POLSKIE TOWARZYSTWO PRZYRODNIKÓW im. KOPERNIKA

ROK XXVII Seria A BIOLOGIA ZESZYT 3 (152)

KOSMOS

DWUMIESIĘCZNIK

WARSZAWA 1978

PAŃSTWOWE WYDAWNICTWO NAUKOWE

KOMITET REDAKCYJNY

prof. dr Tadeusz Gorczyński, prof. dr Kazimierz Petrusewicz, prof. dr Aleksandra Przełęcka, prof. dr Przemysław Trojan, prof. dr Adam Urbanek, prof. dr Kazimierz Wierzchowski

redaktor naczelny: *prof. dr Włodzimierz Michajłow*

sekretarz: *mgr Jadwiga Kobuszewska*

Adres redakcji: 00-901 Warszawa, Pałac Kultury i Nauki
(tel. 20-02-11, wewn. 2544)

Państwowe Wydawnictwo Naukowe — Warszawa, Miodowa 10

Nakład 1290 + 110, ark. wyd. 9, ark. druk. 6,75. Papier druk. sat. kl. III, 80 g. 70 × 100.

Oddano do składania 2.IV.78. Podpisano do druku 16.VI.78 r.
Druk ukończono w czerwcu 1978 r.

Zam. 220/78. S-17 Cena zł 15,—

Warszawska Drukarnia Naukowa, Warszawa, Śniadeckich 8

ZOFIA KIELAN-JAWOROWSKA

POCHODZENIE TORBACZY I SSAKÓW ŁOŻYSKOWYCH *

Od bardzo wielu lat anatomowie i paleontologowie powszechnie przyjmują, że dwie grupy współczesnych *Theria* — ssaków właściwych, to jest ssaki łożyskowe (*Eutheria* lub *Placentalia*) i torbacze (*Metatheria* lub *Marsupialia*) są blisko ze sobą spokrewnione i pochodzą od wspólnego przodka. Wskazuje na to przede wszystkim budowa szkieletu, który jest niemal identyczny w obu grupach — jedyną różnicę stanowi występowanie w pasie miednicowym torbaczy tak zwanych kości torbowych, których brak u ssaków łożyskowych. Również i zęby trzonowe torbaczy i ssaków łożyskowych mają u prymitywnych przedstawicieli obu grup identyczną budowę, inną niż we wszystkich pozostałych grupach ssaków.

W ostatnich latach odkrycia embriologiczne, paleontologiczne i paleogeograficzne pozwoliły w pewnym przybliżeniu ustalić jak wyglądał i jak rozmnażał się wspólny przodek ssaków właściwych, oraz na jakich obszarach wyodrębniły się ssaki łożyskowe i torbacze. Celem niniejszego artykułu jest przedstawienie najnowszych danych dotyczących powstania obu grup.

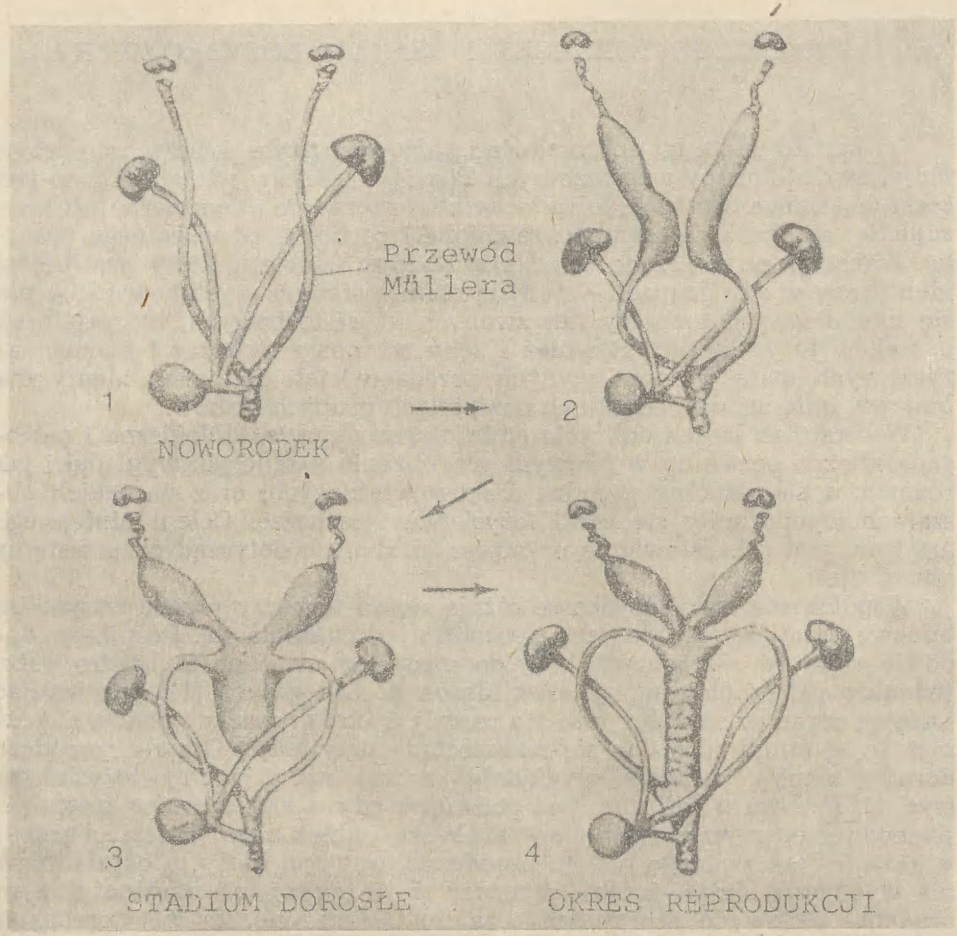
Współczesne ssaki łożyskowe różnią się od torbaczy przede wszystkim budową organów rozrodczych i sposobem rozmnażania się. Różnice w budowie organów rozrodczych były do niedawna uważane za bardzo duże, jednakże paleontolog amerykański Jason A. Lillegraven [11] porównując budowę organów rozrodczych i ich rozwój w obu grupach wykazał, że różnice te są mniejsze niż to się powszechnie przyjmuje. Organy rozrodcze dorosłej samicy torbacza wyglądają inaczej niż u samicy łożyskowca (rys. 1). Pochwa u torbaczy jest podwójna gdy u łożyskowców zrasta się w jeden nieparzysty organ; najważniejszą jednak różnicą jest obecność u torbaczy tak zwanego kanału pseudopochwowego, który u łożyskowców nie występuje. Jeżeli jednak zapoznać się z rozwojem ontogenetycznym organów płciowych samicy torbacza, to okazuje się, że we wczesnych stadiach ontogenezy mają one budowę typową dla innych kręgowców (rys. 2).

Rozwój embrionalny ssaków łożyskowych i torbaczy jest odmienny. U większości torbaczy nie wykształca się łożysko (tak zwane łożysko żółtkowe występujące u niektórych form nie jest utworem homologicznym do łożyska ssaków łożyskowych), ciąża trwa bardzo krótko i młode przychodzą na świat w bardzo niskim stopniu zaawansowania anatomicz-

---

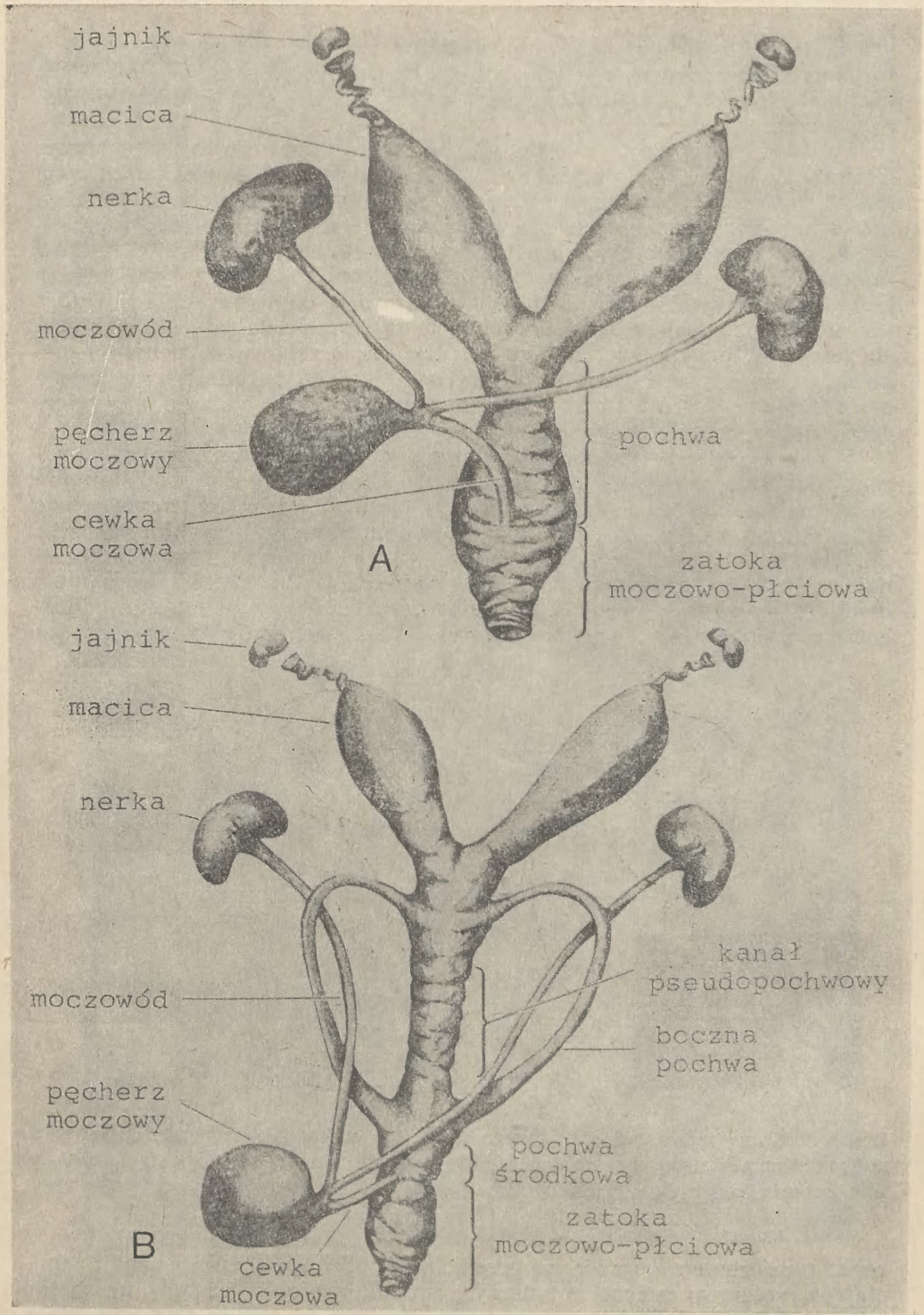
* Referat wygłoszony w języku angielskim pod tytułem "The problem of marsupial-placental dichotomy", na konferencji „Postępy biologii ewolucyjnej i teoretycznej", zorganizowanej przez Komitet Biologii Ewolucyjnej i Teoretycznej PAN. oraz Narodowy Komitet IUBS, w dniach 15—18 listopada 1977 r. w Warszawie.

nego. Cechą charakterystyczną torbaczy jak wiadomo jest występowanie u większości gatunków na brzuchu samicy torby, do której noworodki przedostają się po urodzeniu i spędzają tam 6—8 miesięcy życia, początkowo przyssane na stałe do sutki matki. Młode ssaków łożyskowych przychodzą na świat w znacznie bardziej zaawansowanym stopniu rozwoju niż torbacze i odżywiane są mlekiem matki, jednakże nie przysysając się na stałe do sutki.



Rys. 1. Porównanie budowy organów rozrodczych samicy ssaków łożyskowych i torbaczy (wg Lillegravena)

Gdy porównujemy rozwój embrionalny ssaków łożyskowych i torbaczy, nasuwa się pytanie, jak wyglądał noworodek wspólnych ich przodków. Innymi słowy czy wspólni przodkowie, były to formy jajorodne, tak jak dzisiejsze stekowce, jak to sugerują australijscy embriologowie, np. Sharman [14] oraz Tyndale-Biscoe [16], czy też były to formy żyworodne, a młode ich przychodziły na świat w formie takiej jak u dzisiejszych torbaczy. Seria interesujących prac, opublikowanych w ostatnich latach przez embriologów szwajcarskich, zwłaszcza przez dr Fabiolę Müller [13]

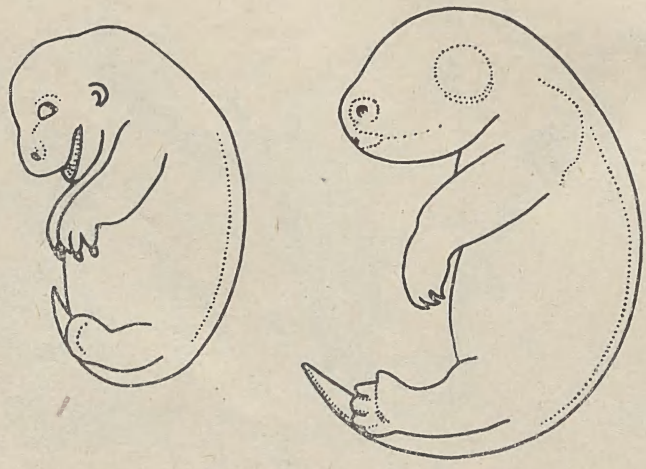


Rys. 2. Schematyczny rysunek przedstawiający rozwój embrionalny organów płciowych samicy torbacza (wg Lillegravena)

wskazuje na tę drugą możliwość. Jeżeliby przyjąć, że wspólny przodek torbaczy i łożyskowców był jajorodny, żyworodność u ssaków właściwych musiałaby powstać dwukrotnie raz u torbaczy i niezależnie u ssaków łożyskowych.

Torbacze rodzą się na bardzo niskim stopniu rozwoju anatomicznego. Noworodek oposa — *Didelphis* waży 1/10 000, gdy u człowieka 1/20 wagi matki. Noworodki torbaczy rodzą się przed wytworzeniem się jeszcze części nerwów czaszkowych i powiek, podział serca na komory i przedsionki jest niekompletny, płuca tworzą tylko unaczynione worki, a staw między szczęką dolną i czaszką jest jeszcze typu gadziego, to jest między kośćmi stawową od strony szczęki i kwadratową od strony czaszki (które jak wiadomo u ssaków przechodzą do ucha i przekształcają się w kostki słuchowe). Wtórny staw żuchowy, między kością zębową w żuchwie i łuskową w czaszce wytwarza się u torbaczy już po narodzeniu, w czasie przedłużonego procesu ssania, kiedy to noworodek jest na stałe przytwierdzony do sutki i żuchwa jest unieruchomiona.

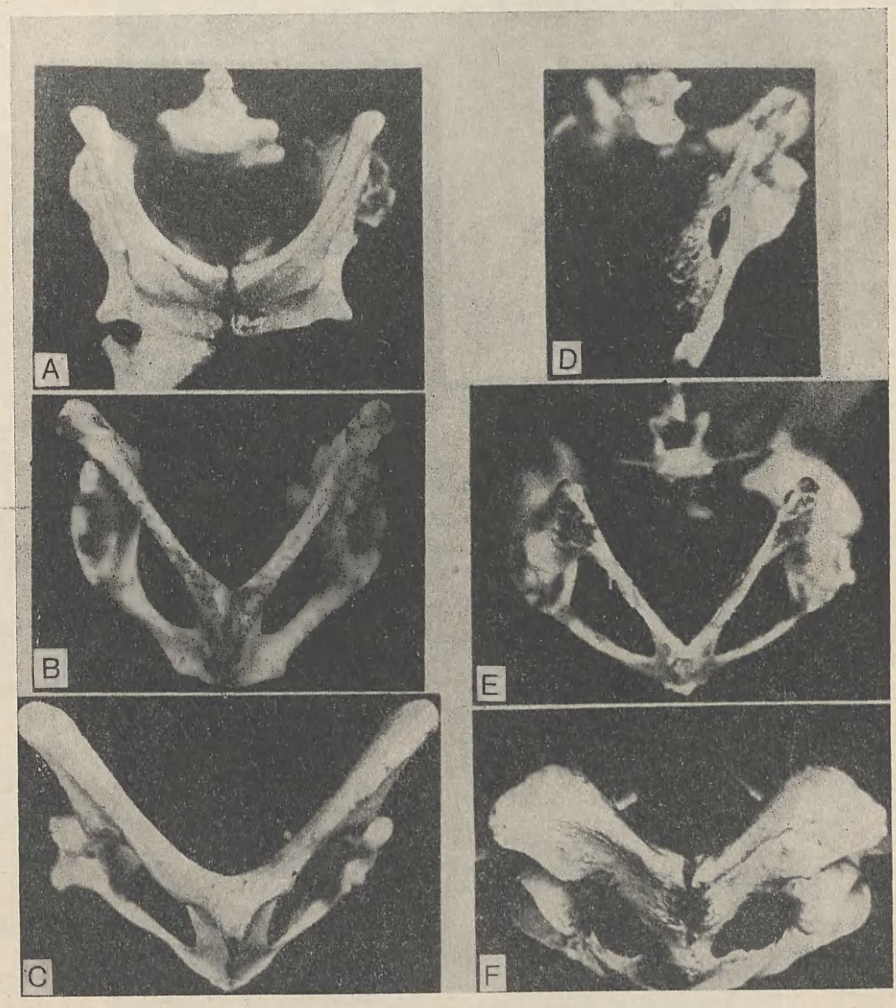
Mimo tego niezwykle niskiego stopnia rozwoju anatomicznego, noworodek torbacza przepełza samodzielnie z ujścia pochwy do torby, lub gdy torba nie występuje, do części sutkowej brzucha, gdzie przyczepia się do sutki. W związku z bardzo niskim stopniem rozwoju w jakim torbacze przychodzą na świat, wytwarza się u nich szereg przystosowań embrionalnych, tuż przed opuszczeniem dróg rodnych matki. Przed narodzeniem otwór ustny tworzy szeroką „gadzią" rozwartą paszczę, a mięśnie policzkowe nie są jeszcze wykształcone (rys. 3). W związku z tym na krótko



Rys. 3. Zasłony przejściowe na otworze ustnym u oposa. Z lewej embrion na dwa dni przed narodzeniem, z szeroką „gadzią" paszczą; z prawej jeden dzień później po wytworzeniu się zasłon przejściowych zarastających częściowo otwór ustny (wg Müller)

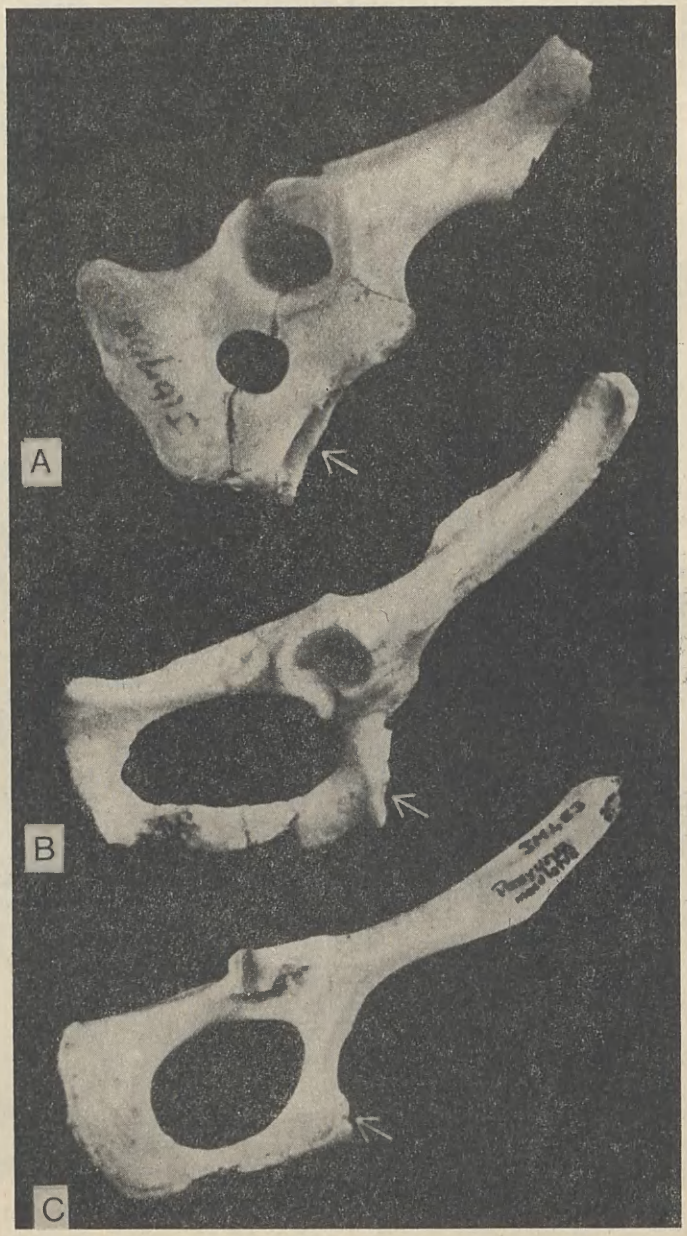
przed narodzeniem pojawia się przejściowa zasłona z tkanki łącznej, zarastająca częściowo duży otwór ustny i zmieniająca go w okrągły pyszczek, odpowiadający wielkością sutce matki. Zasłona ta zanika gdy wykształcają się mięśnie policzkowe. Podobne zasłony przejściowe pojawiają się przed narodzeniem na oczach i uszach torbaczy.

Ssaki łożyskowe, w przeciwieństwie do torbaczy rodzą się zazwyczaj z mięsistymi wargami i z policzkami, z powiekami i z wykształconymi uszami zewnętrznymi, przejściowe zasłony są więc im niepotrzebne. Jednakże jak wykazała Müller przejściowe zasłony pojawiają się podczas rozwoju embrionalnego u różnych ssaków łożyskowych, i zanikają następnie jeszcze podczas rozwoju embrionalnego. Mamy tu więc do czynienia z rekapitulacją podczas ontogenezy struktur, które były potrzebne we wcześniejszych stadiach filogenetycznych, gdy ciąża trwała znacznie krócej niż trwa u form współczesnych. Na tej podstawie można wyciągnąć wniosek, że bezpośredni wspólny przodek torbaczy i łożyskowców był żyworodny i młode przychodziły na świat w takim stadium, w jakim torbacze rodzą się obecnie.



Rys. 4. Porównanie kształtu łuku kulszowego, w widoku od dołu i od tyłu; A — kolczatka (w związku z jajorodnością łuk jest szeroki, ma kształt litery U), B — opos, C — kangur, D — późnokredowy barunlestes, E — tupaja, F — koń. Fotografie w różnej skali

Interesujące jest porównanie tych wniosków, opartych na embriologii, z danymi paleontologicznymi. Miednica ssaków ma różny kształt, w zależności od sposobu rozmnażania się. U jajorodnych stekowców miednica jest szeroko otwarta ku tyłowi i łuk kulszowy ma kształt litery U (rys. 4). Łuk kulszowy ma kształt litery V u ssaków właściwych, jednakże kąt pod



Rys. 5. Porównanie miednic w widoku z boku. A — kolczatka, B — barunlestes, C — dazyurus (torbacz). Strzałki wskazują zagłębienie na kości łonowej, zestawiające się z kością torbową. Fotografie w różnej skali

jakim kości kulszowe się spotykają waha się od ostrego u torbaczy i u gniazdnikowych łożyskowców, do kąta rozwartego u łożyskowców zagniazdników. Można stwierdzić, że ogólnie u żyworodnych ssaków łuk kulszowy powiększa się przy przedłużaniu się okresu ciąży. Tak więc kształt łuku kulszowego, wraz z innymi cechami, może wskazywać jaki był sposób rozmnażania się wymarłych ssaków. Najstarsze znane szkielety pozaczaszkowe ssaków właściwych zostały znalezione przez Polsko-Mongolskie Wyprawy Paleontologiczne na pustyni Gobi, w osadach z drugiej połowy okresu kredowego. U kredowego ssaka łożyskowego z rodzaju *Barunlestes* łuk kulszowy jest bardzo wąski (ryc. 4D). Budowa przedniej krawędzi kości łonowej (rys. 5) wskazuje, że kości torbowe mogły występować u barunlestesa [8]. Kości torbowe nie są związane z torbą i przypuszczalnie stanowiły cechę wszystkich ssaków prymitywnych, a zanikły wtórnie u ssaków łożyskowych w związku z przedłużeniem okresu ciąży.

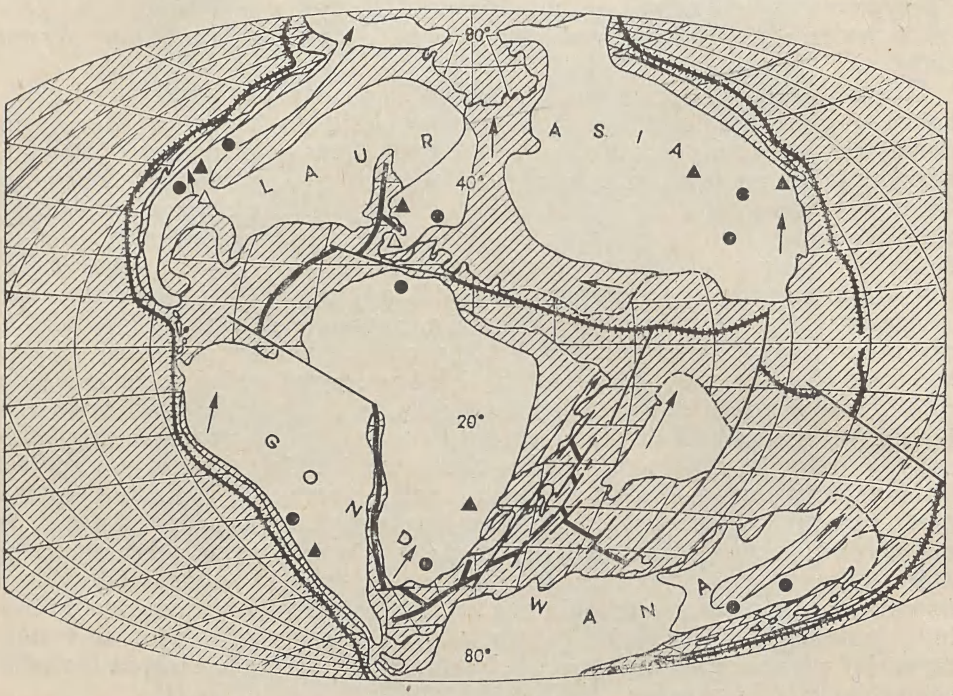
Ciąża u torbaczy zazwyczaj trwa krócej niż u ssaków łożyskowych, jednakże u pewnych torbaczy ciąża przedłuża się do 38 dni a więc trwa dłużej niż u niektórych ssaków łożyskowych. Jednakże torbacze „nie wykorzystują" tego przedłużenia okresu ciąży i noworodek przychodzi na świat zawsze na bardzo niskim stopniu rozwoju. Embriolodzy rozróżniają zjawiska rozszerzenia (expansion) i przedłużenia (extension) ciąży. U torbaczy okres ciąży jest czasem rozszerzony, ale nigdy nie jest przedłużony, i noworodek, mimo że przebywający niekiedy dłużej w łonie matki, nie osiąga wyższego stopnia rozwoju. Jest to związane z faktem, że u torbaczy nie wytworzył się trofoblast, który jest jak wiadomo tkanką zaczątkową łożyska u ssaków łożyskowych i który odgrywa niesłychanie ważną rolę w ich rozwoju embrionalnym. Fizjologia i anatomia trofoblastu nie jest dotychczas dobrze poznana, ostatnie badania embriologiczne [5] wskazują że trofoblast zarówno mechanicznie jak i fizjologicznie jest zdolny izolować antygeny zarodka od matczynych przeciwciał, i chroni tym samym zarodek od immunologicznej reakcji matki. U torbaczy system ten nie wykształcił się. Ciąża ich nie może być przedłużona, gdyż zarodek, który od początku jest obcym przeszczepem dla matki zostałby odrzucony po osiągnięciu pewnego stopnia rozwoju, tak jak byłby odrzucony każdy inny przeszczep. Tym można wytłumaczyć dlaczego torbacze „nie wykorzystują" przedłużonego w czasie rozwoju ciąży, dla wytworzenia bardziej zaawansowanego zarodka.

Zdaniem Lillegravena [11] krótki okres ciąży torbaczy i konieczność pokonywania przez noworodka trudnej drogi od ujścia pochwy do sutki, ograniczają w pewien sposób możliwości ewolucyjne torbaczy. Tym można jego zdaniem próbować tłumaczyć dlaczego wśród torbaczy nie pojawiły się formy przystosowane do życia w wodzie, ani też formy kopytne.

Dobrze zachowane ssaki łożyskowe z drugiej połowy okresu kredowego pustyni Gobi, wykazują w budowie czaszek jak i szkieletu pozaczaszkowego wiele cech, które zanikły następnie w dalszej ich ewolucji, a które zachowały się u współczesnych torbaczy. Są to niewątpliwie cechy które występowały u wspólnych przodków obu tych grup. Na podstawie materiału paleontologicznego zapewne nigdy nie będziemy mogli powiedzieć kiedy to w ewolucji ssaków łożyskowych wytworzył się trofoblast który umożliwił przedłużenie rozwoju embrionalnego i odegrał tak ważną rolę w dalszej ewolucji i zróżnicowaniu się tej grupy. Gdyby nie trofoblast ssaki zwane dziś łożyskowymi nie mogłyby nosić tej nazwy,

nie tylko dlatego że nie miałyby łożyska, ale również i dlatego że nikt by ich nie nazwał, gdyż ewolucja ich nie doprowadziłaby do powstania człowieka.

Jeżeli torbacze i łożyskowce pochodzą od wspólnych przodków, to nasuwa się pytanie jak się to stało że tak różniące się grupy mogły pojawić się mniej więcej w tym samym czasie. Było to możliwe jedynie na drodze rozwoju allopatrycznego, tzn. na obszarach izolowanych geograficznie. Przyjrzyjmy się historii obu grup z punktu widzenia paleogeografii. Jak wiadomo, zgodnie z teorią tektoniki płytowej, w triasie i jurze kontynenty zachodniej i wschodniej półkuli tworzyły jedną tarczę, poprzedzielaną morzami epikontynentalnymi (rys. 6). Ocean Atlantycki jesz-

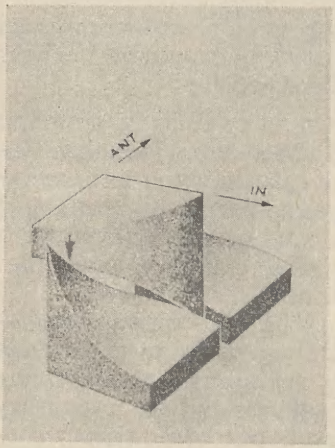


Rys. 6. Mapka rozmieszczenia kontynentów w późnej jurze — 135 mln lat temu. Kółkami oznaczono stanowiska obejmujące osady od górnej jury do dolnej kredy, w których znaleziono kręgowce lądowe, bez ssaków. Trójkątami oznaczono stanowiska tego samego wieku, w których znaleziono ssaki (wg Tedforda)

cze nie istniał. Triasowe i jurajskie fauny ssaków nie wykazują zróżnicowania geograficznego. Rodzaj *Morganucodon* (zwany też *Eozostrodon*) występuje w osadach najwyższego triasu w Chinach, Wielkiej Brytanii i w Południowej Afryce. Również i jura była okresem w którym na lądach nie obserwujemy znacznego zróżnicowania geograficznego flory i fauny. Sytuacja ulega zmianie od początku okresu kredowego, w związku z powstaniem barier oceanicznych między lądami (rys. 7).

Dokumentacja paleontologiczna dotycząca ewolucji ssaków właściwych w pierwszej połowie okresu kredowego jest bardzo skąpa.

Rys. 7. Mapa rozmieszczenia kontynentów w późnej kredzie — 65 mln lat temu. Kółkami oznaczono stanowiska w których znaleziono ssaki w osadach górnokredowych. Trójkątami oznaczono stanowiska w których znaleziono torbacze. Tethys — Ocean Tetydy; Turgai Str. — Cieśnina Turgajska (wg Tedforda)

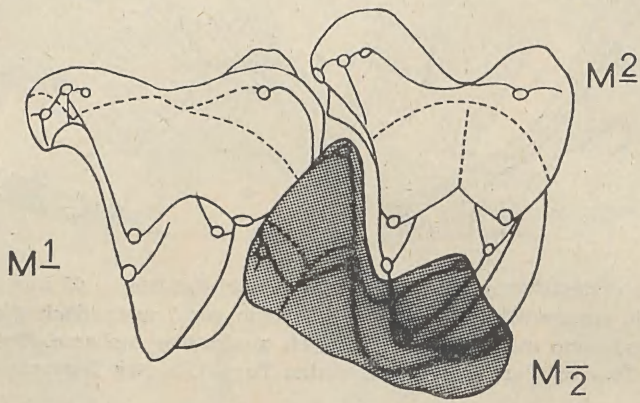


8. Schemat ilustrujący działanie zębów tribosfenicznych. Górne i dolne zęby trzonowe tworzą odwrócone trójkąty przesuwające się pionowo i poprzecznie w stosunku do siebie. Dla uproszczenia w zębach dolnych nie zaznaczono piętki (talonidu), w którą uderza guzek lingualny (protokon) zęba górnego. Strzałki oznaczają kierunki: ANT — przód, IN — środek (wg Cromptona)

Jak wspomniałam, jedną z cech odróżniających ssaki właściwe od wszystkich pozostałych ssaków jest budowa zębów trzonowych. U wczesnych przedstawicieli obu grup zęby te mają kształt odwróconych trójkątów (rys. 8). W roku 1936 znany paleontolog amerykański G. G. Simpson

wprowadził dla tego typu zębów nazwę zęby tribosfeniczne. Górny ząb trzonowy tworzy trójkąt zwany trigonem, z trzema podstawowymi guzkami (protokon, parakon, i metakon) umieszczonymi w kątach. Dolny ząb trzonowy składa się z dwóch części, trójkątnego trigonida, który w czasie zgryzu wchodzi w szczelinę między górnymi zębami i z tylnej, niższej części zwanej talonidem (piętką), w którą uderza wewnętrzny guzek górnego trzonowego — protokon (rys. 9).

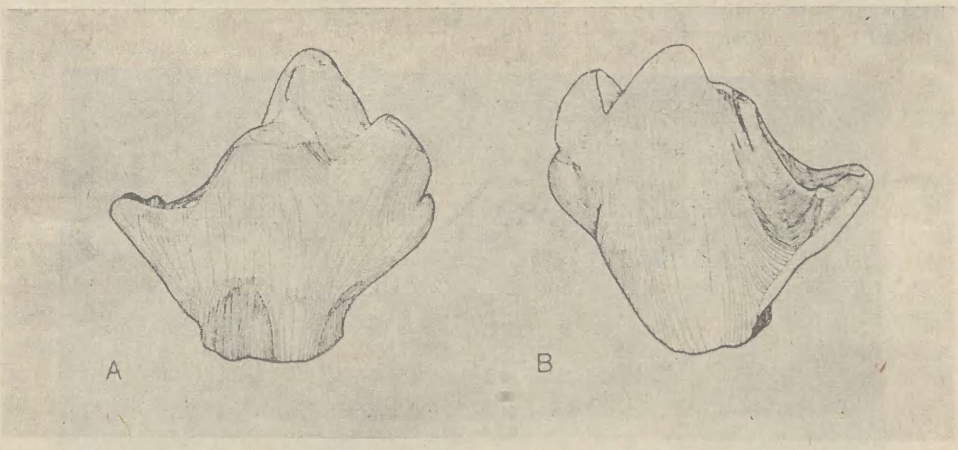
Przodkami ssaków właściwych są wymarłe jurajskie i wczesnokredowe Pantotheria (wszechzwierzęta), u których zęby trzonowe nie osiągnęły jeszcze formy odwróconych trójkątów. Na górnych trzonowych nie ma u nich jeszcze protokonu, to jest guzka położonego u ssaków właściwych najbardziej wewnętrznie (lingualnie); na dolnych trzonowych istnieje talonid, ale nie ma na jego górnej powierzchni zagłębienia, ponieważ nie istnieje protokon, który by je wyżłobił.



Rys. 9. Schemat ilustrujący budowę zębów trzonowych u późnokredowego ssaka łożyskowego z Mongolii *Kennalestes*. Rysunek ilustruje górne trzonowce pierwszy i drugi, w zgryzie z drugim dolnym trzonowcem

Wiadomo powszechnie, że formy przejściowe między dużymi grupami królestwa zwierząt należą do wielkich rzadkości. Niedawno jednakże paleontologowie odkryli wspólnego przodka ssaków łożyskowych i torbaczy. Niespecjalistom trudno będzie zapewne uwierzyć, że forma ta znana jest zaledwie z jednego dolnego zęba trzonowego, znalezionego w osadach najniższej (najstarszej) kredy Wielkiej Brytanii. Ten maleńki ząb, mierzący zaledwie nieco ponad 1 mm długości, opisany został w roku 1965 przez paleontologów brytyjskich (Kermack i in. 1965), pod nazwą *Aegialodon dawsoni* (rys. 10). Prof. Kermack ze współpracownikami niezwykle dokładnie zbadali maleńki, dość silnie starty ząb, rekonstruując wszystkie powierzchnie żujące i wyciągając słuszny wniosek, że był to najstarszy ssak właściwy. Czym się różni egialodon od swych bezpośrednich przodków jurajskich Pantotheria? Otóż ten dolny ząb trzonowy ma wykształcony niewielki talonid, na górnej powierzchni którego znajduje się zagłębienie. Jeżeli istnieje zagłębienie, to na zębach górnych musiał istnieć guzek — protokon, który w nie uderzał. Mamy więc tu do czynienia z najstarszym zębem tribosfenicznym, charakterystycznym dla ssaków właściwych. W roku 1971 A. W. Crompton, profesor paleontologii Uniwersy-

tetu Harvarda w Stanach Zjednoczodnych zrekonstruował wygląd górnego zęba egialodona [3]. W kilka lat później paleontolog mongolski Dażzeweg [4], znalazł w osadach najwyższej części dolnej kredy pustyni Gobi, a więc w osadach młodszych o ok. 20—25 mln lat od osadów w których znaleziono egialodona, dolny ząb trzonowy o podobnej budowie, który zaliczył do rodziny Aegialodontidae, nadając mu nazwę *Kielantherium gobiensis*. Wniosek z tego że konserwatywna linia z rodziny Aegialodontidae, to jest z grupy która dała początek ssakom łożyskowym i torbaczom, przetrwała przez wiele milionów lat, do czasów gdy już na Ziemi istnieli przedstawiciele niewątpliwych ssaków łożyskowych i torbaczy. Zęby najstarszych ssaków łożyskowych i torbaczy są bardzo trudne do rozróżnienia, zwłaszcza jeżeli zachowują się pojedyńczo. I tu i tam mamy do czynienia z typowo tribosfenicznymi trzonowymi, o formie odwróconych trójkątów. Współczesne ssaki łożyskowe i torbacze różnią się formułą zębową. Gdy u ssaków łożyskowych o pełnym uzębieniu w jednej połowie szczęki (dolnej lub górnej) występują trzy sieczne, 1 kieł, 4 przedtrzonowe i 3 trzonowe, to u torbaczy mamy 5 siecznych w szczęce górnej i 4 w szczęce dolnej, kieł, 4 przedtrzonowe i 3 trzonowe, przy czym wymianie podlega tylko ostatni przedtrzonowy.



Rys. 10. Dolny ząb trzonowy rodzaju *Aegialodon* z osadów dolnokredowych Wielkiej Brytanii. Ząb ten należy do zwierzęcia będącego najstarszym znanym wspólnym przodkiem ssaków łożyskowych i torbaczy; pozostałe zęby i części szkieletu nie są znane. Długość zęba wynosi nieco ponad 1 mm. A — Widok od strony dojęzykowej, B — widok od strony policzkowej (wg Kermacka i współpracowników)

Dokumentacja paleontologiczna dotycząca wczesnych etapów rozwoju ssaków właściwych jest bardzo skąpa. Po egialodonie następuje przerwa w dokumentacji, która obejmuje ok. 15—20 milionów lat. Następne szczątki ssaków właściwych znane są z osadów z końca pierwszej połowy okresu kredowego (z Albu) z dwóch miejsc na świecie: z Teksasu i z Chowbur na pustyni Gobi w Mongolii. Fauna z Chowbur jest lepiej zachowana niż z Teksasu. Z wyjątkiem jednego zęba, wzmiankowanego wyżej *Kielantherium*, bardzo zbliżonego do brytyjskiego egialodona, fauna ta nie została jeszcze opisana. Jednakże wstępne doniesienia publikowane przez paleontologów radzieckich donoszą, że w kolekcji Instytutu Paleontologicznego w Moskwie znajduje się kilkaset pojedyńczych zębów i fragmentów szczęk

z zębami z Chowbur, wśród których przeważają ilościowo zęby ssaków łożyskowych należące do rodzaju nazwanego przez paleontologa radzieckiego B. A. Trofimowa *Prokennalestes*. Rodzaj *Prokennalestes*, z jednym gatunkiem *P. kozlovi*, został nazwany, lecz dotychczas nie opisany, zgodnie więc z regułami nomenklatury zoologicznej, jest to nomen nudum. Ponieważ jest to forma bardzo ważna dla rozważań o ewolucji ssaków łożyskowych, wielu paleontologów z różnych krajów europejskich i z Ameryki Północnej odwiedziło w ostatnich latach Instytut Paleontologiczny w Moskwie i informacje o prokennalestesie, publikowane za zgodą dr Trofimowa można znaleźć w licznych pracach dotyczących ewolucji tych ssaków. *Prokennalestes* jest najstarszym znanym ssakiem łożyskowym. Ma on w żuchwie pięć zębów przedtrzonowych i 3 trzonowe, gdy u prymitywnych współczesnych ssaków łożyskowych występują tylko 4 zęby przedtrzonowe. Liczba zębów przedtrzonowych w górnej szczęce jest nie znana. Nazwa rodzajowa *Prokennalestes* nadana przez Trofimova sugeruje że jest to przodek rodzaju *Kennalestes*, znanego z osadów górno-kredowych Mongolii. Kompletne czaszki kennalestesa zebrane przez Polsko-Mongolskie Ekspedycje Paleontologiczne znajdują się w Zakładzie Paleobiogloii Polskiej Akademii Nauk w Warszawie (rys. 11). Budowa zarówno zębów jak i czaszki wskazuje, że kennalestes jest niewątpliwym ssakiem łożyskowym.

Rys. 11. Czaszka późnokredowego ssaka łożyskowego z Mongolii, z rodzaju *Kennalestes*, znaleziona przez Polsko-Mongolskie Ekspedycje Paleontologiczne (× 4)

W osadach dolnej i górnej kredy Mongolii nie znaleziono szczątków torbaczy. Wprawdzie w osadach górno-kredowych występuje rodzina Deltatheridiidae, która ma wzór zębowy zbliżony do torbaczy (3 przedtrzonowe i 4 trzonowe), jednakże czwarty trzonowy u niektórych rodzajów zanika, co nie jest typowe dla torbaczy. Ponadto budowa zębów również odbiega od budowy charakterystycznej dla wczesnych torbaczy. Dlatego też Deltatheridiidae nie zostały zaliczone do torbaczy [2, 8], lecz uznane za trzecią niezależną gałąź ssaków właściwych.

Fauna ssaków dolno-kredowych z Teksasu jest trudniejsza do interpretacji niż ssaki z Chowbur. Większość materiału wydobytego drogą ogromnego wysiłku — przeszlamowania 50 t osadu — stanowią pojedyncze zęby. W całej kolekcji znajdują się tylko dwa fragmenty szczęk.

Nie ma chyba paleontologa zajmującego się ssakami mezozoicznymi, który by nie zabierał głosu w sprawie fauny z Teksasu. Jedni uważają, że występują tam przedstawiciele zarówno torbaczy, jak i ssaków łożyskowych, inni natomiast uważają że nie ma tam ssaków łożyskowych. Mówiąc o faunie z dolnej kredy Teksasu należy pamiętać, że kontynent północno-amerykański był podzielony w tym czasie morzem, łączącym Ocean Arktyczny z Zatoką Meksykańską. Wszystkie znane stanowiska ssaków górno-kredowych Ameryki Północnej pochodzą z zachodniej części kontynentu, a więc z innego lądu niż fauna Teksasu.

Ostatnio paleontolog brytyjski P. M. Butler [1] wypowiedział pogląd że w faunie dolno-kredowych ssaków Teksasu nie występują ani torbacze, ani ssaki łożyskowe, lecz trzecia odrębna grupa ssaków właściwych.

