząca do postępu w nauce, która wiedzie przez wnikliwe badania tajemnic przyrody.

Zasady i prawa naukowe nie znajdują się na powierzchni przyrody. One są ukryte i należy je wydrzeć poprzez wyrafinowane metody dociekań.

John Dewey,
Reconstruction in Philosophy, 1920



Kontrowersyjny podpis

Odpowiedź
na krytykę książki
Podpis w komórce

Pod redakcją
Davida Klinghoffera



Warszawa 2022

Tytuł oryginału
Signature of Controversy: Responses to Critics of Signature in the Cell

Copyright © 2010 by Discovery Institute. All Rights Reserved

Copyright © for the Polish edition by Fundacja En Arche, Warszawa 2022

Przekład
Iwona Kukwa

Redaktor naukowy serii
prof. dr hab. Kazimierz Jodkowski

Redaktor prowadzący
Jacek Fronczak

Redakcja merytoryczna
dr Grzegorz Nowak

Redakcja językowa
Joanna Morawska

Korekta
Sylwia Kozak-Śmiech

Projekt okładki
Jadwiga Topolowska

Projekt graficzny
Maria Rostoniec

Skład
Honorata Kozon

Ilustracja na okładce
Shutterstock

Wydanie I

ISBN 978-83-67363-00-6 (oprawa twarda)
ISBN 978-83-67363-01-3 (oprawa miękka)

Fundacja En Arche
al. Jana Pawła II 80 lok. 15
00-175 Warszawa
biuro@enarche.pl
Księgarnia internetowa
enarche.pl/ksiegarnia/

Spis treści

Wstęp	9
Część 1.	
<u>O tych, którzy nie przeczytali książki</u> Stephena Meyera <i>Podpis w komórce</i>	15
Rozdział 1.	
<u>O tych, którzy nie przeczytali książki Stephena Meyera</u> <u><i>Podpis w komórce</i>. W odpowiedzi na recenzję Francisca Ayali</u>	<u>17</u>
Rozdział 2.	
<u>Kiedy recenzja książki nie jest recenzją książki</u>	<u>27</u>
Rozdział 3.	
<u>Riposta Falka na odpowiedź Meyera na „esej” Ayali</u> <u>o książce <i>Podpis w komórce</i></u>	<u>31</u>
Rozdział 4.	
<u>Kłamiąc w imię Darwina</u>	<u>37</u>
Rozdział 5.	
<u>Odpowiedź na list Stephena Fletchera</u> <u>w „Times Literary Supplement”</u>	<u>39</u>
Rozdział 6.	
<u>Kolejna odpowiedź na list Stephena Fletchera</u>	<u>43</u>
Rozdział 7.	
<u>Odpowiedź na list Stephena Fletchera</u> <u>w „Times Literary Supplement” na temat świata RNA</u>	<u>47</u>
Rozdział 8.	
<u>Dlaczego darwińscy boją się przeczytać <i>Podpis w komórce</i>?</u>	<u>51</u>

Rozdział 9.	
<u>Każdy bit kodu cyfrowego – programowanie DNA naprawdę</u> <u>wkurza niektórych krytyków teorii inteligentnego projektu</u>	55
Rozdział 10.	
<u>Ayala: „Dla jasności, przeczytałem <i>Podpis w komórce</i>”</u>	57
<u>Część 2.</u>	
<u>O tych, którzy przeczytali książkę</u>	
<u>Stephena Meyera <i>Podpis w komórce</i></u>	61
Rozdział 11.	
<u>Odpowiedź na napisaną przez Darrela Falka recenzję</u> <u><i>Podpisu w komórce</i></u>	63
Rozdział 12.	
<u>Niech Darrel Falk wybierze jakąś liczbę, dowolną liczbę</u>	71
Rozdział 13.	
<u>Ayala i Falk nie dostrzegają sygnałów w genomie</u>	73
Rozdział 14.	
<u>Jak odkryć sygnały w genomie, wykraczając myślami</u> <u>poza szablon BioLogos</u>	79
Rozdział 15.	
<u>Próba rozszyfrowania sygnału SINE</u>	85
Rozdział 16.	
<u>Inteligentny projekt, wstępne skonfigurowanie</u> <u>i ewolucja teistyczna</u>	93
Rozdział 17.	
<u>Właściwie zrozumieć teorię ID. Kolejne myśli</u> <u>o recenzji <i>Podpisu w komórce</i> na Beliefnet</u>	97
<u>Część 3.</u>	
<u>Atak pigmejów</u>	101
Rozdział 18.	
<u>Oznaki desperacji? Pierwsze reakcje na <i>Podpis w komórce</i></u>	103

Rozdział 19.	
Teraz mądrzej: czy nieinteligentne przyczyny mogą tworzyć informację biologiczną?	111
Rozdział 20.	
Prognozowanie pogody a złożona wyspecyfikowana informacja	117
Rozdział 21.	
Ortografia Stephena Meyera i inne poważne głosy krytyczne	123
Rozdział 22.	
Baśń o intronach Mathesona	133
Rozdział 23.	
Policzmy raz jeszcze	137
Rozdział 24.	
Obrońcy drzewa Darwina: kochamy wasze poświęcenie	139
Rozdział 25.	
Czy teoria inteligentnego projektu to kiepska teologia?	143
O autorach	148

Wstęp

David Klinghoffer

Wydana w 2009 roku książka Stephena Meyera *Signature in the Cell: DNA and the Evidence for Intelligent Design*¹ została już uznana za jeden z najbardziej solidnych filarów argumentacji na rzecz inteligentnego projektu. Z tą obszerną i niezwykle oryginalną pracą powinna zapoznać się każda wnikliwa osoba zastanawiająca się nad zasadniczą kwestią, która dotyczy nas wszystkich: „Skąd pochodzi życie?”. Sam Karol Darwin nie szukał rozwiązania tej zagadki, ale jego współcześni zwolennicy uważają, że problem ten mają pod kontrolą, zgodnie z darwinowskimi wytycznymi proponując wiele czysto materialistycznych wyjaśnień pochodzenia informacji biologicznej zakodowanej w DNA. Meyer w mistrzowski sposób odsuwa na bok wszystkie tego rodzaju domysły i założenia i dowodzi, że nauka wskazuje na pochodzenie życia wywodzące się od czegoś lub od kogoś spoza świata przyrody.