Fauny ssaków górno-kredowych Ameryki Północnej są znacznie gorzej zachowane niż na pustyni Gobi. Nie znane też są ssaki z osadów wcześniejszych niż druga połowa późnej kredy. Wszystkie znane stanowiska występowania ssaków górno-kredowych w Ameryce Północnej obejmują tylko osady drugiej połowy górnej kredy. Początkowo w faunie tej ze ssaków właściwych występują tylko torbacze. W następnych poziomach pojawiają się pierwsze ssaki łożyskowe, które ku końcowi kredy zaczynają dominować, wypierając stopniowo torbacze.

Prócz ssaków właściwych w osadach górno-kredowych Azji i Ameryki Północnej występują przedstawiciele wymarłej grupy zwanej *Multituberculata* (wieloguzkowce). Kredowe multituberkulaty są znacznie liczniejsze i lepiej poznane niż ssaki właściwe z tego samego okresu. Przeprowadzając porównania multituberkulatów Ameryki Północnej i Azji udało się wykazać [7], że pewne rodziny tych saków występują tylko w Ameryce Północnej, część jest endemiczna dla Azji, istnieją jednak dwie rodziny Taeniolabididae i Eucosmodontidae które powstały w Azji i w drugiej połowie okresu kredowego przewędrowały z Azji do Ameryki Północnej. Można prześledzić rozwój jednego przedstawiciela rodziny Taeniolabididae rodzaju *Catopsalis*, którego ewolucja dotyczyła stopniowego zwiększania rozmiarów, zwiększania ilości guzków na zębach trzonowych oraz zmniejszania rozmiarów i zmianę kształtu czwartego zęba przedtrzonowego. Dwa najstarsze gatunki tego rodzaju występują w kolejnych poziomach geologicznych kredy Mongolii. Dalsza ewolucja rodzaju odbywała się w Ameryce Północnej, gdzie pojawia się on w najmłodszej kredzie i następnie przechodzi do paleocenu, będąc reprezentowany w kolejnych poziomach geologicznych przez gatunki o coraz to większych rozmiarach i o coraz bardziej skomplikowanym uzębieniu.

Tak więc można było wykazać, że pewne grupy multituberkulatów w drugiej połowie okresu kredowego przewędrowały z Azji do Ameryki Północnej, i tam się zróżnicowały, gdy żadna z grup północno-amerykańskich multituberkulatów nie dotarła do Azji.

Podobne rozprzestrzenienie wykazują ssaki właściwe [10]. Torbacze, dominujące początkowo w osadach górno-kredowych Ameryki Północnej, do Azji nigdy nie dotarły, natomiast ssaki łożyskowe, które przypuszczalnie powstały w Azji w pierwszej połowie okresu kredowego, w drugiej

połowie tego okresu przewędrowały do Ameryki Północnej i spowodowały zubożenie występującej tam fauny torbaczy.

Jak można wytłumaczyć jednokierunkową migrację z jednego kontynentu na drugi? Znany paleontolog amerykański G. G. Simpson [15] wyróżnił trzy sposoby rozprzestrzeniania się zwierząt lądowych, które nazwał: korytarz, filtr i loteria. Korytarz stanowi drogę, przez którą możliwa jest wymiana wszystkich gatunków zwierzęcych zamieszkujących oddalone tereny. Filtr tworzy niekompletną barierę, przez którą mogą przedostawać się tylko pewne zwierzęta, gdy inne są zatrzymywane. Loteria stanowi drogę przez którą przedostanie się jest bardzo mało prawdopodobne, niemniej jednak, niektóre zwierzęta ją przekraczają. Przedostanie się zwierząt z jednego kontynentu na drugi drogą loterii zwykle zachodzi w jednym tylko kierunku. Gdy dwa kontynenty oddzielone są barierą morską, pewne zwierzęta lądowe mogą przedostać się z jednego kontynentu na drugi przenoszone wraz z prądami morskimi na przykład na dryfującym drzewie. Szanse przedostania się są bardzo małe, tak jak szanse wygrania na loterii, lecz mimo to ktoś zawsze wygrywa. Azja i Ameryka Północna były oddzielone od siebie w drugiej połowie okresu kredowego z jednej strony przez Ocean Atlantycki, morza epikontynentalne Europy i cieśninę Turgajską, z drugiej strony przez znacznie większy niż obecnie obszar cieśniny Beringa, a od północy przez Ocean Arktyczny z archipelagiem wysp Spitsbergenu.

Kierunek prądów morskich istniejących wówczas przypuszczalnie umożliwiał rzadkie migracje z Azji do Ameryki Północnej, lecz uniemożliwiał migracje w kierunku przeciwnym. Trudno jest jednakże ocenić, którą z wymienionych tu trzech dróg migracja ta mogła mieć miejsce.

Może wydawać się dziwne, że mówiąc o rozprzestrzenianiu ssaków w okresie kredowym ograniczam się tylko do obszarów Azji i Ameryki Północnej. Ma to swoje uzasadnienie. Europę przez większą część okresu kredowego zalewały płytkie morza epikontynentalne i z osadów górnej kredy Europy znany jest tylko jeden dolny ząb trzonowy, ssaka łożyskowego, znaleziony w okolicach Montpellier. W Australii, Afryce i na Antarktydzie mimo poszukiwań nie znaleziono dotychczas żadnych szczątków ssaków kredowych. W Ameryce Południowej znane jest tylko jedno stanowisko ssaków z górnej kredy, nie jest jednakże pewne czy nie są to osady dolnego trzeciorzędu. Z konieczności rozważania nasze musimy więc ograniczać do dwóch kontynentów z których ssaki kredowe są najlepiej poznane.

Dane, którymi paleontologowie rozporządzają obecnie sugerują że ssaki łożyskowe powstały w Azji, nie jest natomiast jasne na którym kontynencie wyodrębniły się torbacze. Do niedawna przeważał pogląd że torbacze powstały na kontynencie północno-amerykańskim, skąd znane są najstarsze ich szczątki, chociaż niektórzy paleontologowie uważają, że kontynentem tym była Ameryka Południowa. Ostatnio paleontolog amerykański Kirsch (1977) wysunął hipotezę, że miejscem wyodrębnienia się torbaczy była Australia, skąd w drugiej połowie okresu kredowego rozprzestrzeniłyby się one poprzez Antarktydę i Amerykę Południową do Ameryki Północnej. Jakikolwiek byłby kierunek wędrówki torbaczy poprzez girlandę kontynentów łączących w kredzie Amerykę Północną i Australię, nie ulega wątpliwości, że torbacze powstały na którymś z kontynentów tej girlandy, oddzielonej wówczas oceanami od lądów Starego Świata.

Dzisiejsze rozmieszczenie ssaków łożyskowych i torbaczy powstało w wyniku rozmieszczenia i wędrówek kontynentów w kredzie i trzeciorzędzie. Możemy sobie wyobrazić, że gdyby w okresie kredowym, gdy powstawały ssaki łożyskowe i torbacze wszystkie kontynenty Ziemi tworzyły jeden ląd, który nie uległby następnie rozdzieleniu, szanse przetrwania torbaczy do naszych czasów byłyby minimalne.

Addendum. W czasie gdy artykuł ten był złożony do druku, ukazała się w Nature (vol. 271, p. 288, luty 1978) notatka autorek amerykańskich J. Mary Taylor i Helen A. Padykula „Marsupial trophoblast and mammalian evolution", które wykazują że Lillegraven (1975) jest w błędzie stwierdzając że trofoblast występuje wyłącznie u ssaków łożyskowych i wykazują istnienie trofoblastu u torbaczy. Jednakże istnienie tkanki trofoblastycznej u torbaczy nie zmienia faktu że torbacze „nie wykorzystują" jak to określa Lillegraven przedłużonego okresu ciąży na wytworzenie bardziej zaawansowanego zarodka. Wydaje się, że trofoblast torbaczy nie spełnia tej samej roli co trofoblast ssaków łożyskowych, który mechanicznie i immunologicznie izoluje antygeny zarodka od matczynych przeciwciał, umożliwiając przedłużenie okresu ciąży.

LITERATURA

[1] Butler P. M. — *The Trinity therians reconsidered.* Postilla, w druku.

[2] Butler P. M. i Kielan-Jaworowska, Z., *Is Deltatheridium a marsupial?* Nature 245, 105—106, 1973.

[3] Crompton A. W. — *The origin of the tribosphenic molar.* w: „Early mammals" pod red. D. M. Kermack i K. A. Kermack. — Journ. Linn. Soc. Zool. 50, suppl. 1, 65—87, 1971.

[4] Dashzeveg D. — *New primitive therian from the Early Cretaceous of Mongolia.* — Nature, 256, 402—403, 1975.

[5] Jacobs B. B., Uphoff D. E. — *Immunologic modification: A basic survival mechanism.* Science 185, 582—587, 1974.

[6] Kermack K. A., Lees P. M., Mussett F. — *Aegialodon dawsoni, a new trituberculosectorial tooth from the Lower Wealden.* Proc. Roy. Soc. London, B (Biol. Sci), 162, 535—554, 1965.

[7] Kielan-Jaworowska Z. — *Migrations of the Multituberculata and the Late Cretaceous connections between Asia and North America.* Ann. S. Afr. Mus. 64, 231—243, 1974.

[8] Kielan-Jaworowska Z. — *Possible occurrence of marsupial bones in Cretaceous eutherian mammals.* Nature, 255, 698—699, 1975a.

[9] Kielan-Jaworowska Z. — *Evolution of the therian mammals in the Late Cretaceous of Asia. Part I. Deltatheridiidae.* Results Polish-Mong. Palaeont. Exped. Pt. VI, Palaeontologia Polonica 33, 103—132, 1975b.

[10] Kielan-Jaworowska Z. — *Evolution and migrations of the Late Cretaceous therian mammals.* Colloque int. CNRS no. 218. Problèmes actuels de Paléontologie — Évolution des Vertébrés, Paris, 573—584, 1975c.

[11] Lillegraven J. A. — *Latest Cretaceous mammals of the upper part of the Edmonton Formation of Alberta, Canada, and a review of marsupial-placental dichotomy in mammalian evolution.* Univ. Kansas Paleont. Contribs., Art. 50 (Vertebrata 12), 1—122, 1969.

[12] Lillegraven J. A. — *Biological considerations of the marsupial-placental dichotomy.* Evolution, 29, 701—722, 1975.

[13] Müller F. — *Zur stammesgeschichtilichen Veränderung der Eutheria-Ontogenesen. Versuch einer übersicht aufgrund vergleichend morphologischer Studien an Marsupialia und Eutheria.* Rev. suisse Zool. 79, 1—79, 501—566, 567—611, 1599—1685, 1972—1973.

[14] Sharman G. B. — *Reproductive physiology of marsupials.* Science 167, 1221 — —1228, 1970.

[15] Simpson G. G. — *Evolution and geography. An essay on historical biogeography.* Condon Lectures, Oregon, 1, 1962.

[16] Tyndale-Biscoe H. — *Life of marsupials.* Edward Arnold (publ.) Ltd., London, 1—254, 1973.

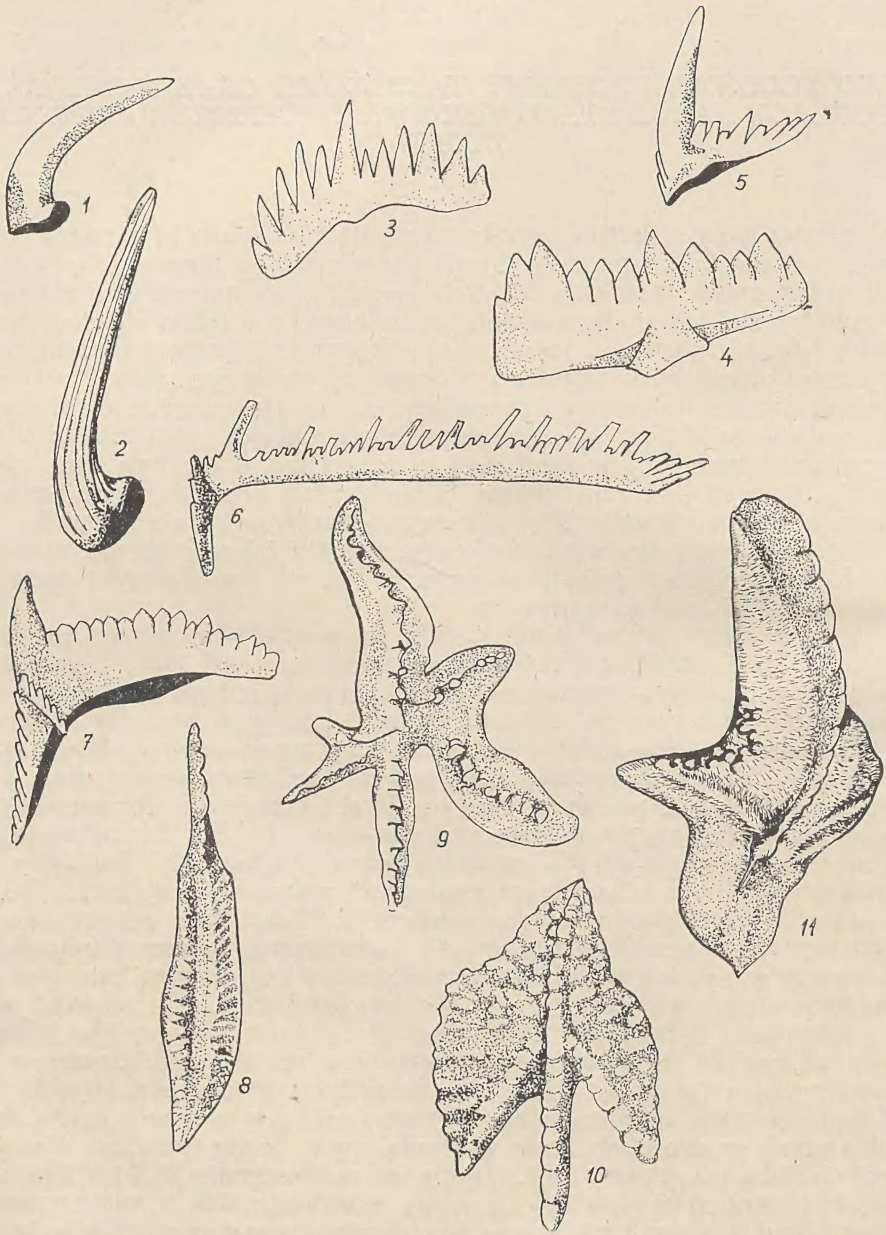
MARIA NEHRING

KONODONTY, PROBLEMY TAKSONOMII ORAZ NIEKTÓRE POGLĄDY NA ICH STANOWISKO SYSTEMATYCZNE I FUNKCJE ŻYCIOWE

Konodonty są to drobne, zębokształtne skamieniałości zbudowane z fosforanu wapnia. Stanowią one jedyną pozostałość po nieznanych, wymarłych organizmach morskich, których pozycji systematycznej i powiązań z innymi przedstawicielami świata zwierzęcego nie udało się dotychczas ustalić. Występowanie ich jest niemal wyłącznie związane z osadami powstałymi w zbiornikach morskich. Konodonty są bardzo pospolite w wapieniach drobnoziarnistych towarzysząc często głowonogom i szczątkom ryb, rzadziej natomiast znajduje się je w wapieniach rafowych. Duże nagromadzenia konodontów spotykane są zazwyczaj w osadach, które powstawały w wyniku bardzo wolno zachodzących procesów sedymentacji. Nagromadzeniom konodontów towarzyszą zazwyczaj duże skupiska minerałów takich jak glaukonit, fosforyty, związki żelaza i piryt. Najstarsze konodonty znalezione zostały w osadach kambru środkowego i znane są z paleozoiku i starszego mezozoiku.

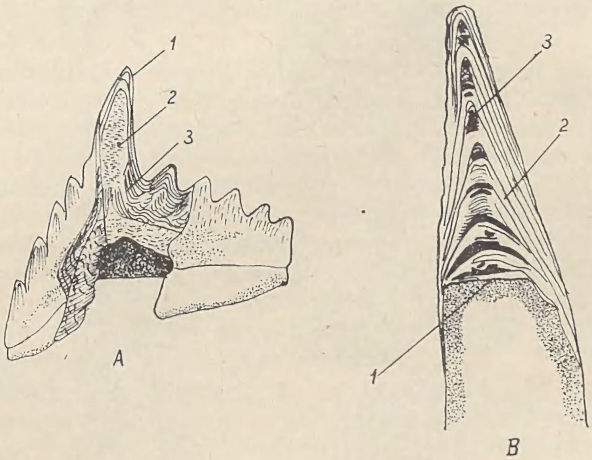
Skamieniałości te znalezione zostały po raz pierwszy przez Christiana Pandera (1794—1865), uczonego, który poczynając od 1820 r. prowadził geologiczne i paleontologiczne badania osadów starszego paleozoiku rozprzestrzeniających się na obszarze Estonii, Łotwy, a także w okolicach Petersburga. W roku 1856 w opublikowanej przez siebie „Monographie der fossilen Fische des silurischen Systems der russisch-baltischen Gouvernements" Pander po raz pierwszy nazwał i opisał te nie znane dotychczas szczątki organiczne. Poczynając od tego momentu konodonty stały się obiektem zainteresowania zarówno paleontologów, jak i geologów tak z uwagi na ich nie ustaloną przynależność systematyczną jak i wysoką przydatność w badaniach stratygraficznych. Niezależnie od rozwiązania problemów biologicznych dotyczących konodontów, te szczątki organiczne okazały się znakomitymi skamieniałościami użytecznymi zarówno dla ustalenia wieku zawierających je osadów, jak i korelacji morskich osadów paleozoiku i starszego mezozoiku. W Polsce systematyczne badania nad konodontami ze szczególnym uwzględnieniem ich przydatności w badaniach geologicznych rozpoczęto w początkach lat sześćdziesiątych jednakże pierwsza wzmianka o ich występowaniu w osadach dewońskich odsłoniętych w okolicach Kielc pojawiła się w pracy uczonego niemieckiego Güricha już w roku 1901. Geolog ten na przełomie XIX i XX w. zajmował się badaniami osadów starszego paleozoiku Gór Świętokrzyskich. Badania nad konodontami prowadzone ostatnio przez pracowników Instytutu Geologicznego, Polskiej Akademii Nauk i Uniwersytetu Warszawskiego obejmują wszystkie formacje geologiczne w których skamieniałości te występują.

Morfologicznie konodonty są bardzo zróżnicowane tworząc proste lub zakrzywione pojedyńcze stożki, długie ząbkowane beleczki lub też formy złożone z kilku łączących się pomiędzy sobą uzębionych gałęzi. Odrębny typ morfologiczny stanowią formy u których rozwinięta jest płytkokształtna platforma o charakterystycznej ornamentacji składającej się z guzków i żeberek (rys. 1). Są one bardzo niewielkie — na ogół wymiary



Rys. 1. Morfologiczne typy konodontów
1, 2 — konodonty typu pojedyńczego stożka; 3, 4, 5 — konodonty ostrzowe; 6, 7 — konodonty gałązkowe; 8—11 — konodonty platformowe

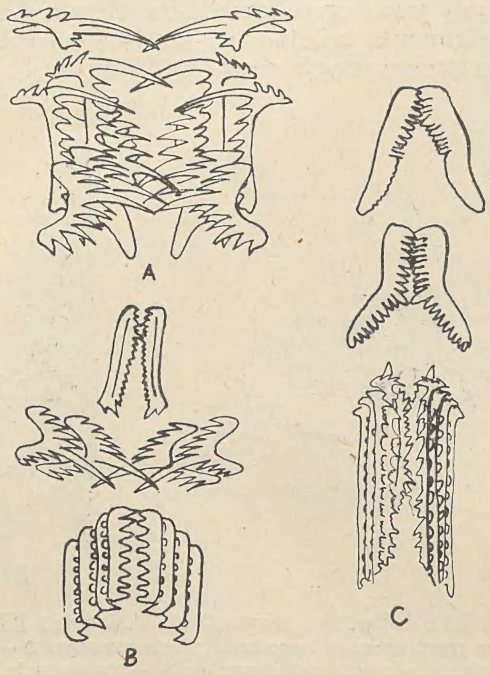
ich zamykają się w granicach 0,5—2 mm. Konodonty zbudowane są z cienkich, przylegających do siebie fosforanowych warstewek układających się koncentrycznie wokół wierzchołka tak zwanej jamy bazalnej. W miarę wzrostu konodonta warstewki te ulegały zagęszczeniu w pewnych określonych kierunkach wzdłuż osi wzrostu tworząc formy ząbkowane. Konodonty posiadały właściwość regeneracji uszkodzonych elementów (rys. 2). W przypadku, gdy jakaś część konodonta ulegała w trakcie trwającego procesu wzrostu złamaniu, kolejno następujące po sobie warstewki spowijały wierzchołki zniszczonych części doprowadzając do ich całkowitej rekonstrukcji.



Rys. 2. Budowa wewnętrzna konodonta [6]
A — przekrój podłużny prymitywnego konodonta platformowego: 1 — wierzchołek (ząb główny), 2 — biała substancja, 3 — warstewki (lamelle); B — regeneracja wierzchołka konodonta: 1 — odłamany wierzchołek konodonta, 2 — warstewki (lamelle), 3 — przestrzenie międzywarstewkowe

Śledząc ponad 100-letnią historię badań konodontów podkreślić należy następujące wydarzenia, które w sposób istotny ukierunkowały przebieg prac nad nimi. Tak więc Pander, który uważał konodonty za szczątki nieznanych ryb opisując je nadawał odrębne nazwy rodzajowe i gatunkowe różniącym się od siebie morfologicznie okazom. Stworzył on tym samym podwaliny pod sztuczną klasyfikację konodontów, która została powszechnie zaakceptowana, a co więcej znalazła powszechne zastosowanie w badaniach geologicznych. Wprawdzie już w 1879 r. Hinde postawił hipotezę o istnieniu nie zidentyfikowanych wymarłych organizmów, które zawierały zespoły morfologicznie zróżnicowanych konodontów, jednak większość badaczy lat 1900—1930 nadawało nazwy rodzajowe i gatunkowe indywidualnym elementom. Znalezienie przez Schmidta (1934) i Scotta (1934) zbiorowisk konodontów w układach jak się wydaje zbliżonych do naturalnych (natural assemblages) potwierdziło słuszność koncepcji gatunków wieloelementowych. Pomimo to w latach 1934—1970 niemal z reguły kreowano taksony opierając się wyłącznie na kryteriach morfologicznych. Prowadzone w ten sposób badania aczkolwiek zaciemniały biologiczny aspekt prawidłowej taksonomii konodontów, to jednak miały ogromne znaczenie zarówno z uwagi na opisanie bardzo dużej ilości sztucznych taksonów oraz ich ścisłe zlokalizowanie w osadach paleozoiku i starszego mezozoiku jak

również dokładne rozpoznanie budowy wewnętrznej i składu chemicznego izolowanych konodontów. Badania te stały się podwaliną niezbędną dla powszechnego wprowadzenia taksonomii naturalnej opartej na istnieniu wieloelementowych rodzajów i gatunków.



Rys. 3. Schematyczne układy elementów konodontowych w zbiorowiskach naturalnych
A — Duboisella Rhodes, B — Illinella Rhodes, C — Scottognathus Rhodes [2]

Badania naturalnych zbiorowisk konodontów oparte są na założeniu, że w organiźmie nie zidentyfikowanego dotychczas zwierzęcia znajdowały się fosforanowe elementy (konodonty) wypełniające nie wyjaśnione dotychczas funkcje. Elementy te najprawdopodobniej były ułożone w sposób charakterystyczny dla określonych taksonów, tworzyły układy składające się z kilku odrębnych typów morfologicznych występujących w różnych, ale charakterystycznych dla danego taksonu proporcjach. Po śmierci zwierzęcia układy te (określane jako aparaty) zazwyczaj rozsypywały się skutkiem czego znane nam fauny konodontowe stanowią zazwyczaj bezładne zbiorowisko elementów konodontowych. Z elementów tych coraz częściej rekonstruuje się domniemane aparaty konodontowe (rys. 3). Znajdywanie na powierzchniach sedymentacyjnych osadów dość dobrze zachowanych aparatów konodontowych pozwoliło na stworzenie modeli służących do odtwarzania aparatów przy użyciu metod statystycznych.

W chwili obecnej istnieją trzy podstawowe kierunki badań prowadzące do grupowania sztucznych gatunków i rodzajów w naturalne taksony wieloelementowe. Jednym z nich są badania nad zbiorowiskami elementów

konodontowych (assemblages, conodont assemblages). Zbiorowiska te reprezentują residuum zachowane po śmierci i zniszczeniu ciała domniemanego organizmu konodontonośnego określonego przez niektórych badaczy terminem „konodontoforid". Elementy konodontowe zazwyczaj wykazują bilateralną symetrię aparatu w którym formy morfologicznie odmienne zajmują określone położenie.

W residuum powstałym w wyniku rozpuszczenia osadu znajdywane są niekiedy gromadki (clusters) konodontów stopniowych razem. Układ ich wskazuje, że były one w ten sposób połączone w tkance konodontoforida. Ten typ zbiorowisk konodontów określany jest często w literaturze paleontologicznej terminami: naturalne zbiorowisko (natural assemblage), zbiorowisko elementów zrośniętych (fused elements assemblage) lub zbiorowisko „in situ".

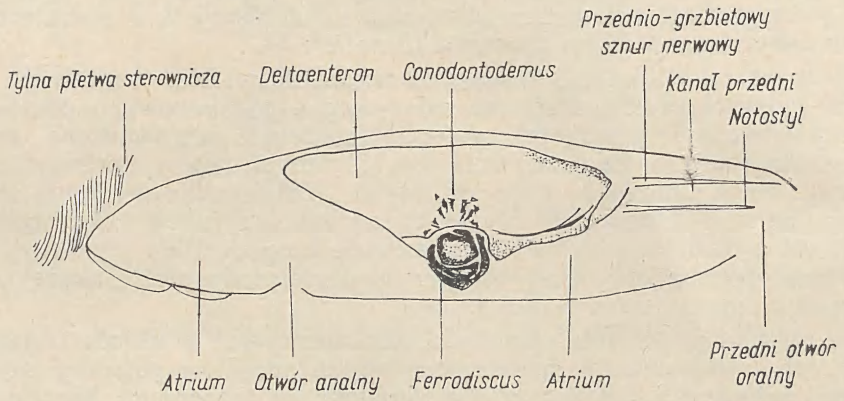
Wraz z powstaniem wielkich kolekcji konodontów o podobnych zasięgach stratygraficznych w różnych regionach kuli ziemskiej i występujących w podobnych proporcjach ilościowych rozwinęła się statystyczno-empiryczna metoda rekonstrukcji aparatów konodontowych. Metoda ta zastosowana została po raz pierwszy przez Wallisera [11]. Autor ten nadając indywidualnym konodontom sylurskim i dolnodewońskim stanowiącym przedmiot jego badań nazwy zgodnie z zasadami paratoksonomii, wyraźnie wskazał, że szereg przebadanych przez niego gatunków sztucznych pojawia się w osadach w określonych proporcjach i ma wspólny zasięg stratygraficzny. Walliser zgrupował te elementy w 9 aparatach konodontowych określonych umownie literami A—J.

Klapper i Philip [3] dowodzą, że większość wieloelementowych aparatów paleozoicznych odtwarzać należy wg 4 podstawowych planów. W zaproponowanych przez tych autorów modelach wprowadzona została symbolika literowa dla oznaczenia poszczególnych typów morfologicznych tworzących je elementów konodontowych. Jednocześnie zwrócona została uwaga na niejednakową szybkość zmian ewolucyjnych poszczególnych elementów. Tak na przykład beleczkowate hindeodellidy wykazują dużą stabilność podczas gdy inne (na przykład elementy platformowe) zmieniają się nieporównanie szybciej.

W wyniku znalezienia zbiorowisk konodontowych w układach naturalnych oraz rekonstrukcji wieloelementowych aparatów pojawiły się problemy związane z istnieniem dwutorowości w taksonomii konodontów. Kreowanie i opisanie w ostatnim dziesięcioleciu dużej ilości taksonów i co za tym idzie włączenie do ich synonimiki wielu powszechnie stosowanych nazw utworzonych uprzednio dla sztucznych gatunków i rodzajów konodontów izolowanych spowodowało duży chaos w systematyce tych skamieniałości. Aczkolwiek na zorganizowanym w 1971 r. w Marburgu sympozjum poświęconym zagadnieniom ujednolicenia taksonomii konodontów stwierdzona została konieczność wprowadzenia nowej systematyki opartej na wieloelementowych jednostkach taksonomicznych to jednak w dalszym ciągu stosowana jest jeszcze dość powszechnie sztuczna klasyfikacja konodontów. Wynika to z faktu, że konodonty izolowane — niezależnie od tego jaka jest ich prawdziwa pozycja systematyczna zdały egzamin jako doskonałe wskaźniki stratygraficzne pozwalające dokładnie określić wiek względny zawierających je osadów. O praktycznej użyteczności konodontów w badaniach stratygraficznych przy zastosowaniu systematyki sztucznej opartej na oddzielnych morfologicznie zróżnicowanych elementach konodontowych świadczyć może najdobitniej kilka następujących przy-

kładów: w osadach ordowiku wyróżniono 15 poziomów konodontowych (czas trwania — 60 mln lat, 15 zon graptolitowych), w sylurze — 11 poziomów konodontowych (czas trwania 20 mln lat, 23 zony graptolitowe), w dewonie górnym — 25 poziomów i podpoziomów kondontowych (czas trwania — 14 mln lat, 6 poziomów goniatytowych), w triasie — 22 poziomy konodontowe (czas trwania 45 mln lat, 31 poziomów amonitowych). Pozwala to na przeprowadzenie korelacji osadów występujących w różnych regionach geograficznych, a nawet na różnych kontynentach. Tak więc z biologicznego punktu widzenia prawidłowa klasyfikacja biologiczna jest pożądana, ale bynajmniej nie niezbędna [2], niemniej jednak ostatnio coraz konsekwentniej dąży się do ustalenia nowych podziałów biostratygraficznych opartych na wieloelementowych, naturalnych zbiorowiskach konodontów.

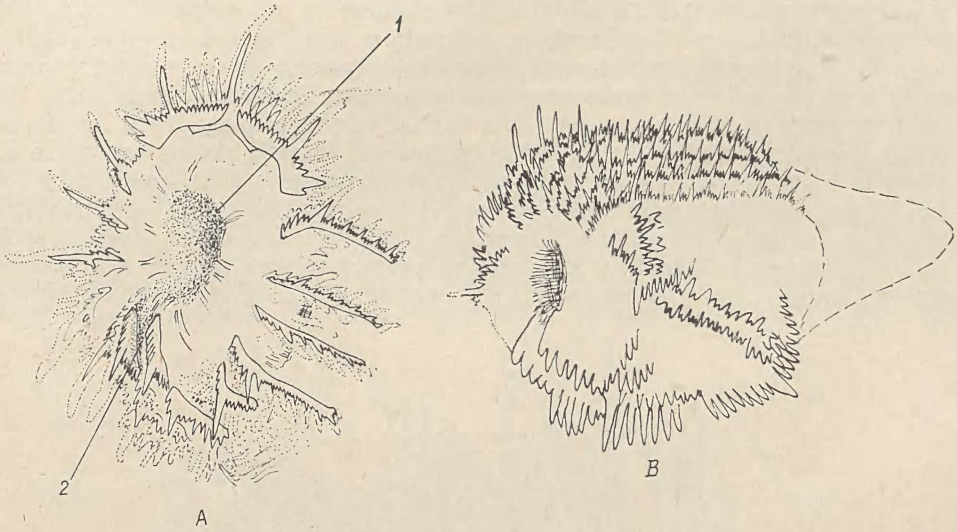
Poznanie i dobra znajomość aparatów konodontowych nie wpłynęła niestety jak dotychczas na wyjaśnienie stanowiska systematycznego konodontów, ani też nie znaleziono odpowiedzi na pytanie jakiego typu funkcje spełniały kondonty w ograniźmie zwierzęcia. Dawniej przypuszczano, że są to zęby ryb, radule ślimaków, szczęki *Polychaeta*, elementy wchodzące w skład skrzel prymitywnych ryb, elementy wspierające lofofor. Wielu badaczy łączyło elementy konodontowe z prymitywnymi kręgowcami przy czym nie określano ich funkcji jako zębów [5, 6].



Rys. 4. Rekonstrukcja i interpretacja budowy wewnętrznej Lochriea wellsi Melton et Scott [7]

W roku 1970 dokonano odkrycia, które po raz pierwszy pozwoliło skojarzyć elementy konodontowe z jakimś nieznanym, ale dającym się określić organizmem. Tak więc w karbońskich osadach wapiennych Montany znaleziono zachowane w postaci zwęglonych odcisków organizmy zawierające skupiska konodontów. Odkrywcy ich — Melton i Scott [7] dokonali wnikliwej i przekonującej rekonstrukcji ich anatomii (rys. 4). Organizm zawierający konodonty długości 7 cm jest dwubocznie symetryczny. W jego części przedniej występuje otwór oralny, grzbietowa struna nerwowa i notostyl. Środkową jego część zajmuje jelito (deltaneteron) i układ krążenia (ferrodiscus). Aparat konodontowy znaleziony został w deltaenteronie. W tylnobrzusznej części ciała znajduje się szczelina analna, natomiast z tylnogrzbietową częścią ciała związane jest występowanie płetwy sterowniczej i ogonowej. Ciało zwierzątka otoczone było retikularną

osłonką. Znaleziony w deltaenteronie aparat konodontowy składał się z kilku odmiennych morfologicznie form elementów konodontowych i zdaniem odkrywców spełniał najprawdopodobniej rolę organu filtrującego pożywienie. Zróżnicowanie morfologiczne konodontów wiąże się wg Scotta [10] ze zróżnicowaniem funkcji do wypełniania których były one przystosowane. Tak więc grupa konodontów platformowych mogła być przeznaczona do poruszania, sortowania i zbierania pokarmu. Beleczkowate hindeodellidy zdaniem Scotta służyły do podtrzymywania organów trawiennych, a konodonty płytkowe mogły być wibratorami przesuwającymi pokarm do podstawy obszaru trawiennego. Rola grzebieniokształtnych ozarkodinidów i neoprioniodinidów jest dość trudna do zinterpretowania, być może spełniały one funkcje zapór przeciwdziałających wyrzucaniu pożywienia z przewodu pokarmowego.



Rys. 5. Hipotetyczne rekonstrukcje [5]

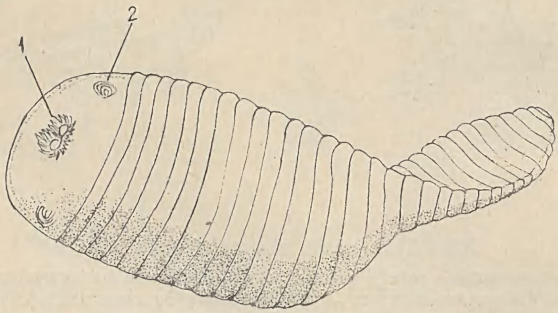
A — hipotyczna rekonstrukcja strefy oralnej organizmu zawierającego konodonty: 1 — otwór gębowy, 2 — rynienka pokarmowa; B — hipotetyczna rekonstrukcja zwierzątka zawierającego konodonty [6]

Elementy konodontowe przyczepione były pozbawionymi ząbków krawędziami do wiązadła położonego pod ferrodiscusem natomiast obszar obejmujący to wiązadło nazwany został polem konodontowym. (conodontodemus). Wydłużony kształt ciała i obecność płetwy sterowniczej i ogonowej wskazują, że zwierzęta zawierające konodonty były organizmami morskimi, wolno pływającymi w poszukiwaniu pożywienia. Ich drobne wymiary wskazują, że nie były one zbyt aktywnymi pływakami — prądy oceaniczne mogły przenosić je łatwo z miejsca na miejsce. Tym właśnie można tłomaczyć ich szerokie rozprzestrzenienie na kuli ziemskiej.

Bilateralna symetria ciała, obecność organów ruchu, grzbietowego sznura nerwowego, notostylu, jak również zdolność do wydzielania fosforanu wapnia są zdaniem Meltona i Scotta wystarczającymi dowodami aby uznać, że odkryte przez nich organizmy reprezentują samoistny pod-

typ — *Conodontochordata* — wydzielony w obrębie strunowców. Organizmy te — nazwane przez Meltona i Scotta — *Lochriea wellsi* z całą pewnością nie są kręgowcami, jednakże fakt, że miały one zdolność wytwarzania zbudowanych z fosforanu wapnia organów podpierających stanowi mocny argument za ich pokrewieństwem z kręgowcami. Można zatem postawić hipotezę, że pewni przodkowie konodontoforidów mogli dać początek prastrunowcom i być może kręgowcom. Być może również wszystkie prastrunowce mają wspólnego kambryjskiego przodka. W tym miejscu wspomnieć należy, iż dopóki nie zostały znalezione i szczegółowo zbadane okazy *Lochriea wellsi* — jedynym organizmem, który wydawał się być przodkiem kręgowców był lancetnik.

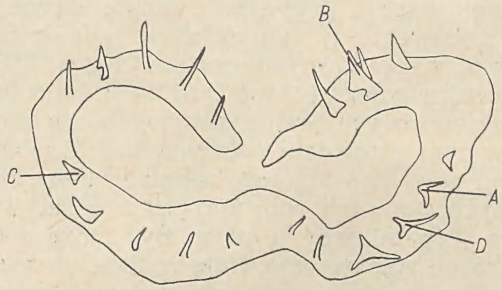
Poglądom Meltona i Scotta przeciwstawił się zdecydowanie Lindström wyrażając przekonanie, że znaleziony przez nich organizm był raczej „zjadaczem" osobników zawierających konodonty aniżeli właściwym kondontoforidem. Lindström [5, 6] akceptując hipotezę, że konodonty były wewnętrznymi elementami szkieletowymi zwierzęcia jak również i to, że różne typy mofologiczne konodontów spełniały w aparatach odmienne funkcje wyraża wątpliwość, czy istotnie były one używane do czynności związanych z chwytaniem i rozkruszaniem pokarmu. Zdaniem Lindströma konodonty służyły do podtrzymywania tkanki miękkiej przy czym ich urzeźbione powierzchnie były miejscami przyczepu mięśni. Autor ten stara się uzasadnić możliwość zaliczenia zwierząt zawierających konodonty do *Lophophorata*. Jego zdaniem elementy konodontowe służyły do podtrzymywania czułek tworzących pierścień lofoforu nieznanych nam współcześnie zwierząt. Elementy te w myśl przedstawionej przez Lindströma rekonstrukcji (rys. 5) znajdowały się bardzo blisko otworu gębowego, ale



Rys. 6. Rekonstrukcja wyglądu zewnętrznego *Odontogriphus omalus* Morris [8]
1 — lofofor, 2 — czułki

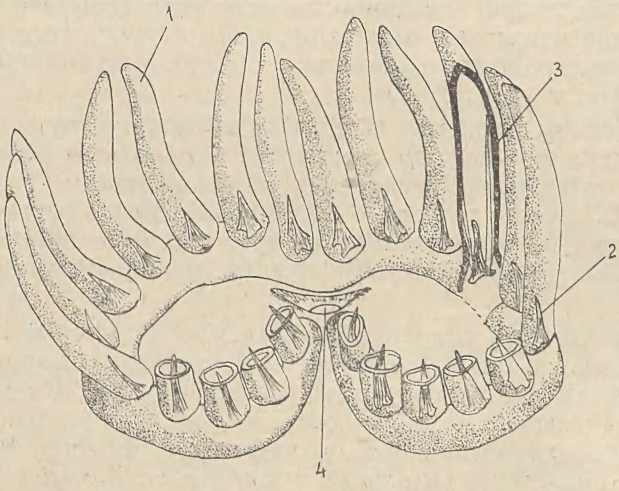
na zewnątrz — najprawdopodobniej otaczały go. W przypadku, gdyby konodonty występowały wewnątrz tego otworu, musiałyby one zdaniem Lindströma otaczać przełyk. Elementy konodontowe być może funkcjonowały jako cofacze czułek, które z kolei były rozszerzane przez ciśnienie wewnątrzkomórkowe. Ich funkcja podczas całego życia zwierzęcia była jednakowa. Potwierdzeniem hipotezy wysuniętej przez Lindströma może być znalezienie w osadach kambru środkowego (Brytyjska Kolumbia) szczątków organizmu, którego budowa pozwala przypuszczać, że był on spokrewniony z *Lophophorata* [8]. U okazu tego określonego jako *Odontogriphus omalus* zachował się wyraźny zarys ciała zwierzęcia oraz zachowany w postaci delikatnego reliefu odcisk lofoforu zawierający 25 zębo-

kształtnych elementów przypominających pewne konodonty kambryjskie. Przypuszczalny wygląd zwierzęcia przedstawiony został na rys. 6. Ciało jego długości ok. 6 cm. zbudowane najprawdopodobniej z miękkiej substancji było grzbieto-brzusznie spłaszczone. Na jego powierzchni za-



Rys. 7. Aparat pokarmowy *Odontogriphus omalus* Morris [8]
A—D — zęby dobrze zachowane

chowały się zarysy delikatnych, wąskich pierścieni, które jak można przypuszczać występowały tylko na powierzchni skóry nie będąc wyrazem segmentowej budowy organizmu. Na przednim odcinku ciała dobrze zachował się odcisk aparatu pokarmowego (rys. 7). Aparat ten dwubocznie symetryczny kształtem swoim przypomina literę „U", której końce zwinięte są ku środkowi. Jest on usytuowany na końcu szerokiej rurki bę-



Rys. 8. Rekonstrukcja wyglądu aparatu pokarmowego *Odontogriphus omalus* Morris [8]
1 — czułki, 2 — ząbki (? konodonty), 3 — mięśnie, 4 — otwór gębowy

dącej prawdopodobnie jelitem. Znaleziono na nim 25 „ząbków" zachowanych głównie w postaci odcisków, jednakże 4 spośród nich zachowały się wystarczająco dobrze, aby można było rozpoznać szczegóły ich budowy. Nieco poza aparatem zachował się ponadto odcisk czułka.

Aparat pokarmowy, którego rekonstrukcja przedstawiona została na rys. 8 jest wyraźną reminiscencją lofoforu czułkowców. Tak więc na dobrze u *O. omalus* zachowanej podstawie lofoforu musiały być osadzone mackowate czułki podtrzymywane przez ząbki (?konodonty). Czułki te służyły do zbierania pokarmu, a pętlowaty kształt lofoforu mógł powodować wirowanie wody, dzięki czemu pożywienie mogło łatwiej przesuwać się w kierunku otworu gębowego. W tym miejscu jednak należy zauważyć iż pomiędzy lofoforami współczesnych czułkowców a lofoforem *O. omalus* zachodzi istotna różnica polegająca na tym, że u form współczesnych brak jest elementów szkieletowych podtrzymujących miękką ściankę lofoforu. Jedyny wyjątek w tym względzie stanowią brachiopody z grupy *Articulata,* których lofofor zawiera wapienny szkielet wewnętrzny — brachidium. Czułki współczesnych *Lophophorata* mają pewną sztywność dzięki ciśnieniu jakie wywiera wypełniający je płyn. Być może u *O. omalus* na skutek grzbietobrzusznego spłaszczenia ciała została w wysokim stopniu zredukowana jama wewnętrzna, a ząbki (konodonty) przyjęły funkcję podtrzymywania czułek. Zęby występujące w aparacie pokarmowym *O. omalus* są bardzo podobne do niektórych stożkokształtnych konodontów kambryjskich.

Aparat czułkowy znaleziony u *O. omalus* wykazuje wyraźną zgodność z hipotetycznym lofoforem występującym u zwierzątka, którego domniemany wygląd przedstawił Lindström. Jednakże wygląd tego hipotetycznego konodontoforida różni się znacznie od wyglądu *O. omalus.* Według rekonstrukcji Lindströma cała niemal powierzchnia ciała zwierzątka była zajęta przez lofofor. Zdaniem Morris byłoby dość niezwykłe, aby tak duża część powierzchni ciała była przystosowana do wykonania jednej tylko funkcji — przyjmowania pokarmu. Przynajmniej częściowo lofofor konodontoforida musiał być pomocny przy poruszaniu się zwierzątka po wodzie. Istnieją wprawdzie organizmy, które używają tego samego narządu do chwytania pokarmu i poruszania się jednakże funkcje te nigdy nie są wykonywane równocześnie.

Kolejna różnica pomiędzy *O. omalus* a hipotetycznym konodontoforidem Lindströma dotyczy ich rozmiarów. Lindström uważa, że wielkość zwierzątka zawierającego konodonty nie przekraczała 1 cm, natomiast kambryjski *O. omalus* miał aż 6 cm długości. Można wprawdzie założyć, że postkambryjskie konodontoforidy były mniejsze niż formy prekambryjskie i kambryjskie u których elementy konodontowe mogły być szczególnie duże.

Dążąc do ustalenia pozycji systematycznej *O. omalus* Morris wyraża pogląd, że organizm ten był wyraźnie spokrewniony z *Lophophorata,* brak jednakże podstaw pozwalających na włączenie go do któregokolwiek spośród trzech zaliczanych do niego podtypów, jak również trudno jest wskazać do którego spośród nich jest on najbardziej zbliżony. Przy akceptacji hipotezy o umieszczeniu *O. omalus* w obrębie czułkowców bardzo interesujące stają się dalsze rozważania dotyczące przodków *Lophophorata.* Kolonia, która wytworzyła *O. omalus* nie mogła być przodkiem innych czułkowców ponieważ występują w niej elementy nietypowe dla tej grupy organizmów — organy podpierające (konodonty). Wspólny przodek konodontoforidów i pozostałych grup *Lophophorata* musiał egzystować już przed pojawieniem się prekambryjskich konodontów. Niemniej jednak *O. omalus* posiada szereg prymitywnych cech zaobserwowanych u innych czułkowców.

Zdaniem Morris *O. omalus* należał do grupy zwierząt pelagicznych. Brak płetw i opływowa linia ciała sugerują, że zwierzątko to unosiło się na wodzie lub też nieudolnie pływało. Organizmów współczesnych o zbliżonych cechach morfologicznych i podobnym sposobie życia szukać należy wśród wstężniaków (Nemertini). Większość wstężniaków zamieszkuje strefę batypelagiczną — najczęściej występują one na głębokości ok. 200 m aczkolwiek znajdywane są i głębiej bo aż do głębokości 1000 m. Ich grzbietobrzusznie spłaszczone ciała są zbudowane z miękkiej, często galaretowatej tkanki, a wiele spośród należących do tej grupy organizmów ma kształt zbliżony do *O. omalus*.

Omówione w niniejszym artykule znaleziska nie znanych dotychczas szczątków zwierząt zawierających konodonty jak również i prób ściśle teoretycznej rekonstrukcji zwierzątka konodontowego nie wyjaśniły jednoznacznie tak przynależności biologicznej jak i funkcji aparatów konodontowych niemniej jednak stanowią ogromny krok naprzód w kierunku rozwoju badań nad tą zagadkową grupą skmieniałości. Jednakże ogromna intensyfikacja i wszechstronność badań nad problematyką konodontów pozwala żywić nadzieję iż rozwiązanie tajemnicy wyglądu i pozycji systematycznej organizmów zawierających konodonty jest sprawą niedalekiej przyszłości.

LITERATURA

[1] Barnes Ch. R., Nowlan G. S. — *Conodonts: a Thing of the Past and of the Future,* Geoscience Canada, Vol. 2, nr 2. Waterloo, Ontario, 85—89, 1975.

[2] Fåhraeus L. — *Taxonomy and Evolution of Ozarkodina steinhornensis and Ozarkodina optima (Conodontophorida),* Geologica et Palaeontologica, 8, p. 29—37, Marburg, 1974.

[3] Klapper G., Philip G. M. — *Devonian Conodont apparatuses and their vicarious skeletal elements,* Lethaia, 4, 429—452, Oslo, 1971.

[4] Lindström M. — *Conodonts,* 196, London and New York, 1964. Elsevier Publishing Co. Amsterdam, 1964.

[5] Lindström M. — *On the affinities of conodonts.* Geol. Soc. Am. Spec. Pap. 141, 85—102, 1973.

[6] Lindström M. — *The conodont apparatus as a food — gathering mechanism.* Palaentology, Vol. 17, 4, p. 729—744, Londyn, 1974.

[7] Melton W., Scott H. W. — *Conodont-Bearing Animals from the Bear Gulch Limestone, Montana.,* Geol. Soc. Am. Spec. Pap. 141, p. 31—65, 1973.

[8] Morris S. C. — *A new Cambrian Lophophordata from the Burgess Shale of British Columbia,* Palaeontology, Vol. 19, 2, p. 199—222, Londyn, 1976.

[9] Rhodes F. H. T. — *The zoological affinities of the conodonts.* Biol. Rev. Cambridge Phil. Soc. vol. 29, p. 419—452, Londyn, 1954.

[10] Scott H. W. — *New Conodontochordata from the Bear Gulch Limestone (Namurian, Montana),* Publ. of the Mus. Michigan State University, Pal. Series, Vol. 1, Nr 2, p. 85—96, Michigan, 1973.

[11] Walliser O. H. — *Conodonten des Silurs, Hess.* Landesamt Bodenf. Abh., Bd 41, p. 1—106, Wiesbaden, 1964.

BARBARA WACHOWICZ, MACIEJ WACHOWICZ

POZAROLNICZE ŹRÓDŁA BIAŁKA, ICH WARTOŚĆ ŻYWIENIOWA I MOŻLIWOŚCI WYKORZYSTANIA

Wyżywienie ludności świata było zawsze istotnym elementem decydującym w znacznej mierze o losach człowieka i jego cywilizacji i wydaje się, że w najbliższej przyszłości stanowić będzie niewątpliwie jedno z bardziej palących, a jednocześnie trudnych do rozwiązania zadań. Przewidywania na przyszłość wskazują, że o ile nie podejmie się energicznych kroków w kierunku zmniejszenia tempa przyrostu ludności lub wzrostu produkcji żywności, konflikty wynikające z niedoboru pożywienia będą się gwałtownie pogłębiać i mogą doprowadzić do poważnego kryzysu ekonomicznego. Dlatego też wysiłki zmierzające do poprawy wyżywienia Świata muszą się koncentrować przede wszystkim na zwiększeniu produkcji pożywienia zapewniającego pokrycie minimalnych potrzeb ludności oraz na zmianie sposobu odżywiania się ludności we wszystkich krajach, co ma na celu uwzględnienie odpowiedniej diety korzystnej dla zdrowia i rozwoju człowieka [6, 70, 81]. Mimo znacznego postępu i wzrostu produkcji żywności w krajach rozwiniętych, w skali światowej ciągle pogłębia się deficyt produktów spożywczych w przeliczeniu na jednego mieszkańca. Przyczyną tego stanu jest niezwykle szybki przyrost ludności świata, szczególnie wysoki w krajach rozwijających się, stanowiących ok. 2/3 ludności naszego globu [2, 58].

Istnieją możliwości zwiększenia produkcji żywności przez intensyfikację rolnictwa, zwłaszcza przez dalszą mechanizację, regulację gospodarki wodnej, nawożenie, selekcję nowych wysokoplonnych odmian i ochronę roślin, podniesienie wydajności i zdrowia zwierząt gospodarskich oraz zmniejszenie wielkich strat ponoszonych w czasie samej produkcji i przechowywaniu żywności [10, 58, 59, 60, 64, 66]. Wydaje się jednak, że mimo intensyfikacji rolnictwa, w celu poprawienia ogólnoświatowego deficytu białkowego człowiek zostanie zmuszony do wykorzystywania niekonwencjonalnych źródeł białka. Intensywne badania naukowe, prowadzone w wielu krajach w ciągu ostatnich kilkunastu lat i mające na celu znalezienie nowych źródeł białka spożywczego dla zażegnania deficytu tego niezbędnego składnika pokarmowego dały pozytywne rezultaty, gdyż wskazały zarówno rezerwy nowych białek, jak i sposoby ich wykorzystania. W niedalekiej przyszłości, zdaniem Pijanowskiego [65], pierwszeństwo, a z czasem nawet prawie wyłączność w wyżywieniu ludności należy dać białkom roślinnym. Badania wraz z praktyczną realizacją tej myśli odbywają się już w wielu krajach [35, 41, 67, 68]. W koncepcji tej chodzi z jednej strony o bardziej niż dotychczas racjonalne zużytkowanie produkowanej w rolnictwie masy roślinnej jako pożywienia dla ludzi i zwierząt, z drugiej zaś strony o podniesienie wartości biologicznej tych

białek oraz zwiększenie produkcji białka w przeliczeniu na jednostkę powierzchni uprawowej.

Jeszcze innym, choć w małym stopniu wykorzystanym źródłem białka jest biomasa syntetyzowana przez drobnoustroje oraz niższe organizmy roślinne. Do rozwoju tych organizmów mogą być wykorzystane tanie podłoża o charakterze odpadkowym, a białka takie na ogół odznaczają się wysoką wartością biologiczną i przeważnie wysoką przyswajalnością. Zachęcające wyniki dały badania prowadzone z jednokomórkowymi glonami charakteryzującymi się wyjątkowo szybkim przyrostem swej masy oraz dużą zawartością białka [4, 7, 46, 47, 52, 90].

W niedalekiej przyszłości niekonwencjonalne źródła białka jeszcze w niewielkim stopniu będą wpływać na ogólny bilans żywnościowy. Odegrają one natomiast dość ważną rolę w eliminacji ostrych niedoborów pokarmowych i poprawy jakości spożywanego białka.

NIEKONWENCJONALNE ŹRÓDŁA BIAŁKA I ICH WARTOŚĆ ŻYWIENIOWA

Niedobór żywności, a szczególnie niedobór pełnowartościowego białka (o wartości białka decyduje zawartość i wzajemne proporcje dziesięciu niezbędnych dla człowieka aminokwasów [22]) jest w wielu krajach przyczyną wysokiej śmiertelności dzieci. W krajach rozwijających się śmiertelność niemowląt i dzieci jest 30-krotnie wyższa niż w krajach wysoce uprzemysłowionych.

W Polsce istnieją duże możliwości zwiększenia produkcji rolniczej dla wyżywienia ludzi [76]. Biorąc jednak pod uwagę perspektywę wzrostu ludności w naszym kraju [96], coraz więcej zainteresowania budzi poszukiwanie nowych źródeł żywności wysokobiałkowej [38, 76]. Coraz więcej uwagi poświęca się możliwości wykorzystania nowych źródeł białka z organizmów jednokomórkowych takich jak drobnoustroje czy glony. Organizmy te są jeszcze bogatszym źródłem białka niż koncentraty z ryb i roślin oleistych.

BAKTERIE

Zastosowanie bakterii jako źródła białka wynika z ich szybkiego wzrostu. Jak podaje Myers [56], masa bakterii *(Escherichia coli)* wzrasta ok. 4-krotnie szybciej niż biomasa drożdży *(Hansenula anomala)* i 30 razy szybciej aniżeli biomasa glonów *(Chlorella pyrenoidosa)*. Poważną jednak wadą białka bakteryjnego jest występujący częściowy deficyt niezbędnych aminokwasów, głównie siarkowych [56]. Ocena białka na podstawie analizy chemicznej jest niewystarczająca, daje tylko pogląd na możliwości jego wykorzystania w żywieniu. Niezbędnym warunkiem jest badanie wartości biologicznej białka bakterii i jego wpływu na organizm w długotrwałym żywieniu.

Oddzielnym problemem może być niska strawność i ograniczone wykorzystanie białka bakteryjnego. Przykładowo, strawność całych komórek *Bacilius megaterium* wynosi tylko 76%, a wartość biologiczna 60% [48].

Wydaje się, iż lepszym sposobem wykorzystania bakterii przy produkcji żywności może być wytwarzanie aminokwasów na drodze fermen-

tacji mikrobiologicznej z tanich surowców zawierających węgiel i azot. Aminokwasy wyprodukowane tą drogą mogłyby służyć do wzbogacenia tradycyjnej żywności niskobiałkowej. W skali światowej produkuje się już obecnie duże ilości lizyny i kwasu glutaminowego a sposoby otrzymywania innych aminokwasów są przedmiotem dalszych badań [1, 19, 29, 86]. Produkcja aminokwasów metodą mikrobiologiczną wydaje się być najbardziej ekonomiczna, poza tym pozwala na otrzymanie znacznych ilości tych związków, zwłaszcza egzogennych, a co najważniejsze, fizjologicznie czynnych izomerów L. Poza stosowaniem tradycyjnych surowców przy produkcji białka bakteryjnego prowadzone są próby hodowli bakterii przy użyciu gazu ziemnego, metanu i ropy naftowej [50, 51]. Nowe tendencje daje się zaobserwować w RFN, gdzie prowadzone są prace z mutantami bakteryjnymi *Hydrogenomonas* hodowanymi w obecności wodoru [8].

Mimo dużych możliwości wykorzystanie bakterii jako substrtu preparatów żywieniowych uwarunkowane jest nadal rozwiązaniem jeszcze wielu problemów natury higienicznej, fizjologicznej i ekonomicznej.

DROŻDŻE

W wielu krajach produkcja drożdży spożywczych jest ustalonym działem przemysłu, gdzie dąży się do zastosowania surowców powszechnie dostępnych i tanich, np. ługów posulfitowych, melasu, soku ziemniaczanego, serwatki. Wszystkie one mogą być użyte do produkcji drożdży po uprzednim prawidłowym przygotowaniu [38]. Ilość i jakość otrzymanego produktu zależy od warunków produkcji użytej pożywki oraz rodzaju drożdży. Zawartość białka w drożdżach w zależności od pożywki wynosi przy ługach posulfitowych ok. 50% a dla melasu 33—50%. W Polsce, łączna możliwa produkcja białka z istniejących zasobów melasu, serwatki, soku ziemniaczanego i ługów posulfitowych wynosiłaby ok. 150 000 t suchego produktu [38]. Jeszcze większe możliwości w skali światowej stwarza użycie ropy naftowej jako surowca do produkcji drożdżowego białka. Podczas biosyntezy, w komórkach drożdży następuje szybkie łączenie się tlenu atmosferycznego z węglowodorami pochodzącymi z ropy i powstawanie związków organicznych [11]. Ilość białka w koncentratach drożdży otrzymanych przy wykorzystaniu ropy wynosi średnio 43%, a poziom niektórych aminokwasów, w szczególności lizyny, może być bardzo wysoki. Poza tym, koncentraty zawierają dodatkowo dużą ilość witaminy B_1, B_2, B_6, niacyny i kwasu pantotenowego, kilkakrotnie przewyższającą ich zawartość w żywności konwencjonalnej [11]. Zarysowuje się więc możliwość produkcji drożdży z tańszych a nie wykorzystanych w tym celu surowców. Najtrudniejszym problemem w tego rodzaju produkcji jest jednak nie sama technologia wytwarzania, lecz oczyszczenie gotowego produktu z zanieczyszczeń pochodzących z podłoża, wykazujących rakotwórcze działanie [48].

Za najważniejsze cechy, którymi powinny odznaczać się szczepy drożdży używane do produkcji białka, Bachman i Bieńkowicz [3] uważają:

— obecność dobrze rozbudowanego kompleksu enzymów oddechowych przy najniższej aktywności kompleksu enzymów fermentacyjnych, co ma wpływ na szybki przyrost biomasy
— zdolność do wszechstronnego wykorzystania z podłoża składników od-

żywczych oraz przetwarzania ich w procesie biosyntezy na białko własne
— właściwości syntetyzowania witamin i enzymów niezbędnych do rozwoju komórki
— odporność na zakażenia oraz na wydzielane własne metabolity
— korzystne cechy technologiczne, np. kształt i wielkość komórki.

Wymienione właściwości są przyczyną, że tylko nieliczne szczepy drożdży, głównie z rodzaju Torula, Torulopsis i Sacharomyces znajdują przemysłowe zastosowanie. W wielu przypadkach wartość biologiczna drożdży jest zbliżona do wartości biologicznej produktów rybnych czy też otrzymanych z roślin oleistych po wzbogaceniu ich w metioninę [40]. Badania Rafalskiego [73] wykazały niską strawność białka drożdżowego. Wartość biologiczno-wzrostowa szczurów (PER = Przyrost masy/Masa spożytego białka) otrzymujących dietę drożdżową wynosiła 0,27 w porównaniu do diety glutenowej 0,31. Szkiłłądziowa i Siczkówna, oceniając przydatność drożdży do wzbogacania potraw wykazały, że mały ich dodatek daje dobre efekty smakowe i podnosi wartość biologiczną tych potraw [79].

Przy stosowaniu diety wyłącznie opartej na drożdżach obserwuje się pewne ujemne zjawiska. Drożdże podawane kurczętom zwiększały śmiertelność i powodowały powstawanie zmian patologicznych pod skórą i w jamie brzusznej. Obserwacje kliniczne pacjentów otrzymujących dietę drożdżową (ok. 10 g dziennie) nie wykazały żadnych ujemnych skutków [79].

Przypuszcza się, że szkodliwość dużych dawek drożdży w diecie wiąże się ze znaczną zawartością puryn i nadmierna ich zawartość może prowadzić do podnoszenia się stężenia kwasu moczowego we krwi i w konsekwencji powodować dnę moczanową [9, 44].

GLONY

Glony jako produkt spożywczy znane były już od dawna. Najpoważniejszym ich konsumentem były i są ludy Azji Wschodniej. W innych krajach glony używane są raczej rzadko i to zwykle jako produkt zastępczy lub dodatek do potraw. Jako pokarm używane są glony naziemne, słodkowodne i w największych ilościach morskie. Z glonów naziemnych i słodkowodnych, ze względu na ich drobną postać, mogą być brane pod uwagę tylko te, które występują masowo. W Japonii zbierana jest galaretowata masa służąca za pożywienie, zwana „tongu", składająca się z sinic *(Gleocapsa punctata, Gleocapsa aeruginosa, Microcystis incerta)*. Jako produkt spożywczy mogą być używane również niektóre glony słodkowodne, a w ich liczbie przede wszystkim sinica *Sphaeronostoc pruniforme*, tworząca na dnie zbiorników galaretowate kule. Jednym z podstawowych glonów jadalnych w Japonii będącym nawet w uprawie, jest krasnorost *Porphyra tenora*. Innym ważnym produktem żywnościowym Japończyków jest „kombu", składające się z plech *Laminaria japonica, Laminaria religiosa, Laminaria cichorioides* i *Alaria crassifolia* oraz kilku gatunków *Arthrothamnus* [16, 27, 32, 69].

Ostatnio coraz więcej uwagi poświęca się drobnemu glonowi słodkowodnemu *Chlorella*. W warunkach naturalnych, tzn. w środowisku wodnym i przy małej przejrzystości wody, maksymalna wydajność fotosyn-

tetyczna *Chlorelli* wynosi 6 g związanego węgla w ciągu jednego dnia z 1 m^2 powierzchni hodowlanej, co odpowiada 50 kcal zmagazynowanej energii [88]. Średnia ilość białka u *Chlorelli* stanowi 40—50% suchej masy. Jeszcze większe stężenie białka, dochodzące do ok. 65% stwierdzono u glonów gatunku *Spirulina,* należących do sinic [14, 15, 45]. Jednak nawet u tego samego gatunku można stwierdzić duże wahania w ilości syntetyzowanego białka, co spowodowane jest różnymi warunkami hodowlanymi [4, 13, 18, 42, 43, 49, 57, 63, 72, 74, 82, 87, 97]. Masowa produkcja glonów [36, 39, 83, 89] w kulturach wodnych, w porównaniu z przeciętną produkcją rolniczą, może dawać siedmiokrotnie wyższą fotosyntezę i dziesięcio- a nawet piętnastokrotnie szybszą syntezę białka [37, 48].

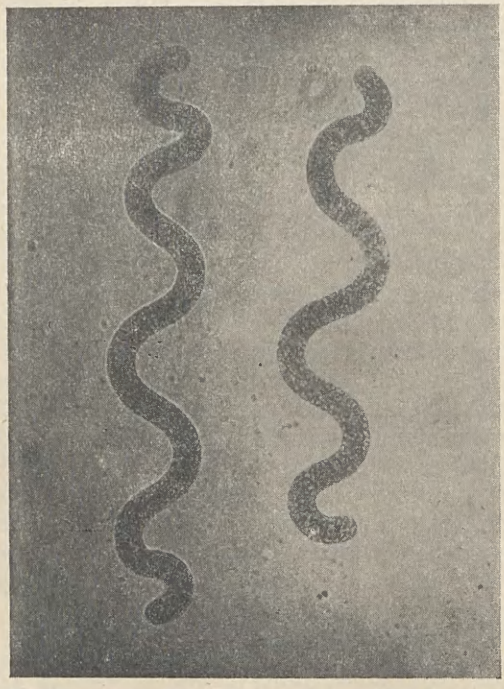
Wartość żywieniowa glonów wydaje się być bardzo istotnym problemem przy zastosowaniu glonów w diecie żywieniowej ludzi [17, 26, 28, 34, 52, 55, 61, 62, 75, 78, 84, 85, 94].

Szkiłłądziowa i wsp. [80] badała mączkę z chlorelli (produkcji Instytutu Zootechniki w Krakowie), gdzie wartość odżywcza białka chlorelli, obliczona metodą chemiczną ze składu aminokwasowego, wynosiła 29% w stosunku do białka jaja. Współczynnik wydajności wzrostowej białka (PER) tych glonów był niski i wynosił 1,1 a wartość odżywcza, oznaczona metodą Millera-Bendera przy 9% zawartości białka w diecie, wynosiła tylko 44%. Dam i wsp. [20] oznaczali strawność białka glonów u ludzi oraz przeprowadzali badania oparte na bilansie azotu. Stwierdzili, że 30—40% białka glonów chlorella jest nieprzyswajalna dla człowieka. Natomiast Hayami i Tamiya [33] wykazali w doświadczeniach na ludziach, że strawność rzeczywista białka odbarwionych glonów *Chlorella* wynosiła 83%. W przeprowadzonych doświadczeniach podawano 30 g glonów dziennie, co stanowiło 1/3 część całodziennej porcji białka. Powell i wsp. [71] podawali dorosłym ludziom od 10 do 500 g glonów dziennie przez kilkanaście dni jako dodatek do normalnego pożywienia. Autorzy ci nie zaobserwowali toksycznych własności glonów, a przeprowadzone laboratoryjne badania krwi i moczu oraz próby czynnościowe wątroby dały wyniki nie odbiegające od normy. Według Finka i wsp. [24], białko chlorelli ma wartość odżywczą podobną do białka mleka, co wykazały doświadczenia przeprowadzone na szczurach. Inni autorzy porównują wartość białka chlorelli do białka liści młodego szpinaku [23]. Badania wartości odżywczej glonów, podobnie jak i innych produktów żywieniowych, może być określana na podstawie zawartości aminokwasów egzogennych. Ustalono jednak bez względu na to, czy porównywano zawartość aminokwasów egzogennych badanego białka z wzorcem jaja kurzego [53, 54, 67] czy z wzorcem FAO [22] ustalonym na podstawie aminokwasowego zapotrzebowania człowieka, że metionina, lizyna, tryptofan i treonina [5] najczęściej ograniczają wartość odżywczą białek, ponieważ występują w niewystarczającej ilości. Inne aminokwasy mogą wpływać na jakość białka [25], jednak w praktyce żywienia wpływ ten ma mniejsze znaczenie.

Masowe wykorzystanie glonów do celów żywieniowych determinowane jest z jednej strony składem aminokwasowym oraz trudnością w zdezintegrowaniu ścian komórkowych, a z drugiej strony opłacalnością hodowli. Wydaje się, że słodkowodne glony *Spirulina,* które w ostatnich latach wzbudziły duże zainteresowanie dzięki specyficznej budowie (spiralne trychomy o długości 200—300 μ, rys. 1) oraz wysokiej zawartości białka wyższej aniżeli u glonów *Chlorella,* stwarzają realne szanse wykorzystania ich do celów żywieniowych [14, 61, 62, 92, 94].

Glony *Spirulina platensis* zostały wyizolowane z jeziora Bodou w Republice Czad przez belgijskiego badacza Leonarda [45], a oznaczone przez Compere [15]. Ludność z okolic tego jeziora, a nawet państw sąsiednich — Nigru i Nigerii — spożywa te glony w formie świeżej lub wysuszonej.

Zawartość kwasów nukleinowych w glonach *Spirulina platensis* jest zbliżona do zawartości tych kwasów w ikrze ryb i jest prawie dwukrotnie niższa niż w drożdżach [94]. Dobra wydajność hodowli w skali laboratoryjnej jak i półtechnicznej zwiększa jeszcze bardziej atrakcyjność tych glonów [13, 47, 91, 93].



Rys. 1. Obraz mikroskopowy glonu *Spirulina platensis*, × 1500

W Polsce hodowlę glonów *Spirulina platensis* prowadzi Samodzielna Pracownia Biologii Ryb i Środowiska Wodnego Instytutu Zootechniki w Zatorze [98]. W Instytucie Chemicznej Technologii Żywności Politechniki Łódzkiej opracowano metodę hodowli tych glonów w skali półtechnicznej, z wykorzystaniem gazów kominowych jako podstawowego źródła węgla [91, 92]. Glony te rozwijają się najlepiej w środowisku alkalicznym (pH 8,3), lubią ciepło (32—33°C), światło (20 000 lux) i dwutlenek węgla, a przyswajają również pewne ilości dwutlenku siarki. Wymagania hodowlane mogą być łatwo spełnione, jeśli hodowlę umieści się w pobliżu elektrociepłowni. Zapewni to nie tylko niezbędne ilości energii do ogrzewania i oświetlenia, ale pozwoli na wykorzystanie gazów kominowych jako źródła pożywienia i przyczyni się w pewnym stopniu do zmniejszenia zawartości dwutlenku węgla i siarki w odprowadzanych do atmosfery gazach kominowych, co z kolei wpływa na ochronę środowiska [91].

Jak ustalono, białko glonów *Spirulina platensis* stanowi około 64% a wartość odżywcza wynosi 66% [94]. Strawność glonów natomiast jest stosunkowo niska (ok. 62,5%), a otrzymany z nich preparat białkowy (91% białka) charakteryzuje się strawnością ok. 85%. W skład wyizolowanego białka *Spiruliny* wchodzą przede wszystkim albuminy (52%) oraz gluteliny (37%). Globuliny stanowią zaledwie 1% całkowitej ilości białka [90]. Białka glonów *Spiruliny platensis* są stosunkowo bogate w leucynę, izoleucynę i walinę przy jednoczesnym niedoborze aminokwasów siarkowych. W celu osiągnięcia wyższej wartości odżywczej białka glonów należałoby to białko uzupełnić w aminokwasy siarkowe lub połączyć z takimi produktami, których białka dostarczają większe ilości tych aminokwasów. Wydaje się, iż po dokładniejszych badaniach klinicznych otrzymany produkt mógłby znaleźć zastosowanie w produktach spożywczych wzbogacanych w białko lub też sam, ale po odpowiednim spreparowaniu, zastępować część naturalnych białkowych produktów zwierzęcych.

Można mieć nadzieję, że glony znajdą zastosowanie przy produkcji zastępczych preparatów białkowych i mogą mieć również duże znaczenie w lotach kosmicznych i badaniach kosmosu [98].

Możliwość wykorzystania glonów przez ludzi daje szansę skrócenia łańcucha produkcji białka poprzez eliminację etapów pośrednich bez udziału zooplanktonu i ryb.

WŁASNOŚCI PRODUKTÓW BIAŁKOWYCH Z NIEKONWENCJONALNYCH ŹRÓDEŁ

Większość nowych, nie wykorzystanych źródeł białkowych zawiera szkodliwe składniki, usunięcie których jest konieczne, gdyż ich obecność wyklucza użycie produktu żywnościowego. Indywidualnie dla każdego źródła opracowuje się odpowiednie metody oczyszczania materiału białkowego nie obniżające wartości odżywczej białka. Wszystkie nowe źródła białka z roślin, drożdży, bakterii lub glonów mają niezbyt smakowity wygląd ani też nie są zbyt przyjemne w zapachu i smaku. Są one jednak tylko surowym produktem a przekształcenie ich w atrakcyjne pożywienie zależeć będzie od fizyko-chemicznych własności wyprodukowanego preparatu. Mniejszą uwagę przywiązywano do tego problemu w przeszłości, uwzględniając tylko zależność między wartością odżywczą otrzymanych produktów a warunkami i procesem przetwórczym.

Otrzymanie produktów białkowych i nie wykorzystanych dotychczas źródeł poprzez ekstrakcję a następnie oczyszczenie i poznanie ich własności zbliżą prawdopodobnie moment akceptacji tego białka przez odbiorcę i w ten sposób zwiększą rozmiar wykorzystania oryginalnego białka.

Wykorzystanie nowego białka polegać może na:

— dodawaniu tego białka do istniejącego już gatunku pożywienia bez wprowadzenia zmian smakowych i struktury, co poprzez podniesienie poziomu białka wpływa na zwiększenie wartości odżywczej pożywienia (wzbogacenie podstawowych produktów mącznych [31, 95].

— rozwinięciu produkcji nowych wysokoodżywczych produktów białkowych jak napoje (mleko sojowe) czy preparaty białkowe o strukturze zbliżone do tkanki mięsnej (wyroby teksturowane [21, 31, 77], uzyskiwane w wyniku teksturacji.

Teksturowane produkty białkowe zawierają przeciętnie od 35—50% białka, 25—30% cukrów i 1—20% tłuszczu. Ogólna zawartość białka w tych produktach jest na ogół wyższa niż w produktach mięsnych, jednak z punktu widzenia wartości odżywczej zawartość białka jest mniej istotna niż jego skład aminokwasowy, a szczególnie kompozycja aminokwasów niezbędnych i ich dostępność, tzn. poziom przyswajalności. Wartość biologiczna produktów teksturowanych jest wysoka, rzędu 70—80% wartości białka produktów mięsnych. Uwzględniając fakt, że produkty teksturowane zawierają przeciętnie nieco więcej białka ogólnego niż analogiczne produkty naturalne, zawartość białka przyswajalnego w jednostce wagowej produktów teksturowanych i naturalnych produktów mięsnych jest zbliżona. Teksturowane produkty białkowe nie zawierają nawet śladów mięsa, odznaczają się jednak zarówno konsystencją mięsa jak i mięsnym smakiem, a co najważniejsze — są gotowe do spożycia już po kilkuminutowej obróbce. Właśnie jedną z zalet jest to, że bez względu na to, czy sprzedaje się je w formie suchej czy uwodnionej, czas przygotowania do spożycia jest bardzo krótki.

Wykorzystanie nowego białka polegać może także na częściowym zastąpieniu nowym preparatem białkowym klasycznych składników białkowych w tradycyjnych potrawach (mięsne wyroby garmażeryjne), co prowadzi w efekcie do wyraźnego zmniejszenia kosztów tych wyrobów [12, 30].

Tak więc od własności i walorów odżywczych nowo otrzymanych produktów białkowych zależeć będzie sposób ich wykorzystania. Zasadniczymi własnościami nowych preparatów białkowych dla użytku żywnościowego są: zapach, kolor, rozpuszczalność, własności reologiczne, higroskopijność, zdolność emulgowania i pienienia. Stopień ważności tych własności jest trudny do określenia ze względu na różnorodność zastosowań, które preferują tylko pewne, ściśle określone cechy.

LITERATURA

[1] Anderson R. F. i wsp., J. Bact., 76, 131, 1958.
[2] Baade F. — *Rok 2000 — ku czemu zmierza świat*, PWE, Warszawa, 1962.
[3] Bachman B. i wsp. — *Technologia spirytusu i drożdży*, PWN, Łódź, 1958.
[4] Balloni W. i wsp., Ann. Inst. Pasteur, 109, 62, 1965.
[5] Bender A. E., Clin. Chim. Acta, 5, 1, 1960.
[6] Berger S., Przemysł Spożywczy, 24, 298, 1970.
[7] Brandlly N. V., Scientes et Avenir, 152, 516, 1959.
[8] Bruno H. — *Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft*, 10, 260, 1973.
[9] Bukner N. J., Biochemistry of Industrial Microorganisms, Academic Press, London, N. York, 44, 1963.
[10] Cepade M. i wsp., Population and Food, N. York, Sheed and Ward, 1964.
[11] Champagnat A. i wsp., Nature, 197, 13, 1963.
[12] Chorch J. A., Food Manufacture, 45, 54, 1970.
[13] Clement G., Voeding, 30, 772, 1969.
[14] Clement G. i wsp., J. Sci. Fd Agric., 18, 497, 1967.
[15] Compre P., Materiały 6-go Symposium po teme VI.5.5.SZW.A.S.N.B. Sofia, 1968.
[16] Czepmen W. — *Morskije wodorosli i ich ispołzowanie*, Izd. Inostr. Lit., Moskwa, 1953.

[17] Czesnokow W. A., Westniki Leningradskogo Uniwersiteta, Serija biołogii, wyp. 2, 113, 1962.
[18] Daboll H. F. i wsp., Biotechnol. Bioeng., 4, 281, 1962.
[19] Dagey S., Johnson A., Biochem. Biophys. Acta, 21, 270, 1956.
[20] Damm R. i wsp., J. Nutr., 86, 376, 1965.
[21] De Saint Rat L., Przemysł Spożywczy, 24, 304, 1970.
[22] FAO Comitte on Protein Requirements, Nutritional Studies, 16, Rome, 1957.
[23] Fink H., Herold E., Naturwissenschaften, 42, 516, 1955.
[24] Fink H., Schilie F., Naturwissenschaften, 41, 169, 1954.
[25] Fisher R. H., Protein Metabolizm, Mothuen and Co., London, 1954.
[26] Foog G. E., Physiology and biochemistry of algae, Acad. Press, N. York, London, 1962.
[27] Fott B., Algenkunde, VEB Gustaw Fischer Verlag, Jena, 1959.
[28] Fritsch F. E. — *The structure and reproduction of the algae,* vol. 1, Cambridge, Univ. Press, 1965.
[29] Galas E. — *Postępy i nowe kierunki w technologii przemysłu spożywczego,* Materiały z XII Zjazdu Nauk. Technicznego, Warszawa, 118, 1963.
[30] Gibson D. L., Dwiredi B. K., Canadian Institute of Food Technology Journal, 3, 113, 1970.
[31] Glabe i wsp., Food Technol., 10, 51, 1956.
[32] Gollerbach M. N. — *Wodorosli, ich strojenie, żizn i znaczenie,* Izd. Mosk. Obszcz. Isp. Prir., Moskwa, 1951.
[33] Hayami H., Tamiya N., 1958, cyt. wg. 20.
[34] Hopkins E. F., Wann F. B., J. Gen. Physiol., 9, 205, 1925.
[35] Hole J. i wsp. — *Nowe kierunki pozyskania i wykorzystania białka spożywczego,* Mat. Konf., NOT, Warszawa, 21, 1971.
[36] Hrycyk B. — *Obrudowanie dla masowego kultiwirowanija vodoroslej pod otkrytom nebom,* Izuczenie intensivnej kultury vodoroslej, Praga, Izd. CSAN, 1965.
[37] Huang M. T., Prog. Industr. Microb., 5, 57, 1964.
[38] Janicki J. i wsp., Przemysł Spożywczy, 23, 85, 1962.
[39] Kanazawa T. i wsp., J. Gen. Appl. Microbiol., 4, 135, 1958.
[40] Klose A. A., Ferald H. L., Nutrition, 29, 421, 1945.
[41] Koch B. i wsp., Agrobotanika, 9, 113, 1967.
[42] Kratz A., Myers J., Am. J. Bot., 42, 282, 1955.
[43] Kratz A., Myers J., Plant Physiology, 30, 275, 1955.
[44] Kurt J., Food Technol., 23, 23, 1969.
[45] Leonard J., Biol. Jard. Bot. Nat. Belg, 37, 1 suppl., 1968.
[46] Leonard J., Nature, 209, 126, 1966.
[47] Lyman N., Siegelman N. W., J. Protozool, 14, 279, 1967.
[48] Materiały International Conference on Single Cell Protein, NIT 9—11 X, 1967, Boston USA.
[49] Mattern R. O. i wsp., Biotechnol. Bioeng., 11, 863, 1969.
[50] Mc Person A. T., Chem. Eng. Prog., 61, 101, 1965.
[51] Michlin E. D. i wsp., Mikrobiołogia, 33, 210, 1964.
[52] Miller S. A., Single cell protein, MIT Press, 1969.
[53] Mitchell H. H., Block R. J., J. Biol. Chem., 163, 399, 1946.
[54] Mitchell H. H., Comparative Nutrition of Man and Domestic Animals, Acad. Press, N. York, London.
[55] Myers J., Clark L. B., J. Gen Physiol., 32, 103, 1944.
[56] Myers J., Ann. Rev. Microb., 5, 157, 1951.
[57] Myers J., Kratz A., J. Gen. Physiol., 39, 11, 1955.

[58] Nowacki E., Problemy, 25, 264, 1969.
[59] Nowacki E., Postępy Nauk Rolniczych, 21, 45, 1974.
[60] Oswald H. — *The earth can food use*, Allen, Unwin, London, 1966.
[61] P. A. G. Bulletin, 2, 19, 1972.
[62] P. A. G. Bulletin, nr 7, 1967.
[63] Pankratz S., Bowen C., Am. J. Botany, 30, 387, 1963.
[64] Pijanowski E., Problemy, 19, 153, 1964.
[65] Pijanowski E., Przemysł Spożywczy, 23, 465, 1969.
[66] Pijanowski E., Przemysł Spożywczy, 15, 705, 1961.
[67] Pirie N. W., V Int. Congr. Biochem., Moskwa, 53, 1961.
[68] Pirie N. W., Chem. Industry, 8, 868, 1968.
[69] Podbiełkowski Z. — *Glony*, PZWS, Warszawa, 1967.
[70] Pokrowskij A. A. Wopr. Pit., 27, 42, 1967.
[71] Powell R. C. i wsp., J. Nutr., 75, 7, 1954.
[72] Pratt R., Am. J. Botany, 28, 492, 1941.
[73] Rafalski H. i wsp., Roczniki PZH, 18, 345, 1967.
[74] Rodrigues-Lopez M. R., Nature, 203, 666, 1964.
[75] Rama Rao, J. Food Sci. Techn., 21, 1969.
[76] Rutkowski A., Mat. Konf. Nowe kierunki pozyskania i wykorzystania białka spożywczego, NOT, Warszawa, 45, 1971.
[77] Schroder D. J. i wsp., J. Food Sci., 38, 1091, 1973.
[78] Sorokin C., Myers J., Science, 117, 275, 1953.
[79] Szkiłłądziowa W., Siczkówna J., Roczniki PZH, 5, 369, 1954.
[80] Szkiłłądziowa W. i wsp., Roczniki PZH, 20, 202, 1969.
[81] Szczygieł A. i wsp. — *Normy wyżywienia dla osiemnastu grup ludności*, PZWL, Warszawa, 1965.
[82] Taecker R. G. i wsp., Biotechnol. Bioeng., 13, 779, 1971.
[83] Tamiya H., Ann. Rev. Plant Physiol., 8, 309, 1957.
[84] Tamiya H. i wsp., Biochim. Biophys. Acta, 12, 23, 1953.
[85] Thomas W. H., Krauss R. R., Plant Physiol., 30, 113, 1955.
[86] Wlak F., Biul. Informacyjny Instytutu Antbiotyków, 6, 3, 1963.
[87] Verduin J., Schnid W. E., Deyel. Indust. Microb., 7, 205, 1966.
[88] Verduin J. i wsp., Science, 130, 268, 1959.
[89] Vladimirowa M. E., Semonenko V. E., Intensivnaja kultura odnokletocznych vodoroslej, Akad. Nauk SSSR, Moskwa, 1962.
[90] Wachowicz M., Zagrodzki S., Przemysł spożywczy, 28, 254, 1974.
[91] Wachowicz M., Zagrodzki S., Przemysł spożywczy, 29, 397, 1975.
[92] Wachowicz M., Zagrodzki S., Patent tymczas., 184636, 1975.
[93] Wachowicz M., Zagrodzki S., Horyzonty Techniki, 5, 3, 1976.
[94] Wachowicz M., Zagrodzki S., Acta Alimentaria Polonica, II, 33, 1976
[95] Wilding M. D. i wsp., Cer. Chem., 43, 254, 1968.
[96] Zagrodzki S., Przemysł Spożywczy, 22, 486, 1968.
[97] Zarnowski J., Acta Hydrobiol., 14, 215, 1972.
[98] Zarnowski J. — *Hodowla alg w układach ekologicznie zamkniętych i zastosowanie ich w wyżywieniu na ziemi oraz w lotach kosmicznych*. Materiały Polskiego Towarzystwa Astronautycznego, Katowice, 1973.

STANISŁAW RAKUSA-SUSZCZEWSKI

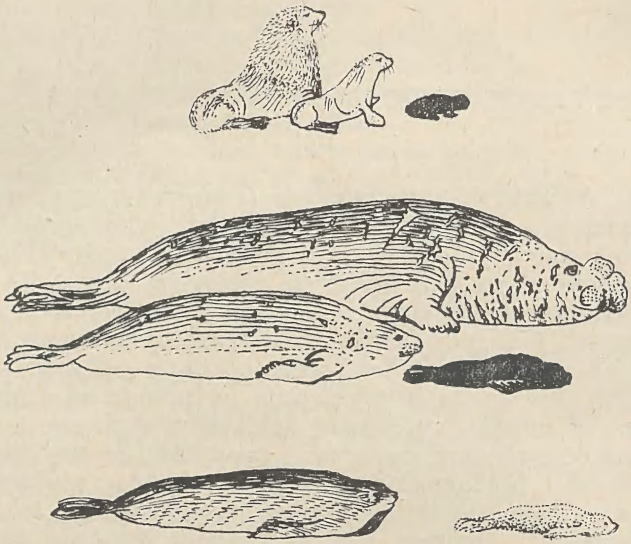
ZASOBY I MOŻLIWOŚCI POŁOWÓW FOK ANTARKTYKI

W rejonie Antarktyki płetwonogie *(Pinnipedia)* są reprezentowane przez dwie rodziny — uchatki *(Otariidae)* i foki właściwe *(Phocidae)*. Do rodziny uchatek należy 6 gatunków z rodzaju *Arctocephalus*, z których jedynie *A. gazelle* swym południowym zasięgiem obejmuje Południowe Szetlandy. Występowanie pozostałych gatunków ograniczone jest do wysp subantarktycznych i sąsiadujących z Antarktydą kontynentów. W skład rodziny uchatek wchodzą również rodzaje *Otaria* i *Neophoca* — zwane lwami morskimi. Zwierzęta te występują na północ od konwergencji w subantarktyce. W Antarktyce rodzinę fok właściwych reprezentuje 5 endemicznych dla tego obszaru rodzajów i gatunków. Są to: *Mirounga leonida* — słoń morski, *Leptonychotes weddelli* — foka weddella, *Lobodon carcinophagus* — foka krabojad, *Ommatophoca rossi* — foka rossa oraz *Hydrurga leptonyx* — lampart morski. Uchatki z rodzaju *Arctocephalus* są zwierzętami o silnie wyrażonym dymorfiźmie płciowym. Samce osiągają 2 m długości i 160 kg masy, samice zaś 140 cm i 50 kg masy. Dojrzewają pomiędzy 4—7 rokiem. Zimą uchatki prowadzą pelagiczny tryb życia odżywiając się głowonogami, rybami i krylem. Latem w okresie rozrodu tworzą przybrzeżne haremy. Mają piękne futro koloru szarobrązowego, jaśniejsze po stronie brzusznej. Szczególnie cenione przez łowców były skórki młodych uchatek w miesiąc po urodzeniu, futro ich ma kolor ciemnobrązowy z szarobrązowym odcieniem na brzuchu. Uchatki są bardzo aktywne na lądzie w przeciwieństwie do fok właściwych. Rozmnażają się w koloniach, które głównie występują od Południowych Szetlandów do Archipelagu Kerguelen. W latach 1821—1822 łowcy wybili w rejonie Antarktyki 320 tys. dorosłych i 100 tys. sztuk szczeniąt uchatek. Szczególnie intensywnie były one trzebione na Południowej Georgii. Szacuje się, że w okresie od 1778 do 1826 złowiono 1200 tys. sztuk. Ponowna rzeź rozpoczęła się 1872—1888 i doprowadziła do prawie całkowitego wyniszczenia uchatek. Obecnie, według najnowszych obliczeń w całej Antarktyce liczbę uchatek szacuje się na 200 tys. sztuk.