Określenie książki Meyera jako fascynującej i ważnej jest niedopowiedzeniem. Jednak nie mniej interesująca na swój sposób była krytyczna reakcja na nią i to właśnie jej dotyczy niniejsza publikacja. Chociaż wielu zwolenników i przeciwników teorii inteligentnego projektu odnosiło się do niej w artykułach wydawanych drukiem i w internecie, niewielu krytyków – jeśli w ogóle jacyś – naprawdę uchwyciło istotę argumentu Meyera. Jest to znamienne i wymowne.

Na kolejnych stronach, które zawierają odniesienia do artykułów pisanych przez krytyków, obrońcy książki Stephena Meyera analizują nieprzychylną reakcję na nią. Wszystkie zawarte w tym opracowaniu rozdziały zostały wcześniej opublikowane, większość na stronach: Discovery Institute, Evolution News & Views (ENV), BioLogos czy w czasopiśmie „Salvo”. Niniejsza książka została opracowana według następującego schematu.

W części I Meyer i jego obrońcy rozprawiają się ze zgrają zajadłych przeciwników *Podpisu w komórce*, którzy nie tylko nie przeczytali jego książki, lecz

¹ S.C. Meyer, *Podpis w komórce. DNA i świadectwa inteligentnego projektu*, tłum. J. Chojak-Koźniewska, „Seria Inteligentny Projekt”, Fundacja En Arche, Warszawa 2021.

w większości przypadków nawet nie zadali sobie trudu, by zapoznać się z jej treścią. Do tych ostatnich należy chociażby tak wybitny biolog jak Francisco Ayala z Uniwersytetu Kalifornijskiego w Irvine, o którym więcej za chwilę. Z myślą o wygodzie żyjących w ciągłym biegu darwinistów, którym brakuje czasu na przeczytanie książki, a nawet na jej przejrzenie, część I poprzedza pomocne streszczenie *Podpisu w komórce*. Mam nadzieję, że zapobiegnie to przyszłym kompromitacjom, takim jak recenzja, którą profesor Ayala zamieścił na stronie internetowej BioLogos.

W części II Meyer i zwolennicy koncepcji inteligentnego projektu odpowiadają krytykom, którzy faktycznie poświęcili czas na przeczytanie *Podpisu w komórce*, zanim ten tekst skrytykowali. Ci ostatni należą do zdecydowanej mniejszości, co daje do myślenia. Podczas gdy części I i II dotyczą poważniejszych krytyków dzieła Meyera, a w każdym razie tych, którzy mają reputację poważnych, część III koncentruje się na gromadzie pigmejów, którzy zadomowili się na pełnych jadu, często wulgarnych blogach darwinistów.

Przyznaję, że kiedy redagowałem ten zbiór, nie zawsze było dla mnie oczywiste, którego z krytyków powinienem zaliczyć do której z grup. Na przykład Jerry Coyne jest biologiem z Uniwersytetu Chicagowskiego, który ostatnio poświęca większość swojego czasu na blogowanie. Ewidentnie należy on do grona uznanych badaczy, którzy skrytykowali książkę Meyera, nie zapoznawszy się z nią ani nie przeczytawszy nic na jej temat. Z drugiej strony bloger Jeffrey Shallit, matematyk z kanadyjskiego University of Waterloo w Ontario – nie mylić ze słynnym Uniwersytetem Wallamaloo z Monty Pythona – może mieć zastrzeżenia do tego, że został sklasyfikowany jako pigmej. No cóż. Przykro mi.

Czytelnicy mogą się zastanawiać, dlaczego zebrane tu eseje i wpisy z blogów zawierają wiele odpowiedzi na zarzuty krytyków, którzy zaatakowali książkę *Podpis w komórce*, nie przeczytawszy jej uprzednio. Czy nie byłoby bardziej pouczające zająć się wyłącznie tymi, którzy są przynajmniej dostatecznie zaznajomieni z tym, co napisał Stephen Meyer? Uznałem za konieczne spisanie, zebranie i opublikowanie głosów obronnych, ponieważ niektóre z najbardziej zajadłych ataków pochodziły właśnie od naukowców, którzy nie przeczytali książki, ale i tak czuli się uprawnieni do jej komentowania. Ten fakt jest istotny, ponieważ ilustruje trudności napotymane przez społeczność zwolenników koncepcji inteligentnego projektu w dążeniu do uzyskania należnego posłuchu. Zatem, rzecz warta powtórzenia, wspomniany Francisco Ayala obszernie skrytykował książkę *Podpis w komórce*,

mimo że tak naprawdę nie miał pojęcia, co jest w niej zawarte. Miejmy to na uwadze.