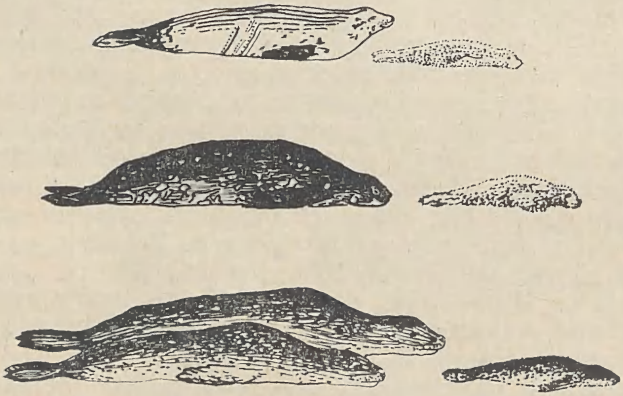
Słonie morskie są największymi przedstawicielami płetwonogich. Samce osiągają 6 m długości i 4,5 t, samice zaś 3,5 m oraz masę do 1 tony. Silnie wyrażony jest dymorfizm płciowy. Młode, po urodzeniu mają kolor czarny, dorosłe — szary. Foki te rozmnażają się na lądzie, rzadko widywane są na morzu. Sporadyczne skupienia słoni morskich spotykano na brzegu kontynentu Antarktydy. W zasadzie jest to gatunek subantarktyczny. Odżywia się rybami i kalmarami. Dojrzałe samce zajmują terytoria na plażach w październiku i okres rozmanażania się trwa u nich do połowy listopada. W tym czasie zwierzęta nie odżywiają się. W latach 80 dziewietnastego wieku znacznie przetrzebiono stada słoni morskich.

Z jednego osobnika łowcy uzyskiwali do 600 kg tłuszczu. Obecnie w Antarktyce żyje ok. 600 tys. sztuk słoni morskich.

Foka krabojad jest najliczniej reprezentowanym w Antarktyce i prawdopodobnie na świecie gatunkiem płetwonogich. Samice są większe od samców i osiągają 2,5 m długości oraz 225 kg masy. Futro mają szare



Rys. 1. *Arctocephalus gazella, Mirounga leonina* i *Ommatophoca rossi* — gatunki płetwonogich znajdujące się pod ścisłą ochroną w Antarktyce

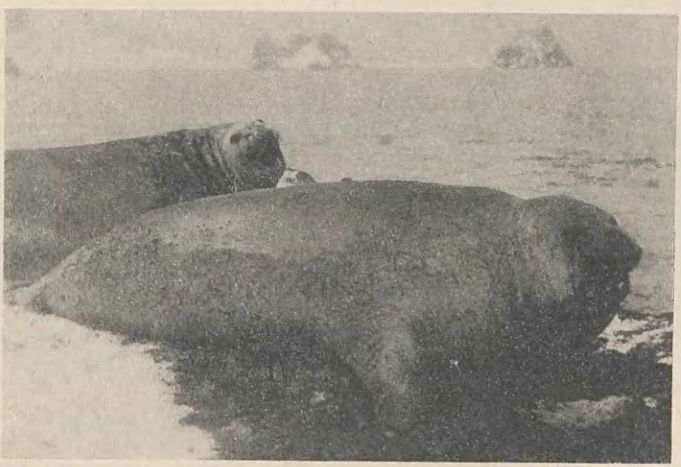


Rys. 2. *Lobodon carcinophagus, Leptonychotes weddelli* i *Hydrurga leptonyx* — gatunki płetwonogich stanowiące potencjalne zasoby eksploatacyjne

i kremowobiałe z ciemnymi plamami na plecach i bokach. Głowa ma charakterystyczny psi kształt z wydłużonym pyskiem, uzbrojonym w płytowate zęby ułatwiające odławianie kryla. Zwierzęta niepokojone prostują głowę i syczą. Po lodzie poruszają się szybko, ruchem płynnym, rozpościerając płetwy. Rozmnażają się w strefie paku lodowego i mogą tworzyć

liczne stada po kilkadziesiąt sztuk, chociaż występują również w pojedynkę i małymi grupami. Stwierdzono zależność pomiędzy powierzchnią morza pokrytą przez pak lodowy a liczebnością krabojadów. Największe skupienia obserwowano przy 30 do 70% zalodzeniu. Stosunkowo mało wiadomo o rozmnażaniu się krabojadów i rytmie ich dobowej aktywności. Na peryferiach obszaru występują zwykle starsze, w centrum zaś młodsze osobniki. Najstarsza spotkana foka krabojad miała 33 lata. O śmiertelności

Rys. 3. *Lobodon carcinophagus* — foka krabojad. Południowe Szetlandy, stacja Ballingshausen



Rys. 4. *Mirounga leonina* — słoń morski. Południowe Szetlandy (King Gorge)

krabojadów wiadomo niewiele, stają się one ofiarami orek i lampartów morskich. Ilość krabojadów w Antarktyce szacuje się na 14 858 tys. sztuk.

Foki weddella są nieco większe, dochodzą do 3 m długości i 500 kg masy. Podobnie jak i u poprzedniego gatunku samice są większe od samców. Futro ich jest upstrzone w nieregularne ciemne plamy. Nowo naro-

dzone szczenię ma kolor brązowozłoty. Zęby zwierzęta posiadają małe. Niepokojone, zwykle przewracają się na bok z jedną uniesioną płetwą. Na lodzie poruszają się powoli z przytwierdzonymi do ciała płetwami. Rozmieszczenie tego gatunku jest cyrkumpolarne, występują one głównie w strefie przybrzeżnej i w strefie „pripaju". Mała reliktowa populacja fok weddella występuje na Południowej Georgii. Stosunkowo najwięcej wiadomo o tym gatunku, gdyż występując przy brzegu kontynentu był on częstym obiektem badań naukowców z stacji antarktycznych. Foki weddella rodzą się począwszy od września w rejonach północnych do października, listopada w rejonach południowych. Samce jak zaobserwowano, okupują podwodne terytoria wokół szczelin pływowych. Ilość fok weddella żyjących w Antarktyce ocenia się na 730 tys. sztuk.

Tablica 1.

Liczebność, biomasa i konsumpcja pokarmu przez foki Antarktyki
(wg SCAR vol. 1 Biomass 1977)

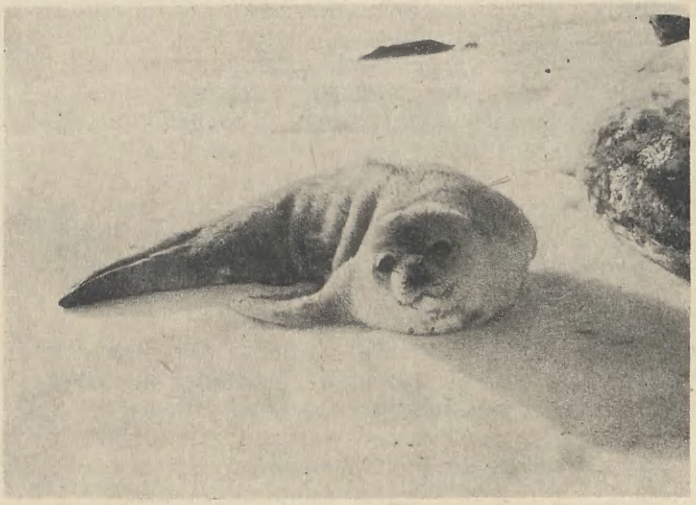
Gatunek	Liczebność (tys. t)	Masa (kg)	Biomasa populacji (tys. t)	Cała	Roczna konsumpcja (tys. t)		
					kryl	kalmary	ryby
Słonie morskie	600	500	300	6000	—	3000	3000
Lampart morski	220	272	60	1403	519	112	182
Foki weddella	730	246	180	4211	—	463	2232
Foka krabojad	15000	193	3000	67245	63210	1345	2017
Foka rossa	220	173	38	892	80	571	196
Uchatki	350	50	17.5	410	205	102	102
Razem:	17000	—	3600	80000	64000	6000	8000

Najmniejszym i najrzadszym gatunkiem w Antarktyce jest foka rossa, Maksymalna jej długość wynosi 2 m, masa 225 kg. Gatunek ten wyglądem przypomina fokę weddella. Pysk ma krótki, futro na stronie grzbietowej ciemne z paroma plamami. Zwierzęta niepokojone podnoszą głowę i wydają charakterystyczne dzwięki. Zęby gatunek ten posiada małe, odżywia się kalmarami. Występuje w strefie paku lodowego, nie tworzy stad, chociaż obserwowano grupy do 13 osobników. W rejonie Morza Weddella gatunek ten występuje nielicznie. Najwięcej fok rossa stwierdzono w Morzu Bellingshausena, Amundsena i Króla Haakona VII. Foki rossa rozmnażają się w okresie listopada-grudnia. Informacje o ich biologii są bardzo skromne. W Antarktyce żyje ok. 220 tys. fok rossa.

Największym i jedynym drapieżnikiem wśród płetwonogich Antarktyki jest lampart morski. Osiąga on długość 4 m i masę do 450 kg. Ciało lamparta morskiego jest wąskie i długie, pokryte ciemnym na grzbiecie i srebrzystoszarym na brzuchu futrem. Głowa ma kształt żmijowaty. Paszcza uzbrojona jest w długie zakrzywione zęby. Lampart morski odżywia się pingwinami, rybami, sporadycznie zaś młodymi innych gatunków fok oraz krylem. Na lodzie porusza się szybko, lecz wolniej niż foka krabojad. Występuje cyrkumpolarnie w Antarktyce. Rozmnaża się w strefie paku lodowego. O cyklu życiowym lamparta morskiego wiadomo bardzo niewiele. Zasięgiem występowania gatunek ten sięga wysp subantarktycznych. Zwierzęta dojrzewają w 3—6 roku życia i żyją do 25 lat. W Antarktyce jest ok. 220 tys. sztuk lampartów morskich.

Słonie morskie i foki weddela głównie odżywiają się rybami i głowonogami, znaczne ilości kalmarów zajadają również foki rossa. Głównym pokarmem pozostałych gatunków płetwonogich jest kryl. Tablica 1 ilustruje liczebność, biomasę i roczną konsumpcję pokarmu przez płetwonogie Antarktyki.

Rys. 5. *Leptonychotes weddelli* — foka weddella. Rejon cieśniny McMurda



Rys. 6. Szczenię foki weddella. Rejon zalewu Alashejeva

Przemysłowa eksploatacja fok właściwych nigdy nie rozwinęła się na dużą skalę, przyczyną tego były trudności techniczne. Wymienione 4 ostatnie gatunki fok trzymają się strefy ciężkich lodów i wybrzeży kontynentu Antarktydy, gdzie łowiectwo bez lodołamaczy, bądź przynajmniej dużych statków i helikopterów było w latach ubiegłych nieopłacalne i bardzo trudne. Pierwsze próby połowów przemysłowych podjęto w latach 1892/93, kiedy to statek wielorybniczy Jason złowił 6335 fok w rejonie

na zachód od Półwyspu Antarktycznego. W następnym sezonie połowowym trzy statki wielorybnicze odłowiły w tym samym rejonie 26 223 sztuk fok z których uzyskano 4100 baryłek tłuszczu. Wyniki tej wyprawy uznano jednak wtedy za nieopłacalne. Do roku 1964 nie prowadzono połowów fok na skalę przemysłową, rozpoczął je statek norweski Polarhav, który złowił 861 fok w rejonie Południowych Szetlandów i Południowych Orkadów. W latach 1964—1969 w całym obszarze objętym Układem w sprawie Antarktydy, a więc na południe od 60° szerokości geograficznej zabito 2372 fok, głównie z przeznaczeniem na pokarm dla psów. Całkowita ilość fok w Antarktyce oceniana jest na ok. 17 mln sztuk.

Zasady ochrony fok zaczęto wprowadzać stosunkowo wcześnie. Już w roku 1910 na Południowej Georgii wprowadzono ochronę słoni morskich. Teren wyspy rozdzielono na 4 części i każda z nich była kolejno zamykana dla łowiectwa. W rezultacie ilość słoni morskich w 1951 r. osiągnęła tam liczebność 250 tys. sztuk. Ostatnią z ważnych decyzji zainicjowaną przez SCAR (Naukowy Komitet Badań Antarktycznych) było podpisanie w Londynie w 1972 r. międzynarodowej konwencji o ochronie fok. Konwencja ta obowiązuje w obszarze Antarktyki na południe od 60° szerokości geograficznej południowej. Składa się z 16 artykułów i aneksu, który stanowi jej integralną część. Główne postanowienia konwencji są następujące; uzgodniono, że gatunki płetwonogich nie będą zabijane lub łowione w obszarze objętym konwencją przez obywateli państw podpisujących konwencję lub statki pod ich banderą. Państwa sygnatarjusze konwencji uzgodniły adaptować dla swoich obywateli i swoich statków takie prawa, zasady i przepisy, które będą zawierać system zezwoleń na odławianie i odstrzał fok niezbędny dla wywiązywania się z konwencji. Ustalono przypadki wydawania specjalnych zezwoleń na odławianie i zabijanie fok, zasady wymiany informacji, zasady spotkań i konsultacji. Konwencja ustaliła dopuszczalne odłowy przemysłowe fok w Antarktyce. Każdego roku, który zaczyna się od 1 lipca i trwa do końca czerwca włącznie można zabić lub złapać:

fok krabojadów	175 tys. sztuk
lampartów morskich	12 tys. sztuk
fok weddella	5 tys. sztuk

Całkowicie zabroniono zabijania i łapania fok rossa, słonia morskiego i uchatek. Zgodnie z konwencją okres pomiędzy 1 marca i 31 sierpnia włącznie jest sezonem zamkniętym, podczas którego łapanie i zabijanie fok jest zabronione. Okres pomiędzy 1 października do ostatniego dnia lutego jest sezonem połowowym. Wyznaczonych zostało 6 stref połowowych: 1) pomiędzy 60° i 120° zach. długości, 2) pomiędzy 0° i 60° zach. długości, razem z częścią Morza Weddella leżącą na zachód od 60° zach. długości, 3) pomiędzy 0° i 70° wsch. długości, 4) pomiędzy 70° i 130° wsch. długości, 5) pomiędzy 130° wsch. długości, 6) pomiędzy 120° i 170° zach. długości. Określono również obszary ścisłych rezerwatów, w których zabijanie fok lub ich łowienie jest całkowicie zabronione, są to: 1) rejon wokół Południowych Orkadów wysp pomiędzy 60°20′ i 60°56′ S oraz 44° 05′ i 46°25′ W. 2) rejon południowo-zachodni Morza Rossa na południe od 76° S i na zachód od 170° E, 3) obszar zatoki Edisto na południe od linii przebiegającej pomiędzy współrzędnymi 72°19′ S i 170°18′ E a 72°11′ S i 170°00′ E.

Państwa podpisujące konwencję uzgodniły corocznie do 31 października informować się wzajemnie i informować SCAR o ilości złowionych i zabitych fok z uwzględnieniem rejonów i miesięcy. Informacje te powinny zawierać dane dotyczące gatunku, płci, stadium dojrzałości i wieku zabitych fok. Informacje o planach wysyłanych ekspedycji łowczych powinny być przekazywane na 30 dni przed wypłynięciem statku z macierzystego portu. Zabijanie fok powinno być prowadzone szybko, bezboleśnie i efektywnie. Zabrania się zabijania ich w wodzie z wyjątkiem ograniczonej ilości dla celów naukowych.

Tablica 2.

Liczebność fok w rejonie wysp Antarktycznych (wg ACMRR 1977).

Rejon	Liczebność
Południowa Georgia 1930 rok	100
1957 rok	15000
1976 rok	350000
Południowe Sandwiche	5000
Południowe Szetlandy	3000
Wyspy Heard/McDonald	3000
Południowe Orkady	1000
Bouvet	1000
Archipelag Kerguelen	pare

Foki mogą być surowcem dla otrzymywania futer, skór, mączki zwierzęcej wysokiej jakości, cennego tłuszczu oraz mogą stanowić pokarm dla zwierząt futerkowych. Odłowy fok w ramach istniejących limitów i zasad są celowe i mogą być opłacalne również dla naszego Kraju. Przyszłej eksploatacji tych zasobów towarzyszyć powinny badania naukowe, które w tym roku będą już rozpoczęte przez Polską Akademię Nauk na stacji im. H. Arctowskiego.

LITERATURA

[1] ACMRR — Report of the Scientific Consultation on the Conservation and Management of Marine Mammals and their Environment and ACMRR Working Party on Marine Mammals. Bergen, Norvay, 1976.

[2] BIOMASS — Biological investigations of marine antarctic systems and stocks (biomass). SCAR/SCOR Convenor: Sayed Z. El-Sayed. Vol. 1: research proposals. August 1977.

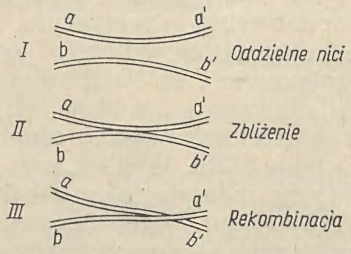
[3] Everson J. E. — *The living resouces of the southern Ocean.* FAO, Roma, September 1977.

BOŻYDAR SZABUNIEWICZ

MOLEKULARNA BIOLOGIA INTEGRACJI BAKTERIOFAGA LAMBDA

Bakteriofagi są jednostkami o ograniczonych możliwościach propagacji. Nie pomnażają się same, a tylko za udziałem swych gospodarzy, bakterii. Jeden ze sposobów propagacji fagów wymaga genetycznego zespolenia się ich DNA z genomem bakterii. Zespolenie to jest odwracalne i mówi się o integracji i o ekscyzji fagów. Zgodnie z propozycją *A. Campbella* jeszcze z 1962 r., integracja i ekscyzja fagów są uważane [7] za rodzaj genetycznej rekombinacji, w której crossing over jest ograniczony do określonych loci DNA, nazywanych miejscami sprzężenia (attachment sites). Proces integracji i ekscyzji bakteriofaga lambda, pasożytującego na pałeczce okrężnicy *E. coli*, należy do najlepiej poznanych. Także sam bakteriofag [10] i jego gospodarz [1] są stosunkowo dokładnie opracowane.

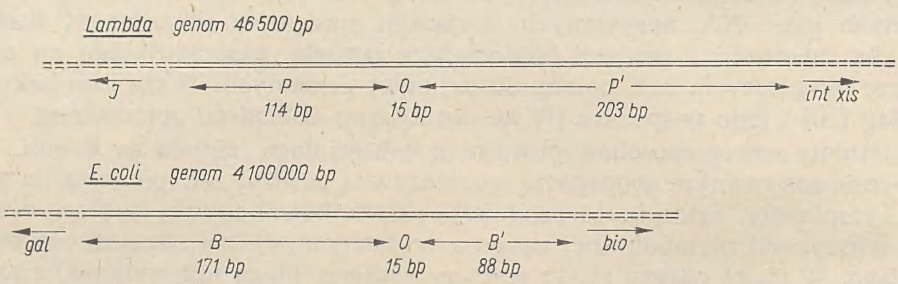
Istnieje szereg sposobów propagacji bakteriofaga lambda na *E. coli*. W procesie nazywanym propagacją wegetatywną pasożyt ten, po dostaniu się do cytoplazmy, zatrzymuje produkcję składników komórki bakterii i na jej maszynerii metabolicznej zaczyna wytwarzać własne składniki bakteriofaga. W ciągu okresu rzędu godziny bakteria ulega upłynnieniu, uwalniając ok. 100 potomnych fagów. W procesie propagacji lizogenicznej, metaboliczna maszyneria bakterii nie ulega zablokowaniu, natomiast ekspresja cistronów genomu faga zostaje wydatnie ograniczona, zaś DNA faga ulega integracji do genomu gospodarza. Integracja przebiega jako specjalny rodzaj crossing over (rys. 1): genom lambdy, po przybraniu kolistej postaci [10], zbliża się do nici DNA genomu bakterii, po czym dochodzi do ich zespolenia się drogą rekombinacyjnego skrzyżowania.



Rys. 1. Schemat procesu rekombinacyjnego skrzyżowania, w którym dwie nici DNA (aa' i bb') zespalają się tworząc ciąg ab'...ba'

Lambda jest zdolny do integracji w różnych punktach nici DNA genomu bakterii. Sposób, który mamy omówić, jest typowy. Inne rzadziej zdarzające się sposoby pozostawimy bez omówienia, odsyłając zainteresowanych do piśmiennictwa [6]. W przypadku omawianego sposobu, zespolenie się obu genomów zachodzi w lokus oznaczanym symbolem att. Jedno z tych miejsc znajduje się w genomie faga (attP), drugie w genomie bakterii (attB).

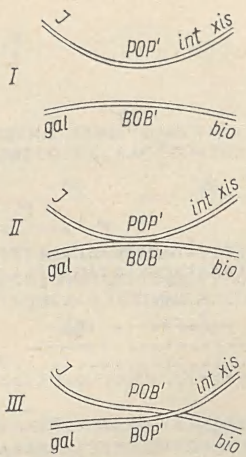
Lokus attP (genomu faga) sąsiaduje bezpośrednio z dwoma cistronami. Mianowicie (rys. 2 i porównaj rys. 4 [10]) podwójna nić DNA odcinka attP sąsiaduje z cistronem int, znajdującym się w kierunku (umownie) na prawo od attP. Cistron ten ma długość ok. 1240 par zasad (bp) i koduje białko enzymatyczne pint [2]. Tuż za tym cistronem, w kierunku prawym, znajduje się krótki cistron liczący ok. 110 pb, oznaczany symbolem xis, kodujący peptyd pxis [2]. Jeszcze dalej w prawo znajduje się region regulacyjny faga [10]. Białko pint, o ile wiadomo, sczepia się bezpośrednio z nicią DNA i warunkuje enzymatyczne procesy integracji i ekscyzji. Peptyd pxis jest natomiast niezbędny tylko w procesie ekscyzji, ale nie integracji. W kierunku na lewo od attP znajdują się cistrony dla białek strukturalnych organizmu dojrzałego faga, z cistronem J, którego białko (pJ) wchodzi w skład ogona faga [10].



Rys. 2. Schemat odcinków nici podwójnej spirali DNA, mieszczących regiony sprzężenia POP' (bakteriofaga) i BOB' (bakterii). Dane zaczerpnięte od [2], [4] i [1]. Długość odcinków jest w przybliżeniu proporcjonalna do długości nici DNA. Symbol bp oznacza parę zasad (base pair), czyli parzyste ogniwo nici podwójnej spirali DNA

Lokus attB (genomu bakterii) sąsiaduje z dwoma regionami kodującymi białka produkowane przez *E. coli*. W kierunku (umownym) prawym znajduje się tam gen bio, w kierunku lewym — gen gal (rys. 2).

Wykonano liczne próby izolowania regionów att dla wykrycia ich elementów składowych [3, 5]. W szczególności usilnie poszukiwano homologii regionów attP i attB, suponowanej teoretycznie. Rezultatem tych badań [7] jest zapatrywanie, że każdy z tych regionów jest złożony z trzech funkcjonalnych elementów, mianowicie ze środkowego „rdzenia" (core), oraz z dwóch „ramion" (arms), lewego i prawego [4]. Stosownie do tego poglądu, region attP bywa w ostatnich czasach oznaczany symbolicznie jako POP', zaś region attB — jako BOB'. Według tego ujęcia, rdzeń O ma być podobny lub identyczny (pełna homologia) w att faga i bakterii, natomiast ramiona P, P', B i B' byłyby różne. Rdzeń O okazał się tak krótki, że jego obecność nie daje się uchwycić elektronoskopowo w próbach dupleksowych. Jego rozmiary, według tej oceny, byłyby mniejsze niż 20 bp. Stosownie do powyższych danych rekombinacyjne skrzyżowanie, przedstawione ogólnie na rys. 1, uzyskałoby postać przedstawioną na rys. 3.



Rys. 3. Schemat procesu rekombinacyjnej integracji lambdy i *E. coli* miejscami sprzężenia POP' (faga) i BOB' (bakterii). Porównaj rys. 1. W rezultacie integracji powstaje tu ciąg elementów nici DNA: ... (genom bakterii)-gal-BOP'-int-xis-(genom faga)-J-POB'-bio... I, II i III — to samo znaczenie co w rys. 1

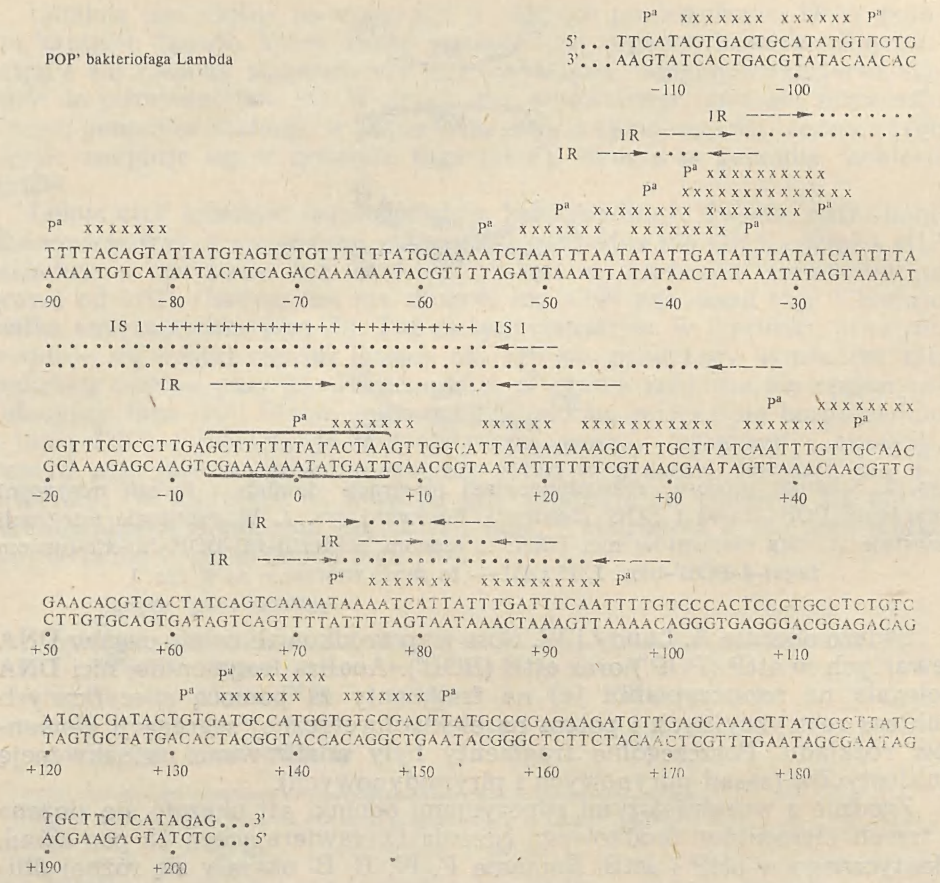
Świeżo obecnie A. Landy i W. Ross wypośrodkowali całość ciągów DNA zawartych w attP (POP') oraz attB (BOB'). Analiza fragmentów nici DNA polegała na rozszczepianiu jej na fragmenty za pomocą specyficznych nukleaz restrykcyjnych i potem na elektroforetycznej segregacji elementów rozkładu. Poszczególne fragmenty były analizowane na sekwencję nukleotydów (zasad purynowych i pirymidynowych).

Zgodnie z wcześniejszymi supozycjami odcinki att okazały się złożone z trzech elementów: środkowego rdzenia O, zawierającego 15 par zasad, identycznego w attP i attB. Ramiona P, P', B, B' okazały się różnej długości i o różnym składzie. Wzdłuż nici DNA odcinków POP' i BOB' dostrzec można szereg segmentów o szczególnej kolejności zasad, mających prawdopodobnie funkcjonalne znaczenie.

Landy i Ross wskazują po pierwsze na istnienie odcinków nazywanych palindromami (P^a z rys. 4 i 5). Są one określane jako segmenty o symetrii rotacyjnej względem własnego środka. Sekwencja nukleotydów jednego z partnerów DNA jest taka sama przy odczytywaniu w przeciwnych kierunkach (często niezupełnie, np. z wyjątkiem jednego lub dwu ogniw środkowych). Tak np. odcinki nici POP' od —52 do —46 (7 ogniw), jak też od —46 do —39 (8 ogniw) mają postacie:

```
5'...TAATTTA...3'      i      5'...AATATATT...3'
3'...ATTAAAT...5'             3'...TTATATAA...5'
   —52      —46                  —46      —39
```

Można snuć przypuszczenia co do funkcjonalnego znaczenia tych odcinków. Oto niektóre białka o charakterze enzymów mają powinowactwo do, i tworzą połączenia ze znamiennymi dla nich sekwencjami nukleotydów jednej z nici podwójnej spirali DNA. Palindrom byłby odcinkiem, do którego mogą przyczepiać się białka enzymów o rotacyjnej symetrii przestrzenej, mianowicie, takie, w skład których wchodzą dwie identyczne podjednostki białkowe, ustawione względem siebie w przeciwnych kie-

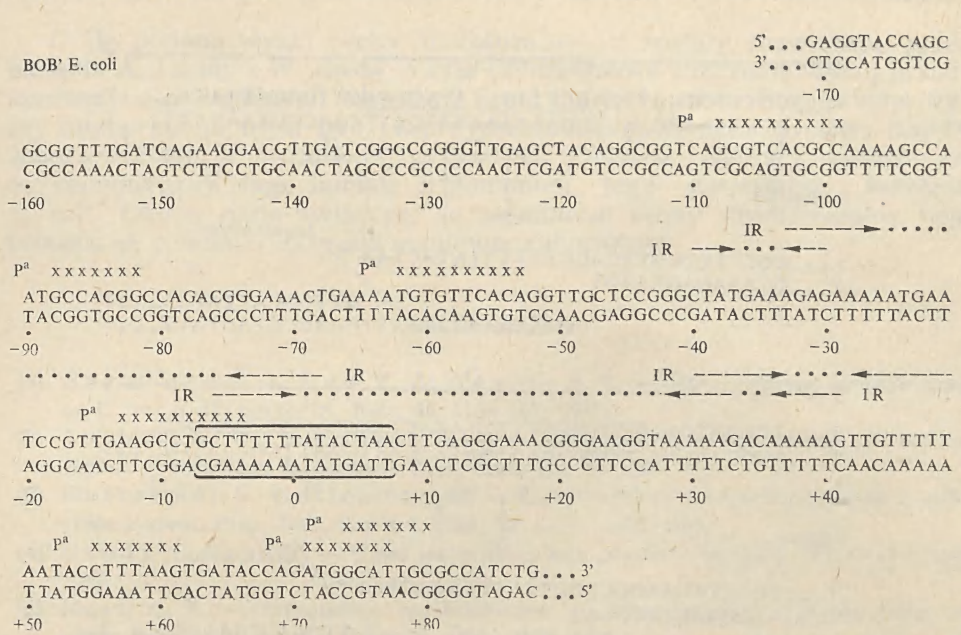


Rys. 4. Sekwencja par nukleotydów (par zasad) odcinka POP' faga lambda według danych zaczerpniętych od A. Landy i W. Rossa. Liczby poniżej nici DNA oznaczają kolejność par zasad w lewo i w prawo, licząc od umownego punktu zerowego leżącego w środku regionu O. Homologiczny odcinek O liczy 15 bp i jest zaznaczony grubą klamrą. Ponad podwójną linią ogniw DNA zaznaczono położenie niektórych odcinków o szczególnym, prawdopodobnie czynnościowym, znaczeniu. P^a xxxxx — odcinki o cechach palindromów IR - - - - - - - - - odcinki o odwróconej sekwencji zasad, wykazujące homologię, separowane segmentami obojętnymi (inverted repeats). + + + + + odcinki wykazujące podobieństwo sekwencji do transpozycyjnego IS1.

runkach. Istotnie, niektóre endonukleazy restrykcyjne wymagają obecności takich miejsc dla wywarcia swego działania i zawierają dwie podjednostki białkowe o identycznej strukturze [4].

Obfite grono palindromów znajduje się w regionie — 26 do —52 POP'. Pozostałe palindromy POP' są również rozmieszczone grupami: mianowicie w regionach +3 do +49, także +76 do +94, i wreszcie +134 do +150. W BOB' palindromów jest znacznie mniej niż w POP'.

Innym rodzajem szczególnych sekwencji nukleotydów są odcinki o odwróconej powtarzalności (IR, inverted repeats). Odcinkom tym przypisywana jest również symetria rotacyjna, ale są one od siebie oddzielone segmentem o parach zasad nie posiadających takiej zależności. Oto np.



Rys. 5. Sekwencja par nukleotydów (par zasad) odcinka BOB', *E. coli*. Wszystkie oznaczenia, jak w rys. 4. Według A. Landy i W. Rossa

w segmentach POP' leżących pomiędzy —7 a +3 oraz pomiędzy +16 a +26 mamy takie dwie pary „odwróconych" kolejności:

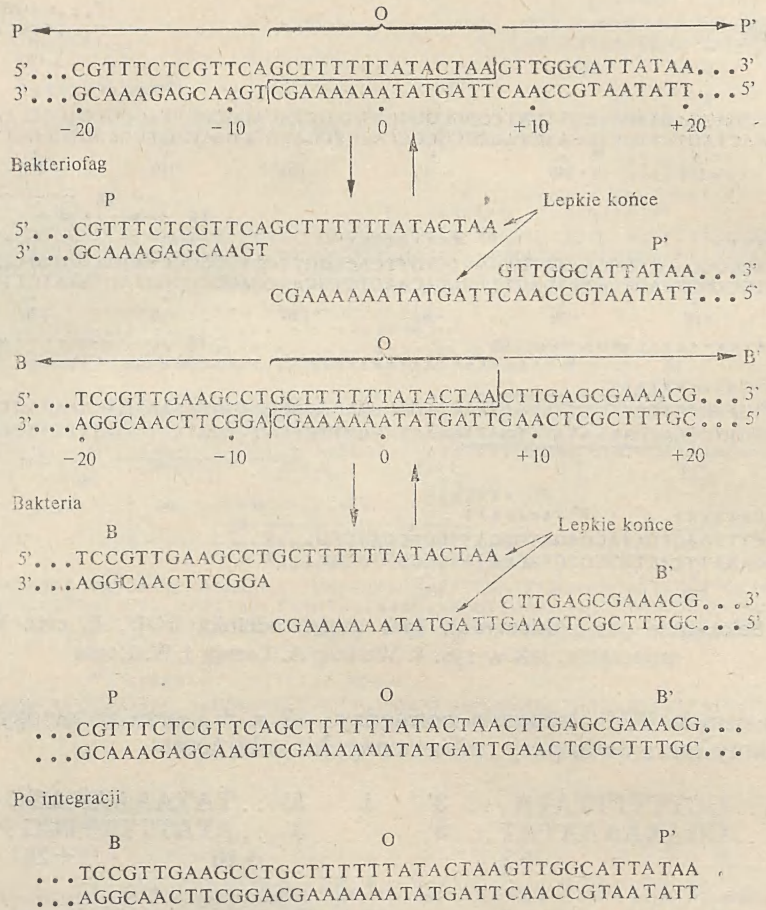
```
5'...GCTTTTTTATA...3'      i      5'...TATAAAAAAGC...3'
3'...CGAAAAAATAT...5'             3'...ATATTTTTTCG...5'
   —7          +3                   +16          +26
```

Pomiędzy tymi dwoma sekwencjami nukleotydów znajduje się odcinek „obojętny" złożony z 12 ogniw. Także i odcinki o odwróconej sekwencji są rozmieszczone grupami. Np. w POP' znajdujemy jedną grupę IR w regionie od —46 do +40, oraz drugą w regionie od +67 do +100. U bakterii w BOB' odcinki IR są mniej liczne (rys. 5), ale również są zgrupowane razem w regionie pomiędzy —40 i +49.

Segmenty IR mogłyby służyć do tworzenia wewnątrzniciowych koneksji, mianowicie dodatkowych połączeń mostkami wodorowymi, albo mogłyby formować struktury pętlicowe (hairpin structures), znane z wielu innych czynnościowych jednostek DNA i RNA.

Landy i Ross zwracają uwagę na znacznie większą obfitość palindromów i odwróconych powtórzeń u POP' w porównaniu z BOB'. Wyprowadzają oni z tego wniosek, że integracyjna aktywność obu genomów, faga i bakterii, jest wydatnie różna.

Poza powyższymi, istnieją jeszcze dalsze odcinki att o innych szczególnych cechach. Zwrócimy tu jeszcze uwagę tylko na dwa segmenty, wykazujące homologię z segmentami transpozycyjnymi SI. Oto w genomach licznych wirusów i bakterii stwierdzono istnienie krótkich odcinków szczególnie łatwo przenoszących się z genomu na genom. Mają one jeszcze dalszą osobliwość, mianowicie po szczepieniu się z DNA rozwijają wpływ hamujący ekspresję sąsiadujących z nimi cistronów [9]. Landy i



Rys. 6. Schemat przypuszczalnego enzymatycznego rozszczepienia rdzeniowych odcinków att faga i bakterii, prowadzącego do tworzenia się lepkich końców, a z kolei umożliwiającego ich krzyżowe zespolenie się w procesie rekombinacji. Homologia segmentu O zabezpiecza możliwość tworzenia się obu alternatywnych zespoleń. Łamana linia wskazuje miejsce enzymatycznego rozszczepienia

Ross stwierdzają, że dwa segmenty POP' sąsiadujące bezpośrednio z rdzeniem O i zachodzące na ten rdzeń (+++++ na rys. 4) wykazują homologię z elementem transpozycyjnym IS1. Znaczenie tego faktu nie daje się obecnie zrozumieć.

Rdzeniowa część att, identyczna u faga i bakterii, ma niewątpliwie istotne funkcjonalne znaczenie. Ogólnie przypuszcza się, że enzymy czynne w rekombinacji, powodują rozcięcie obu pojedynczych nici parzystego pasma DNA w różnych miejscach za pozostawieniem „lepkich końców" (cohesive ends). Przedstawiono to schematycznie w rys. 6 [8]. Zwraca uwagę silna przewaga (ponad 70%) par zasad AT (nad GC) obu segmentów centralnych POP' i BOB'. Jak wiadomo, taki stan rzeczy powoduje szczególną wrażliwość podwójnej spirali DNA na czynniki denaturacyjne, a więc tendencję do rozejścia się obu partnerów spirali. Taka okoliczność mogłaby współdziałać w formowaniu się lepkich końców.

O ile podane wyżej cechy strukturalne att zostały rozwiązane przez badania A. Landy i W. Rossa, o tyle czynnościowe znaczenie wyżej przedstawionych szczególnych sekwencji zasad nie jest pewne. Przytoczona wyżej interpretacja musi być eksperymentalnie dowiedziona, czego należy spodziewać się w niedalekiej przyszłości. Opisane rezultaty odnoszą się do rekombinacji faga lambda z genomem jego gospodarza, komórki *E. coli*. Liczne dane świadczą, że zasadnicze cechy mechanizmów tego procesu są podobne także dla genomów eukariotów.

LITERATURA

[1] Bachmann B. J., Low K. B., Taylor A. L. — *Recalibrating linkage map of E. coli K-12.* Bacteriol. Rev., 40, 116—167, 1970.

[2] Enquist L. W., Weisberg R. A. — *A genetic analysis of the att-int-xis region of coliphage Lambda.* J. Mol. Biol., 111, 97—120, 1977.

[3] Gottesman S., Gottesman M. — *Excision of prophage Lambda in a cell--free system.* Proc. Natl. Ac. Sci. USA, 72, 2188—2192, 1975.

[4] Landy A., Ross W. — *Viral integration and excision.* Science, 197, 1147—1160, 1977.

[5] Nash H. A. — *Integrative recombination of bacteriophage Lambda DNA in vitro.* Proc. Natl. Ac. Sci USA, 72, 1072—1075, 1975.

[6] Shimada P., Weisberg R. S., Gottesman M. E. — *Prophage Lambda at unsual chromosomal locations. III.* J. Mol. Biol., 93, 415—429, 1975.

[7] Shulman M., Gottesman M. — *Attachment site mutants of bacteriophage Lambda.* J. Mol. Biol., 81, 461—482, 1973.

[8] Szabuniewicz B. — *Budowa i czynności chromatyny.* Przegl. Zool., 19, 400—413, 1975.

[9] Szabuniewicz B. — *Transpozycyjne systemy DNA.* Kosmos, 25, 205—221, 1976.

[10] Szabuniewicz B. — *Mapa bakteriofaga lambda.* Kosmos, 25, 411—423, 1976.

DYSKUSJA I KRYTYKA

MARIAN KUCHARSKI

O NIEKTÓRYCH PRZEJAWACH PSEUDONAUKI W BIOFIZYCE

Znany radziecki biofizyk, członek korespondent Akademii Nauk ZSRR, M. W. Wolkensztejn — zajmujący się zagadnieniami biofizyki molekularnej, autor kilku książek z fizyki molekularnej i biofizyki molekularnej (dwie z nich: „Molekuły i Żiźń" oraz „Fizika fermentów" ukazały się w polskim przekładzie), w artykule opublikowanym na łamach miesięcznika „Nauka i Żiźń" — przedstawia swój pogląd na temat niektórych, najczęściej występujących, przejawów pseudonaukowej twórczości w biofizyce. Polemika z pozbawionymi naukowego uzasadnienia hipotezami jest poprzedzona wskazaniem najważniejszych źródeł zdeformowanej nauki Według Wolkensztejna pseudonauka jest produktem ubocznym rewolucji naukowo-technicznej. Pojawia się przede wszystkim w naukach przyrodniczych o interdyscyplinarnym charakterze. W biofizyce — pseudonaukowa twórczość odzwierciedla nierównomierny rozwój fizyki i biologii, chemii i medycyny, techniki i rolnictwa. Nauka w ostatnich latach stała się na tyle atrakcyjną dziedziną działalności ludzkiej, że przyciąga czasem osoby, które nie posiadają niezbędnej wiedzy. Efektem „naukowej twórczości" tych ludzi są publikacje, w których (w najlepszym przypadku) modne naukowe słownictwo maskuje pozbawioną wartości działalność. Główne, według Wolkensztejna, źródła pseudonauki to: dyletantyzm, odrzucanie ścisłych pojęć i eksperymentów, nieliczenie się z dotychczasowym rozwojem nauki. Pseudonaukowcy są mało skromni, a przy tym często — wręcz fanatycznie zaangażowani w obronę głoszonych przez siebie teorii. Czasem nakłada się na to (a nawet niekiedy — stanowi cechę dominującą) nierzetelne dążenie do kariery. Zatem — pseudonaukowa aktywność niektórych osób wiąże się z naruszaniem przez nie norm etycznych, a w pewnych przypadkach jest skutkiem występowania u nich anomalii psychicznych. Objawem pseudonaukowej twórczości jest pojawienie się idei pozbawionej poważnego teoretycznego i eksperymentalnego uzasadnienia, oderwanej jednocześnie od logiki rozwoju nauki. Z reguły idea taka rości sobie pretensje rozwiązywania „kosmicznych" problemów, usiłuje rewolucjonizować zarówno naukę, jak i praktykę. Pseudonaukowcy i ich obrońcy twierdzą: — skoro nauka polega na odkrywaniu nowych zjawisk oraz na formułowaniu praw rządzących zjawiskami, a przy tym — nie istnieją prawdy absolutne, to nie można rozstrzygnąć co jest nauką, a co pseudonauką. Taką argumentację mają wspierać przytaczane z historii nauki przykłady nieuznawania przez wiele lat prawdziwych odkryć naukowych. Mają one przemawiać za koniecznością swobody i demokracji w nauce, za prawem do publikacji dowolnych prac. Jednak — zauważa Wolkensztejn — demokracja w nauce i swoboda badań naukowych nie oznaczają, że działalność naukowa odbywa się na podobnej zasadzie

* M. W. Wolkensztejn „Biofizika w kriwom zerkale" — Nauka i Żiźń 7, 62—66, 1977.

jak praca sądów. W sądzie — obwiniony nie musi dokumentować swoją niewinność, to sąd powinien udowodnić mu winę, bowiem lepiej zostawić winnego na wolności, niż skazać niewinnego. W nauce jest akurat odwrotnie. Autor pracy sam musi udowodnić swoją rację. Stąd też sceptycyzm do dobrych prac jest mniej niebezpieczny niż nie kontrolowane publikowanie fałszywych prac. Pomyłki naukowe są zawsze możliwe, uczony nie upiera się jednak przy nich, jest szczerze zainteresowany w ich usunięciu; natomiast pseudouczony jest niepodatny na krytykę, rzeczowa argumentacja do niego nie dociera. Znane jest powiedzenie N. Bohra: „Przed nami szalona teoria. Problem w tym, czy jest ona dosyć szalona, aby być poprawna". W naukowym „szaleństwie" jest żelazna logika. Jest ono zgodne z faktami, z praktyką w szerokim sensie tego słowa, lepiej objaśnia te fakty niż istniejące dotąd „normalne" teorie. Rozwój nauki polega bowiem nie na odrzucaniu prawd przez nią odkrytych, ale na wbudowywaniu ich w szersze i ogólniejsze koncepcje. Wolkensztejn cytuje L. Landaua: „Każda logicznie zamknięta teoria, słuszność której była, ze znanym stopniem dokładności, wykazana eksperymentalnie, nigdy nie traci swojej wartości i każda bardziej dokładna teoria, która pojawia się po niej — obejmuje ją jako przypadek szczególny, realizowany tylko w pewnych, ściśle określonych warunkach". Błędny jest sąd, jakoby dowolna naukowa teza jest dyskusyjna. Przedyskutowania wymagają tylko te problemy, które nie zostały jeszcze rozwiązane (nie można dyskutować na temat tabliczki mnożenia), gdyż prawda rodzi się nie w samym sporze, ale w wyniku poważnej pracy.

Z punktu widzenia ugruntowanych w biofizyce teorii można poddać krytyce te treści, które obejmujemy wspólnym terminem „pseudobiofizyka". Charakterystykę najbardziej znanych pseudonaukowych teorii w biofizyce Wolkensztejn poprzedza wyszczególnieniem następujących, leżących u ich podstaw, hipotez: 1) hipoteza o antyentropowości układów biologicznych, o sprzeczności między biologią a termodynamiką; 2) hipoteza o elektrycznym półprzewodnictwie, a nawet — nadprzewodnictwie biopolimerów i całych układów biologicznych („bioplazma"). 3) hipoteza o szczególnych fizycznych polach wytwarzanych w układach biologicznych; 4) hipoteza o specjalnych rodzajach promieniowania elektromagnetycznego emitowanego przez obiekty biologiczne; 5) różnorodne hipotezy o wyjątkowych właściwościach wody w układach biologicznych, w szczególności — o wpływie „namagnesowanej" wody na procesy fizjologiczne w organizmach roślinnych i zwierzęcych.

Zdaniem Wolkensztejna rozpowszechnianie pseudonaukowych teorii odbywa się za pośrednictwem prasy, czasopism i książek popularno-naukowych oraz peryferyjnych (w sensie zasięgu i znaczenia) czasopism naukowych.

Czy życie jest antyentropowe? Zgodnie z II zasadą termodynamiki uporządkowanie izolowanego układu maleje w czasie, tzn. miara nieuporządkowania — entropia wzrasta — układ dąży do stanu równowagi, w którym entropia ma wartość maksymalną. Natomiast rozwój biologiczny — zarówno osobniczy, jak i ewolucyjny odbywa się od układów prostych do złożonych, od niskouporządkowanych do wysokouporządkowanych. Zatem w procesie biologicznego rozwoju entropia nie wzrasta, a maleje. Nie oznacza to jednak, że życie odbywa się niezgodnie z prawami termodynamiki, jak uzasadnia K. S. Trinczer w swej książce „Biołogija i informacija (elementy biołogiczeskoj termodinamiki)". Obiekt biologiczny nie jest jednak układem zamkniętym lecz otwartym, dalekim

od stanu równowagi termodynamicznej, ponieważ wymienia z otoczeniem zarówno substancje, jak i energię (mówimy, że obiekt biologiczny jest strukturą dyssypacyjną — podkr. M. K.). Przeto — do termodynamicznego opisu żywego organizmu należy stosować prawa termodynamiki procesów nieodwracalnych (termodynamiki nierównowagowej) sformułowane przede wszystkim przez L. Onsagera i I. Prigogina. Zgodnie z termodynamiką nierównowagową — produkcji entropii wewnątrz układu otwartego towarzyszy strumień entropii pomiędzy układem a środowiskiem. Dla układu otwartego znajdującego się w stanie stacjonarnym całkowita zmiana jego entropii jest równa zero — entropia układu jest więc stała. Jest to możliwe wówczas, gdy zmiana entropii wewnątrz układu (zawsze dodatnia) jest kompensowana ujemnym strumieniem entropii pomiędzy układem a jego otoczeniem. Z tego względu entropia substancji oddawanej przez układ do otoczenia jest większa od entropii substancji wchodzących do układu, co oznacza, że układ otwarty znajdujący się w stanie stacjonarnym degraduje substancje. Na tej podstawie znany fizyk E. Schrödinger w połowie lat czterdziestych doszedł do wniosku, że organizmy „żywią się" ujemną entropią. Stwierdzenie to nie budzi sprzeciwu z punktu widzenia II zasady termodynamiki. Zamęt i sprzeczności powstały dopiero wówczas, gdy ujemną entropię (negentropię) zaczęto wiązać ze stopniem uporządkowania układu. L. A. Blumenfeld w książce „Problemy biołogiczeskoj fiziki" uzasadnia prosto, że: „Wszystkie rozważania o antyentropowych tendencjach ewolucji biologicznej, o wyjątkowym uporządkowaniu żywej materii oparte są na oczywistym nieporozumieniu. Zgodnie z fizycznymi kryteriami — dowolny układ biologiczny nie jest uporządkowany w większym stopniu niż kawałek skały o tej samej masie". Dodajmy (podkr. M. K.), że według Blumenfelda uporządkowanie układu biologicznego ma charakter teleologiczny. Pogląd taki jest bliski przekonaniu wyrażonemu przez jednego z twórców mechaniki kwantowej W. Heisenberga w książce „Fizyka i filozofia" (podkr. M. K.): „Stabilność właściwa żywym organizmom ma nieco inny charakter niż trwałość atomu lub kryształtu. Jest to raczej stabilność procesu lub funkcji niż trwałość postaci".

Czy kwasy nukleinowe i białka są półprzewodnikami? Według Wolkensztejna poszukiwania półprzewodnikowych własności biopolimerów zostały zapoczątkowane przez A. Szent-Györgyi książką „Bioenergetyka", wydaną w 1957 roku. Jednak możliwość występowania elektronowego półprzewodnictwa w biopolimerach sugerował już znany fizyk P. Jordan pod koniec lat trzydziestych (L. A. Blumenfeld „Problemy biołogiczeskoj fizyki" str. 217; podkr. M. K.). Pomysł, iż przenoszenie energii w układach biologicznych może odbywać się analogicznie, jak przepływ prądu w półprzewodnikach (gdyż regularne rozmieszczenie grup peptydowych w białkach powoduje powstanie w nich pasm energetycznych) został przedstawiony przez A. Szent-Györgyi w 1941 roku, a w latach 1949—1959 wykonano szereg prac eksperymentalnych i teoretycznych, w których sprawdzano (z różnymi wynikami) tę hipotezę (podkr M. K.; patrz — A. Szent-Györgyi „Wstęp do biologii submolekularnej" str. 66—70). Wolkensztejn jest zdania („Moljekularnaja biofizika" „Nauka" 1975), że elektronowe przewodnictwo wzdłuż łańcucha polimeru jest możliwe; obserwuje się je w łańcuchach, w których występuje sprzężony układ wiązań podwójnych. Polimery takie wyróżniają się dużą sztywnością i absorbują promieniowanie elektromagnetyczne w zakresie widzialnym, tzn. są zabarwione. Natomiast białka i kwasy nukleinowe są bez-

barwne — ich pasma absorpcji elektronowej leżą w ultrafiolecie. Ponieważ w biopolimerach nie ma sprzężonych wiązań podwójnych, ich łańcuchy są przez to elastyczne, co jest istotne z punktu widzenia najważniejszych właściwości biologicznych (tych biopolimerów). Półprzewodnictwo i giętkość biopolimerów są przeto właściwościami wzajemnie wykluczającymi się. Wolkensztejn zauważa, że dane eksperymentalne i obliczenia teoretyczne, jakimi dysponuje obecnie molekularna biofizyka, przemawiają za elastycznością (gibkością) biopolimerów. Obserwowana mała wartość przewodnictwa elektrycznego jest spowodowana jonami domieszek i biologicznego znaczenia nie posiada. Podobny pogląd wyraża J. Ladik — znany specjalista w dziedzinie zastosowań metod chemii kwantowej do badania biopolimetrów (podkr. M. K.; J. Ladik „Quantenbiochemie für Chemiker und Biologen" Budapest 1972; r. IV, VII).

Czy istnieje „promieniowanie mitogenetyczne"? W ostatnim półwieczu nastąpił ogromny rozwój fizycznych metod detekcji słabych promieniowań, jednak mimo wszystko nie udało się, zdaniem Wolkensztejna, potwierdzić istnienia odkrytego (?) przez A. G. Gurwicza w 1923 r. promieniowania mitogenetycznego, które ma powstawać podczas podziału komórek — mitozy i działać stymulująco na procesy podziału w sąsiednich komórkach („Istorija biołogii" pod red. Ł. Bljachera „Nauka" 1975; podkr. M. K.). Niewidzialne promieniowanie, o zagadkowych właściwościach fizycznych, ma być odpowiedzialne za przekazywanie „informacji biologicznej" — pojawia się w doniesieniach prasowych i popularnonaukowych pod różnymi nazwami: były „promienie z", neutronowe promieniowanie Wasiljewa, „biolaserowe" promieniowanie, a ostatnio pojawiły się promienie Kaznaczejewa — wysyłane przez ginące (zarażone wirusem) komórki, wywołujące śmierć nie zrażonych komórek. Promieniowania tego nie udało się jednak zarejestrować fizycznymi metodami, mimo że obecnie istniejące metody pozwalają rejestrować nawet pojedyncze kwanty promieniowania elektromagnetycznego. Należy zaznaczyć, że odnośnie istnienia promieniowania mitogenetycznego zdania są podzielone. Z takim zastrzeżeniem hasło „promieniowanie mitogenetyczne" znalazło się w ostatnim wydaniu „Bolszoj Sowjetskoj Encikłopiedii" t. 16, str. 993 (podkr. M. K.). Wielu specjalistów zajmujących się badaniami chemiluminescencji promieniowanie to traktuje jako ultramikrochemiluminescencję (bioluminescencję) o natężeniu 10^2—10^5 kwantów/cm^2 . s i zakresie widmowym (190—340 nm), którą można wykryć za pomocą chłodzonych fotopowielaczy. Stanowić ono może przypadek stwierdzonego eksperymentalnie ultrasłabego świecenia (bioluminescencji) tkanek roślinnych (Colli, Facchini — 1954) i zwierzęcych (Władimirow i Żurawlew — 1959) — (podkr. M. K.; artykuł J. Sławińskiego w „Wykładach z biofizyki" red. W. Leyko, UŁ 1975). Wolkensztejn zauważa, że z artykułów o niewidzialnym promieniowaniu obiektów biologicznych, czytelnik może dowiedzieć się o „biologicznej łączności radiowej", która ma wyjaśniać telepatię, telekinezę i inne zadziwiające zjawiska — jak na przykład to, że sygnalizacja u owadów odbywa się za pośrednictwem fal radiowych. Tymczasem już od ponad stu lat wiadomo iż sygnalizacja ta ma charakter molekularny, chemiczny — odbywa się za pośrednictwem tzw. feromonów (ogólnej — telegronów; podkr. M. K.).

Czy horyzontalna składowa pola magnetycznego Ziemi wpływa na „biomolekuły"? Istnieje teoria, według której składowa horyzontalna pola magnetycznego Ziemi wywiera istotny wpływ na komórki, a tym samym — na całe organizmy. Zgodnie z tą teo-

rią komórka jest zbiorem „elementarnych biomolekuł", w których ma miejsce ciągły ruch wirowy elektronów. Taka „biomolekuła" jest podobna do żyroskopu, który w polu grawitacyjnym ustawia swą oś w płaszczyźnie horyzontalnej. tj. prostopadle do linii sił pola grawitacyjnego. Z tego względu, na elektrony „biomolekuły" wpływa tylko składowa horyzontalna pola magnetycznego (ściślej — jej zmiana). Ale przecież orientacja tych zadziwiających (ze względu na zachowanie znajdujących się w nich elektronów) „biomolekuł" w polu grawitacyjnym Ziemi nie może nastąpić (nawet gdyby istniały), bowiem przeciwstawia się jej ruch cieplny. O słuszności przedstawionej wyżej teorii ma świadczyć zwiększanie się liczby przypadków zawałów mięśnia sercowego po wybuchach w chromosferze Słońca. Trudno jednak zrozumieć, dlaczego te fakty mają świadczyć o istnieniu „biomolekuł" i o wpływie na nie pola magnetycznego. Działaniem pól magnetycznych na żywe obiekty zajmuje się dziedzina biofizyki, która nazywana jest magnetobiologię lub biomagnetyzmem. Według Dorfmana, znanego specjalisty od zagadnień mgnetyzmu (podkr. M. K.; artykuł „Fiziczeskije jawlenija proischodjaszczije w żiwych objektach pod djeistwijem postojannych magnitnych poljej" w książce „Wlijanije magnitnych poljej na biołogiczeskije objekty" „Nauka" 1971) — istnieje stosunkowo niewiele prac z dziedziny biomagnetyzmu, w których warunki fizyczne eksperymentu nie nasuwają wątpliwości, ponieważ wykluczono w znacznym stopniu możliwość występowania najgrubszych efektów ubocznych (artefaktów). W odniesieniu do prac informujących o efektach terapeutycznych działania pól magnetycznych — trudno w nich oddzielić fakty od złudzeń i pomyłek, a nawet — reklamy i pogoni za sensacją. Sądzę, że zastrzeżenie to odnosi się także do niektórych sygnalizowanych w doniesieniach efektów terapeutycznych działania pól elektrycznych (elekromagnetycznych).

Czy „namagnesowana" woda ma właściwości lecznicze? Zadziwiające właściwości uzyskiwać ma woda po umieszczeniu jej w polu magnetycznym. Kwiaty podlewane taką wodą podobno szybciej rosną, nasiona pod jej wpływem zwiększają siłę kiełkowania. Ponadto — posiadać ma właściwości bakteriobójcze... i wiele innych — jednym słowem jest to cudowna woda. Głównym argumentem obrońców „żywej" wody jest eksperyment, w którym woda wodociągowa przepływająca przez rury umieszczone w polu magnetycznym daje mniejszy osad kamienia kotłowego. Zjawisko to zostało wyjaśnione w pracy O. I. Martynowej, B. T. Gusiewa, E. A. Leontiewej („Uspiechi fiziczeskich nauk" t. 38, No. 1, 1969). Wówczas, gdy woda staje się roztworem nasyconym zawartych w niej soli — sole te krystalizują na ścianach naczynia. Natomiast przy obecności w wodzie domieszek substancji ferromagnetycznych (np. tlenków żelaza), krystalizacja odbywa się w całej objętości, a nie tylko na ściankach, gdyż namagnesowane domieszki stają się zarodnikami krystalizacji. W wodzie pozbawionej ferromagnetycznych domieszek zjawisko to nie występuje (tzn. krystalizacja odbywa się tylko na ściankach naczynia. Zadziwiające jest to, że według propagatorów „namagnesowanej" wody — wykazuje ona tylko dodatnie działanie: zmniejsza osad kamienia kotłowego, podwyższa jakość cegły i betonu, przyspiesza filtrację, ułatwia wychwytywanie pyłu, działa leczniczo. Niewątpliwe jest jednak to, że zmniejszanie osadu kamienia kotłowego nie ma w biologii żadnego znaczenia.

Czy istnieje „bioplazma"? Znane są próby wiązania faktów stosowania promieniowania laserowego w medycynie z istnieniem tzw.

„bioplazmy" — tj. „plazmy w warunkach żywego organizmu". Autorzy jednej z książek poświęconych „bioplaźmie" powołują się na pewnego inżyniera, „który wysunął hipotezę istnienia bioplazmy i według którego — bioplazmę tworzą hipotetyczne atomy iks. Jednak żadnych eksperymentalnych dowodów istnienia bioplazmy nie przedstawił. Termin „bioplazma"... bardzo się nam spodobał... Później, zapoznając się z literaturą, stwierdziliśmy, że hipotezę o czwartym stanie materii, w tej liczbie — i w żywych organizmach, wysunął znany fizyk angielski (badał wyładowania w gazach, podkr. M. K.) W. Crooks". Jest to cytat z książki W. M. Injuszina i N. R. Czekurowa „Biostimulacija łuczom łaziera i biopłazma" str. 50. Wolkensztejn stwierdza, że cytowani Autorzy widocznie nie wiedzą, że Crooks zajmował się także spirytyzmem i postulował istnienie (wydzielanej przez media) tzw. ektoplazmy. Właśnie Crooks był jednym z bohaterów znanego artykułu F. Engelsa „Przyrodoznawstwo w świecie duchów". Według wspomnianych Autorów (domniemane!) półprzewodnikowe właściwości DNA, podobnie jak promieniowanie mitogenetyczne stanowią dowody przemawiające za istnieniem „bioplazmy". Kolejny cytat z tej samej książki: „Bioplazma — termodynamicznie niezrównoważony układ, ale charakteryzuje się znaczną trwałością w warunkach przestrzeni żywego organizmu. Antyentropowość jest jej nieodłączną właściwością... Bioplazma — plazma w temparaturze O K. Temperturę tę uzyskuje się nie w wyniku obniżenia energii kinetycznej cząsteczek, a na odwrót — w wyniku „związania" cząsteczek przez złożone linie sił pól przenikających je... w bioplaźmie zamrożone jest falowe pole... Powstaje jak gdyby jednolity hologram organizmu" (str. 55—57). Po przytoczeniu tych cytatów Wolkensztejn konkluduje, że zdania te są zupełnie pozbawione treści. Terminy wprowadzane są w sposób całkowicie dowolny, opisywane sytuacje nie mają związku ani z fizyką, ani z biologią. Według Injuszina i Czekurowa o istnienip bioplazmy ma świadczyć efekt Kirlianów, ale przecież — sprowadza się on do zjawisk elektrycznych nie mających związku z biologią (patrz — W. Bulanda, A. Paszewski — recenzja książki „Bioplazma" Wyd. KUL; Kosmos 5/1977; podkr. M. K.). Dużo o „bioplaźmie" pisze także G. A. Sergiejew w książce „Biorytmy i biosfera". Także i w tej książce nie przedstawiono żadnych eksperymentalnych dowodów istnienia „bioplazmy". Opisane są w niej natomiast prace Bakstera, który w swoich doświadczeniach z roślinami miał wykazać, że mogą one w różny sposób reagować na zamiary człowieka. Tak np. kiedy jeden ze współpracowników Bakstera, idąc do laboratorium, myślał o tym, że wyrzuci roślinę, to u rośliny obserwowano w tym samym czasie wyraźną zmianę jej czynności elektrycznej. Sergiejew pisze ponadto o „krystalicznym charakterze jądra atomowego", „transmutacji jąder atomowych w procesach biologicznych", „nadnapięciu mózgu", „ciekłokrystalicznych właściwościach oceanów, mórz, atmosfery, wewnętrznego jądra Ziemi", „krystalograficznej osi Oceanu Atlantyckiego na głębokości 1215 m", „strumieniach neutronowych w mózgu", „ferroelektrycznych właściwościach komórek serca i przylegających do niego cząsteczek pary wodnej", itd., itp. — komentarz zbyteczny.

W podsumowaniu Wolkensztejn zastrzega się, że wybrał tylko niewiele przykładów pseudobiofizycznych teorii. Jednakże — już na ich podstawie można stwierdzić, że efektywne stosowanie fizyki (zarówno stworzonych przez nią teorii fenomenologicznych, jak i atomowo-molekularnych) do objaśniania zjawisk biologicznych jest możliwe tylko w oparciu o głęboką wiedzę fizyczną i biologiczną.

RECENZJE

Pasożytnictwo i inne związki. Neil A. Croll, Pitman Medical, 1973.

Na rynku księgarskim ukazała się w 1977 r. kolejna pozycja z cyklu „Podstawy biologii współczesnej", wydanego przez PWN pt. „Pasożytnictwo i inne związki". Te inne związki to ścisłe powiązania między organizmami żywymi. Książka ta została przetłumaczona z języka angielskiego przez T. Pojmańską i H. Sandnera. Obejmuje ona 194 str. tekstu, 80 pozycji literatury oraz indeks nazw i terminów.

Przyjmując trzy główne kryteria — korzyść lub stratę, względną zależność lub niezależność stron jako rezultat związku oraz przynależność jednogatunkową lub międzygatunkową stron związku autor podjął próbę syntezy zjawisk współżycia między organizmami żywymi.

Celem książki jest przedstawienie czytelnikowi szerokiej panoramy zjawisk związanych ze współżyciem zwierząt na poziomie komensalizmu, mutalizmu i pasożytnictwa.

Książka napisana jest z dużym talentem popularyzatorskim i stanowić może interesującą lekturę dla szerokiej rzeszy czytelników. Materiał podzielony jest na trzy grupy zagadnień. W części I omówione są różne rodzaje związków między zwierzętami. Autor skupia uwagę czytelnika na zjawisku komensalizmu z wszelkimi jego przejawami i odmianami, jak komensalizm „czyszczący", „transportowy" lub „chroniąco-maskujący". Czytelnik znajdzie tam źródło przykładów takich związków. W większości przypadków są to symbiozy różnych gatunków nie czyniących sobie wyraźnej szkody.

Pojęcie pasożytnictwa, jako bardziej złożone, zostało przedstawione w sposób schematyczny. Autor wydzielił kategorie pasożytów wewnętrznych powierzchniowych i somatycznych. Na ekstremalnych pozycjach w szeregu form pasożytnictwa postawił parazytoidy i półpasożyty.

Zajmując stanowisko wobec klasyfikacji pojęcia „żywiciel" autor ujmuje ją w aspekcie ekologicznym, wyróżniając żywicieli ostatecznych, pośrednich, paratenicznych, zapasowych, oraz wektory, których rola ogranicza się wyłącznie do mechanicznego przeniesienia czynnika patogennego.

Warto zwrócić uwagę na rozdział 2, w którym omówione są dwa niezwykle ciekawe problemy jak ewolucja i specyficzność związków pasożytniczych. Specyficzność jest konsekwencją procesów ewolucyjnych działających na układ, które u pasożytów rozpatruje się zwykle na płaszczyźnie rozwoju pasożytnictwa u swobodnie żyjących zwierząt i na płaszczyźnie ewoluowania pasożytów w inne pasożyty. Z rozważań autora wyłania się konkluzja, że rozwój pasożytów następował później niż rozwój ich żywicieli, stąd liczniejsze występowanie pasożytów w niższych grupach filogenetycznych. Specyficzność jest pojęciem dynamicznym. Według autora książki jest także pojęciem względnym. Do tych ogólnych stwierdzeń autor doprowadza czytelnika poprzez szereg przekonywająco dobranych przykładów przystosowań i ekspansji pasożytów.

Rozpoczynając rozdział 3 kontrowersyjnym raczej stwierdzeniem, iż „istnieje więcej pasożytów niż niepasożytów" autor daje krótki przegląd grup zwierząt wśród których są gatunki pasożytnicze poczynając od pierwotniaków a kończąc na strunowcach.

W części II książka zawiera informacje o biologii cyklów rozwojowych pasożytów. Celem tego opracowania jest przedstawienie ciągłości biologicznej w cyklicznym rozwoju pasożytów poprzez omówienie zjawisk przeżywania i utrzymywania się

pasożytów w żywicielach. Autor zwraca uwagę na morfologię i biologię dyspersyjnych stadiów pasożytów, jaj, larw inwazyjnych, cyst, gametocytów. Analizuje drogi opuszczania przez nie żywicieli, mechanizmy regulujące okresowość tego zjawiska związane z porą dnia, roku lub cyklem rozrodczym żywiciela i czynnikami fizykochemicznymi otoczenia.

Wiele miejsca w rozdziałach 5 i 6 poświęcone zostało stadiom inwazyjnym pasożytów, które spełniają ważną rolę biologiczną przenoszenia gatunku pasożyta do innych żywicieli. Chciałabym zwrócić uwagę czytelnika na liczne przykłady adaptacji szczególnie fizjologicznych i biochemicznych ułatwiających stadiom inwazyjnym spełnienie tej roli.

Pasożyty wewnętrzne zamieszkują różne pod względem tlenowym, osmotycznym, pokarmowym mikrośrodowiska. Autor książki analizuje szczegółowo warunki fizykochemiczne i pokarmowe różnych siedlisk pasożytów, jak przewód pokarmowy, naczynia krwionośne, komórki krwi i inne, podając jednocześnie bogatą listę zamieszkujących je gatunków.

W części III książki pt. „Inne aspekty pasożytnictwa" omówione zostały niektóre wybrane zagadnienia z zakresu zootiologii, dynamiki populacyjnej a także biochemii pasożytów.

Autor przedstawia najważniejsze pod względem zasięgu i konsekwencji zdrowotnych parazytozy człowieka, jak malaria, schistosomatoza, filarioza, ascarydoza, trypanosomatoza, difilobotrioza i inne. Czytelnik zapoznaje się ze zmiennością geograficzną, występowaniem i drogami przenoszenia się tych schorzeń stanowiących w niektórych krajach tropikalnych olbrzymi problem.

Szybko rozwijającą się dziedziną jest biochemia pasożytów wewnętrznych oraz biochemiczne oddziaływanie pasożyta i żywiciela w układzie. W rozdziale 9 autor rozważa na tle zebranych faktów różnice fizjologiczne między pasożytami i ich żywicielami. Zrozumienie i wykorzystanie tych różnic metabolicznych ma podstawowe znaczenie w chemoterapii i zwalczaniu pasożytów. Pragnę zwrócić uwagę czytelnika na niezwykle znamienną cechę pasożytnictwa, a mianowicie powstawanie w procesie ewolucji coraz bardziej zacieśniających się powiązań pasożyta z żywicielem, doprowadzających w niektórych przypadkach do zjawiska tzw. mimikrii molekularnej, tzn. upodobnienia się biochemicznego pasożyta do zamieszkiwanej przez siebie tkanki żywiciela.

Na zakończenie czytelnik wprowadzony zostaje w zagadnienia biologii populacyjnej w układach zwierzęcych. Autor omawia wpływ zmian sezonowych, wieku żywiciela i jego migracji na populacje pasożytnicze, jak też podkreśla charakterystyczne zjawisko populacyjne w parazytologii jakim jest ujemny rozkład dwumianowy częstotliwości występowania pasożytów u żywicieli.

Tłumacze bardzo wiernie trzymali się tekstu autora, stąd przekład w niektórych miejscach zawiera pewne niezręczności językowe, z tej również przyczyny tytuł pracy w polskim brzmieniu wydaje się być niedokończony.

Trzeba jednak podkreślić, że książka wprowadza lekko w skomplikowane przecież stosunki między zwierzętami tworzącymi układy współżycia. Jest to, jak sądzę, trafnie dobrana pozycja znakomitego cyklu wydawniczego PWN.

Alicja Guttowa

Jan Strzałko, Maciej Henneberg, Janusz Piontek, Wstęp do ekologii populacyjnej człowieka. Wyd. UAM Poznań 1976, s. 120.

Niedawno ukazała się na rynku księgarskim bardzo interesująca książka napisana przez trzech poznańskich autorów. Prezentuje ona nowe podejście do szeroko rozumianej problematyki biologii człowieka. Charakteryzuje ją wyraźne zaakcento-

wanie konieczności całościowego ujmowania zagadnień ekologicznych gatunku ludzkiego. Podkreśla się w nim niezbędność integralnego łączenia problematyki rozwoju biologicznego gatunku *Homo sapiens* z rozwojem społecznym i kulturowym. Teza ta znajduje ugruntowanie nie tylko w stronie merytorycznej pracy, ale również w przyjętym planie metodologicznym, który gwarantuje jej przejrzystą i czytelną konstrukcję. Właśnie dzięki temu mieszczą się w proponowanym ujęciu zagadnienia, które — wydawałoby się prima facie — nie należą do problematyki ekologicznej gatunku ludzkiego. To nowatorskie określenie przedmiotu ekologii człowieka (pojmowanej szeroko) stanowi zasadnicze novum już w punkcie wyjścia w zestawieniu z wieloma innymi propozycjami ujęcia tej problematyki. Przejdę obecnie do skrótowej charakterystyki treści pracy.

Autorzy rozpatrują najpierw ogólne ustalenia klasycznego ujęcia teorii ewolucji omawiając główną zależność wiążącą populacje biologiczne (w szczególności ludzkie) z warunkami środowiska. Zależnością tą jest dobór naturalny. Wykorzystują przy tym trzy ważne pojęcia: adaptację (przystosowanie), adaptabilność (przystosowywanie), adiustację (dostosowywanie), zaopatrując je zarazem w poprawnie określone definicje. Fakt ten jest szczególnie godny podkreślenia, ponieważ wiele publikacji z zakresu teorii ewolucji, ekologii i im pokrewnych działów biologii poprzestaje na intuicyjnym wprowadzeniu pojęć. Gwarantuje to nie tylko poprawną systematyzację rozpatrywanych zagadnień — tak istotną dla dalszego ciągu wywodów merytorycznych — ale przede wszystkim czyni zadość ważnej zasadzie strategii badawczej określającej sposób postępowania badawczego, którą jest zasada przechodzenia od charakterystyki i analizy zjawisk i zagadnień prostych do bardziej złożonych. W konsekwencji rozdział pierwszy autorzy kończą omówieniem mechanizmów adaptacyjnych oraz współzależności ewolucji biologicznej i kulturowej, gdzie poddają szerszej charakterystyce kolejne stadia rozwoju oraz towarzyszące im zależności pomiędzy zasadniczymi czynnikami determinującymi przebieg ewolucji gatunku ludzkiego.

Rozdział drugi natomiast, prezentuje „biologiczne mechanizmy przystosowania populacji ludzkich". Zrozumiałe — gdyż przesądza to charakter publikacji — iż autorzy rozpatrują tylko najważniejsze z tych mechanizmów, te mianowicie, które wiążąc się z doborem naturalnym prowadzą do widocznych przemian pul genetycznych populacji ludzkich. Zwracają przy tym szczególną uwagę na rolę izolacji (względnej) w toku przemian ewolucyjnych. Pojęcie to rozumieją szeroko — izolacja to nie tylko geograficzna, czy biologiczna separacja osobników w cyklu krzyżowania się, ale również separacja wynikająca z istnienia różnych rodzajów barier kulturowych.

Niewątpliwie atutem tego rozdziału jest sposób konstruowania i systematyzacji analizowanych zagadnień. W ujęciu skrótowym wygląda on następująco: punktem wyjścia jest populacja ludzka wyposażona w określone właściwości przystosowawcze i podlegająca równocześnie krzyżowaniu. Różne populacje ludzkie posiadają odmienne wyposażenie biologiczne i kulturowe. Fakt ten przesądza o występowaniu odmiennych systemów kojarzeń. To zaś prowadzi do odmiennych efektów ewolucyjnych, które przy zastosowaniu aparatu matematycznego można określić ilościowo. Okoliczność powyższa wystawia bardzo wysoką ocenę prezentowanym w pracy rezultatom badawczym. Bez wątpienia należy też do nich wyraźnie dostrzegalna możliwość przeprowadzenia kolejnych rozwinięć naszkicowanej w książce koncepcji drogą uwzględnienia dalszych, choć mniej istotnych niż izolacja, czynników wpływających na rozkład genów w populacjach ludzkich. Inaczej mówiąc, proponowana analiza nie zamyka, ale otwiera badania teoretyczno-demograficzne na gruncie ekologii populacyjnej człowieka. Jednym z możliwych kierunków rozwinięć jest ten, w którym autorzy wykorzystując „otwartość" swej koncepcji, poddają analizie stan i przemiany puli genowej populacji. Jest to posunięcie o tyle konsekwentne, że po określeniu związków międzypopulacyjnych rozpatruje się następnie pewien układ zależności wewnątrzpopulacyjnych. Taki tryb postępowania badawczego umożliwia analizę teo-

retyczną zjawisk konkretnych przy równoczesnym uwzględnianiu zależności towarzyszących zjawiskom bardziej złożonym (występującym na wyższych poziomach organizacji biologicznej). Stan i przemiany puli genowej ujęte są w klasyczne już, na gruncie genetyki populacyjnej, prawo Hardy — Weinberga. Specyficzna, pośród praw biologicznych, jego postać jest ilościowym obrazem efektów przemian wewnątrzpopulacyjnych jako następstwa wpływu tzw. czynników systematycznych ewolucji. Duża rozmaitość efektów przemian wewnątrzpopulacyjnych, których ilustracją są odchylenia od stanu równowagi genetycznej populacji stwierdzanej przez wyjściową postać prawa Hardy — Weinberga, jest szeroko komentowana przez autorów. Nie będzie przesadą stwierdzenie, iż tak jasnej, subtelnej i wyczerpującej charakterystyki ilościowych efektów zjawisk wewnątrzpopulacyjnych w gatunku ludzkim nie podaje żadna, z dostępnych w języku polskim, publikacja naukowa.

Szczególną uwagę koncentrują autorzy na pojęciu zróżnicowanej płodności i zróżnicowanej wymieralności. Miary odpowiadające stopniom nasilenia występowania tych zjawisk świadczą zarazem o większym lub mniejszym sukcesie reprodukcyjnym populacji ludzkich. Faktyczna sposobność do selekcji jest określona w przypadku populacji ludzkich nie tylko na determinantach genetycznych, ale również — co szczególnie akcentują autorzy — na czynnikach kulturowo-społecznych. Przywołują w tym celu wskaźnik I. J. F. Crowa, analizują jego składowe wykazując ograniczoność zakresu jego zastosowań. W świetle tej analizy widać, iż dla większej części historii rozwoju gatunku ludzkiego selekcyjne efekty ewolucyjne determinowane były przez czynniki kulturowe. Zatem adekwatnym miernikiem sukcesu reprodukcyjnego jest inny wskaźnik, taki mianowicie, który uwzględnia wpływ kulturowej komponenty na warunki wymieralności. Proponują więc wskaźnik I_{bs} — zwany wskaźnikiem stanu biologicznego — który mierzy „całkowitą sposobność do działania doboru naturalnego przez wymieralność" ponieważ „uwzględnia nie tylko zgony osób niedojrzałych płciowo, ale również różnicową wymieralność osobników w trakcie reprodukcji, która powoduje zróżnicowanie liczby pozostawionego przez nie potomstwa" (s. 53). Wskaźnik ten w porównaniu z dotychczasowymi propozycjami zgłoszonymi przez R. Fishera i J. B. Crowa podaje najsubtelniejszą miarę stanu biologicznego populacji. Tym samym znajduje ona zastosowanie w demografii, co autorzy uzasadniają w sposób nader przekonujący, gdy dokonują demograficznego opisu populacji ludzkich. Podejście to, w porównaniu z tradycyjnym, ma szereg zalet, m.in. tę, że pozwala zerwać z rozpowszechnioną w naukach społecznych opisową, statyczną charakterystyką przemian demograficznych i towarzyszących im warunków społecznych i kulturowych. W zamian proponuje ukazanie historycznej (zmienność w czasie) jak i aktualistycznej (zmienność w przestrzeni) dynamiki przemian demograficznych populacji ludzkich w zależności od warunków społeczno-kulturowych. Powyższe rozumienie przedmiotu badań demografii otwiera interesującą perspektywę efektywnego powiązania tej dziedziny badań z wybranymi działami biologii (ewolucjonizmem, antropologią) oraz innymi naukami humanistycznymi i społecznymi.

W rozdziale trzecim, ostatnim, autorzy omawiają kulturowe mechanizmy adaptacji. W świetle tych ustaleń powiedzieć można, że badanie systemów kulturowych stanowiących nieodłączną część ekologii populacyjnej polega nie tylko na ukazywaniu udziału kultury w istnieniu i funkcjonowaniu grupy ludzkiej w szerokim kontekście zjawisk społeczno-kulturowych, ale ma na celu przede wszystkim wykazanie priorytetowej roli tej komponenty w życiu społecznym. Dzięki niej właśnie, a ilustrują to przykłady, prymitywne grupy ludzkie jak i społeczeństwa rozwinięte zyskiwały i zyskują nowe możliwości przystosowań do zmieniających się warunków życia. Zespół powiązań wyposażenia biologicznego i kulturowego grupy ludzkiej z warunkami środowiska naturalnego składa się na zasadniczą treść pojęcia systemu adaptacyjnego. W analizie przytoczonych przykładów uwidacznia się wyraźnie rola

kultury jako głównego wyznacznika rozwoju społecznego, który wywołuje modyfikacje systemów adaptacyjnych. W ostatniej instancji efektem jej sprawnego funkcjonowania w systemie adaptacyjnym jest ekonomicznie rozumiana, nadwyżka produkcyjna. Społeczeństwa bardziej zaawansowane w rozwoju wytwarzają wyższe nadwyżki produkcyjne, które mogą być następnie zużyte przez całe społeczeństwo lub część tego społeczeństwa (w przypadku klasowych struktur społecznych) na osłabienie środowiskowego nacisku selekcyjnego. Ten właśnie efekt — przy odpowiednim podejściu — daje się odnotować w sposób ilościowy. W istocie mamy tu do czynienia z pewną szkicową, co prawda, ale za to ilościową propozycją eksplikacji pojęcia postępu społecznego. Tego rodzaju ustalenia badawcze zasługują na szczególną uwagę przedstawicieli nauk społecznych i humanistycznych.

Jak starałem się wykazać w skrótowej charakterystyce merytorycznej, pracę „Wstęp do ekologii populacyjnej człowieka" należy uznać za ważne i oryginalne osiągnięcie badawcze z trzech zasadniczych powodów: 1) prezentuje się w niej nowe i płodne poznawczo, integracyjne podejście do przedmiotu nauki o ewolucji, ekologii populacyjnej, demografii oraz nauk humanistycznych i społecznych; 2) przedstawia się szereg szczegółowych propozycji rozwiązań zagadnień badawczych, jak choćby: wskaźnik I_{bs}, modelowe ujęcie systemu kojarzeń populacji ludzkich, czy historyczny obraz rozwoju biologiczno-kulturowych systemów adaptacyjnych; 3) recenzowana praca jest pierwszą, w polskiej literaturze przedmiotu, w której znajdujemy propozycje rozwiązań niezmiernie aktualnych i wychodzących naprzeciw oczekiwaniom badaczy o różnych orientacjach teoretycznych.

Na zakończenie warto wszakże przyjrzeć się w ogólnym aspekcie metodologicznym zapleczu teoretycznemu tej pracy. Jak wiadomo, każda koncepcja badawcza wychodzi z pewnych ogólnych ustaleń teoretycznych. Analizując treść omawianej pracy łatwo wskazać argumenty, z których wnosić można, iż autorzy przyjmują syntetyczną wykładnię teorii ewolucji. Na jej gruncie łączy się klasyczne darwinowskie ujęcie teorii ewolucji (teorię doboru naturalnego) z genetyczną wykładnią przemian ewolucyjnych drogą przyjęcia twierdzeń o dość niejasnym statusie metodologicznym. Są to tzw. reguły wiążące, które pozwalają, zdaniem większości biologów połączyć teorię doboru naturalnego z genetyczną interpretacją teorii ewolucji. Zasadniczy problem metodologiczny tkwi w tym, że przyjęty punkt wyjścia nie daje się utrzymywać konsekwentnie. Oznacza to, iż w praktyce autorzy „Wstępu do..." momentami z nią zrywają, zresztą dla skądinąd istotnych powodów, a mianowicie dla zachowania wewnętrznej spójności i klarowności analizy. W szczególności czynią tak, gdy rozpatrując genetyczne systemy kojarzeń — pozostawiają na uboczu klasyczny (fenotypowy) punkt widzenia ewolucji — i na odwrót, gdy analizują ewolucję kulturowych systemów adaptacyjnych zmuszeni są zrezygnować z wykładni genetycznej teorii ewolucji. Zasygnalizowane tu zagadnienie zgodności genetycznej interpretacji teorii ewolucji z ujęciem klasycznym na gruncie syntetycznego pojmowania teorii ewolucji tak długo pozostanie otwartym, jak długo nie określi się wyraźnie faktycznej potrzeby i roli reguł wiążących, bądź też nie sformułuje bardziej ogólnej propozycji pojmowania teorii ewolucji.

Na marginesie uwag ogólnych chciałbym zasygnalizować pewną kwestię szczegółową. Wydaje się, iż dobrze byłoby w zakresie punktu omawiającego mechanizm współzależności ewolucji biologicznej i kulturowej dokonać systematyzacji różnych propozycji teoretycznych w zakresie procesu antropogenezy poprzez wyróżnienie dwóch zasadniczych grup hipotez: 1) przyjmującej założenie o mięsożerności i drapieżnictwie istot przedludzkich i w wyjaśnianiu mechanizmów ewolucji odwołujących się do łowieckich zachowań narzędziowych (kulturowych) oraz 2) zakładającej roślinożerność i ziarnożerność istot przedludzkich, a w wyjaśnianiu mechanizmów rozwoju odwołującej się do produkcyjnych zachowań narzędziowych (kulturowych)

Wskazałoby to na szerszy kontekst teoretycznych poszukiwań badawczych oraz wysoką hipotetyczność dotychczasowych ustaleń.

Powyższe uwagi krytyczne w najmniejszym stopniu nie umniejszają wartości przedstawionej publikacji. Wręcz odwrotnie — ukazują skalę trudności teoretycznych z jakimi borykają się biologowie podejmujący ambitne zadania badawcze.

Reasumując, podkreślić trzeba przede wszystkim fakt „otwartości" tej publikacji: oto przynosząc odpowiedzi na niektóre z aktualnie ważnych zagadnień badawczych, stawia równocześnie pytania dalsze, jeszcze ważniejsze i bardziej frapujące.

Krzysztof Łastowski

Otyłość — sprawność fizyczna — zdrowie *

Nadwaga i jej skrajna forma otyłość są współcześnie przedmiotem żywego zainteresowania medycyny. Wynika to stąd, że zwiększają one ryzyko przedwczesnego zgonu w przypadku występowania chorób układu krążenia oraz cukrzycy. W związku z tym w medycynie zapobiegawczej stawia się jako ważny cel walkę z nadwagą i zapobieganie otyłości. Rolę taką przypisuje się z jednej strony racjonalnemu żywieniu, z drugiej aktywnemu ruchowo trybowi życia.

Wskazuje się na dwa główne źródła otyłości: predyspozycję genetyczną do nadmiernego mnożenia się komórek tłuszczowych oraz wadliwą przemianę materii z jednej strony, oraz nieprawidłowe odżywianie się wraz z ograniczeniem aktywności ruchowej oraz stressy z drugiej. Problem do chwili obecnej od strony naukowej nie jest do końca wyjaśniony. Jest on nadal przedmiotem licznych badań genetycznych i ekologicznych zarówno nad człowiekiem, jak i przedmiotem licznych eksperymentów nad zwierzętami. Rozwój tkanki tłuszczowej stał się intensywnie badanym modelem dziedziczenia cech ilościowych (o rozkładzie ciągłym), oraz wpływów ekologicznych. Zagadnienie odziedziczalności tkanki tłuszczowej jest więc zagadnieniem ważnym i z teoretycznego i praktycznego punktu widzenia.

Zarówno stronie teoretycznej, opartej o liczne badania własne, jak i problemom związanym ze znaczeniem aktywności ruchowej w zwalczaniu otyłości poświęcona jest niezmiernie interesująca monografia dr nauk medycznych Jany Pařizkovej z Uniwersytetu Karola w Pradze. Jej tytuł „Tłuszcz ciała i sprawność fizyczna" nie oddaje jednak pełni bogatej treści naukowej tej książki. Jest ona rozwiniętym wydaniem holenderskim w języku angielskim — wydania czeskiego z 1973 r. pt. „Składniki ciała a metabolizm tłuszczów przy różnej aktywności ruchowej".

Praca jest podsumowaniem blisko 20 lat badań autorki wyrażonych kilkudziesięcioma pracami opublikowanymi w kilku językach i kilkunastu krajach — na tle światowego piśmiennictwa, spis cytowanego piśmiennictwa liczy ponad 550 pozycji.

Książka składa się z 14 rozdziałów. W pierwszym autorka analizuje składniki ciała i aktywność metaboliczną różnych tkanek w aspekcie ontogenezy, rozdział drugi szczegółowo traktuje o masie ciała szczupłego (LBM) i zasobach tkanki tłuszczowej w różnych klasach wieku u człowieka, kończą go rozważania o metodach oceny zasobów tkanki tłuszczowej mierzonych grubością fałdów skórno-tłuszczowych różnymi typami cyrkli („kaliperów").

Rozdział 3 traktuje o związkach między zużyciem tlenu i masą ciała szczupłego, a także zmianami sieci naczyń włoskowatych mięśni szkieletowych względem składników ciała i maksymalnego zużycia tlenu. Autorka stwierdza wysoką moc i tętno

* J. Pařizkova, „Body fat and physical fitness", Martinus Nijhoff Publishers, Hague 1977, 280 stron, cena 70 Dfl.

tlenowe u osóbników u których jest wysoki stosunek rozwoju kapilarów do włókienek mięśniowych.