To zabawne, a może po prostu smutne. Kilka lat temu napisałem artykuł dla „Townhall Magazine” o uciszaniu zwolenników koncepcji inteligentnego projektu na uniwersytetach i w innych środowiskach akademickich. Podczas przygotowywania wspomnianego tekstu wysłałem wiadomości do kilku poważanych ewolucjonistów teistycznych oraz obrońców teorii Darwina, włączając w to doktora Ayalę. Zapytałem:

Krytycy teorii inteligentnego projektu dowodzą, że jedną z jej wad jest to, że nie została poparta badaniami. Wyobraźmy sobie zatrudnionego na uniwersytecie naukowca, który chciałby przeprowadzić takie badania – czy miałby całkowitą swobodę działania? Czy też, jak twierdzą zwolennicy teorii inteligentnego projektu, byłby raczej zniechęcany wskutek nacisków ze strony współpracowników lub przełożonych?

Ayala odpowiedział:

Miałby do tego prawo. Nie wyobrażam sobie, by jakikolwiek poważny naukowiec lub członek władz uczelni próbował odwieść kogokolwiek od realizacji dobrze zaplanowanego projektu badawczego (lub niemal każdego projektu badawczego). Nasza akademicka swoboda w prowadzeniu dowolnych badań jest czymś niezwykle cennym, co stawiamy na równi z każdą inną wartością akademicką.

Śmiechu warte. Po doświadczeniach Sternberga, Gonzaleza, Crockera, Marksa, Minnicha, Dembskiego, Coppedge’a – którzy są wspomniani na portalu ENV i w innych miejscach, wraz z wieloma uciszanymi naukowcami, niewymienionymi z nazwiska, a także tymi, którzy zbyt obawiają się represji, by pozwolić się zidentyfikować – wiemy, że stwierdzenie Ayali jest całkowicie nieprawdziwe. Jeśli chodzi o publiczne powątpiewanie w teorię Darwina, poważni naukowcy mieliby uzasadnione powody, by czuć zagrożenie. Strach przed otwartym wyrażaniem opinii jest w pewnym stopniu wzmacniany przez świadomość, że jeśli zabierzesz głos, twój pogląd nie tylko zostanie skrytykowany, lecz także zniekształcony w taki sposób, by negatywnie nastawić przeciwko tobie opinię publiczną i środowisko zawodowe. Sprawa Ayali, która jest prawdziwym skandalem, to wymowna ilustracja tego mechanizmu.

Streszczenie książki *Podpis w komórce*

Po co streszczenie *Podpisu*? Jak wynika z kilku zamieszczonych w tym opracowaniu esejów, jednym z wątków powracających w krytycznych recenzjach dotyczących pracy doktora Meyera jest to, że wielu nieprzychylnych recenzentów nie przeczytało jego książki i nawet nie wiedziało, jakie treści ta książka zawiera. Cóż, jest to zrozumiałe. Skoro zajęty pracą i pozostający pod wpływem stresu dyrektor dużej firmy potrzebuje informacji sprowadzonych do niezbędnego minimum, to być może tego samego wymaga zabiegany obrońca naukowego materializmu. Z myślą o kolejnych krytykach uznałem, że warto przygotować streszczenie *Podpisu*.

Redaktor

Dotychczas zwolennicy koncepcji inteligentnego projektu koncentrowali się głównie na ukazywaniu niedoskonałości wyjaśnień ewolucyjnych nowości wskazanymi przez Darwina mechanizmami. W *Podpisie w komórce* Stephen C. Meyer odkłada na bok pytania dotyczące biologicznej ewolucji, aby rozwiązać jeszcze bardziej fundamentalną zagadkę, której Darwin nie próbował wyjaśnić: „Jak powstało życie?”.

Meyer analizuje współczesne teorie pochodzenia życia. Przedstawia powody, dla których hipoteza zależna od przypadku została niemal powszechnie odrzucona, jednocześnie rozpatrując sposób rozumowania oparty na prawach natury oraz na kombinacji przypadku i konieczności. Stwierdziwszy, że takie teorie nie mogą należycie wyjaśnić fundamentalnej umiejętności żywych organizmów – ich zdolności do zachowywania i wykorzystywania funkcjonalnej informacji – Meyer argumentuje, że żadna współczesna teoria materialistyczna nie dostarcza wiarygodnego wyjaśnienia kwestii pochodzenia życia. Za pomocą metodologii naukowego rozumowania, której pionierem był sam Karol Darwin, Meyer przedstawia niepodważalną naukową argumentację za inteligentnym projektem – opartą na tym, co opisuje jako nasze „jednolite i powtarzalne doświadczenie” przyczynowo-skutkowej struktury świata. W całym Wszechświecie znana jest tylko jedna przyczyna zdolna do wytworzenia dużych ilości złożonej, określonej informacji. Jest nią racjonalna rozważa, czyli zamierzone projektowanie.

Meyer odpiesa również często podnoszony zarzut, że koncepcja inteligentnego projektu nie pozwala na tworzenie żadnych wiarygodnych prognoz. Autor

Podpisu przywołuje kilkanaście predykcji wysnuwanych przez teoretyków projektu ze szczegółowym komentarzem na temat funkcjonalnego charakteru „śmieciowego DNA” wraz z obszerną literaturą dotyczącą funkcji przypisywanych ostatnio różnym niekodującym obszarom genomu, w tym ich roli w regulacji genów. Tę ostatnią funkcję Meyer porównuje do systemu operacyjnego w komputerze.