Rozdział 4 omawia skutki różnej aktywności ruchowej (eksperymenty dokonywane na unieruchamianych oraz specjalnie trenowanych szczurach) przebieg rozwoju i sładniki ciała, oraz wykazuje, że różny stopień aktywności ruchowej oraz żywienia wywiera różne skutki u poszczególnych zwierząt. Potrzeby aktywności ruchowej i typ metabolizmu są więc sprawą wysoce indywidualną. Zagadnienie to było zresztą omówione w wydanej przez autorkę książce w Polsce (N. Wolański i J. Pařizkova. Sprawność fizyczna a rozwój człowieka, Sport i Turystyka, Warszawa 1976). Omówiona jest również synteza i degradacja katecholamin w stosunku do różnej aktywności fizycznej i składu ciała, wskazuje się także na rolę ośrodkowego układu nerwowego. Rozdział piąty traktuje o zmianach przystosowawczych składników ciała do zwiększonego obciążenia pracą mięśniową — zależnie od spożycia odpowiedniej ilości kalorii, a rozdział 6 omawia zmiany tkanki tłuszczowej zależnie od różnego obciążenia pracą. Kolejny (7) rozdział omawia przystosowanie do różnych obciążeń w postaci zmian metabolizmu tłuszczy, mięśni szkieletowych i serca oraz niektórych innych organów. Efekt zwiększonej aktywności ruchowej na kształtowanie się składników ciała w różnych grupach dzieci, omawia autorka w rozdziale 8 na podstawie własnych głównie badań ciągłych (longitudinalnych). Autorka prezentuje tu unikalne w skali światowej wyniki swych badań już od okresu przedszkolnego. które wyraźnie wykazują, że aktywność ruchowa sprzyja utrzymaniu na niższym poziomie rozwoju tkanki tłuszczowej, to z kolei sprzyja wyższej wydolności roboczej mierzonej maksymalnym zużyciem tlenu — co ma podstawowe znaczenie prewencyjne dla zaburzeń właściwości oddechowo-krążeniowych. Wskazuje się również, że sport na ogół nie poprawia właściwości rozwojowych — nie wpływa na tempo rozwoju, a w każdym razie nie wpływa pozytywnie. Wpływa natomiast na polepszenie właściwości budowy i funkcji organizmu — lecz wpływ ten jest względnie krótkotrwały, z przerwaniem aktywności ruchowej giną jej pozytywne efekty. Aktywność ruchowa sprzyja natomiast stabilizacji somatotypu w okresie młodzieńczym (adolescencji). Badania dokonano głównie na chłopcach, jednak autorka prezentuje i pewne wyniki, które wykonywała ze współpracownikami na dziewczętach uprawiających gimnastykę i pływanie. Zagadnienia rozwoju bada autorka kompleksowo, to jest analizuje współzależności morfofunkcjonalne w trakcie ontogenezy, uwzględniając przy tym czynniki społeczno-ekonomiczne. Interesujące, że znalazła przy tym lepsze względne wskaźniki rozwoju dla chłopców z gorszych warunków bytowych, o bardziej smukłej budowie ciała (Tunezyjskich w porównaniu z Czeskimi).

Charakterystyce właściwości budowy i funkcji organizmu dzieci otyłych poświęcony jest kolejny rozdział (9), jak również wykazane są w nim związki między zwiększoną aktywnością ruchową a metabolizmem tłuszczy i zmianami tkanki tłuszczowej w trakcie rozwoju. Omówione są dość szczegółowo zmiany zasobów tłuszczu w trakcie eksperymentów odchudzających, a także zmiany mocy tlenowej po redukcji ciężaru ciała u otyłych dzieci — działanie bodzcem ruchowym wpływa korzystnie nie tylko na obniżenie masy tkanki tłuszczowej, lecz poprawia także wydolność roboczą organizmu. Autorka wykazuje także, że odpowiedni reżim ruchowy i prawidłowe żywienie stanowią skuteczny czynnik prewencyjny przed otyłością w wieku dorosłym.

Szczególnie dużo prac Pařizkova poświęciła badaniom zmian składników ciała i budowy mistrzów sportowych i wpływom na sprawność fizyczną, czemu poświęca rozdział 10.

Pionierskie są także badania autorki opisane w rozdziale 11 nad składnikami i budową ciała oraz sprawnością fizyczną ludzi starszych, a szczególnie interesujące są wyniki prowadzonych przez nią badań nad wpływem stałej i przerwanej

aktywności ruchowej u ludzi starszych na dalsze losy ich życia. Tylko stała aktywność pozwala na przedłużenie sprawności fizycznej do późnej starości, a wymogi pod tym względem jak już wskazywano są bardzo zindywidualizowane. Istnieją dowody, że stała aktywność ruchowa może też w poważnym stopniu ograniczyć ryzyko chorób krążeniowych. Wyniki w tym zakresie autorka poparła badaniami nad szczurami, w których to eksperymentach dowiodła (rozdział 12), że wiele czynników które uważamy za wrodzone są wynikiem odpowiednich wpływów środowiskowych z okresu rozwoju prenatalnego.

Rozdział 13 i 14 stanowią podsumowanie i teoretyczne uogólnienie wyników badań przedstawionych w książce.

Książka wydana w trwałej płóciennej okładce z estetyczną obwolutą, na kredowym papierze — wydrukowana na zlecenie holenderskiego wydawcy w Czechosłowacji — przedstawia dużą wartość naukową i nie mniejszą edytorską. Chciałoby się widzieć wydane na tym poziomie dzieła Państwowego Wydawnictwa Naukowego czy Ossolineum, a przykłady które przedstawiałem już czytelnikom Kosmosu wydawnictw czechosłowackich i węgierskich wskazują, że potrafią one znaleźć opłacalny rynek zachodni. Wydawnictwa te są jednak na bardzo wysokim poziomie edytorskim, drukowane na dobrym papierze, dobrze oprawione, o ładnej szacie graficznej i co najważniejsze szybko wydawane.

Napoleon Wolański

Akceleracja rozwoju *

Pod tym tytułem ukazała się ostatnio książka znanego radzieckiego antropologa W. G. Włastowskiego, wicedyrektora Instytutu Antropologii Uniwersytetu Moskiewskiego. Zagadnienie sygnalizowane w niej jest potraktowane znacznie szerzej niż zmiany tempa rozwoju, co zaznacza już podtytuł „epokowa i wewnątrzgrupowa"

Zagadnienie ogólnie zwane tendencją przemian, lub trendem sekularnym, jest obecnie bardzo intensywnie badane w całym świecie [1]. Stało się przedmiotem jednego z sześciu problemów, a trzeciego co do ważności, który jest koordynowany w skali europejskiej przez nowo powstałe Eurpejskie Twarzystwo Antropologiczne. Na jego koordynatora powołany został wiceprzewodniczący tego Towarzystwa. Cały świat naukowy śledzi z najwyższym zainteresowaniem przemiany jakimi z pokolenia na pokolenie ulega współczesny człowiek, jego środowisko i tryb życia w uprzemysłowionym społeczeństwie, gdyż jest to problem podstawowy nie tylko dla antropologów, lecz i dla lekarzy, socjologów, psychologów i pedagogów.

Przemiany te obserwuje się między osobnikami w tym samym wieku z kolejnych pokoleń tej samej rodziny, polegają one na zmianach fenotypowych. Obserwuje się je także między kolejnymi pokoleniami tejże populacji i te polegają dodatkowo na zmianach genetycznych — puli genowej kolejnych pokoleń. Przemiany te mogą być w końcu obserwowane między kohortami osób zamieszkujących określony areał, i wówczas, poza dwiema wymienionymi grupami przyczyn, mogą być spowodowane także migracjami.

Zmiany fenotypowe polegają głównie na zmianach: wielkości, kształtu i składników ciała, fizjologicznych i biochemicznych, psychicznych, tempa rozwoju, kolej-

* W. G. Włastowski, Akceleracija rosta i razwitija dietiej. Epochalnaja i wnutrigruppowaja. Izdatielstwo „Moskowskogo Universiteta" Moskwa 1977, cena 1 rub. 35 kop., 279 stron.

[1] N. Wolański, Tendencja przemian u Homo sapiens, jej elementy i przyczyny. Kosmos, 4:381—401, 1967 — tenże, Secular trend in man: Evidence and factors, 3 Škola Biol. Antrop., 49—83, Zagreb 1977.

ności przejawów rozwoju. Większości tych zmian, ze szczególnym uwzględnieniem ludności Związku Radzieckiego poświęcona jest książka Włastowskiego. W trzech częściach omawiane są zagadnienia: sekularne przemiany wzrastania i rozwoju dzieci, wewnątrzgrupowa zmienność jako przejaw indywidualno-typologicznych właściwości procesu fizycznego rozwoju dzieci (badania longitudinalne) i niektóre prawidłowości procesów sekularnych i wewnątrzgrupowych przemian wzrastania i rozwoju dzieci. Książka zaopatrzona jest przy tym w dodatek zawierający 30 stron tablic przedstawiających typy somatyczne badanych dzieci i młodzieży w wieku 8—17 lat. Wykaz piśmiennictwa zawiera ok. 400 pozycji, co jest rzadko spotykane w radzieckich publikacjach, więcej niż połowa to pozycje zagraniczne, w tym bardzo wiele piśmiennictwa polskiego (autor przed kilkunastu laty przebywał na kilkumiesięcznym stażu w Zakładzie Morfofizjologii Rozwoju w Instytucie Matki i Dziecka w Warszawie, a sam jest wnukiem polskiego zesłańca).

W pierwszej części autor przedstawia nie tylko akcelerację rozwoju na podstawie procesów kostnienia i dojrzewania płciowego, jak wnioskować by można z tytułu książki (tabl. 7 na str. 26—27, najbogatsze w ZSRR zestawienie wieku menarche w tym państwie), lecz także zmiany wielkości ciała. Zaopatruje ten rozdział w liczne tabele przedstawiające zmiany wielkości i ciężaru ciała w różnych krajach Dalej analizuje zmiany poszczególnych elementów ciała, a także wpływ przyspieszenia rozwoju na wymiary ciała osób dorosłych. Jest bowiem zrozumiałe, że przyspieszenie rozwoju powoduje, iż większa jest wysokość ciała u rówieśników z kolejnych pokoleń, jednak nie musi to wywoływać zwiększenia wymiarów ciała osób dorosłych. Na ogół jednak i ten proces ma miejsce — co wykazuje autor — dla wysokości ciała i kończyn dolnych i górnych. Jednak równocześnie ma miejsce, wg przytoczonej dokumentacji, stabilizacja długości tułowia, zmniejszenie się względnej długości tułowia w odniesieniu od długości kończyny dolnej, oraz obwodu klatki piersiowej pod względem wysokości ciała (str. 81), a więc proces, który by można nazwać smukleniem ciała.

Druga część opracowania oparta jest głównie o materiały własne i polega na analizie typów rozwoju, nawiązującej nieco do tego kierunku badań jaki był prowadzony w Instytucie Matki i Dziecka w Warszawie w latach 1958—1968. Biorąc pod uwagę procesy akceleracji (A) wzrastania (w gruncie rzeczy zwiększania wymiarów ciała) i dojrzewania, średnią wysokość ciała i tempo dojrzewania (M) oraz zmniejszanie się wymiarów i retardację dojrzewania (R) — autor rozpatruje możliwe kombinacje. O ile na pierwszym miejscu postawić wielkość ciała, a na drugim tempo dojrzewania, powstaną stąd możliwe kombinacje: AA, MA, MM itd. W rzeczywistości zrealizowały się głównie typy RR, MR, MA i AA, których dynamikę zmian autor analizuje na podstawie poszczególnych wymiarów ciała, a także siły mięśniowej i pojemności życiowej płuc. Na tym tle autor rozważa także możliwości, modne ostatnio w wielu krajach (w Polsce prezentowali je Wolański w 1970, Welon w 1971) prognozowania wymiarów ciała u osób dorosłych na podstawie procesów rozwojowych dzieci. Rozpatrywany jest nawet typ rozwoju a wyniki w nauce — najlepsze osiągają dzieci najwyższe w grupie rówieśników (szczególnie wyraźne u dziewcząt) i najszybciej dojrzewające. Wynikać mogłoby z tego, co wzbudzało niepokój pedagogów, że akceleracja rozwoju fizycznego idzie w parze z dobrymi wynikami w nauce, aczkolwiek nadal nie wiadomo czy idzie w parze z przyspieszonym rozwojem psychicznym.

W ostatniej części autor analizuje równoległość procesów rozwoju różnych cech morfologicznych, wskazując rzecz ciekawą, że w wieku wystąpienia menarche dziewczęta w zasadzie osiągają podobną wysokość ciała tak w latach 1928—30 jak i współcześnie (ok. 154—155 cm), mimo iż dziewczęta w wieku 13 lat w tym okresie osiągnęły wysokość ciała z 144,8 do 154,8 cm. Na zakończenie autor rozważa kliniczne

problemy procesu akceleracji rozwoju, wskazując na narastanie szeregu chorób. Czy jednak jest to proces równoległy, tzn. że wraz z czynnikami cywilizacyjnymi odpowiedzialnymi za przyspieszenie rozwoju, następuje także zaburzenie relacji organizmu ze środowiskiem w jakim żyje, czy wzrost zachorowalności ma miejsce jako pochodna przyspieszonego rozwoju — nie zostało do chwili obecnej wyjaśnione.

Książka wydana jest dość starannie, aczkolwiek sporo jest w niej błędów literowych — jednak dotyczy to pisowni nazwisk i tytułów nie podanych cyrylicą, lecz w oryginalnym brzmieniu. Książka jest wartościowym przyczynkiem do poznania tego ważnego przejawu i wnosi nowe istotne elementy poznawcze.

Napoleon Wolański

KRONIKA NAUKOWA

GENY ZACHODZĄCE CZY TYLKO WYJĄTEK? *

Opublikowana parę miesięcy temu przez grupę badaczy z pracowni Sangera z Cambridge pełna sekwencja ok. 5500 nukleotydów w DNA faga ØX174 wyjaśniła intrygujący fakt, że długość DNA tego faga była niewystarczająca do zakodowania wszystkich polipeptydów 9 białek kodowanych przez 9 genów tego faga. Z obliczeń wypadało, że ilość nukleotydów w DNA tego faga powinna wynosić co najmniej 6100. Okazało się, że jeden gen *E* fagowego białka znajduje się w obrębie innego, większego genu. *D*. Ta sama sekwencja nukleotydów w DNA może więc kodować dwa różne białka o ile faza odczytu w inicjacji translacji zostanie przesunięta o jeden nukleotyd w prawo czy w lewo. Okazało się, że poczynając od pozycji aminokwasu 59 białka D którym jest tyrozyna kodowana przez triplet TAT dwa końcowe nukleotydy AT tego tripletu wraz z pierwszym nukleotydem G następnego tripletu tworzą triplet ATG który jest tripletem dla metioniny powodującym inicjację syntezy polipeptydu E. Od tego miejsca DNA fagów koduje dwa różne polipeptydy których faza odczytu jest przesunięta o jeden nukleotyd. Również gen B znajduje się całkowicie w obrębie dłuższego genu A. W wypadku genów zachodzących dwa różne białka są syntetyzowane z tego samego mRNA ale w odrębnej fazie odczytu.

Przypuszcza się, że być może podobne zjawisko zachodzi również u niektórych „minifagów" z RNA żyjących w *E. coli* jak np. QB których RNA zawiera tylko 3300 nukleotydów i koduje tylko trzy różne polipeptydy. W wypadku fagów o tak małej ilości DNA czy RNA tego rodzaju superekonomiczne wykorzystanie kwasu nukleinowego do zakodowania białek fagowych mogło by być ewolucyjnie korzystne i odpowiednio wyselekcjonowane, choć nie łatwo sobie ten proces wyobrazić.

Autorka dyskutuje czy zjawisko to może występować i u innych organizmów. Przytacza kilka doświadczeń wykonanych głównie na *E. coli*, których wyniki mogły by być zinterpretowane w ten sposób, że ta sama sekwencja nukleotydów w mRNA służy do kodowania dwóch różnych białek. Dotychczas tego rodzaju interpretacja była odrzucana jako sprzeczna z panującymi poglądami o organizacji genu. Niewątpliwie taka możliwość istnieje, ale jak dotychczas nie ma pełnego dowodu jak w wypadku faga ØX174. Gdyby się okazało, że zachodzące geny występują także u Procaryota czy Eucaryota to liczne rozważania nad strukturą genu, mutagenezą czy ewolucją musiałyby być poddane zasadnieczej rewizji.

Wacław Gajewski

WSTĘPNE REZULTATY BADAŃ BIOLOGICZNYCH ZE STACJI VIKING I

W artykule H. P. Kleina i in. pt. „The Viking biological investigation: preliminary results" (Science, vol. 194. 76) zaprezentowano wstępny raport na temat biologicznych testów przeprowadzonych w ciągu pierwszego miesiąca badań na stacji Viking I na próbkach materiału powierzchniowego Marsa.

---

* Gina Bari Colata, Science 196 (1977) s. 1187—1188.

Wszystkie eksperymenty biologiczne były przeprowadzone wewnątrz lądownika Vikinga I, który jeszcze przed wysłaniem do Centrum Lotów Kosmicznych im. Kennedy'ego, poddano dokładnej sterylizacji (podgrzewano do temp. 120±1°C przez 54 godz. w atmosferze suchego azotu) w celu zminimalizowania zanieczyszczeń typu biologicznego. Wszystkie instrumenty badawcze były instalowane w lądowniku w warunkach hermetycznej czystości, a następnie ponownie podgrzewane w ramach ostatniego procesu sterylizacji.

Po raz pierwszy od czasu wystrzelenia aparatura do badań biologicznych została włączona dopiero w miesiąc po wejściu Vikinga I na orbitę wokół Marsa. Po wylądowaniu stacji z aparaturą badawczą rankiem dnia 22.VII.1976 r. o godz. 8 sola (dzień marsjański nazywa się sol i wynosi 24 godz. 39 min.) została pobrana próbka gleby z powierzchni Marsa z głębokości 0—4 cm. Próbka dotarła do aparatury poprzez urządzenie zwane procesorem sola, który odsiał materiał glebowy o ziarnie większym niż 1,5 mm. 7 cm^3 pozostałego materiału dotarło do aparatury biologicznej. Próbki do poszczególnych doświadczeń biologicznych zostały odmierzone i przesłane do właściwych pojemników dla dalszego użycia.

Po krótkim okresie inkubacji przystąpiono do wykonania założonych eksperymentów biologicznych na próbkach gleby marsjańskiej. Pierwszy z nich dotyczył asymilacji węgla oraz pirolitycznego wydzielania węgla. Doświadczenie to testowało powierzchniowy grunt marsjański na obecność mikroorganizmów poprzez pomiary radioaktywnego CO i CO_2 włączanego do frakcji organicznych w próbce gleby (obecnie uważa się, że życie marsjańskie, o ile istnieje, oparte jest na związkach węgla). Doświadczenie przeprowadzono w warunkach symulujących rzeczywiste warunki na Marsie ze względu na panujące przekonanie, że jeżeli istnieją tam organizmy żywe, to są one przystosowane do warunków marsjańskich i prawdopodobnie nie są w stanie znieść większych odchyleń od tych warunków.

Omawiany eksperyment przebiegał następująco: próbka z Marsa zawierająca jego atmosferę pod ciśnieniem równym ciśnieniu otoczenia została umieszczona w pojemniku aparatury badawczej i oświetlona światłem sztucznym symulującym marsjańskie światło dzienne. Światło to było filtrowane w celu usunięcia fal, o długości krótszej niż 320 nm. Zabieg taki wydawał się być konieczny, ponieważ tak krótkie fale po pierwsze w ogóle działają niszcząco na materię organiczną, a po drugie mogłyby spowodować powierzchniową fotokatalityczną syntezę komponentów organicznych zawierających CO_2. Obydwa efekty mogłyby poważnie zdeformować wyniki eksperymentu. Z tego powodu cała energia promienista docierająca do pojemnika zawarta została w paśmie 335—1000 nm. Testy laboratoryjne, wykonane na Ziemi, wykazały, że takie doświadczenie pozwala wykryć fakt wiązania $^{14}CO_2$ i ^{14}CO przez mikroby glebowe zarówno w ciemności jak i w obecności światła. W warunkach marsjańskich na stacji Viking I eksperyment ten został przeprowadzony tylko w obecności światła.

Na początku eksperymentu wprowadzono do pojemnika testowego z próbką radioaktywną mieszankę $^{14}CO_2$ i ^{14}CO i oświetlano ją przez 120 godz. w temperaturze 15—17°C. Na zakończenie okresu inkubacji nieprzereagowaną mieszaninę gazową usunięto, a glebę podgrzewano do temp. 625°C w celu pirolizy całej materii organicznej, która mogłaby się w glebie znajdować. Produkty lotne za pomocą strumienia helu wprowadzano do kolumny o temp. 120°C, w której znajdujący się CuO powodował wiązanie par cięższych związków organicznych, $^{14}CO_2$ i ^{14}CO przechodziły przez nią bez trudu, a ich radioaktywność była mierzona. Kolumna następnie została podgrzana do 650°C wskutek czego wydzielające się zaabsorbowane w niej związki organiczne ulegały natychmiastowej oksydacji na $^{14}CO_2$ a ich radioaktywność mierzona. W ten sposób mierzono ilość materii organicznej zsyntetyzowanej z $^{14}CO_2$ i ^{14}CO w okresie inkubacji. Jednocześnie prowadzono doświadczenie kon-

trolne, które różniło się tym od poprzedniego, że druga porcja tej samej próbki gruntu została przed inkubacją podgrzana w temp. 175°C w czasie 3 godz.

W wyniku analizy rezultatów eksperymentu 1 stwierdzono zamianę pewnej małej, ale wyraźnej ilości gazu na materię organiczną. Zahamowanie tego procesu w eksperymencie 2 (kontrolnym) można przypisać podgrzaniu gleby i zniszczeniu żywych organizmów.

Jakkolwiek te wstępne wyniki można by przypisać aktywności biologicznej gleby marsjańskiej, to jednak należy być ostrożnym w interpretacji, ponieważ nie można wykluczyć, że jakieś niezwykłe czynniki występujące na Marsie mogą być przyczyną redukcji CO i CO_2 w procesach wcale nie biologicznych (dane te muszą być więc potwierdzone przez dalsze eksperymenty).

Następny z przeprowadzonych eksperymentów dotyczył wymiany gazowej (GEX). W GEX mierzono zmiany składu atmosfery znajdującej się ponad próbką gleby po dodaniu wodnego roztworu substancji odżywczych. Miał on na celu dostarczenie danych o aktywności mikroorganizmów. Wyniki uzyskane w czasie pierwszych 20 solów inkubacji ukazują istotne zmiany w składzie atmosfery doświadczalnej.

Glebę użytą do eksperymentu umieszczono wraz z atmosferą marsjańską w pojemniku, do którego dodano 8 sola również pożywkę oraz mieszaninę gazów: Kr, CO_2 i He. Analiza chromatograficzna pokazała, że przy nawilżaniu i ogrzaniu próbki gleby do temp. 8—10°C wydziela się z niej dwutlenek węgla, tlen, azot i tlenek węgla przy czym w trakcie inkubacji zmienia się struktura ilościowa mieszaniny gazowej. Maksymalna zawartość azotu (16 nmoli) pojawia się 11 sola i zmniejsza się do połowy tej zawartości 15 sola. Ilość tlenu po osiągnięciu swego maksimum 11 sola gwałtownie spada a następnie zbliża się powoli do swojej asymptoty. Jeżeli uwzględnimy utlenianie kwasu askorbinowego w pożywce, to całkowita ilość wyprodukowanego tlenu wyniesie 725 nmoli (640 wydzielonego do atmosfery plus 85 nmoli zużyta na oksydację dolanego kwasu askorbinowego). Maksymalna ilość wyprodukowanego CO_2 wystąpiła 10 sola (wynosiła 9100 nmola) i spadła 11 sola do 8800 nmoli. Uważa się, że resorbcja CO_2, nawet jeśli uwzględnimy rozpuszczanie, jest prawdopodobnie związana z podstawowymi zmianami w mieszaninie gleby i wodnego roztworu odżywki. Anomalna ilość O_2 towarzysząca desorbcji CO_2 jest wynikiem 18-krotnego wzbogacenia w tlen gleby marsjańskiej. Wynik ten sugeruje, że tlen molekularny występuje w glebie Marsa w relatywnie dużych ilościach i wydziela się w pojemniku inkubacyjnym po podgrzaniu. Podczas całego cyklu nie wykryto w przestrzeni wypełnionej gazami H_2, NO ani CH_4. 16 sola dodano dodatkowo pożywkę, która spowodowała zamoczenie gleby. Stało to się przyczyną zmiany pH roztworu glebowego. Odnotowano powolny wzrost zawartości CO_2 w atmosferze, jednakże na tym etapie rozważań nie można stwierdzić czy zwiększenie ilości CO_2 było wynikiem oksydacji biologicznej. Zanotowane zmniejszenie się ilości tlenu może być tłumaczone wprowadzeniem dodatkowej ilości kwasu askorbinowego z pożywki. Zaobserwowane zmiany w zawartości N_2 w atmosferze inkubacyjnej są minimalne i mogą być tłumaczone z jednej strony obecnością reakcji między aminokwasami z pożywki a resztkowymi substancjami azotowymi w glebie, z drugiej strony nie można wykluczyć działalności biologicznej (denitryfikacji dodanych z pożywki substancji azotowych).

Kolejny eksperyment dotyczył wprowadzenia pierwiastków znakowanych. Celem tego doświadczenia było wykrycie ewentualnych procesów metabolicznych za pomocą radiorespirometrii. Radioaktywna pożywka użyta do eksperymentu składała się z siedmiu prostych substratów organicznych, z których każdy został podany w równej ilości i jednakowo oznakowany węglem ^{14}C; została ona wstrzyknięta do próbki gleby marsjańskiej o objętości 0,5 cm^3. Przed i po podaniu pożywki mierzono radioaktywność próbki glebowej. Próbkę tę inkubowano przez 13 solów mierząc w

sposób ciągły radioaktywność gazu wydzielanego do przestrzeni nad próbką. Po zakończeniu cyklu tego eksperymentu przeprowadzono test kontrolny, który różnił się tym od pierwszego, że przed cyklem eksperymentalnym, próbkę gleby ogrzewano przez 3 godz. w temp. 170°C. Dane uzyskane z początkowego przebiegu pierwszego cyklu są podobne do analogicznego przebiegu obrazującego aktywność mikrobiologiczną gleby Ziemskiej. Jednakże radioaktywność wydzielonego gazu na dalszym etapie gwałtownie spada, fakt ten może wskazywać na to, że tylko jeden z substratów brał udział w reakcji. W teście kontrolnym nie obserwowano zmian w poziomie radioaktywności przed i po podaniu pożywki znakowanej ^{14}C.

Eksperyment opisany powyżej daje jasny obraz reakcji chemicznych. Jednak na pytanie zasadnicze czy można je przypisać systemowi biologicznemu autorzy nie mogą udzielić jeszcze pewnej odpowiedzi częściowo dlatego, że program badawczy jeszcze się nie zakończył, a częściowo z powodu trudności związanych ze zdefiniowaniem pojęcia organizmów żywych, w przypadku organizmów rozwijających się być może w warunkach zupełnie różnych od tych, jakie występują na Ziemi.

Chemiczna analiza związków węgla występujących w glebie marsjańskiej stała się ważnym składnikiem badań zmierzających do wykrycia życia na Marsie. Autorzy donoszą, że w próbkach gleby marsjańskiej nie zaobserwowano żadnych dających się wykryć związków organicznych większych niż metan czy propan tj. od 0,1 do 50 części na bilion. Rezultaty badań Vikinga I skłaniają do poglądu, że życie biologiczne na Marsie jest mało prawdopodobne, przynajmniej jeżeli chodzi o życie podobne do ziemskiego.

W zasadzie rezultaty uzyskane w tych eksperymentach nie są sprzeczne z kryteriami dotyczącymi procesów biologicznych, jednakże np. pozytywny wynik testu 1 wskazujący na wystąpienie redukcji CO lub CO_2 lub wymiany metabolicznej ze zredukowanymi związkami organicznymi a więc właściwości którą wykazują wszystkie ziemskie organizmy — równie dobrze może być wynikiem niebiologicznej fotoredukcji CO_2 falami krótkimi.

Wyniki eksperymentu z pierwiastkami znakowanymi dają inny obraz niż analogiczny eksperyment wykonany na glebie ziemskiej. Jednocześnie nie mogą one w sposób definitywny zaprzeczyć temu, że zaobserwowane rezultaty są efektami procesów biologicznych ponieważ możliwe jest ograniczenie metabolizmu tylko do jednego z zaoferowanych ziemskich substratów. Wskazywałoby to na selektywny metabolizm.

Pomimo sugestywnego charakteru wyników z próbek gleby Marsjańskiej ogromna różnica między warunkami na Marsie i na Ziemi nakazuje ostrożnę interpretację.

Alina Rzeczkowska

NOWY BIAŁKOWY AKCELERATOR WZROSTU TKANKI GLEJOWEJ *

R. Lim, W. K. P. Li i K. Mitsunobu, (1972), R. Lim, K. Mitsunobu i W. K. P. Li, (1973) oraz R. Lim i K. Mitsunobu, (1974, 1975) wyosobnili z komórek mózgu dorosłego człowieka i zwierząt ssących nowe ciało białkowe, które posiada właściwości przyspieszania procesów przeobrażenia glioblastów na tkankę glejową. Tę metamorfozę obserwuje się na czystych hodowlach glioblastów, wyosobnionych na drodze pasaży z mózgu 17-dniowych płodów szczura (odmiany Sprague-Dawley).

Młode glioblasty przybierają początkowo kształt komórek kostkowych. Do podłoża inkubacyjnego (F_{10}) (R. G. Ham, 1963) dodaje się na 1 ml podłoża 100 μg białkowego akceleratora dojrzewania glioblastów, wyosobnionego z mózgu świni (R.

* R. Lim, D. E. Turriff, S. S. Troy, B. W. Moore, L. F. Eng: Glia maturation factor: Effect on chemical differentiation of glioblasts in culture. Science, Vol. 195, No. 4274, 195—196, 1977.

Lim i K. Mitsunobu, 1975). Już po upływie jednego dnia inkubacji glioblasty stopniowo tracą wygląd kostkowy i przybierają kształty wielobiegunowych astrocytów. W ciągu 4 do 7 dni hodowli powstaje gęsta siatka komórek glejowych. Komórki te wykazują kilkakrotny w porównaniu z kontrolą wzrost stężenia cAMP i białka S-100 (tab. 1).

Tabela 1.

Wyniki analiz zawartości cAMP i białka S-100 w hodowli glioblastów (R. Lim, D. E. Turriff, S. S. Troy, B. W. Moore i L. F. Eng, 1977)

Dzień	cAMP (pmol/mg białka)		S-100 (ng/100 mg białka)	
	Eksperyment	Kontrola	Eksperyment	Kontrola
0	22±1	22±2	7,5±0,1	7,6±0,1
1	24±2	25±3	5,2±0,2	5,0±0,1
4	70±13	24±2	35,3±0,8	6,0±0,7
7	66±7	20±5	50,3±1,2	5,4±0,5

Oznaczenie zawartości cAMP przeprowadzono według metody A. G. Glimana (1970), zawartości białek według metody O. H. Lowry'ego, N. J. Rosebrougha, A. L. Farra i R. J. Randalla (1951), oznaczanie zawartości białka S-100 metodą wiązania mikrokomplementu.

Uzyskane przez R. Lima, D. E. Turriffa, S. S. Troya, B. W. Moore'a i L. F. Enga (1977) dane stanowią potwierdzenie i rozszerzenie wyników uzyskanych przez innych badaczy (B. W. Moore, 1973): cAMP oraz białko S-100 utożsamia się ze swoistym akceleratorem dojrzewania glioblastów.

Wiktor Janusz Pajor

FUNKCJA cAMP I cGMP W KOMÓRKACH MIĘŚNIOWYCH *

Fazy skurczu i rozkurczu mięśni są uzależnione od stężenia jonów wapniowych w komórkach (S. Ebashi, M. Endo i I. Ohtsuki, 1969; M. A. Kirchberger, M. Tada, D. I. Repke i A. M. Katz, 1972; H. Wray, R. R. Gray i R. A. Olsson, 1973; M. A. Kirchberger, M. Tada i A. M. Katz, 1974). Metabolizm wapnia w ustroju podlega regulacyjnemu wpływowi 2 nukletydów —— cAMP i cGMP. Pomiędzy funkcją komórek mięśniowych a stężeniem tych nukleotydów i jonów wapnia w cytoplazmie komórkowej istnieje ścisła zależność. Obecność cAMP jest niezbędna w regulacji wędrówek jonów wapnia przez siateczkę cytoplazmatyczną, a ponadto w stymulacji kinazy proteinowej.

W każdym cyklu skurczu mięśnia szkieletowego oraz sercowego zachodzą wewnątrzkomórkowe rytmiczne zmiany w stężeniu i rozmieszczeniu cAMP i cGMP i soli wapnia w cytoplazmie (G. Brooker, 1973; A. Wollenberger, E. Babskii, E. Krause, S. Genz, D. Blohm i E. Bogdanova, 1973).

Nie mniejszą rolę w procesach skurczu mięśni odgrywa cGMP. Obecność acetylocholiny w mięśniu sercowym wpływa stymulująco na koncentrację tego nukleotydu w komórkach (W. J. George, J. B. Polson, A. G. O'Toole i N. D. Goldberg, 1970) oraz zarazem wędrówkę jonów wapnia na zewnątrz komórki (G. Schultz, J. G. Hardmann, K. Schultz, C. E. Baird i E. W. Sutherland, 1973).

* S. H. Ong, A. L. Steiner: Localization of cyclic GMP and cyclic AMP in cardiac and skeletal muscle: Immunocytochemical demonstration. Science, Vol. 195, No. 4274, 183—185, 1977.

Na podstawie uzyskanych danych M. J. Berridge (1975) wysuwa hipotezę ścisłych powiązań fizjologicznych pomiędzy jonami wapnia a koncentracją cGMP w protoplazmie komórkowej. Wapń kontroluje wędrówki cząsteczek cGMP w cytoplazmie; z drugiej zaś strony cGMP bierze aktywny udział w regulacji procesów transportu jonów wapnia przez błonę komórkową.

Obecność cAMP i cGMP w różnych typach komórek wykrywa się metodą immunocytochemiczną (H. J. Wedner, B. J. Hoffer, E. Battenberg, A. L. Steiner, C. W. Parker i F. E. Bloom, 1972; S. H. Ong, T. H. Whitley, N. W. Stowe i A. L. Steiner, 1975; J. W. Kebabian, F. E. Bloom, A. L. Steiner i P. Greengard, 1975; A. L. Steiner, S. H. Ong i H. J. Wedner, 1976). Utrwalony chemicznie materiał tkankowy zamraża się w mieszaninie acetonu i suchego lodu dwutlenkowęglowego przez 1 min. i kraje na skrawki w kriostacie mrożeniowym. Skrawki pokrywa się immunoglobuliną króliczą (Ig) reagującą swoiście z cAMP względnie z cGMP (A. L. Steiner, D. M. Kipnis, R. Utiger i C. W. Parker, 1969; A. L. Steiner, C. W. Parker i D. M. Kipnis, 1972).

Odmianą metody immunocytochemicznej jest immunofluorescencja (H. J. Wedner, B. J. Hoffer, E. Battenberg, A. L. Steiner, C. W. Parker i F. E. Bloom, 1972; S. H. Ong, T. H. Whitley, N. W. Stowe i A. L. Steiner, 1975; J. W. Kebabian, F. E Bloom, A. L. Steiner i P. Greengard, 1975; A. L. Steiner, S. H. Ong i H. J. Wedner, 1976). Metoda ta pozwala na stwierdzenie obecności cAMP w organelach cytoplazmatycznych, a w szczególności w retikulum endoplazmatycznym, w błonie plazmatycznej oraz jądrowej, natomiast obecność cGMP —— głównie w błonie plazmatycznej oraz w jądrze.

Wzrost aktywności cAMP stanowi odzwierciedlenie wzrostu aktywności kinazy AMP-proteinowej komórek mięśnia szkieletowego i sercowego (M. A. Kirchberger, M. Tada, D. I. Repke i A. M. Katz, 1972; H. Wray, R. R. Gray i R. A. Olsson, 1973; M. A. Kirchberger, M. Tada i A. M. Katz, 1974).

W mięśniu sercowym cAMP gromadzi się na prążkach I i A. Stąd wniosek, że cząsteczki tego nukleotydu są związane z elementami retikulum endoplazmatycznego, który otacza obydwa prążki, a w konkretnym przypadku z białkami miofibryli, z białkami zespołu tropinina-tropomiozyna oraz bierze udział w fosforylacji troponiny I (R. Rubio, C. Bailey i C. Villar-Palasi, 1975).

Natomiast cGMP występuje zarówno w mięśniu szkieletowym jak i sercowym. W tym ostatnim ulega koncentracji na prążkach anizotropowych, zawierających miozynę. Fakt, że prążki I nie wykazują wyraźnej fluorescencji, sugeruje, że cGMP nie występuje w aktynie, troponinie lub tropomiozynie w dostatecznie dużych ilościach, dających się wykryć metodą immunocytochemiczną. Mięśnie szkieletowe zawierają stosunkowo więcej tego nukleotydu niż mięsień sercowy.

cGMP bierze przypuszczalnie aktywny udział w regulowaniu procesów fosforylacji względnie defosforylacji, może też modyfikować biomechanizm wiązania kationów, m.in. soli wapnia, z cząsteczką miozyny (G. Schultz, J. G. Hardmann, K. Schultz, C. E. Baird i E. W. Sutherland, 1973; M. J. Berridge, 1975).

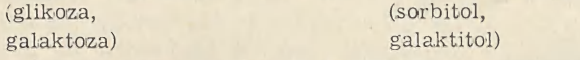
Wiktor Janusz Pajor

BIOLOGICZNE ASPEKTY BADAŃ NAD MECHANIZMEM ZMĘTNIENIA SOCZEWKI OKA U ZWIERZĄT *

Aktualny problem ogólnobiologiczny stanowi poznanie procesów biochemicznych zachodzących w toku zmętnienia soczewki oka u różnych zwierząt. W procesach tych zasadniczą rolę przypisuje się równoczesnemu uaktywnieniu czynności reduktazy

* S.D. Varma, A. Mizuno and J. H. Kinoshita, Diabetic cataracts and flavonoids. Science, Vol. 195, No. 4274, 205—206, 1977.

aldozowej (R. Van Heyningen, 1959; J. H. Kinoshita, 1974). Enzym ten katalizuje procesy redukcji glukozy i galaktozy do ich polioli według następującego schematu:



U zwierząt doświadczalnych, z indukowaną cukrzycą i galaktozemią, zawartość polioli w soczewce oka osiąga znaczne stężenie. Stan ten predestynuje do wystąpienia znacznych zmian fizyko-chemicznych w soczewce oka (D. Dvornik, N. Simmard-Duquesne, M. Krami, K. H. Gabbay, J. K. Kinoshita, K. Sestanj, S. D. Varma i L. O. Merola, 1973) zarówno u szczurów z galaktozemią, jak również z cukrzycą (L. T. Chylak i J. H. Kinoshita, 1969). Zdaniem wymienionych badaczy systematyczne stosowanie odpowiedniego inhibitora reduktazy aldozowej prowadzi do zahamowania procesów rozwoju katarakty w soczewce oka.

Szczury nie są jednak dobrym materiałem doświadczalnym; katarakta u tych zwierząt rozwija się w ciągu 3 do 4 miesięcy od chwili wystąpienia objawów cukrzycy. Przeciwnie, u koszatniczek (*Octodon degus*, rodz. *Octodontidae*), gryzoni żyjących w Ameryce Południowej (Andy, Peru, Boliwia, Chile), katarakta rozwija sie już w ciągu 10 do 12 dni. U zwierząt tych aktywność reduktazy aldozowej w soczewce oka przewyższa kilkakrotnie jej aktywność w soczewce oka szczura.

Najsilniej działającym inhibitorem reduktazy aldozowej w soczewce oka okazał się dotychczas flawonoid kwercitrina (S. D. Varma, I. Mikuni i J. H. Kinoshita, 1975).

Koszatniczki, o ciężarze ciała od 90 do 100 g, podzielono na 2 grupy (S. D. Varma, A. Mizuno i J. H. Kinoshita, 1977). Pierwsza grupa zwierząt otrzymywała z karmą kwercitrinę w dawce 25 mg/g podłoża, a ponadto jednarozowo 70 mg leku w zawiesinie wodnej do picia. Druga grupa stanowiła kontrolę. Po trzech dniach stosowania kwercitriny obu grupom zwierząt wstrzyknięto śródotrzewnowo streptozotocynę w dawce 10 mg/100 g wagi ciała.

W trzecim dniu od momentu zastosowania streptozotocyny, to znaczy w szóstym dniu od chwili codziennego podawania flawonoidu, podzielono grupę doświadczalną na dwie podgrupy: w jednej z nich przeprowadzono oznaczenie zawartości polioli w soczewce oka, drugą zaś poddano badaniom oftalmoskopowym. Uzyskane wyniki badań zebrano w tabeli 1.

Tabela 1.

Analiza ilościowa cukrów i polioli w soczewce oka koszatniczki przeprowadzona metodą chromatografii gazowo-płynnej (S. D. Varma i J. H. Kinoshita, 1974)

Grupa zwierząt	Glikoza	Fruktoza	Sorbitol	Inozytol
Leczona	1,5±0,1	4,1±0,4	9,4±1,1	1,5±0,8
Nie leczona	1,7±0,1	8,4±1,5	18,7±1,9	1,1±0,4

Jak wynika z danych tabeli 1, flawonoid kwercitrina wykazuje swoiste właściwości hamowania procesów zmętnień soczewki oka u doświadczalnych koszatniczek. Identyczną u obu grup zwierząt (leczonych i nie leczonych) zawartość glikozy tłumaczy się analogicznym stężeniem cukru w krwi (średnio 380 mg/100 ml).

Uzyskane dane doświadczalne (S. D. Varma i J. H. Kinoshita, 1974, 1977; S. D. Varma, A. Mizuno i J. H. Kinoshita, 1977) sugerują, że w dużej (kilkaset różnych

odmian) grupie glikozydów flawonowych istnieją również oprócz kwercitriny i inne substancje wykazujące własności inhibicji aktywności reduktazy aldozowej. Problem ten wymaga jednak przeprowadzenia dalszych badań.

Wiktor Janusz Pajor

PRZEJŚCIA FAZOWE W EWOLUUJĄCEJ POPULACJI *

Praca jest przykładem, w jaki sposób można próbować opisywać i wyjaśniać zjawiska biologiczne, a ściślej genetyczne, przy pomocy osiągnięć i metod innych nauk ścisłych a mianowicie fizyki. Autorzy starają się dowieść, że istnieje analogia pomiędzy dynamiką częstości genów w ewoluującej populacji, opisywaną w wielu podręcznikach genetyki populacyjnej, a zjawiskami fizycznymi typu przejść fazowych I i II rodzaju.

Badając mendlowską, dwuallelową (allel A-typ dziki, allel B-typ zmutowany) populację diploidalnych osobników kojarzących się losowo, wprowadzają równanie określające zmianę częstości p genu A, czyli tempo ewolucji, uwzględniające różne dostosowania w_1, w_2, w_3 genotypów AA, AB, BB odpowiednio, częstość μ mutacji $A \rightarrow B$ oraz częstość ν mutacji odwrotnych. Dopasowania w_i oraz częstości mutacji to podstawowe parametry równania. Oprócz nich istotne znaczenie ma wielkość β, wyrażająca różnicę dostosowania heterozygoty AB i homozygoty BB oraz wielkość q, określająca stopień dominacji alleli A w heterozygocie.

Przy założeniu, że β jest dużo mniejsze od dostosowań w_i, μ i ν dużo mniejsze od 1 oraz ν dużo mniejsze od μ wyjściowe równanie można przekształcić do postaci, w której stosunkowo łatwo daje się określić stany stacjonarne populacji, to znaczy stany z $p = const$ ($dp/dt = 0$ lub po prostu $\Delta p = 0$). Stany te można wyznaczyć graficznie jako odcięte punktów przecięcia pewnej funkcji $f(p)$, której jawna postać jest w pracy sprecyzowana i która jest wielomianem stopnia 3-go w zmiennej p ze współczynnikami wyrażonymi poprzez β, μ, q, w_1, z funkcją stałą równą νw_1. Zatem warunkiem stacjonarności jest równość $f(p) = \nu w_1$.

Wszystkie wprowadzone powyżej parametry zależą od warunków w jakich żyje dana populacja, a więc jeśli warunki te ulegają zmianie, to zmienia się również kształt kubicznej funkcji $f(p)$, co z kolei pociąga zmianę ilości i wartości punktów stacjonarnych. W pracy przedstawiono schematycznie kilka wykresów funkcji $f(p)$ dla różnych wartości β. Dla wartości β, określonej jako β_k (β krytyczne) funkcja $f(p)$ posiada punkt przegięcia, a zatem istnieje jeden punkt przecięcia wykresu $f(p)$ z funkcją stałą νw_1, czyli populacja posiada jedną stacjonarną wartość $p = p_k$ (krytyczna częstość genu A). Dla $\beta > \beta_k$ funkcja $f(p)$ ma dwa punkty ekstremalne, minimum i maksimum, czyli istnieją trzy stacjonarne wartości p: $p_1 < p_3 < p_2$, przy czym p_1 i p_2 określają stany trwałe a p_3 reprezentuje stan nietrwały.

Na podstawie tych właściwości funkcji $f(p)$ można stwierdzić jej podobieństwo do izoterm, otrzymywanych z równania stanu gazu rzeczywistego zaproponowanego przez van der Waalsa. Jeśli jednocześnie w warunku stacjonarności $f(p) = a_1 p + a_2 p^2 + a_3 p^3 = a_0 = \nu w_1$ porówna się a_0, a_1 i p odpowiednio z ciśnieniem P, iloczynem RT, gdzie T jest temperaturą a R uniwersalną stałą gazową, i koncentracją $1/V$, to warunek ten przekształca się w równanie stanu van der Waalsa. Dołączając do tych rozważań przeprowadzoną powyżej analizę punktów stacjonarnych układu genetycznego autorzy wyciągają wniosek, że populacja spełniająca wymienione na początku założenia może, podobnie jak rzeczywisty, gaz przebywać w dwóch lokalnie stabilnych stanach stacjonarnych, to znaczy w takich, w których nie zmienia się czę-

* B. N. Bielincew, W. M. Wolkenštein, 1977. Fazowyje pieriechody w ewolucjonirujuščej populacjii. Doklady AN ZSRR, 235, 1: 205—207.

stość p genu A, przy czym przejście z jednego stanu w drugi jest analogiczne do przejścia fazowego I rodzaju i może być spowodowane dużymi fluktuacjami liczebności i składu populacji.

Analizując funkcję $f(p)$ okazuje się również, że przy niektórych wartościach występujących w niej współczynników a mianowicie dla $a_0 = 0$, co jest równoważne $v = 0$, oraz $a_1 = 0$, co odpowiada $\beta = \mu w_1$, stacjonarna zależność $p(a_1)$ ma skok, charakterystyczny dla przejść fazowych II rodzaju. Jeśli przy tym wielkości p, a_0, a_1 uznać za analogi odpowiednio namagnesowania, natężenia pola magnetycznego i odchylenia od temperatury Curie, wówczas ewolucja genetycznej populacji jest odpowiednikiem przejścia ferromagnetyka w paramagnetyk (związane to jest ze zmianą struktury krystalicznej metali). W pobliżu punktu przejścia zostaje zachwiana stabilność stanów stacjonarnych ze względu na małe fluktuacje, zwiększa się skłonność układu do zmiany parametrów, pod wpływem nawet słabych zewnętrznych oddziaływań rosną oscylacje systemu, czyli jak gdyby maleje jego bezwładność, co może doprowadzić do bardzo znacznego zwiększenia tempa ewolucji, a samo przejście „fazowe" odbywa się również oscylacyjnie.

Podsumowując: ewolucja populacji przebiega od jednego punktu stabilnego do innego, a przejścia między tymi punktami są podobne do przejść fazowych.

Autorzy rozpatrują także przypadek, gdy populacja może migrować. Do wyjściowego równania na tempo ewolucji dołączony zostaje dodatkowy człon, który uwzględnia już fakt, że częstość p genu A jest w tym przypadku funkcją dwóch zmiennych — czasu t i odległości r. Migracja, lub inaczej dyfuzja, nie zmienia stabilności stacjonarnych stanów niezależnych od r (tak zwanych stanów przestrzennie jednorodnych), czyli rozwiązań równania na częstość genów bez uwzględniania dyfuzji. Stwarza jednak możliwość pojawienia się stabilnego, ale zależnego od r, czyli przestrzennie niejednorodnego rozkładu $p(r)$. Ten ostatni fakt sugeruje że mogą istnieć dwie przestrzennie rozdzielone fazy, z których każda odpowiada innemu stabilnemu stanowi. Powstanie takich współistniejących faz może być zaczątkiem stworzenia nowego gatunku w sposób allopatryczny.

Na zakończenie należałoby dodać, że badanie stanów stabilnych jako równoważne badaniu ewolucjnego rozwoju populacji jest podejściem bardzo ciekawym, wymagającym jednak dobrej znajomości fizyki i matematyki.

Helena Warkowska

RZUT OKA NA LEKTYNY *

Roślinne białka zwane lektynami są użytecznym narzędziem w badaniu struktury błony komórkowej. Nie było jednak dotychczas wiadomo, jaką rolę pełnią te białka w roślinach w których występują. Obecnie, chociaż wiele pytań pozostaje jeszcze bez odpowiedzi, gromadzą się dane świadczące, że lektyny pośredniczą w procesach rozpoznawania się między roślinami motylkowymi, a wiążącymi azot bakteriami z rodzaju *Rhizobium*. Lektyny wykazują również związek z mechanizmami obronnymi roślin przeciwko bakteriom patogennym. Tym niemniej rozpowszechnienie lektyn, a przynajmniej podobnych do nich białek, może być znacznie szersze, niż się powszechnie przypuszcza. Ostatnie badania pozwoliły wykryć je nawet w organizmach ssaków i ptaków, w których również biorą udział w procesach rozpoznawania.

Przyłączanie się symbiotycznych bakterii do roślin motylkowych jest procesem bardzo swoistym. Chociaż w glebie bezpośrednio otaczającej korzenie znajduje się

* Jean L. Marx „Looking at Lectins: Do They Function in Recognition Processes?" Science 196, 1429, 1977.

wiele różnych bakterii, każdy gatunek roślin motylkowych zostaje zazwyczaj zainfekowany tylko jednym gatunkiem należącym do rodzaju *Rhizobium* i odwrotnie — większość gatunków tych mikroorganizmów zakaża tylko pewne rośliny. Można mniemać, że podstawą tej swoistości jest zdolność komórki bakteryjnej do rozpoznawania określonego komponentu, co warunkowałoby przyłączenie się do brodawki określonej rośliny. Komponentem tym jest prawdopodobnie lektyna.

Lektyny charakteryzują się zdolnością do rozpoznawania i przyłączania się do określonych cukrów, które mogą wchodzić w skład założonych polisacharydów na powierzchni komórki. Wiele lektyn posiada dwa lub więcej miejsc wiążących i mogą przez to łączyć się z więcej niż jedną komórką, tworząc mostki i powodując skupianie się komórek. Tak np. zdolność agregowania erytrocytów jest ważnym kryterium przy identyfikacji lektyn.

Również komórki bakteryjne posiadają na swojej powierzchni sacharydy, które mogą się różnić od gatunku do gatunku. Lektyny tworzone przez określoną roślinę motylkową przyłączają tylko odpowiednie bakterie, a nie przyłączają tych, które zakażają inne rośliny. Okazało się również, że cukier, który hamuje przyłączanie się lektyny soi do erytrocytów, hamuje także jej przyłączenie się do *Rhizobium japonicum*.

Lektyny soi, grochu, fasoli i kanawalii reagowały tylko z takimi lipopolisacharydami bakteryjnymi, które zostały wyosobnione z symbiotycznych bakterii.

Lektyny mogą warunkować przyłączanie się bakterii wiążących azot do korzeni odpowiednich roślin przez łączenie miejsc wiążących (lub receptorów) na powierzchni komórek bakteryjnych z włośnikami. Stwierdzono, że korzenie koniczyny białej i infekujące je bakterie posiadają wspólny antygen powierzchniowy, a przeciwciała przeciwko niemu otrzymywane nie reagują z innymi bakteriami. Stwierdzono też, że odpowiednia lektyna łączy się z izolowanym antygenem *R. trifolii*. a nie łączy się z antygenami bakterii, które nie infekują koniczyny. Przez łączenie się z antygenem korzeni koniczyny i antygenem odpowiednich bakterii lektyna tworzy między nimi mostki. Antygen izolowany z *R. trifolii* jest kwaśnym polisacharydem o wysokim ciężarze cząsteczkowym i składa się z cukrów, z których jednym jest 2-dezoksyglukoza. Lektyna koniczyny łączy się z nią swoiście. 2-dezoksyglukoza zapobiega przyłączeniu się polisacharydu *R. trifolii* do korzeni koniczyny oraz powoduje uwalnianie białka z korzeni. Białko to przypomina lektynę zdolnością do agregowania *R. trifolii*, nie agregując innych bakterii. Agregracja ta jest hamowana przez 2-dezoksyglukozę.

W dalszych badaniach procesu przyłączania się bakterii brodawkowych do odpowiedniej rośliny motylkowej, przeprowadzonych za pomocą mikrofotografii, wykazano, że formy pałeczkowate wiążą się z włośnikami korzeniowymi jednym ze swoich końców. Tak więc wiązanie następowałoby na jednym z biegunów komórki.

Jaki jest chemiczny charakter receptorów lektyny? Może to być egzopolisacharyd, sacharyd będący składnikiem otoczki, albo lipopolisacharyd. U różnych bakterii struktura receptorów może być inna.

Zdolność bakterii brodawkowych do łączenia się z odpowiednią lektyną, a konsekwencji wnikania do odpowiedniej rośliny, może być inna, w różnych stadiach wzrostu bakterii oraz wykazywać zależność od warunków hodowli.

Chociaż większość prac nad lektynami koncentruje się na ich współdziałaniu z symbiotycznymi bakteriami, niektórzy badacze zwrócili uwagę na rolę tych białek w obronie rośliny przed inwazją innych bakterii. Spośród badanych 55 wirulentnych i 34 awirulennych dla roślin tytoniu szczepów, żaden ze szczepów wirulentnych nie ulegał agregacji pod wpływem lektyny, podczas gdy dotyczyło to wszystkich awiruletnych. W tkance roślinnej awirulentne bakterie przylegają do ściany komórkowej, podczas gdy wirulentne pozostają wolne w przestrzeniach międzykomórkowych, namnażają się i rozprzestrzeniają.

Wirulencja, jak również niewrażliwość na lektynę była skorelowana z obecnością zewnątrzkomórkowego śluzowatego polisacharydu, którego odmycie powodowało agregację komórek bakteryjnych pod wpływem lektyny. Dodanie tego polisacharydu do form awirulentnych chroniło je przed agregacją.

W pewnych warunkach wprowadzenie bakterii do liści chroni całą roślinę przed mogącą nastąpić infekcją innymi bakteriami, a nawet niektórymi wirusami. Jest to spowodowane przez lipopolisacharyd, który można wyodrębnić z komórek bakteryjnych, a który wykazuje zdolność łączenia się z lektynami.

Słowo lektyna kojarzy się zazwyczaj z substancjami otrzymanymi z roślin. Podobne białka istnieją jednak również w innych organizmach, takich jak bakterie, śluzowce, gąbki, a nawet ptaki i ssaki. We wszystkich tych przypadkach lektyny biorą udział w procesach wzajemnego rozpoznawania się komórek za pośrednictwem struktur zawierających cukry.

Lektyna pośredniczy w procesie skupiania się komórek śluzowców, który występuje w ich cyklu życiowym. We wczesnym stadium cyklu ameboidalne komórki łączą się w pewnych warunkach w plazmodia, tworzące ciała owocujące, a następnie spory. W trakcie łączenia się komórki wytwarzają zarówno powierzchniowe lektyny, jak i receptory dla nich.

W wątrobie wielu gatunków ssaków znajduje się białko o wszystkich właściwościach lektyny. Stanowi ono receptor rozpoznający galaktozę, stanowiącą przedostatni człon łańcucha węglowodanowego glikoproteidów. Ponieważ większość białek surowicy krwi (z wyjątkiem albumin) zawiera węglowodany, stanowiąc przez to glikoproteidy, białka te mogą być przez receptory wątrobowe usuwane z krwi, jeśli ostatnie ogniwo łańcucha, kwas sialowy, zostanie odszczepiony i nastąpi odsłonięcie galaktozy.

Tak więc występowanie lektyn nie ogranicza się tylko do roślin i w wielu organizmach żywych spełniają one funkcję białek rozpoznających zmiany sekwencji węglowodanów.

Amelia Zakrzewska

CZY STARZENIE SIĘ KOMÓREK I TRANSFORMACJA NOWOTWOROWA SĄ WYNIKIEM INTERAKCJI DNA Z BŁONAMI BIOLOGICZNYMI

Kwas dezoksyrybonukleinowy (DNA) związany jest z błoną komórkową zarówno u bakterii, jak i w komórkach *Eukaryota*. W obecności tlenu nienasycone łańcuchy tłuszczowe fosfolipidów błonowych ulegają autooksydacji. W czasie tego procesu powstają reaktywne produkty, które uszkadzają strukturę cząsteczki kwasu dezoksyrybonukleinowego, co w konsekwencji może być przyczyną wielu procesów patologicznych obserwowanych w komórce. Taka jest główna teza artykułu D. P. Pietronigro i wsp. * opublikowanego w „Nature".

Doświadczenia prowadzono w układzie modelowym: liposomy i dodany do nich kwas dezoksyrybonukleinowy. Ponieważ liposomy są wysoce uorganizowanymi podwójnymi warstwami lipidowymi stanowiły one model konfiguracji lipidów błonowych in vivo. Liposomy fosfatydylocholinowe inkubowano z DNA pochodzącym z grasicy cielęcej lub z *Bacillus subtilis*. W celu zwiększenia szybkości autooksydacji lipidów część liposomów wzbogacono w nienasycone kwasy tłuszczowe dodając arachidonianu metylu. Śledzono utlenianie lipidów i stwierdzono, że obecność DNA w mieszanienie inkubacyjnej powodowała zmniejszenie szybkości utleniania lipidów proporcjonalnie do jego stężenia. Równocześnie badano stopień uszkodzenia cząste-

* D. P. Pietronigro, W. B. G. Jones, K. Kalty, H. B. Demopoulos: Interaction of DNA and liposomes as a model for membrane-mediated DNA damage. Nature, 267, 78(1978).

czek kwasu dezoksyrybonukleinowego mierząc jego aktywność transformującą. Okazało się, że DNA w tych warunkach tracił swą aktywność transformującą równocześnie z postępującą oksydacją lipidów, która zaszła w każdej mieszaninie inkubacyjnej do momentu pobrania próbki. Inkubacja DNA z lipidami nie ulegającymi autooksydacji nie powodowała żadnych zmian w jego aktywności transformującej. Rezultaty doświadczeń wykazały, że utlenianie wysoce uorganizowanych podwójnych warstw lipidowych może uszkodzić DNA. Rodzaje związków odpowiedzialnych za to uszkodzenie nie są znane; mogą to być wolne rodniki — np. rodnik OH° lub reaktywne związki nierodnikowe jak aldehyd malonowy, który powstaje podczas autooksydacji lipidów. Stwierdzono, że może on wiązać się z DNA obniżając w ten sposób aktywność matrycową cząsteczki kwasu dezoksyrybnokleinowego.

Autorzy artykułu sugerują, że interakcje błona komórkowa-DNA mogą mieć znaczenie w różnych procesach patologicznych, takich jak: starzenie się komórek, transformacja nowotworowa, zwiększona letalność komórek napromienianych w obecności tlenu. Tę ostatnią autorzy tłumaczą tym, że promieniowanie jonizujące inicjuje utlenianie łańcuchów tłuszczowych. Odnośnie procesu starzenia się komórek autorzy artykułu przytaczają hipotezę Munkresa (1976), że jedną z jego przyczyn może być uszkodzenie cząsteczek DNA i innych makrocząsteczek na skutek oksydacji lipidów błonowych. Przypuszczalne znaczenie oddziaływań pomiędzy błonami biologicznymi i DNA w procesie karcinogenezy znajduje poparcie w obserwacjach, że zarówno nadtlenki lipidów jak i aldehyd malonowy są mutagenne i karcinogenne. Tak więc czynniki konieczne do powstania zmian nowotworowych: tlen i nienasycone łańcuchy kwasów tłuszczowych są obecne we wszystkich komórkach w normalnych warunkach. Uważa się, że autooksydacja lipidów jest procesem ciągłym w żywych komórkach tlenowców i powstrzymywana jest od wejścia w fazę autokatalityczną przez enzymy i antyoksydanty. Wszelkie czynniki chemiczne i fizyczne zwiększające prawdopodobieństwo reakcji wolnorodnikowych w błonach komórkowych mogą przyspieszyć proces utleniania lipidów tak dalece, że systemy powstrzymujące ten proces mogą okazać się za słabe i wtedy „rozległa" autooksydacja lipidów błonowych doprowadzić może do śmierci komórki.

Jakkolwiek przedstawiona powyżej hipoteza D. P. Pietronigro i wsp. wymaga jeszcze wielu kontrolujących ją doświadczeń, to fakt, że w procesie autooksydacji lipidów błonowych następuje uszkodzenie biologicznej funkcji kwasu dezoksyrybonukleinowego wydaje się bardzo interesujący.

Elżbieta Wyroba

PRACE ZAKŁADÓW I INSTYTUTÓW NAUKOWYCH

25 LAT INSTYTUTU EKOLOGII POLSKIEJ AKADEMII NAUK (1952—1977)

W tym roku minęło 25 lat od chwili powstania Instytutu (początkowo Zakładu) Ekologii jako placówki Polskiej Akademii Nauk. W zorganizowanej z tej okazji w dniach 14—15.X.1977 r. uroczystej sesji Rady Naukowej Instytutu wzięło udział ponad 200 osób: członków Rady, zaproszonych gości, pracowników i sympatyków Instytutu. Sesję zaszczycili swą obecnością przedstawiciele Wydziału Nauki KC PZPR, przedstawiciele władz PAN oraz wybitni naukowcy z kraju i zagranicy.

Obrady otworzyła prof. Ewa Pieczyńska — zastępca przewodniczącego Rady Naukowej Instytutu. W chwilę później odbyła się bardzo miła uroczystość. Dyrektor Instytutu prof. Romuald Klekowski wręczył dyplomy uznania 10 osobom, które pracują w Instytucie od jego powstania.

Następnie głos zabrał prof. Kazimierz Petrusewicz, poprzedni dyrektor Instytutu, człowiek, który wniósł wielki wkład w rozwój i ugruntowanie jego pozycji na arenie międzynarodowej. Jego referat przypomniał zgromadzonym ważniejsze etapy rozwoju Instytutu i przedstawił ewolucję problematyki badawczej.

Perspektywy dalszego rozwoju Instytutu scharakteryzował prof. Romuald Klekowski. Omawiając problematykę badawczą, zwrócił uwagę na potrzebę dawania przez ekologów uzasadnionych naukowo propozycji rozwiązań ważnych gospodarczo problemów.

Prof. Jan Kaczmarek — Sekretarz Naukowy PAN — nawiązując do referatu prof. K. Petrusewicza wyraził uznanie dla twórców Instytutu, a w szczególności dla prof. K. Tarwida i prof. K. Petrusewicza, których działalność naukowa i organizacyjna, jak powiedział, zostanie trwale zapisana w historii ekologii. W dalszej części swego wystąpienia mówca wyraził opinię, iż Instytut Ekologii odgrywa ważną rolę w społecznym i gospodarczym rozwoju kraju. Omawiając jego obecną problematykę badawczą prof. J. Kaczmarek podkreślił, że znajduje ona pełną aprobatę kierownictwa PAN.

Następnie głos zabrali goście: prof. J. Hrbaček z Instytutu Botaniki Czechosłowackiej Akademii Nauk, prof. T. Backiel z Instytutu Rybactwa Śródlądowego, prof. J. Starck z SGGW, doc. T. Januszkiewicz z Akademii Rolniczo-Technicznej w Olsztynie, przekazując życzenia od władz i pracowników swych instytucji, przypominając lata owocnej współpracy i podkreślając dalszy, pomyślny jej rozwój.

Prof. Adam Urbanek — Sekretarz II Wydziału PAN podkreślając zainteresowanie jakim Wydział darzy Instytut Ekologii powiedział, że 25-letni okres pracy Instytutu był okresem wystarczającym, aby sprawdziły się pokładane w nim nadzieje.

Po przerwie, podczas której podjęto zebranych tradycyjną lampką wina, wysłuchano referatów poświęconych wybranym kierunkom prowadzonych obecnie badań.

Doc. Z. Fischer przedstawił wstępne wyniki prac prowadzonych na Śląsku w środowiskach o różnym stopniu zanieczyszczenia. Następnie dr S. M. Jarion omówił udział Instytutu w planach zagospodarowania Kampinoskiego Parku Narodowego, a doc. S. Rakusa-Suszczewski poinformował o działalności Instytutu Ekologii w Antarktyce.

Po zamknięciu obrad pierwszego dnia goście zwiedzili wystawę aparatury i wydawnictw oraz zapoznali się z problematyką badawczą i wynikami badań poszczególnych jednostek Instytutu, które prezentowały swe osiągnięcia przy pomocy dosko-

nałych plansz i tablic zdobiących hole i korytarze. Doc. S. Rakusa-Suszczewski przedstawił film zapoznający z organizowaniem i budową Stacji im. H. Arctowskiego na Antarktydzie.

Pierwszy dzień sesji zakończył się bardzo miłym akcentem, jakim był jubileuszowy bankiet.

Obrady w drugim dniu sesji prowadziła doc. A. Hillbricht-Ilkowska. Dzień ten wypełniły przyjęte z dużym zainteresowaniem referaty zagranicznych gości Instytutu.

Dwudniowa uroczysta sesja Rady Naukowej Instytutu Ekologii stała się okazją do przypomnienia historii, ewolucji problematyki badawczej i zapoznania się z perspektywami jego rozwoju. Uświadomiła ona zebranym, jak wielki potencjał naukowy reprezentuje sobą Instytut i jak wielkie są stojące przed nim zadania.

Andrzej Prejs

POSIEDZENIE PLENARNE KOMITETU BIOLOGII EWOLUCYJNEJ I TEORETYCZNEJ PAN
(25 listopad 1977 r.)

Posiedzenie to zamyka pierwszą kadencję i stało się okazją do przypomnienia najważniejszych działań Komitetu od początku jego istnienia tzn. od 1974 r. Do głównych osiągnięć Komitetu należą:

1. Inicjacja (1975) i ocena realizacji problemu MRII/6 „Procesy ewolucyjne i ich interpretacja oraz rola teorii w biologii". Problem ten skoncentrował większą część krajowego potencjału badawczego i spowodował znaczną intensyfikację badań w dziedzinie biologii ewolucyjnej.

2. Inicjacja (1975) i organizacja Szkół Modelowania Matematycznego i Analizy Systemowej w Biologii Populacyjnej. Odbyte już 3 Szkoły wykazały doniosłe znaczenie tej inicjatywy umożliwiając prezentację podstawowych założeń matematycznego modelowania i analizy systemowej a także przedstawienie prawie wszystkich ważniejszych modeli wykonywanych w kraju.

3. Wprowadzenie problematyki biologii ewolucyjnej i teoretycznej do działalności Międzynarodowej Unii Nauk Biologicznych (Zgromadzenie Generalne IUBS, Bangalore, wrzesień 1976). Włączony do porządku obrad na wniosek polskiej delegacji punkt „Szczególne znaczenie biologii ewolucyjnej i teoretycznej jako czynnika integrującego we współczesnej biologii, oraz rola IUBS w ich rozwoju", wszechstronnie uzasadniony w oparciu o analizę współczesnego stanu nauk biologicznych, wywołał żywy oddźwięk i duże zainteresowanie na forum IUBS, co rokuje nadzieje na rozwój działalności ze znacznym udziałem Polski.

4. Organizacja Konferencji Biologii Ewolucyjnej i Teoretycznej Krajów Socjalistycznych (Warszawa 1977). Sympozjum to umożliwiło prezentację najważniejszych krajowych osiągnięć w wymienionych dziedzinach i spotkało się z ogólnym uznaniem. Większość referatów gości zagranicznych była również na wysokim poziomie, co umożliwiło zapoznanie polskiego audytorium z kierunkami słabiej u nas rozwiniętymi. Doniosłe znaczenie ma spotkanie reprezentantów krajów socjalistycznych na którym podjęto rezolucję określającą zakres i formy dalszej współpracy.

5. Organizacja I międzynarodowego sympozjum „Postępy w badaniach graptolitów" (Warszawa, wrzesień 1977). Sympozjum to miało szczególnie doniosłe znaczenie nie tylko jako pierwsze ale również ze względu na czołowe miejsce, jakie zajmuje Polska w badaniach graptolitów. Większa część sympozjum poświęcona była problemom biologii i ewolucji graptolitów.

6. Przygotowanie oceny nauczania biologii ewolucyjnej na uniwersytetach. Wykazane zostało szczególne znaczenie jak również szczególne wymogi nauczania biologii ewolucyjnej. Sformułowano szereg postulatów mających na celu podniesienie poziomu nauczania w tej dziedzinie. Ostateczna wersja tej oceny wywołała żywą dyskusję wśród uczestników posiedzenia. Dyskusja skoncentrowała się przede wszystkim na znaczeniu nauczania botaniki i zoologii dla wykształcenia biologów. Prof. dr W. Kunicki-Goldfinger wypowiedział się przeciw zawartemu w przedstawionej wersji postulatowi rozszerzania kursów botaniki i zoologii, wyrażając pogląd, że biologom molekularnym nie jest potrzebne wykształcenie w dziedzinach systematycznych. Doc. dr A. Łomnicki wypowiedział się przeciw wykładaniu szczegółowych filogenez na podstawach morfologicznych. W wypowiedziach przeważającej większości dyskutantów (prof. dr K. Dobrowolski, prof. dr Z. Kielan-Jaworowska, prof. dr R. Klekowski, prof. dr H. Szarski, prof. dr P. Trojan, prof. dr A. Urbanek) wykazano podstawowe znaczenie biologii systematycznej w ogólnym wykształceniu biologa podkreślając w szczególności:

— znaczenie systematyki jako podstawowego układu odniesienia w przyswajaniu i operowaniu wiedzą biologiczną (prof. dr K. Dobrowolski, prof. dr H. Szarski),
— kluczową rolę wiedzy z zakresu biologii systematycznej we właściwym doborze obiektów, również dla badań molekularnych (prof. dr A. Urbanek),
— doniosłe znaczenie znajomości systematyki dla nauczania biologii ewolucyjnej (Prof. dr P. Trojan).

Na wniosek prof. dr W. Kunickiego-Goldfingera postanowiono jednak nie domagać się zmiany proporcji poszczególnych przedmiotów, postulując jedynie „zapewnienie należytego przygotowania studentów w zakresie botaniki i zoologii". Ponadto:

— prof. dr Z. Kielan-Jaworowska zwróciła uwagę na brak przedmiotu obejmującego historię życia w kursie nauczania biologów, co stanowi curiosum obowiązującego programu;
— prof. dr Cz. Nowiński wyraził pogląd o potrzebie wprowadzenia problematyki teorii biologicznej w zakres studiów doktoranckich biologów.

Na zakończenie prof. dr A. Urbanek poinformował o organizowanym w Liblicach (Czechosłowacja) w dniach 5—9 czerwca 1978 roku międzynarodowym sympozjum poświęconym doborowi naturalnemu.

Andrzej Elżanowski

ZEBRANIA, ZJAZDY I KONFERENCJE NAUKOWE

SYMPOZJUM „GENETYCZNE PROBLEMY W PARAZYTOLOGII"

Warszawski Oddział Polskiego Towarzystwa Parazytologicznego zorganizował kolejne jednodniowe sympozjum z cyklu Problemy Parazytologii Ogólnej. Piąte sympozjum, które odbyło się 25 listopada 1977 r., poświęcone było problemom genetycznym w parazytologii.

W sympozjum wzięło udział 69 parazytologów z różnych ośrodków naukowych w Polsce.

Zagadnienia gentyczne budzą od dawna szerokie zainteresowanie wśród biologów i zoologów, a w ostatnich latach obserwuje się olbrzymi postęp w tej dziedzinie. Znacznie skromniejszy jest dorobek parazytologii w badaniach genetycznych, choć warto podkreślić szczególny aspekt tych badań — aspekt układu pasożyt-żywiciel, mogący wnieść wiele interesujących danych. Ten moment interesuje przede wszystkim parazytologów zajmujących się problemami gatunku, zmienności, powstawania odrębnych szczepów pasożytów uzależnionych od odrębnych grup żywicielskich itp. Badania genetyczne zarówno nad pasożytami, jak i nad ich żywicielami mają też wielkie znaczenie w opracowywaniu innych aspektów układu pasożyt-żywiciel, jak patogeniczność pasożyta, jego wrażliwość na leki, odporność żywiciela na inwazję. Zagadnienia te są dotychczas słabo poznane a badania koncentrują się głównie na kilku modelowych obiektach, jak *Trichinella* czy *Schistosoma*, ważnych zresztą z punktu widzenia zdrowia ludzkiego. W Polsce kierunek ten jest dotychczas słabo rozwijany i dlatego warto jest pokusić się o przedstawienie ciekawszych osiągnięć w tej dziedzinie.

Zadaniem obecnego sympozjum, jak i wszystkich organizowanych w tym cyklu, było zbliżenie omawianej problematyki, a tym samym zachęcenie polskich parazytologów do podejmowania na szerszą skalę tych niezwykle ciekawych i potrzebnych badań.

Wprowadzeniem do dyskusji, a jednocześnie rozszerzeniem i uzupełnieniem tematyki sympozjum był referat prof. dr W. Kunickiego-Goldfingera o genetycznej kontroli zjadliwości mikroorganizmów. Po tym ogólnym referacie wstępnym wygłoszono pięć referatów szczegółowych, których autorzy przedstawiali różne kierunki badań genetycznych, prowadzonych na przedstawicielach różnych grup systematycznych pasożytów: pierwotniaków, przywr, nicieni i owadów. Dyskutowano również przydatność kryteriów genetycznych do charakterystyki gatunku wśród pasożytów.

Prof. dr W. Kunicki-Goldfinger w referacie pt. „Genetyczna kontrola zjadliwości mikroorganizmów" omówił szerzej pewne aspekty układu pasożyt-żywiciel w odniesieniu do bakterii lub wirusów i organizmu żywicielskiego. Omawiając kolejne etapy powstawania tego układu (wnikanie, namnażanie się, przeciwdziałanie systemom obronnym, uszkodzenie gospodarza) zatrzymał się głównie na zagadnieniu patogeniczności, ponieważ ta cecha różni mikroorganizmy chorobotwórcze od symbiontów. Dzięki stosunkowo prostej budowie i krótkiemu okresowi trwania jednej generacji, mikroorganizmy okazały się bardzo dobrym modelem do analizy materiału genetycznego na poziomie molekularnym, a także do analizy procesów decydujących o określonych cechach chorobotwórczych mikroorganizmów. Szerzej omówiona została sukcesja typów antygenowych w czasie infekcji, powstająca w wyniku zmian genotypowych (mutacji, rekombinacji itp.) powodujących zmianę populacji pierwotnej. Wiąże się z tym nasilenie zjadliwości szczepów bakterii .Za kształtowanie popu-

lacji bakterii odpowiedzialne są zmiany genetyczne zarazka i oddziaływanie środowiska.

W referacie omawiającym izolację genetyczną jako kryterium określające gatunek wśród nicieni pasożytniczych prof. dr J. Dróżdż stwierdził, że do chwili obecnej gatunek w tej grupie pasożytów stanowi niemal wyłącznie jednostkę morfologiczno-systematyczną. Dopiero w ostatnich latach obserwuje się rozwój badań nad izolacją rozrodczą między gatunkami tych pasożytów. Te stosunkowo nieliczne badania dostarczyły już bardzo interesujących danych, w świetle których formy morfologicznie bardzo podobne okazały się dobrymi odrębnymi gatunkami i odwrotnie, gatunki bardzo zróżnicowane morfologicznie, zaliczane do odrębnych rodzajów są przypuszczalnie postaciami polimorficznymi jednego gatunku. W związku z tym omówione zostały badania nad izolacją rozrodczą nicieni z rodzaju *Syngamus*, rodzaju *Parastrongylus*, rodzaju *Trichinella* oraz nicieni z rodziny *Trichostrongylidae*. Przy omawianiu badań nad nicieniami wymienionych grup, znacznie różniących się biologią, podane zostały również stosowane metody badawcze. Oprócz danych z piśmiennictwa autor omówił również wyniki badań własnych nad izolacją rozrodczą między *Parastrongylus cantonensis* i *P. dujardini* oraz nicieniami z rodziny *Trichostrongylidae*.

Omawiając niektóre kierunki badań genetycznych nad ciekawą grupą rozdzielnopłciowych przywr z rodziny *Schistosomatidae*, doc. dr K. Niewiadomska skoncentrowała się na trzech lepiej opracowanych zagadnieniach: determinacji płci, hybrydyzacji gatunków oraz genetycznych uwarunkowań układu pasożyt-żywiciel. Ewolucyjnie utrwalona w tej rodzinie przywr rozdzielnopłciowość jest, jak wykazano, genetycznie uwarunkowana. Płeć zdeterminowana jest przez chromosomy płciowe, które nie we wszystkich rodzajach są morfologicznie zróżnicowane, przy czym heterogametyczne XY są samice a homogametyczne XX samce. Badania nad hybrydyzacją, choć w założeniach miały wyjaśnienie problemów natury systematycznej, przyczyniły się do scharakteryzowania gatunku lub populacji, do określenia stopnia izolacji genetycznej na drodze izolacji płciowej lub ekologicznej. Przy okazji zebrano obserwacje na temat możliwości dojrzewania i rozrodu samic w zarażeniach jednopłciowych oraz okoliczności zapłodnienia samicy przez samca innego gatunku. Stwierdzono też możliwość partenogentycznego rozwoju niektórych gatunków (np. *Schistosomatium douthitti*) jak również krzyżowanie gatunków należących do jednego kompleksu (np. kompleks *Schistosoma haematobium*), natomiast między gatunkami należącymi do różnych kompleksów stwierdzono całkowitą genetyczną izolację. Badania nad genetyką układu pasożyt-żywiciel są nowym kierunkiem w badaniach genetycznych. Jako model wybrany został układ: *Schistosoma mansoni* i żywiciel pośredni — ślimak *Biomphalaria glabrata*. Analizowane były głównie dwa aspekty: genetyczna zmienność infekcyjności *S. mansoni* oraz genetyczne czynniki warunkujące wrażliwość *B. glabrata* w stosunku do różnych szczepów *S. mansoni*. W wyniku tych badań udało się wykazać różne typy wrażliwości *B. glabrata* regulowane przez prawdopodobnie 8 lub więcej czynników genetycznych. Stwierdzono też heterogeniczność badanego szczepu *S. mansoni* w odniesieniu do infekcyjności. Wykazano też, że należy spodziewać się zmienności w układzie pasożyt-żywiciel, ponieważ populacje ślimaków jak i pasożytów mogą się zmieniać jakościowo (w odniesieniu do obecności alleli) i ilościowo (w odniesieniu do frekwencji genów).

Doc. dr B. Machnicka w referacie pt. „Zagadnienie geograficznych szczepów *Trichinella spiralis* i ich właściwości biologicznych" przedstawiła zjawisko izolacji geograficznej *T. spiralis* w różnych biocenozach i strefach klimatycznych: arktycznej, umiarkowanej i podzwrotnikowej. Mięso zwierząt padłych jest źródłem inwazji dla zwierząt mięsożernych, wszystkożernych i roślinożernych. Natomiast gryzonie, jak wskazują badania faunistyczne, nie spełniają roli niezbędnych żywicieli rezer-

wuarowych dla włośni. Porównanie właściwości biologicznych różnych szczepów geograficznych ze szczepami laboratoryjnymi, utrzymywanymi na gryzoniach, wskazuje na obecność różnic morfologicznych, różnic w inwazyjności, plenności, immunogenności oraz nasileniu wywoływanych zmian patologicznych. Niektóre szczepy geograficzne bardzo szybko adaptują się do zwierząt laboratoryjnych, upodabniając się do szczepów laboratoryjnych. W cyklu życiowym *T. spiralis* są dwa okresy adaptacyjne. Pierwszy dotyczy larw, które po zasiedleniu żywiciela przekształcają się w postacie dojrzałe — o stopniu adaptacji świadczy procent larw osiągających dojrzałość, okres przebywania w jelicie oraz liczba produkowanych larw potomnych. Drugi okres związany jest z bytowaniem larw potomnych w mięśniach. O braku adaptacji świadczy szybkie niszczenie larw przez naciek komórkowy, o dobrej adaptacji — przeżywanie larw przez długi okres. Wiele uwagi poświęcono *T. pseudospiralis*. Jest to szczep pochodzący z *Procyon lotor* z Kaukazu. Nie różni się on morfologicznie od *T. spiralis*, natomiast wykazuje inne różnice: *T. pseudospiralis* jest inwazyjny dla ptaków, dobrze adaptowany do mięśni ssaków, mimo że nie pobudza do wytwarzania torebek. Te właściwości nie uległy zmianie mimo kilkuletnich pasaży przez zwierzęta laboratoryjne. Skłania to niektórych badaczy do traktowania tej formy jako odrębnego gatunku, tym bardziej, że nie otrzymano krzyżówek w doświadczalnych łączeniach w pary obu kombinacji płci *T. spiralis* i *T. pseudospiralis*.

Inne nieco zagadnienia poruszył w swoim referacie dr T. H. Dzbeński, omawiając genetyczne aspekty zjawiska zmienności antygenowej pierwotniaków. Cecha zmienności antygenów powierzchniowych w trakcie cyklu bezpłciowego w kręgowcach została stwierdzona u gatunków z rodzaju *Plasmodium, Babesia, Trypanosoma*. Liczby tych pasożytów stwierdzane we krwi żywicieli wraz z upływem czasu dają krzywą o charakterze sinusoidy. Narastanie szczytów jest związane z pojawianiem się nowego wariantu antygenowego pasożytów, przeciw któremu szybko narastają produkowane przez organizm żywicielski przeciwciała. Spadek liczby pasożytów jest wyrazem negatywnego wpływu na nie przeciwciał skierowanych przeciw określonemu wariantowi. To warunkuje rozwój następnego wariantu antygenów powierzchniowych, będących związkami białkowo-wielocukrowymi. Przejście pasożyta do żywiciela-stawonoga, gdzie ma miejsce cykl płciowy, wiąże się z ekspresją wyjściowego, zawsze tego samego typu antygenowego. Interpretacja genetyczna opisanych zjawisk nie jest jednoznaczna. Na podstawie badań prowadzonych nad pierwotniakami pasożytniczymi można stwierdzić, że rekombinacje genotypowe, jak konjugacja, transformacja i transdukcja, nie mogą być podstawą zmienności antygenów powierzchniowych. Również spontaniczne mutacje i następująca po nich selekcja nie mogą odgrywać decydującej roli, ponieważ nie wyjaśniają pojawiania się wariantów antygenowych w określonej kolejności, co ma miejsce w początkowym okresie inwazji. Najwłaściwsze wydaje się wyjaśnienie tego zjawiska zmiennością fenotypową. Zmienność może być realizowana jako ujawnianie się aktywności określonego genu pod wpływem bodźców pochodzących ze środowiska, w którym szczególną rolę odgrywają przeciwciała skierowane przeciw określonemu wariantowi. Brak szczegółowych danych o mechanizmie przekazywania sygnałów bodźców z powierzchni komórki do jądra komórkowego nie podważa prawdopodobieństwa funkcjonowania takiego systemu.

W ostatnim referacie, którego treścią było zróżnicowanie genetyczne komarów a malaria, doc. dr B. Skierska zajęła się szerzej badaniami genetycznymi w tej grupie owadów krwiopijnych. Jednym z omawianych zagadnień było występowanie gatunków kompleksowych w obrębie rodzaju *Anopheles*. Na przykładzie *Anopheles* (A.) *maculipennis* i *A.* (C.) *gambiae* omówiono rolę tego zjawiska w epidemiologii malarii. Podano przykłady stwierdzające, że w różnych warunkach środowiska zmieniać się mogą wymogi ekologiczne poszczególnych składników kompleksu; w przy-

padku nieobecności wektora typowego (np. po akcji zwalczania), gatunki zoofilne i egzofilne zajmować mogą opróżnione nisze troficzne, gdzie, stając się antropofilnymi i endofilnymi, przejmują na siebie rolę przenosicieli właściwych. Następnie przedstawiono wyniki badań nad genetycznym uwarunkowaniem zdolności przenoszenia *Plasmodium* sp. przez komary. Podano m.in. przykłady wyselekcjonowania i krzyżowań wrażliwych lub odpornych na malarię szczepów komarów, należących do tego samego gatunku, oraz przedstawiono interpretację genetyczną tych faktów. Omówiono także zagadnienie różnej wrażliwości lokalnych populacji wektorów malarii na szczepy *Plasmodium* pochodzące z innych stref klimatycznych; np. populacje *A. l. atroparvus* i *A. l. labranchiae* z Włoch, przenoszące w areale swego występowania lokalne szczepy *P. falciparum*, nie zakażają się tym gatunkiem z terenów Afryki tropikalnej. Podkreślono znaczenie tego faktu w epidemiologii malarii zawleczonej.

Wygłoszone referaty pobudziły do szerokiej dyskusji, w której między innymi rozważano przydatność pasożytów jako modelu do badań genetycznych. Obserwowane zjawiska są podobne, ale w świecie pasożytów występują szczególne sytuacje, których nie spotyka się u wyżej uorganizowanych organizmów, np. partenogeneza apomiktyczna, samozapłodnienie progenetycznych metacerkarii, pozorne zapłodnienie itp., uniemożliwiające wymianę materiału genetycznego. Postulowano szersze zwrócenie uwagi na te aspekty przy interpretacji różnych zjawisk. Innym ciekawym wątkiem w dyskusji było zróżnicowanie genetyczne w obrębie gatunków pasożytów, dość szeroko ostatnio badane u przywr z podrodziny *Schistosomatinae*, u nicieni z rodzaju *Trichinella*, u komarów z rodzaju *Anopheles* itp. Stwierdzenie lokalnych fizjologicznych szczepów, związanych z różnymi szczepami lub gatunkami żywicieli, komplikuje ustalanie zakresu poszczególnych gatunków, jak i możliwość wypracowania konkretnych i pewnych kryteriów ich wyróżniania. Między innymi dyskutowano interpretację niektórych cech uznawanych jako gatunkowe w przypadku *Trichinella spiralis* i *T. pseudospiralis* — zagadnienie, które obecnie znajduje się w centrum zainteresowania parazytologów na świecie. Jedną z dyskutowanych cech jest zdolność do pobudzania organizmu żywicielskiego do wytwarzania otoczki dokoła larwy *T. spiralis* i brak tej zdolności u *T. pseudospiralis*, oraz możliwość odszukania się partnerów w organizmie żywiciela w czasie doświadczalnej hybrydyzacji tych gatunków czy form, mających świadczyć o ich izolacji płciowej. Część dyskutantów uważała, że izolacja płciowa i różnice w reakcjach żywiciela są wystarczającym dowodem odrębności tych form, pozwalającym na uznanie ich za samodzielne gatunki. Inni dyskutowali w szerszym zakresie wartość kryterium izolacji płciowej jako kryterium gatunkowego, sugerując uzupełnienie go znajomością rozmieszczenia geograficznego, związków z żywicielami oraz dokładniejszymi badaniami, między innymi poszukiwaniem różnic w strukturze chromosomów, jak to było prowadzone np. w badaniach komarów z rodzaju *Anopheles*.

Innym dyskutowanym zagadnieniem był genetyczny aspekt w układzie pasożyt-żywiciel, co rozpatrywano na przykładzie zmienności antygenowej pierwotniaków. Analizowano słuszność jednej z przedstawionych teorii, wyjaśniających powstawanie tego zjawiska, mutacyjnej i adaptacyjnej, skłaniając się do przyjęcia tej drugiej. Zmienność antygenowa pierwotniaków nie jest warunkowana zmianami genetycznymi a można ją tłumaczyć represją i derepresją genów, spowodowaną przez czynniki zewnętrzne, np. organizm żywiciela. Poruszono też problem możliwości wpływu bakterii znajdujących się w pokarmie pierwotniaków na ich właściwości antygenowe.