Na zakończenie Meyer rozważa: „Dlaczego jest to ważne?”. Podejmuje dyskusję o zagadnieniach teologicznych w debacie o genezie życia, jak również dokonuje przeglądu szerszych światopoglądowych implikacji zauważalnego w przyrodzie projektu. Odróżnia podstawę dowodową – przesłanki teorii – od jej filozoficznych implikacji i konsekwencji. W przeciwieństwie do powszechnego stereotypu nauki głoszącego, że dociekania naukowe są neutralne światopoglądowo, wiele teorii – w szczególności teorii pochodzenia życia – ma szersze implikacje filozoficzne. Takie konsekwencje nie powinny być uważane za wystarczające powody do odrzucenia teorii jako „nienaukowej”. Weźmy na przykład Wielki Wybuch, teorię kosmologiczną, która wskazuje na czasową naturę Kosmosu. Wielu naukowców początkowo odrzucało tę teorię ze względu na wyzwanie, jakie stanowiła dla faworyzowanej przez materialistów idei wiecznego, niezmiennego Wszechświata. Meyer wskazuje również na darwinizm jako teorię naukową, której potencjalne implikacje wykraczają daleko poza sferę obiektywnych naukowych dociekań.

Epilog zawiera dyskusję o możliwościach paradygmatu inteligentnego projektu ukierunkowania badań naukowych na nowe i bardziej obiecujące tory poprzez proponowanie nowych problemów badawczych, które mogłyby być rozwiązane z perspektywy koncepcji inteligentnego projektu. Meyer określa to „informacją pozagenomową lub ontogenetyczną”, argumentując, że znaczna część informacji odpowiedzialnej za rozwój formy organizmu nie znajduje się na poziomie kodu genetycznego. DNA nie określa, w jaki sposób poszczególne białka łączą się w większe ich układy, tym bardziej sam w sobie nie określa, w jaki sposób typy komórek, typy tkanek i narządy układają się w plany ciała. Zważywszy na to, wydaje się, że sekwencje DNA mogą mutować w nieskończoność, nigdy nie tworząc nowego planu ciała.

Meyer zachęca, by uznać aktywność jakiegoś inteligentnego, celowego czynnika za wiarygodne wyjaśnienie powstania i rozwoju życia, biorąc pod uwagę to, co już wiemy o unikalnej zdolności takiego czynnika do projektowania bogatych w informację elementów i organizowania tych elementów w funkcjonalne, bogate w informację systemy i hierarchie.

CZĘŚĆ I

O TYCH, KTÓRZY
NIE PRZECZYTALI KSIĄŻKI
STEPHENA MEYERA
PODPIS W KOMÓRCE



Rozdział 1

O tych, którzy nie przeczytali książki Stephena Meyera *Podpis w komórce.* W odpowiedzi na recenzję Francisca Ayali

Stephen C. Meyer

Doktor Francisco Ayala, profesor nauk biologicznych, ekologii i biologii ewolucyjnej, a także logiki i filozofii nauki na Uniwersytecie Kalifornijskim w Irvine, zrecenzował Podpis w komórce dla portalu internetowego Fundacji BioLogos¹. Poniżej znajduje się odpowiedź doktora Meyera.

Redaktor

Bez wątplenia zdarza się to nieustannie. Zapewne istnieje wiele recenzji napisanych przez krytyków, którzy ledwie przekartkowali recenzowaną książkę. Niemniej ci, którzy decydują się na pisanie niewspartych wiedzą ani dowodami recenzji, zwykle podejmują przynajmniej jakiś wysiłek w celu zdobycia informacji o danej książce – choćby tylko po to, by uniknąć kompromitacji. Niestety, napisana przez wybitnego biologa ewolucyjnego Francisca Ayalę recenzja mojej książki *Podpis w komórce* (zatytułowana ironicznie *O lekturze Podpisu komórki*) świadczy o tym, że nawet nie podjął próby odszukania w sieci jej streszczenia. Z lektury artykułu zamieszczonego na portalu BioLogos wynika, że co najwyżej rzucił okiem na stronę tytułową i spis treści – jeśli to w ogóle

¹ <https://biologos.org/blog/on-reading-the-cells-signature/>.

uczynił. W rezultacie to, co napisał, fałszywie przedstawia tezę i temat książki, na dodatek błędnie podał jej tytuł.

Tytuł mojej książki nie brzmi *Podpis komórki*², jak wielokrotnie wspomina Ayala, ale *Podpis w komórce*.

Główne zagadnienie nie dotyczy tego, czy „przypadek sam w sobie nie może wyjaśniać pochodzenia informacji genetycznych znalezionych w genomach organizmów”, jak twierdzi recenzent, ale tego, że inteligentny projekt **może** tłumaczyć pochodzenie informacji koniecznej do powstania pierwszej żywej komórki i dostarcza w tej kwestii najlepszego wytłumaczenia (odnoszącego się do wielu zagadnień, nie tylko przypadku).

Ponadto przedmiotem zainteresowania autora nie jest problem pochodzenia genomów organizmów czy genomu **ludzkiego**, jak sugeruje treść krytyki profesora Ayali, lecz **początki** powstania życia i tajemnica otaczająca pochodzenie informacji niezbędnej do jego zaistnienia.

Ayala rozpoczyna swoją recenzję od próby zbagatelizowania argumentów zawartych w *Podpisie w komórce*. Jednak czyni to poprzez błędną prezentację zawartej w niej tezy. Według Ayali: „Kluczowym argumentem *Podpisu komórki* [sic] jest to, że przypadek sam w sobie nie może wyjaśniać kwestii informacji genetycznej znalezionej w genomach organizmów”. Zauważa – tak jak ja w książce – że wszyscy biolodzy ewolucyjni już przyjęli ten pogląd. Zadaje pytanie: „Po co więc wydawać kolejne rozdziały i setki stron zgrabnej prozy, by dowodzić tej tezy?”. Oczywiście książka nie poświęca setek stron na dowodzenie tej tezy. W rzeczywistości tylko 55 z ponad 600 stron przeznaczono na wyjaśnienie, dlaczego badacze zajmujący się pochodzeniem życia – od lat sześćdziesiątych XX wieku – nieomal całkowicie odrzucili hipotezę przypadku. Dzieje się tak nie dlatego, że głównym celem książki jest obalenie hipotezy przypadku *per se*, ale z kilku innych powodów nieodłącznie związanych z rzeczywistą tezą książki.

W *Podpisie w komórce* przedstawiam argumenty przemawiające za koncepcją inteligentnego projektu jako **najlepszym** wyjaśnieniem pochodzenia informacji biologicznej niezbędnej do zaistnienia pierwszego żywego organizmu. Czyniąc to, świadomie stosuję standardową metodę historycznego wnioskowania naukowego, którą przyjął sam Darwin i którą po części wprowadził w dziele *O powstawaniu gatunków*. Metoda ta, różnie określana jako metoda wielu

² Autor artykułu podaje błędny tytuł książki *Signature of the Cell* zamiast właściwego *Signature in the Cell* (przyp. tłum.).

konkurujących hipotez lub metoda wnioskowania prowadząca ku najlepszemu wyjaśnieniu, z konieczności wymaga zbadania głównych konkurujących hipotez, które naukowcy zaproponowali w celu wyjaśnienia danego wydarzenia w odległej przeszłości. W ślad za Darwinem i jego naukowym mentorem Lyellem, dawni badacze zrozumieli, że **najlepsze** wyjaśnienia zazwyczaj powołują się na przyczyny, które jak wiadomo na podstawie obecnego doświadczenia, są zdolne – a nawet jako jedyne są zdolne – do wywołania danego efektu.

W trakcie stosowania metody wielu konkurujących hipotez w celu opracowania mojej argumentacji na rzecz inteligentnego projektu w *Podpisie w komórce* badam hipotezę przypadku jako źródła życia, ponieważ jest to jedna z wielu konkurujących hipotez, które zostały zaproponowane, żeby wyjaśnić genezę życia i pochodzenie informacji biologicznej. Ponieważ jedną z pierwszych hipotez zaproponowanych w celu wyjaśnienia genezy życia w następstwie odkrycia DNA jako nośnika informacji była właśnie hipoteza przypadku, to ją poddaję krytyce w pierwszej kolejności. Niemniej analizuję wiele nowszych modeli pochodzenia informacji biologicznej, łącznie z tymi, które opierają się na fizykochemicznej konieczności (takimi jak współczesne modele samoorganizacji), oraz tymi, które opierają się na wzajemnym oddziaływaniu przypadku i konieczności (takimi jak popularny scenariusz świata RNA). Moja dyskusja na temat tych modeli zajmuje ponad 90 stron i cztery rozdziały. Czy Ayala zwyczajnie je pominął?

Powinienem dodać, że moja krytyka hipotezy przypadku dostarcza podstawy do oceny niektórych z bardziej aktualnych chemicznych teorii ewolucyjnych – teorii, które Ayala przypuszczalnie uznałby za konkurujące z poglądami współczesnych biologów ewolucyjnych, a które mają za podstawę przypadek w połączeniu z innymi procesami. Na przykład w popularnym obecnie scenariuszu świata RNA zakłada się, że samoreplikujące się katalizatory RNA powstały najpierw w wyniku przypadkowych interakcji między budulcami chemicznymi lub podjednostkami RNA. Według zwolenników tego poglądu, gdyby takie samoreplikujące się cząsteczki RNA już zaistniały, naturalna selekcja stałaby się w późniejszym procesie ewolucji molekularnej czynnikiem niezbędnym do powstania pierwszej komórki. W *Podpisie w komórce* wykazuję jednak, że ilość sekwencyjnie specyficznej informacji niezbędnej do wytworzenia nawet stosunkowo prostej, samoreplikującej się cząsteczki RNA znacznie przekracza to, co można racjonalnie uznać za powstałe wyłącznie wskutek przypadku. Moja analiza prawdopodobieństw wytworzenia różnych bogatych w informację biomolekuł jest istotna nie tylko, by wykazać, że „przypadek sam w sobie nie

może wyjaśnić” pochodzenia informacji genetycznej, lecz także by wykazać, dlaczego teorie, które odwołują się do przypadku w połączeniu z prebiotyczną naturalną selekcją, również zawodzą.

W każdym razie *Podpis w komórce* nie tylko występuje **przeciwko** materialistycznym teoriom pochodzenia informacji niezbędnej do zaistnienia życia, lecz także przedstawia niepodważalną argumentację **na rzecz** inteligentnego projektu, wykazując, że aktywność świadomych i racjonalnych czynników jest jedyną znaną przyczyną powstania dużych ilości nowej funkcjonalnej informacji, przynajmniej jeśli wychodzi się od czysto fizycznych i chemicznych poprzedników.

W swojej recenzji Ayala najbardziej przybliżyła się do uznania kluczowego argumentu afirmatywnego książki, gdy podejmuje dość nieudolną próbę obalenia idei inteligentnego projektu, upierając się, że istnienie „bezsensownych” lub „śmieciowych” sekwencji w ludzkim genomie dowodzi, iż nie powstał on w wyniku inteligentnego projektu. Stwierdza wprost: „według Meyera koncepcja inteligentnego projektu dostarcza bardziej zadowalającego wyjaśnienia ludzkiego genomu niż ewolucja”.

Po raz kolejny zastanawiam się, czy profesor Ayala w ogóle choćby przewertował tę publikację. Moja książka nie traktuje o pochodzeniu **ludzkiego** genomu ani o ewolucji człowieka, ani nawet ogólnie o ewolucji biologicznej. Traktuje o ewolucji chemicznej, o powstaniu pierwotnego życia i informacji genetycznej niezbędnej do jego zaistnienia. W istocie, w epilogu wyraźnie przyznaję, że ktoś mógłby w gruncie rzeczy akceptować mój argument przemawiający za tym, że pierwsze życie zostało zaprojektowane w sposób inteligentny, a także jednocześnie przyjmować typowy neodarwinowski opis ewolucji kolejnych form życia. Ja sam nie podzielam tego „z góry narzuconego” poglądu na temat projektu, ale moja książka nie próbuje go odrzucać ani nie kwestionuje przyjętych założeń ewolucji biologicznej. Z tego powodu trudno jest zrozumieć, w jaki sposób podjęta przez Ayalę próba obrony ewolucji biologicznej i obalenia tej konkretnej hipotezy, że inteligentny projekt odegrał zauważalną rolę w powstaniu ludzkiego genomu, w jakikolwiek sposób podważa argumentację *Podpisu w komórce*.

Mimo to warto zauważyć, że argumentacja, jaką Ayala przedstawia przeciwko inteligentnemu projektowi ludzkiego genomu opartemu na obecności „bezsensownego” lub „śmieciowego DNA”, opiera się na dwóch błędnych faktograficznie oraz nieaktualnych przesłankach. Ayala sugeruje, że żaden z twórców godnych określenia „inteligentny” nie pozwoliłby, aby ludzki genom

był tak hojnie utkany znaczną liczbą bezsensownych sekwencji DNA oraz że obecność i pozornie przypadkowa dystrybucja takich sekwencji jest trafnie wyjaśniona jako produkt uboczny procesu prób i błędów nieukierunkowanych mutacji i selekcji. Według Ayali rozmieszczenie specyficznej sekwencji (sekwencji *Alu*), która według niego zawiera genetyczne nonsensy, sugeruje niedbałego, bezrozumnego kreatora, a nie inteligentnego projektanta. Jak argumentuje:

To tak, jakby redaktor *Podpisu komórki* wstawił między każde dwie strony książki Meyera 40 dodatkowych stron, z których każda zawierałaby te same 300 listów. Prawdopodobnie Meyer nie uznałby swojego redaktora za „inteligentnego”. Czy kiedykolwiek będzie możliwe znalezienie funkcji dla tych miliona niemal identycznych sekwencji *Alu*? Wydaje się to bardzo mało prawdopodobne.

Krótko mówiąc, Ayala twierdzi, że (1) przewaga nonsensownych sekwencji DNA oraz (2) przypadkowe rozmieszczenie tych sekwencji wskazują, że ludzki genom nie mógł zostać inteligentnie zaprojektowany. Jednak oba twierdzenia, na których Ayala opiera swoją argumentację, są błędne.

Po pierwsze, ani ludzki genom, ani genomy innych organizmów nie są w przeważającej mierze zapełnione „śmieciowym DNA”. Jak dowodzę w *Podpisie w komórce*, niekodujące białek części genomów (różnych organizmów), które długo uważano za „śmieciowe” lub „bezsensowne”, jak obecnie wiemy, pełnią wiele funkcji o ogromnym znaczeniu. Niekodujący białek DNA nie jest ani nonsensowny, ani śmieciowy. Na stronie 456 książki *Podpis w komórce* wymieniam 10 odrębnych funkcji, jakie pełnią obecnie znane fragmenty genomu niekodujące białek. (Odnosiłki do recenzowanych publikacji naukowych dokumentujących moje twierdzenia są tam zamieszczone). Ogólnie rzecz biorąc, niekodujące fragmenty genomu działają podobnie jak system operacyjny w komputerze, kierując i regulując czas i ekspresję innych kodujących białka modułów genetycznych.

Co więcej, sekwencje *Alu*, które Ayala specjalnie przytacza jako doskonałe przykłady szeroko i losowo rozmieszczonych nonsensownych sekwencji w ludzkim genomie, nie są нефункционалне czy „nonsensowne”. Sekwencje *Short Interspersed Nuclear Element* (SINE), których przykładem jest *Alu*, odgrywają liczne role funkcjonalne i regulacyjne w genomach wszystkich organizmów, w których zostały wykryte. Twierdzenie Ayali, że jest inaczej, okazuje się po prostu błędne pod względem merytorycznym.

Ogólnie rzecz ujmując, SINE (a tym samym sekwencje *Alu*) umożliwiają przetwarzanie informacji genetycznej na wiele różnych sposobów z tej samej sekwencji DNA, zależnie od specyficznych potrzeb różnego rodzaju komórek lub tkanek (w różnych, gatunkowo specyficznych kontekstach). W szczególności, sekwencje *Alu* pełnią wiele właściwych dla danego taksonu funkcji organizowania genomu na niższym poziomie, takich jak: (1) dostarczanie alternatywnych miejsc startowych dla modułów promotora w ekspresji genów – trochę jak dzielenie na partycje dysku twardego (Faulkner i in., 2009; Faulkner i Carninci, 2009); (2) tłumienie lub „wyciszanie” transkrypcji RNA (Trujillo i in., 2006); (3) dynamiczne oddzielanie jednej sekwencji genów od drugiej na chromosomie (Lunyak i in., 2007); (4) zapewnianie węzłów DNA do przebiegu szlaków transmisji sygnału lub miejsc wiązania dla receptorów hormonów (Jacobsen i in., 2009; Laperriere i in., 2004); (5) kodowanie RNA modulujących transkrypcję (Allen i in., 2004; Espinoza i in., 2004; Walters i in., 2009); oraz (6) kodowanie lub regulacja mikroRNA (Gu i in., 2009; Lehnert i in., 2009).

Oprócz wspomnianych funkcji organizowania genomu na niższym poziomie, SINE (w tym sekwencje *Alu*) pełnią również specyficzne dla gatunku funkcje organizowania genomu na wyższym poziomie, takie jak: (1) modulowanie porządkowania obszarów chromatyny bogatych w pary zasad GC oraz genów transdukcji sygnału (Grover i in., 2003, 2004; Oei i in., 2004; patrz także Eller i in., 2007); (2) „kodowanie kreskowe” poszczególnych segmentów dla pętli chromatyny pomiędzy elementami promotora i wzmacniacza (Ford i Thanos, 2010); (3) zwiększanie rekombinacji w sekwencjach, w których występują sekwencje *Alu* (Witherspoon i in., 2009); oraz (4) wspomaganie tworzenia trójwymiarowych przestrzeni chromosomowych lub „przedziałów” w jądrze (Kaplan i in., 1993; zob. też Pai i Engelke, 2010).

Ponadto sekwencje *Alu* określają wiele specyficznych dla danego gatunku sekwencji regulatorowch RNA. W szczególności stanowią one: (1) sygnały dla splicingu alternatywnego RNA (generują wiele informacyjnych RNA z tego samego typu transkryptu prekursora) (Gal-Mark i in., 2008; Lei i Vorechovsky, 2005; Lev-Maor i in., 2008) oraz (2) alternatywne ORF – Otwarte Ramki Odczytu (egzony) (Lev-Maor i in., 2007; Lin i in., 2008; Schwartz i in., 2009). Sekwencje *Alu* również (3) określają zatrzymywanie wybranych RNA w jądrze, aby wyciszyć ekspresję (Chen i in., 2008; Walters i in., 2009); (4) regulują maszynierię polimerazy II RNA podczas transkrypcji (Mariner i in., 2008; Yakovchuk i in., 2009; Walters i in., 2009); oraz (5) zapewniają miejsca do edycji adeninowo-inozynowej

RNA, funkcji, która jest niezbędna zarówno dla rozwoju człowieka, jak i dla specyficznego gatunkowo rozwoju mózgu (Walters i in., 2009).

Wbrew temu, co twierdzi Ayala, sekwencje *Alu* (i inne SINE u ssaków) nie są rozmieszczone przypadkowo, lecz wykazują podobny schemat rozmieszczenia typu „kodu kreskowego” wzdłuż chromosomów (Chen i Manuelidis, 1989; Gibbs i in., 2004; Korenberg i Rykowski, 1988). Podobnie jak rozmieszczenie odwrotnych ukośników, średników i spacji w kodzie oprogramowania, rozmieszczenie typu „kodu kreskowego” sekwencji *Alu* (i innych SINE) odzwierciedla jasną logikę funkcjonalną, a nie niedbałą edycję lub przypadkowe wstawki mutacyjne. Na przykład sekwencje *Alu* są najczęściej zlokalizowane w pobliżu genów kodujących białka, jak przystało na ich rolę w regulacji ekspresji genów (Tsirigos i Rigoutsos, 2009). Występują one głównie w obszarach promotorów – miejscach rozpoczęcia syntezy RNA – oraz w intronach, czyli częściach rozdzielających odcinki kodujące białka. Poza tymi obszarami liczba sekwencji *Alu* gwałtownie spada. Co więcej, wiemy, że sekwencje *Alu* są kierowane (lub przyłączane) do pewnych preferencyjnych miejsc w genomie przez kompleksy białkowe lub „maszynę scalającą” systemu przetwarzania informacji w komórce (Levy i in., 2010). To ukierunkowane rozmieszczenie sekwencji *Alu* wzmacnia semantyczną i syntaktyczną organizację ludzkiego DNA. Wydaje się, że ma to niewiele wspólnego z występowaniem przypadkowych mutacji typu insercji, w przeciwieństwie do implikacji zawartej w opisie i argumentacji „niedbałego edytora” Ayali.

Krytycy nieustannie utrzymują, że teoria inteligentnego projektu ma za podstawę religię, a nie naukę. Jednak w odpowiedzi na moją książkę to Ayala powołuje się na teologiczne argumenty i wielokrotnie przeinacza literaturę naukową, na próżno próbując te argumenty poprzec. Ludzki genom przejawia bezsensowne sekwencje i niedbałą edycję, która nie przystoi bóstwu ani żadnemu prawdziwie inteligentnemu projektantowi – przekonuje. Widzi on również inne aspekty świata przyrody, które jego zdaniem nie są zgodne z istnieniem jakiegoś bóstwa. Pozostawię teologom zmaganie się z argumentami Ayali na temat tego, czy bóle pleców w starszym wieku i inne formy powszechnego ludzkiego cierpienia czynią istnienie Boga czymś logicznie niewytłumaczalnym. Uważam jednak, że w konkretnej kwestii naukowej, jaką jest organizacja ludzkiego genomu, dowody są jasne. To Ayala jest niedbały, i to nie tylko w swojej ocenie ludzkiego genomu, lecz także, muszę dodać, w krytyce mojej książki.

Bibliografia

1. Allen T.A. et al., *The SINE-encoded mouse B2 RNA represses mRNA transcription in response to heat shock*, „Nature Structural and Molecular Biology” 2004, Vol. 11, No. 9, s. 816–821.
2. Chen L.L. et al., *Alu element-mediated gene silencing*, „EMBO Journal” 2008, Vol. 27, No. 12, s. 1694–1705.
3. Chen T.L., Manuelidis L., *SINEs and LINEs cluster in distinct DNA fragments of Giemsa band size*, „Chromosoma” 1989, Vol. 98, No. 5, s. 309–316.
4. Eller C.D. et al., *Repetitive sequence environment distinguishes housekeeping genes*, „Gene” 2007, Vol. 390, No. 1–2, s. 153–165.
5. Espinoza C.A. et al., *B2 RNA binds directly to RNA polymerase II to repress transcript synthesis*, „Nature Structural and Molecular Biology” 2004, Vol. 11, No. 9, s. 822–829.
6. Faulkner G.J., Carninci P., *Altruistic functions for selfish DNA*, „Cell Cycle” 2009, Vol. 8, No. 18, s. 2895–2900.
7. Faulkner G.J. et al., *The regulated retrotransposon transcriptome of mammalian cells*, „Nature Genetics” 2009, Vol. 41, No. 5, s. 563–571.
8. Ford E., Thanos D., *The transcriptional code of human IFN-beta gene expression*, „Biochimica et Biophysica Acta” 2010.
9. Gal-Mark N. et al., *Alternative splicing of Alu exons – two arms are better than one*, „Nucleic Acids Research” 2008, Vol. 36, No. 6, s. 2012–2023.
10. Gibbs R.A. et al., *Genome sequence of the Brown Norway rat yields insights into mammalian evolution*, „Nature” 2004, Vol. 428, No. 6982, s. 493–521.
11. Grover D. et al., *Nonrandom distribution of alu elements in genes of various functional categories: insight from analysis of human chromosomes 21 and 22*, „Molecular Biology and Evolution” 2003, Vol. 20, No. 9, s. 1420–1424.
12. Grover D. et al., *Alu repeat analysis in the complete human genome: trends and variations with respect to genomic composition*, „Bioinformatics” 2004, Vol. 20, No. 6, s. 813–817.
13. Gu T.J. et al., *Alu-directed transcriptional regulation of some novel miRNAs*, „BMC Genomics” 2009, Vol. 10, No. 563.
14. Jacobsen B.M. et al., *Alu repeats in promoters are position-dependent co-response elements (coRE) that enhance or repress transcription by dimeric and monomeric progesterone receptors*, „Molecular Endocrinology” 2009, Vol. 23, No. 7, s. 989–1000.

15. Kaplan F.S. et al., *The topographic organization of repetitive DNA in the human nucleolus*, „Genomics” 1993, Vol. 15, No. 1, s. 123–132.
16. Korenberg J.R., Rykowski M.C., *Human genome organization: Alu, lines, and the molecular structure of metaphase chromosome bands*, „Cell” 1988, Vol. 53, No. 3, s. 391–400.
17. Laperriere D. et al., *Widespread Alu repeat-driven expansion of consensus DR2 retinoic acid response elements during primate evolution*, „BMC Genomics” 2004, Vol. 8, No. 23.
18. Lehnert S. et al., *Evidence for co-evolution between human microRNAs and Alu-repeats*, „PLoS One” 2009, Vol. 4, No. 2, e4456.
19. Lei H., Vorechovsky I., *Identification of splicing silencers and enhancers in sense Alus: a role for pseudoacceptors in splice site repression*, „Molecular Cell Biology” 2005, Vol. 25, No. 16, s. 6912–6920.
20. Lev-Maor G. et al., *Intronic Alus influence alternative splicing*, „PLoS Genetics” 2008, Vol. 4, No. 9, e1000204.
21. Lev-Maor G. et al., *RNA-editing-mediated exon evolution*, „Genome Biology” 2007, Vol. 8, No. 2, R29.
22. Levy A. et al., *Large-scale discovery of insertion hotspots and preferential integration sites of human transposed elements*, „Nucleic Acids Research” 2010.
23. Lin L. et al., *Diverse splicing patterns of exonized Alu elements in human tissues*, „PLoS Genetics” 2008, Vol. 4, No. 10, e1000225.
24. Lunyak V.V. et al., *Developmentally regulated activation of a SINE B2 repeat as a domain boundary in organogenesis*, „Science” 2007, Vol. 317, No. 5835, s. 248–251.
25. Mariner P.D. et al., *Human Alu RNA is a modular transacting repressor of mRNA transcription during heat shock*, „Molecular Cell” 2008, Vol. 29, No. 4, s. 499–509.
26. Oei S.L. et al., *Clusters of regulatory signals for RNA polymerase II transcription associated with Alu family repeats and CpG islands in human promoters*, „Genomics” 2007, Vol. 83, No. 5, s. 873–882.
27. Pai D.A., Engelke D.R., *Spatial organization of genes as a component of regulated expression*, „Chromosoma” 2010, Vol. 119, No. 1, s. 13–25.
28. Schwartz S. et al., *Alu exonization events reveal features required for precise recognition of exons by the splicing machinery*, „PLoS Computational Biology” 2009, Vol. 5, No. 3, e1000300.
29. Trujillo M.A. et al., *The human growth hormone gene contains a silencer embedded within an Alu repeat in the 3'-flanking region*, „Molecular Endocrinology” 2006, Vol. 20, No. 10, s. 2559–2575.
30. Tsirigos A., Rigoutsos I., *Alu and b1 repeats have been selectively retained in the upstream and intronic regions of genes of specific functional classes*, „PLoS Computational Biology” 2009, Vol. 5, No. 12, e1000610.
31. Walters R.D. et al., *ImAluable junk: the cellular impact and function of Alu and B2 RNAs*, „IUBMB Life” 2009, Vol. 61, No. 8, s. 831–837.

32. Witherspoon D.J. et al., *Alu repeats increase local recombination rates*, „BMC Genomics” 2009, Vol. 10, No. 530.
33. Yakovchuk P. et al., *B2 RNA and Alu RNA repress transcription by disrupting contacts between RNA polymerase II and promoter DNA within assembled complexes*, „Proceedings National Academy of Science USA” 2009, Vol. 106, No. 14, s. 5569–5574.