Szerszą wypowiedź dyskusyjną przedstawił doc. dr S. L. Kazubski, który omówił zagadnienie populacji w parazytologii, biorąc pod uwagę zarówno kryteria genetyczne, jak i ekologiczne, rozległość grupy osobników, którą uważa się za populację a która będzie różna w przypadku różnych grup pasożytów. Zasięg populacji będzie się inaczej kształtował u pierwotniaków mających prosty rozwój, np. u orzę-

sków, inaczej u *Sporozoa*, u których występuje zmiana żywicieli w cyklu rozwojowym, a jeszcze inaczej u pasożytniczych robaków lub stawonogów. Między innymi będzie to zależało od ruchliwości żywicieli, mającej wpływ na wymianę genów u pasożytów. Jako ilustrację swych poglądów przedstawił następnie zróżnicowanie morfologiczne obserwowane wewnątrz niektórych gatunków pasożytniczych orzęsków w zależności od gatunku żywiciela.

Prof. dr W. Michajłow wymienił kilka problemów, którym warto by poświęcić w badaniach genetycznych więcej uwagi: genetyczne podłoże specyficzności, genetyczne uwarunkowanie poszczególnych etapów cyklu rozwojowego pasożytów, genetyczne podłoże wzajemnej adaptacji pasożytów i żywicieli itp.

Ta wielokierunkowa i żywa dyskusja świadczy o potrzebie poznawania głębszego podłoża i mechanizmów zjawisk obserwowanych w parazytologii.

Katarzyna Niewiadomska, Bożena Grabda-Kazubska, Barbara Machnicka

SYMPOZJUM „CZYNNOŚCIOWA SPECJALIZACJA WŁÓKIEN MIĘŚNIOWYCH"
(Szeged, 10—15 lipca 1977 r.)

Szeged, miasto rodzinne laureata nagrody Nobla Alberta Szent-Györgyi'ego, a zarazem miejsce narodzin białka kurczliwego „aktyny", gościło w połowie lipca 1977 r. Sympozjum poświęcone czynnościowemu zróżnicowaniu włókien mięśniowych. Licznie przybyli uczniowie Szent-Györgyi'ego, wśród nich wielu węgierskiego pochodzenia, którzy swą karierę rozwinęli poza granicami Węgier, szczególnie w USA. Anglosascy uczestnicy i inicjatorzy Konferencji narzucili jej bardzo swobodny styl. Programowo odrzucono możliwość prezentowania z góry przygotowanych doniesień, a założono że Sympozjum stanowić będzie forum dla dynamicznej dyskusji na z góry ustalone tematy, popartej ad hoc własnymi wynikami uczestników. Nie obeszło się więc bez niekorzystnych symptomów wielkiej improwizacji, szczególnie w zakresie spraw organizacyjnych. W niczym jednak nie zmąciło to, a wręcz przeciwnie, sprzyjało bezpośredniej atmosferze panującej wśród kameralnego grona około setki wielonarodowościowych uczestników. Konferencja stanowiła zatem kapitalną okazję nie tylko do wglądnięcia w najnowsze osiągnięcia, ale do bezpośredniego kontaktu z plejadą najznamienitszych badaczy mięśnia i do niebanalnej wymiany poglądów i doświadczeń.

Sympozjum zorganizowane z inicjatywy Komisji Mięśniowej Międzynarodowej Unii Nauk Fizjologicznych (Muscle Commission of the International Union of Physiological Sciences) odbyło się przy współpracy Węgierskiej Akademii Nauk i Węgierskiego Towarzystwa Biochemicznego i Fizjologicznego. Stąd też główny nacisk położony był na zagadnienia biochemiczne i fizjologiczne z zakresu wiedzy o mięśniu. Wiele interesujących spraw znalazło się jednak i dla morfologa. Tematy poddane pod dyskusję w grupach roboczych dotyczyły zróżnicowania włókien mięśniowych pod względem cech fizjologicznych: siły i prędkości skurczu, różnic w cyklu pobudzenia, zróżnicowania cech histochemicznych, unerwienia, metabolizmu, zróżnicowania enzymatycznego i chemizmu białek kurczliwych, oraz rozmaitych cech morfologicznych dostrzegalnych w mikroskopie świetlnym i odmianach mikroskopu elektronowego. Znawcy odrębnych aspektów sprawy, reprezentujących często różne techniki badawcze, obradowali w osobnych grupach, a dopiero posiedzenie plenarne dać miało syntezę poglądów. Synod badaczy mięśnia miał dać odpowiedź na postawione we wstępnym referacie Lee Peachy'ego pytania: Czy możliwa jest jednoznaczna klasyfikacja włókien mięśniowych i jakie należy ustalić jej kryteria?

Niestety zaprezentowana rzeczywistość mięśniowa okazuje się być o wiele bar-

dziej złożona, aby poddać się jasnej i jednoznacznej klasyfikacji. System komplikuje się, im więcej metod poznawczych jest stosowanych. Wnioski końcowe z konferencji wskazują iż nie da się opisać modelowych włókien mięśniowych na wzór holotypu w zoologii. Populacja włókien mięśniowych jest jak populacja ludzka: choćbyśmy klasyfikowali osobników na wysokich i niskich, brunetów i blondynów itp. zawsze będziemy świadomi tego, iż podział ten nie jest jednoznaczny i wyczerpujący. Co więcej, podkreślano wielokrotnie iż włókna mięśniowe mają naturę dynamiczną. Nie tylko zmieniać się mogą w czasie w zależności od warunków, ale także w przestrzeni: zależnie od poziomu przekroju przez mięsień te same włókna wykazują inne cechy.

Przy okazji zaprezentowano obrazy włókien mięśniowych uzyskiwane najnowszymi metodami. Specjalizacje błon o połączeniach nerwowo-mięśniowych uwidoczniono techniką freeze-fracture (Ellisman, Franzini-Armstrong). Zmiany cech włókien w rozwoju uwidoczniono metodami immunofluorescencyjnymi (TeKronnie i wsp.). Zademonstrowano metodę uśredniania prążków linii M przez kopiowanie przesuwanego negatywu (Sjoström). Umożliwiono również obejrzenie w świetle spolaryzowanym fenomenalnych trójwymiarowych obrazów siateczki sarkoplazmatycznej w całym włóknie mięśniowym ze stereoparowych zdjęć z elektronowego mikroskopu wysokonapięciowego (Peachey). Ta ostatnia metoda pozwala na bezpośredni wgląd w trójwymiarową strukturę siateczki i różnice w jej organizacji pomiędzy typami włókien, bez konieczności żmudnej rekonstrukcji z preparatów krojonych.

Leszek Kordylewski

DRUGA KONFERENCJA OKRĄGŁEGO STOŁU POŚWIĘCONA ROZRODOWI RYB

Paimpont (Francja) 16—19 wrzesień 1977 r.

Ze względów tak praktycznych, jak i teoretycznych zagadnienia związane z fizjologią rozrodu ryb stają się coraz ważniejsze, a badania nad rozrodem coraz bardziej zaawansowane. Spowodowało to, że w niedługim czasie po pierwszej konferencji poświęconej tym problemom, która odbyła się w Barcelonie w 1975 r., zorganizowano następną, tym razem we Francji, na znacznie większą skalę (ponad 100 uczestników). Jej organizatorem było Laboratorium Fizjologii Ryb INRA. Rozród ryb następuje w wyniku wzajemnego na siebie oddziaływania 3 organów: podwzgórza, przysadki mózgowej i gonad w interakcji z czynnikami środowiskowymi. Dlatego też budowa i funkcja tych organów była tematem dużej liczby prac prezentowanych w trakcie konferencji.

Drogi oddziaływania podwzgórza na przysadkę ryb kostnoszkieletowych (właściwych), pozbawionych przysadkowego układu wrotnego, od dawna budziły duże zainteresowanie. Przedstawione na konferencji wyniki przeprowadzonych przez Chambolle i wsp. badań, polegających na usuwaniu przysadki mózgowej żywym rybom z rodz. *Gambusia* i transplantowaniu jej w inne części ciała (np. w mięśniach ogona), wykazały pełną aktywność gonadotropową przysadki po dokonaniu przeszczepu. Oznacza to, że podwzgórze u ryb kostnoszkieletowych może oddziaływać na przysadkę drogą normalnego krwiobiegu, co jednak nie wyklucza jego bezpośredniego oddziaływania poprzez aksony.

Z prac Petera i Crima dotyczących podwzgórzowej regulacji rozrodu wynika, że elektrokoagulacyjne zniszczenie jądra guza bocznego NLT (Nucleus latteralis tuberis) u karasia powodowało zawsze zahamowanie rozwoju gonad, jakkolwiek nie wpływało na obniżenie poziomu gonadotropiny we krwi obwodowej. Lezje jądra przedwzrokowego NPO (Nucleus preopticus) w większości wypadków nie hamowały rozwoju gonad. Wyniki tych badań potwierdzają rezultaty otrzymane wcześniej przez

innych autorów, którzy na podstawie badań mikroskopowych uznali NLT za jądro podwzgórza sterujące m.in. gonadotropową działalnością przysadki mózgowej. Na tej podstawie należałoby wnosić, że NLT w podwzgórzu ryb jest miejscem, w którym produkowane są przynajmniej niektóre releasing-hormony.

Badania Goos i wsp. z użyciem metody immunoflurescencyjnej dowiodły, że komórki neurosekrecyjne, produkujące gonadotropowy releasing-hormon (G-RH) u pstrąga tęczowego występują po obu stronach Ventriculis communis i w Telencephalon (Dorsalis pars medialis), a nie stwierdzono występowania takich komórek w NLT. Wskazywałoby to, że gonadotropowa działalność przysadki regulowana jest nie tylko przez 1 obszar mózgu.

Dotychczas nie stwierdzono istnienia specyficznych dla ryb releasing-hormonów, dlatego w doświadczalnictwie używa się releasing-hormonów ssaków. Badania przeprowadzone przez Weil i wsp. polegające na podawaniu syntetycznego LH-RH rybom posiadającym jajniki w różnych etapach oogenezy wykazały, że jego działanie na przysadkę (mierzone poziomem gonadotropiny przysadkowej) zależy od stadium oogenezy.

Maksymalną reakcję obserwowano pod koniec małego i w trakcie dużego wzrostu oocytów. Jest rzeczą ciekawą, że poziom gonadotropiny w krwi obwodowej nie był związany ze stadium oogenezy ani z podawaniem LH-RH i reakcją przysadki na releasing-hormony. Z badań Sokołowskiej i wsp. wynika natomiast, że infuzje doprzysadkowe LH/FSH-RH samicom karpia, znajdującym się w okresie przedowulacyjnym, powodują istotne zwiększenie w jajniku procentu oocytów z jądrem przesuniętym na obwód, a w niektórych przypadkach obserwowano również owulację.

Demski i wsp. stosując elektrostymulację różnych części mózgu samogłowa opracowali model nerwowej kontroli seksualnego zachowania się tej ryby. Zdaniem autorów środkowo-grzbietowa część Telencephalon oddziałuje na NPO, które jest centrum integracji bodźców hormonalnych, węchowych i innych. Z kolei NPO wpływa na zachowanie seksualne przez modulowanie niższego sensomotorycznego systemu. Inne prace tych autorów z użyciem H^3 — testosteronu wykazały istnienie w części drobnokomórkowej NPO neuronów wiążących testosteron. W grupie prac dotyczących przysadki mózgowej zajmowano się głównie lokalizacją gonadotropów w gruczołowej części przysadki oraz problemem występowania jednego lub dwu rodzajów komórek gonadotropowych. Co do rozmieszczenia gonadotropów w przysadce teleostei, to wszyscy autorzy są zgodni, że występują one głównie w Pars distalis proximalis, przy czym zdaniem Ekengrena i wsp. u łososia atlantyckiego gonadotropy występują też w Pars distalis rostralis.

Ilość rodzajów komórek gonadotropowych nadal nie jest sprecyzowana. Peute i wsp., posługując się mikroskopem elektronowym zaobserwowali zachodzące w cyklu rocznym zmiany zawartości gonadotropiny w gonadotropach przysadki pstrąga tęczowego, Schreibman i Kallman wykazali natomiast istnienie u *Xiphophorus maculatus* alleli wczesnego dojrzewania, połączonego z wczesnym powstawaniem obszaru gonadotropowego w przysadce lub alleli późnego dojrzewania połączonego z późnym kształtowaniem się strefy gonadotropowej w przysadce.

W grupie prac zajmujących się gonadami dominowały badania nad oogenezą i spermatogenezą u szeregu gatunków ryb. Szczególnie zwracano uwagę na rozwój gonad ryb hermafrodytycznych *(Sparus aurata)* oraz na ultrastrukturę wczesnych stadiów rozwoju gonad. Brusle i Brusle stwierdzili, że największe zmiany zachodzą w cytoplazmie pierwotnych komórek płciowych, a polegają głównie na redukcji organelli w miarę rozwoju gametogenezy. Laird i wsp. przekazali wyniki badań nad stosowaniem swoistych antygenów, zapobiegających rozwojowi gonad u łososi atlantyckich. Celem tych badań było uzyskanie ryb posiadających wagę konsumpcyjną przed osiągnięciem dojrzałości płciowej.

W badaniach nad gonadami ryb coraz częściej stosuje się metodę hodowli oocytów in vitro. Obszerną pracę dotyczącą wpływu szeregu hormonów gonadotropowych i sterydowych na rozwój oocytów karpia in vitro przedstawił Epler. Z jego badań wynika m.in., że siła działania homogenatu przysadki mózgowej jest uzależniona od stanu dojrzałości oocytów, mierzonej położeniem jądra w komórce. Podobną reakcję ze strony oocytów autor obserwował również w obecności androgenów, progestynów i kortykoidów w pożywce. Duża grupa prac dotyczyła badań hormonu gonadotropowego u ryb. Sumpter i wsp. podali wyniki badań nad oczyszczeniem gonadotropiny *Scyliorhinus canicula* (spodouste), stwierdzające istnienie jednego rodzaju gonadotropiny, bez wykluczenia jednak drugiego jej rodzaju. Tan i Dodd, badając immunologiczne pokrewieństwo gonadotropin różnych gatunków ryb należących do kilku rodzin doszli do wniosku, że nie pokrywa się ono zupełnie z pokrewieństwem filogenetycznym, opartym na cechach texonomicznych. Breton i wsp. zaobserwowali w ekstrakcie z przysadek mózgowych pstrągów tęczowych 2 frakcje gonadotropin, z których jedna jest charakterystyczna dla samic, a druga dla samców. Obie frakcje mają te same właściwości immunologiczne i te same ciężary cząsteczkowe, różnią się natomiast pomiędzy sobą składem aminokwasowym. Obie cechuje zdolność pobudzania do rozwoju oocytów in witro oraz takie samo oddziaływanie na jajniki lub jądra niedojrzałych ryb.

Do tej grupy prac należałoby zaliczyć badania dotyczące zachodzących w cyklu rocznym zmian poziomu gonadotropiny w surowicy krwi oraz zmian w jajniku u dojrzałych samic karpia. Bieniarz i wsp. wykazali m.in., że zmiany poziomu gonadotropiny w surowicy krwi zachodzą odwrotnie od zmian w procencie oocytów resorbujących się. Interesujące było również stwierdzenie największego procentu oocytów z jądrem przesuniętym na obwód u wszystkich badanych samic w okresie zimowym. W ostatnich latach zarówno w badaniach nad dojrzewaniem płciowym ryb, jak i w praktyce rybackiej, coraz częściej stosuje się oczyszczoną gonadotropinę przysadkową ryb. Duże zainteresowanie wzbudziła zatem praca Donaldsona i wsp o wpływie warunków przechowywania gonadotropiny łososiowej na jej aktywność biologiczną. Stwierdzono, że najlepiej przechowywać hormon w niskich temperaturach (20—40°C) i w niskiej wilgotności. Liczne prace poświęcono sterydogenezie i zmianom poziomu różnych sterydów w krwi obwodowej. Z badań Colombo i wsp. wynika, że w czasie wzrostu oocytów u *Dicentrarchus labrax* w otoczce follikularnej syntetyzowane są estrogeny a w czasie owulacji 11-deoksykortykosteroid. Wyniki badań nad sterydogenezą w jądrach pstrąga tęczowego przedstawili Hurk i wsp. Wykazali oni, że sterydogeneza zachodzi w komórkach Leydiga przez cały rok, ale jej nasilenie obserwuje się na przełomie stycznia i lutego. Zdaniem tych autorów sterydotwórcze są także komórki Sertoliego i tkanka otaczająca Vas deferens.

Hoar stwierdził, że sterydogeneza w gonadach ryb kostnoszkieletowych zachodzi w otoczce follikularnej, w komórkach theca, natomiast komórki granulozy mają struktury charakterystyczne dla komórek syntetyzujących białka. Po owulacji komórki granulozy szybko obumierają i ulegają resorpcji, natomiast komórki theca jeszcze przez dłuższy czas zachowują aktywność i zdolność do syntezy sterydów.

Szöllösi i wsp. udowodnili, że w komórkach theca pojawiają się w okresie owulacji włókna kolagenowe, przypominające swoimi właściwościami włókna mięśni gładkich. W innych pracach, dotyczących sterydów u ryb, zajmowano się zmianami w poziomie estradiolu w cyklu rocznym u pstrąga potokowego i tęczowego oraz u tilapii. Fostier podał m.in., że poziom estradiolu w krwi obniża się w końcowej fazie cyklu płciowego u pstrąga tęczowego, natomiast Crim wykazał, że u pstrąga potokowego poziom estradiolu wzrastał w krwi aż do momentu pełnej dojrzałości i owulacji. Lambert i wsp. informują, że u pstrąga tęczowego najwyższy poziom estradiolu występuje w listopadzie, a najniższy poziom tego sterydu obserwowano

w długim okresie od grudnia do września. Zdaniem tych autorów zmiany w poziomie estradiolu były doskonale synchronizowane z procesem witellogenezy. Twierdzą, podobnie jak Terkatin i wsp., że estradiol stymuluje wytwarzanie witellogenin.

Zagadnieniom witellogeniny będącej prekursorem żółtka i odkładaniem się żółtka w oocytach poświęcono trzy prace. Campbell wykazał, że inkorporacja witellogeniny do oocytów odbywa się pod bezpośrednim wpływem przysadki. Potwierdzili to Sundaraj i Nath, którzy badali wpływ szeregu sterydów oraz gonadotropin karpia i łososia na poziom witellogeniny w krwi i odkładanie się żółtka w oocytach. Spośród sterydów tylko w przypadku estrogenów obserwowano podwyższenie poziomu witellogeniny w krwi, ale nie powodowały one odkładania się żółtka w oocytach. Podawanie drogą iniekcji gonadotropiny karpia lub łososia powodowało u Heteropneustes fossilis zwiększenie zarówno poziomu witellogeniny, jak i odkładania się żółtka w oocytach.

Badania ultrastrukturalne nad wywołaną eksperymentalnie witellogenezą u młodocianych pstrągów tęczowych (Upadhyay i wsp.) wykazały, że gonadotropina łososiowa wywoływała syntezę endogennego żółtka w cytoplazmie oocytów, ale nie wpływała na inkorporację żółtka egzogennego lub witellogeniny do oocytów, co stanowi drugą fazę witellogenezy. Ponieważ pod działaniem ekstraktu z przysadki łososia miał miejsce zarówno pierwszy, jak i drugi etap witellogenezy, należałoby przypuszczać, że do wywołania drugiej fazy witellogenezy potrzebne są też inne, poza gonadotropiną, hormony przysadkowe.

Wiele prac poświęcono zagadnieniu kontroli procesów dojrzewania płciowego przez zastosowanie iniekcji hormonalnej. W zależności od gatunku ryby stosowano następujące hormony: oczyszczoną gonadotropinę łososia, oczyszczoną gonadotropinę karpia, homogenat przysadki mózgowej karpia, homogenat przysadki mózgowej łososia, różne progestyny (najczęściej 17α 20β progesteron), gonadotropinę łożyskową (HCG), hormon luteinizujący ssaków (LH).

Oprócz iniekcji hormonalnych stosowano dla kontrolowania procesów dojrzewania płciowego regulację czynników zewnętrznych, najczęściej temperatury lub (i) światła. Szczególnie dużo uwagi poświęcono oddziaływaniu długości dnia świetlnego i zmianom tej długości na proces dojrzewania płciowego. Przez zmianę długości dnia świetlnego przyspieszano dojrzewanie płciowe nie tylko u ryb łososiowatych, ale także u *Limanda limanda*, *Scopthalmus maximus* i *Dicentrarchus labrax*. May i wsp. przedstawili dane, z których wynika, że tarło *Polydactylus sexfilis* związane jest z kwadrami księżyca i czasem odpływu. Okazało się, że ryba ta trze się w czasie ostatniej kwadry księżyca między godz. 20,30 a 21,30 w czasie odpływu.

Badając wpływ szyszynki na proces dojrzewania gonad Dye stwierdził, że u dorsza szyszynka jest bezpośrednio czuła na światło, ale rodzaj reakcji jest inny u ryb niedojrzałych a inny u dojrzałych płciowo. Według jego opinii istnienie odwrotnej korelacji pomiędzy aktywnością szyszynki a aktywnością gonadotropową przysadki sugeruje, że poprzez szyszynkę następuje oddziaływanie długości dnia świetlnego na dojrzewanie gonad. Do tej grupy prac należy zaliczyć pracę de Vlaminga i Crima. Autorzy ci zaobserwowali, że długi dzień świetlny stymulował rozwój jajnika u *Notemigonus crysoleucas*, a usunięcie szyszynki hamowało to stymulujące działanie. Natomiast krótki dzień świetlny hamował rozwój gonad, a usunięcie szyszynki znosiło hamujące działanie krótkiego dnia świetlnego. Podobne zjawisko zauważono u karasia srebrzystego, wykazując, że szyszynka może oddziaływać na gonady stymulująco lub hamująco w zależności od długości dnia świetlnego. Ostatnią grupę tematyczną na konferencji w Paimpont stanowiły prace omawiające sposoby przechowywania żywych gamet i embrionów ryb. Najczęstszym sposobem ich konserwacji jest zamrażanie w niskich temperaturach przy zastosowaniu różnego rodzaju rozcieńczalników i czynników ochronnych. Najczęściej tą techniką zamraża się nasienie ryb. Jak dotąd najlepsze rezultaty otrzymano przy przechowywaniu nasienia ryb łoso-

siowatych. W omawianych na konferencji badaniach nie uzyskano zadowalających rezultatów w zakresie przechowywania w niskich temperaturach nasienia ryb karpiowatych. Należałoby tu dodać, że w Polsce przechowywanie nasienia karpia w niskich temperaturach zostało rozwiązane przez M. Moczarskiego z ZZD Zator i zreferowane przez autora na Międzynarodowym Kongresie Unasieniania i Rozrodu Zwierząt w Krakowie w 1976 r.

Krzysztof Bieniarz, Piotr Epler,
Mirosława Sokołowska

SPRAWOZDANIE Z KONFERENCJI NAUKOWO-TECHNICZNEJ „WARUNKI ROZWOJU DRZEW I ICH FAUNY W WARSZAWIE"

Warszawa, 28 I 1978 r.

Coraz dotkliwiej odczuwane przez ludzi ujemne strony technicyzacji życia, wzrastającego uprzemysłowienia i motoryzacji oraz rozrastania się wielkich aglomeracji miejskich powodują z każdym rokiem powszechniejszy wśród społeczeństwa zwrot ku środowisku przyrodniczemu. Jednym z przejawów tego procesu jest wyraźnie w ostatnich latach zwiększone zainteresowanie mieszkańców miast sprawami zieleni miejskiej. Dowodem tej troski jest fala publikacji prasowych i jakże częste w prasie codziennej listy czytelników zaniepokojonych lub oburzonych nadmiernym szafowaniem solą podczas odśnieżania ulic, bezmyślnym wycinaniem drzew, czy też swoistym poczuciem estetyki przy urządzaniu i kształtowaniu terenów zielonych.

O znacznej randze społecznej problemu świadczyło powszechne zainteresowanie Konferencją naukowo-techniczną na temat „Warunki rozwoju drzew i ich fauny w Warszawie", jaka odbyła się 28 stycznia 1978 r w Warszawie, w Pałacu Staszica. Konferencja zorganizowana została przez Ogród Botaniczny PAN przy współudziale Miejskiego Przedsiębiorstwa Robót Ogrodniczych, Miejskiego Przedsiębiorstwa Oczyszczania i Instytutu Zoologii PAN. Oprócz reprezentantów wymienionych instytucji na spotkanie licznie przybyli przedstawiciele warszawskich i pozawarszawskich placówek naukowych (głównie Instytutu Kształtowania Środowiska i SGGW-AR), Ministerstwa Gospodarki Terenowej i Ochrony Środowiska, Ligi Ochrony Przyrody oraz innych placówek.

Celem Konferencji było przedstawienie problematyki i wyników badań prowadzonych przez placówki Wydziału II Polskiej Akademii Nauk nad stanem powietrza, gleby, flory i fauny w warunkach środowiska zurbanizowanego. Hasłem Konferencji była również potrzeba nawiązania współpracy między branżowymi przedsiębiorstwami służb miejskich, odpowiedzialnymi za zieleń Warszawy a zaangażowanymi w odpowiednią problematykę ośrodkami naukowymi.

Otwarcia obrad dokonał Dyrektor Ogrodu Botanicznego PAN w Warszawie dr Bogusław Molski. Po nim głos zabrał Dyrektor Zjednoczenia Miejskich Przedsiębiorstw Inżynieryjnych. W obu przemówieniach wstępnych dobitnie podkreślano znaczenie, jakie mieć może praktyczne zastosowanie wyników badań naukowych dla stworzenia w miarę możności pomyślnych warunków wegetacji roślinności miejskiej.

Konferencja złożona była z 3 części problemowych. W części I, której przewodniczył Dyrektor Miejskiego Przedsiębiorstwa Robót Ogrodniczych inż. Wacław Remiszewski, omówione zostały ogólne warunki środowiska miejskiego. Część II poświęcono aktualnemu stanowi zieleni warszawskiej i jej znaczeniu dla łagodzenia ujemnych czynników urbanizacyjnych, część III zaś — stanowi fauny koron drzew miejskich i znaczeniu tej fauny dla roślinności. Przewodniczącym obu tych części był Dyrektor Miejskiego Przedsiębiorstwa Oczyszczania inż. Jan Schulz. Na każdą sekcję składało się kilka, dyskutowanych następnie referatów.

W części I Konferencji zaprezentowano następujące referaty:

1. „Potrzeba badań nad zadrzewieniem miast i osiedli" — B. Molski, A. Marczewski (Ogród Botaniczny PAN);

2. „Powietrze Warszawy jako element środowiska miejskiego" — W. Skorupski (Instytut Inżynierii Środowiska PW);

3. „Badania wpływu środków chemicznych stosowanych do zwalczania śliskości zimowej na glebę zieleńców Warszawy" — I. Żurkowska, M. Sowa (Zakład Ochrony Środowiska MPO);

4. „Wpływ środków chemicznych stosowanych do zwalczania śliskości zimowej na roślinność drzewiastą oraz próby przeciwdziałania skutkom zasolenia" — M. Molski (Ogród Botaniczny PAN);

5. „Stan i struktura zgrupowań fauny glebowej w ekosystemie miasta" — W. Niedbała, K. Kasprzak, M. Sterzyńska (opracowanie przygotowane w ramach współpracy Instytutu Zoologii PAN w Warszawie z ośrodkiem poznańskim).

Stwierdzono, że dotychczas stosowane tradycyjne wskaźniki oceny stopnia zanieczyszczenia powietrza w Warszawie, tj. wielkość opadu pyłu i stężenie dwutlenku siarki, nie odzwierciedlają faktycznego zagrożenia ludzi i roślin. Znacznie większe niebezpieczeństwo dla zdrowia mieszkańców i równowagi w środowisku przyrodniczym stanowią związki metali ciężkich, tlenku azotu i tlenek węgla, których stężenia w powietrzu Warszawy niepokojąco rosną w ostatnich latach.

Wiele uwagi poświęcono problemowi nadmiernego zasolenia gleb miejskich, jako podstawowej przyczynie ich degeneracji. Okazuje się jednak, że możliwość ograniczenia stosowania przez MPO soli w ogóle nie wchodzi w rachubę, jest ona bowiem jedynym obecnie skutecznym środkiem w walce ze śniegiem i lodem na ulicach. W dyskusji podkreślono konieczność prowadzenia wnikliwych systematycznych badań nad roczną i wieloletnią kumulacją soli w glebie. W warstwach powierzchniowych gleby sól zalega bardzo krótko, po czym spłukiwana jest do warstw położonych głębiej (sięgając korzeni drzew).

Wysunięto też wniosek, aby — ze względu na poważne zubożenie gleb miejskich w substancje organiczne — zabiegi pielęgnacyjne stosowane na terenach zielonych (tam gdzie to możliwe) nie obejmowały zgrabiania i usuwania skoszonej trawy i opadłych liści. Obecność ściółki korzystnie wpływa na rozwój fauny, mikrofauny i mikroflory glebowej oraz zmniejsza niedobór składników pokarmowych w glebie, czego nie jest w stanie zrekompensować stosowanie nawozów sztucznych.

Na część II Konferencji złożyły się 4 referaty:

1. „Zieleń Warszawy w ocenie Miejskiego Przedsiębiorstwa Robót Ogrodniczych" — J. Kowalska (MPO);

2. „Zmiany w rozwoju fenologicznym drzew rosnących w różnych warunkach miejskich Warszawy" — W. Chmielewski, B. Gastman (Ogród Botaniczny PAN);

3. „Porównanie uszkodzeń wybranych gatunków drzew w nasadzeniach przyulicznych w latach 1973—1977" — S. Supłat (Ogród Botaniczny PAN), Cz. Zamorski (SGGW-AR);

4. „Pochłanianie niektórych zanieczyszczeń środowiska przez drzewa w Warszawie" — A. Bytnerowicz (Ogród Botaniczny PAN).

Nasilenie zaburzeń w rytmie rozwojowym drzew, stopień ich uszkodzeń oraz kumulowanie się związków szkodliwych w liściach skorelowane jest z ogólnym zanieczyszczeniem środowiska, aczkolwiek w znacznym stopniu zależy od wrażliwości gatunkowej. Postulowane jest zatem rozszerzenie asortymentu tradycyjnie uprawianych w miastach gatunków drzew i krzewów o formy nowe, bardziej odporne. Zalecane są m.in. próby wykorzystania niektórych gatunków drzew i krzewów iglastych. Jako formy stale zielone przez cały rok pełniłyby one rolę filtrów zatrzymujących szkodliwe pyły i gazy, będące zarazem bardziej wydajnymi produ-

centami tlenu niż formy liściaste. Szczególnie przydatne do tych celów wydają się być jodły kalifornijskie, sosny czarne i cisy.

Referaty III części Konferencji dotyczyły stanu fauny koron drzew miejskich. Wszystkie opracowania przygotowane zostały przez pracowników Instytutu Zoologii PAN w Warszawie, od kilku lat prowadzącego kompleksowe badania nad problemem „Wpływ presji osadniczej na faunę". Oto tytuły przedstawionych prac:

1. „Wpływ struktury zieleni miejskiej na skład gatunkowy i liczebność fitofagów koron (na przykładzie Tilia sp.)" — E. Chudzicka;
2. „Struktura zespołów motyli minujących liście lip i dębów w różnych typach zieleni miejskiej" — G. Winiarska;
3. „Liczebność i struktura dominacyjna mszyc występujących na liściach dębu szypułkowego (Quercus robur L.) w różnych typach zieleni miejskiej — B. Rychlik;
4. „Kształtowanie się zależności między fitofagami i zoofagami koron drzew w urbicenozie Warszawy" — A. Draber-Mońko, H. Garbarczyk, J. Sawoniewicz, E. Skibińska, E. Wegner;
5. „Wpływ presji urbanizacyjnej na kompleks mszyce-afidofagi" — W. Czechowska, R. Pisarska, E. Skibińska, E. Wegner;
6. „Presja urbanizacyjna a zespoły fauny" — B. Pisarski.

Ogólne wnioski wynikające z opracowań faunistyczno-ekologicznych są następujące:

— przy planowaniu rozmieszczenia zieleni w mieście należy dążyć do stworzenia warunków, umożliwiających stały przepływ fauny między poszczególnymi jej kompleksami;

— celowe jest wprowadzenie ekranizacji w postaci zwartych pasów zieleni przyulicznej, odgraniczających dalej położone tereny od bezpośredniego działania spalin i innych zanieczyszczeń;

— utrzymaniu równowagi ekologicznej między szkodnikami roślin a ich naturalnymi wrogami sprzyja różnorodność gatunkowa roślinności.

Ze względu na liczne kontrowersje wnioski proponowane przez referentów i dyskutantów nie zostały przyjęte od razu podczas spotkania, jak to przewidywał program Konferencji. W celu ich rozpatrzenia i ewentualnego skierowania do realizacji zebrać się ma w niedługim czasie zespół złożony z przedstawicieli zainteresowanych zagadnieniem instytucji.

Ogólny ton Konferencji nastrajał niestety sceptycznie wobec możliwości poprawienia sytuacji zieleni w Warszawie. Jednoznacznie stwierdzono, że przedsiębiorstwa odpowiedzialne za utrzymanie miejskiej zieleni opanowane są stanem pełnej niemocy pod względem kadrowym, technicznym, finansowym, kooperacyjnym i regulaminowym. Większość wniosków wypływających z badań naukowych została à priori odrzucona, jako postulaty z tych właśnie powodów nieżyciowe. Jest to o tyle niezrozumiałe, że proponowane rozwiązania wymagałyby przeważnie zmniejszenia prac i nakładów — lecz także i zmiany utartego sposobu myślenia. Tak więc na perspektywę współdziałania praktyki z nauką w tej dziedzinie zapatrywać się należy z optymizmem dość umiarkowanym.

Wojciech Czechowski

MIĘDZYNARODOWE SEMINARIUM KOMITETU PLANOWANIA KRAJOBRAZU IUCN *

IV Międzynarodowe Seminarium Komitetu Planowania Krajobrazu odbyło się w Brnie (Czechosłowacja) w dniach 26—30 września 1977 r. Komitet jest organizacją wchodzącą w skład Międzynarodowej Unii Ochrony Przyrody i Jej Zasobów i zrzesza uczonych z państw Europy Wschodniej.

---

* Przedruk z Zeszytu nr 2 Rocznik XXXIV, 1978 — Chrońmy przyrodę ojczystą — za zezwoleniem Redakcji i zgodą autora.

W Seminarium w Brnie wzięło udział 65 osób z Czechosłowcji, Polski, NRD i Węgier. Udział swój zgłosili także reprezentanci Kanady, RFN i USA, którzy w tym samym czasie przebywali w Brnie w związku z posiedzeniem Komisji Planowania Środowiska IUCN. Obradom tej Komisji przewodniczył R. J. Benthem, przy współudziale A. H. Hoffmanna z Morges. Seminarium odbywało się w Wyższej Szkole Rolniczej pod protektoratem Zdenka Vavry — Przewodniczącego Południowo-Morawskiego Komitetu CSSR oraz Rektora uczelni prof. Zdenka Šteffli.

Ogółem na zgłoszonych 38 referatów wygłoszonych zostało 23, w tym 6 z Polski. Główna tematyka obejmowała metody planowania krajobrazu, funkcje zmieniających się warunków przyrodniczych pod wpływem intensywnej gospodarki i uprzemysłowienia, problemy ochrony przyrody (krajobrazów), kwestie turystyki i wypoczynku w regionach wiejskich. Uczestnicy Seminarium przyjęli z wielkim zainteresowaniem referaty wygłoszone przez członków polskiej delegacji — m.in. prof. K. Zabierowskiego o wpływie rozmieszczenia i rejonizacji produkcji rolniczej na kształtowanie krajobrazu wiejskiego w południowej Polsce, oraz doc. dr J. Bogdanowskiego — o przestrzennych problemach planowania krajobrazu rolniczego w Polsce, a także dr M. Łuczyńskiej-Bruzdy o budownictwie w krajobrazie wiejskim południowej Polski.

Podczas Seminarium czynna była interesująca wystawa prac i fotografii łączących się z tematyką obrad. Uczestnicy zwiedzili znaczne obszary południowych Moraw — niezwykle interesującego regionu CSSR. Obrady Seminarium przyniosły nie tylko bogaty plon w postaci referatów i dyskusji, ale także przyczyniły się do dalszego rozszerzenia działalności Komitetu, którego nazwa na wniosek większości uczestników została przekształcona i obecnie w języku polskim brzmi: Komitet Ekologicznego Rozwoju Krajobrazu Kulturowego Committee on the Eco-Development of Cultural Landscapes — CECL-IUCN).

W wyniku obrad Komisji i Komitetu opracowane zostały zalecenia dotyczące racjonalnego wykorzystania krajobrazów wiejskich, które będą opublikowane przez IUCN i przekazane zainteresowanym stronom.

Janusz Wiltowski

MISCELLANEA

KILKA PYTAŃ I WĄTPLIWOŚCI ODNOŚNIE DO KONCEPCJI „BIOPLAZMY"

„Szalone i genialne pomysły
różnią się tylko tym, że
praktyka pierwsze z nich
obala, a drugie potwierdza".
d'Arsonval
(w „Le secret de la vie")
o elektromagnetycznej teorii życia

Koncepcja „bioplazmy", pomyślana jako „kropka nad i" w dotychczasowej bioelektronice, znajduje się aktualnie na etapie spekulacyjnym i nie przeszła jeszcze przez krzyżowy ogień praktycznej weryfikacji.

Sam pomysł plazmy fizycznej w obrębie tkanek żywych nie jest bynajmniej absurdalny, wątpliwy jest tylko i wymaga namacalnych dowodów udział (i to jeszcze decydujący!) owej bioplazmy w procesach fizjologicznych. Toteż teoria „bioplazmy" powinna pilnie odpowiedzieć (tzn. dostarczyć eksperymentalnych dowodów) na dwie kardynalne grupy pytań:

1) co świadczy, że w tkankach żywych rzeczywiście występuje plazma fizyczna, w jakiej postaci, jakie struktury biologiczne są jej nośnikami, jaka jest jej zawartość ilościowa, czy jej stężenie jest wystarczające dla technicznego funkcjonowania?

2) co wskazuje na istotną rolę plazmy fizycznej w mechanizmie podstawowych zjawisk fizjologicznych takich jak np. pobudliwość, przewodzenie bodźców, metabolizm, aktywne ruchy, morfogeneza, dziedziczność itp., że podarujemy już sobie procesy psychiczne?

Sądząc z publikacji szkoły prof. Sedlaka oraz z referatów na niedawnym sympozjum w „Paxie", dotychczas zgromadzono nieco materiału dowodowego jedynie dla odpowiedzi na pytanie nr 1. Ale i tutaj wyłania się pewna obiekcja w postaci tzw. „kryterium plazmowości", które stwierdza, że nie każdy ośrodek zjonizowany jest zaraz plazmą, lecz tylko taki, gdzie cząstki zjonizowane mają duży stopień niezależności czy swobody wobec siebie, tzn. gdy ich ruchliwość i energia kinetyczna (K) przeważa nad siłami względnie energią elektyrcznego oddziaływania (V). Ujmuje to wzór: $\frac{V}{K} < 1$ (w praktyce $\leqslant 5$).

W związku z tym od razu odpadają jako kandydaci na plazmę np. elektrolity krwi i tkanek (pomimo dużego zjonizowania) i zapewne również wolne rodniki, jony organiczne (pomimo pokaźnej koncentracji rzędu $5.10^{16}\,g^{-1}$). Pozostawałyby białka i kwasy nukleinowe jako półprzewodniki organiczne, będące uznanymi nośnikami plazmy fizycznej, ale tu powstaje wątpliwość, czy będą one wystarczająco sprawne w sensie elektroniki technicznej?

Z techniki wiadomo, że np. w półprzewodnikowych triodach aparatów tranzystorowych koncentracja wolnych elektronów i dziur jest rzędu $n = 10^{17} - 10^{20} \cdot cm^{-3}$. Natomiast wg danych Pigonia w półprzewodnikach organicznych koncentracja zdelokalizowanych elektronów nie przekracza $n = 10^{5} - 10^{7} \cdot cm^{-3}$ (czyli jest aż o kilkanaście rzędów wielkości słabsza), a do tego ruchliwość nośników prądu jest w tym wypadku o 5—7 rzędów wielkości mniejsza niż w półprzewodnikach nieorganicznych.

To nam tłumaczy, dlaczego np. kawałek kości ludzkiej nie może zastąpić triody germanowej dajmy na to w tranzystorowym radiu. Czy wobec tego możemy się spodziewać, że w warunkach ustroju żywego półprzewodniki białkowe będą funkcjonowały wystarczająco wydolnie?

A co się tyczy w ogóle stanu plazmowego, to powinny występować w nim takie formy zakłóceń względnie przekazywania energii jak plazmony, fonony, fale helikonowe, efekt Halla itp. Czy w cytoplazmie komórkowej były obserwowane kiedykolwiek podobne zjawiska?

Co się tyczy pytania nr 2, to tutaj domniemana rola fizjologiczna „bioplazmy" przyjmowana jest właściwie hipotetycznie ewentualnie na zasadzie dowodów pośrednich i analogii. Dla przykładu rozpatrzmy kilka takich spostrzeżeń, zaczerpniętych głównie z prac węgierskiego ośrodka bioelektroniki prof. Ernesta oraz z publikacji krajowych:

1. Półprzewodnikowy efekt Gunna w receptorach zmysłowych. Podrażnienie dowolnego receptora prądem stałym wywołuje w nerwie czuciowym serię (salwę) impulsów elektrycznych, t.zn. prąd zmienny. Analogiczny objaw, znany od dawna w technice półprzewodnikowej, nosi nazwę „efektu Gunna". To sugeruje półprzewodnikową strukturę receptorów i naturalnie udział plazmy w ich funkcjonowaniu (Ernest).

2. Efekt fotodynamiczny w przewodnictwie nerwowym. Nerwy obwodowe, potraktowane fotouczulaczem eozyną, a drażnione w ciemności, produkują impulsy czynnościowe normalnej intensywności i częstotliwości. Natomiast na świetle impulsy stają się ok. 3 × intensywniejsze i częstsze. Wskazywałoby to, że fotodynamicznie uruchomione elektrony zasilają bezpośrednio prądy czynnościowe w nerwie, co sugeruje, że i sam proces przewodnictwa ma naturę elektroniczną. A to znowu podpowiada nam obecność plazmy fizycznej w nerwach (Lakatos).

3. Oddziaływanie pól elektromagnetycznych na ustroje żywe en masse z pominięciem narządów zmysłowych. Tradycyjna interpretacja zjawisk np. biomagnetycznych jest niesłychanie zawiła i dotychczas nie uzgodniona. Natomiast w oparciu o teorię „bioplazmy" sprawa od razu się upraszcza: właśnie plazma jest bardzo wrażliwa na wpływy elektromagnetyczne (Manczarski).

4. Nadmiar lub niedobór elektronów a stan organizmu. Według ustaleń prof. Srebro wszystkie stany patologiczne u ludzi charakteryzują się bądź „względnym nadmiarem elektronów (ree)", bądź „względnym niedoborem elektronów (red)" w metabolizmie. To stwierdzenie w wyraźny sposób konweniuje z założeniami „bioplazmatologii".

A więc pomimo licznych zastrzeżeń istnieją też pewne momenty przemawiające na korzyść teorii, chociaż nie mają one waloru dowodów bezpośrednich. Wydaje się zatem, że koncepcja „bioplazmy" zasługuje na szczegółowsze przedyskutowanie i weryfikację, ponieważ stwarza pewne nowe możliwości interpretacyjne zjawisk życiowych. Zbycie tej sprawy milczeniem byłoby ze szkodą dla nauki, zwłaszcza że mamy tu rzadki przypadek wyraźnego priorytetu wobec zagranicy.

Walenty Moskwa

СОДЕРЖАНИЕ

Зофия Келян-Яворовска — Происхождение сумчатых и плацентарных млекопитающих 253

Мария Неринг — Проблемы таксономии конодонтов а также взгляды о их систематическом местоположении и жизненных функциях 269

Барбара Вахович, Матей Вахович — Источники белка не сельскохозяйственного происхождения. Их питательность и возможности использования 281

Станислав Ракуса-Сущевски — Ресурсы антарктических тюльени и возможности их добычи . . . . . .

Божидар Шабуневич — Молекулярная биология процесса интеграции бактериофага Ламбда 291

ДИССКУСИЯ И КРИТИКА

Мариян Кухарски — О некоторых проявлениях псевдонауки в биофизике 307

CONTENTS

Zofia Kielan-Jaworowska — Origin of marsupial and placental mammals . . 253

Maria Nehring — The problems of Conodont taxonomy and some views on their zoological relationships and the life functions 269

Barbara Wachowicz, Maciej Wachowicz — Non-agricultural protein sources, their nourishing value and the possibility of utilization 281

Stanisław Rakusa-Suszczewski — Seal's resources and possibilities of their exploitation 291

Bożydar Szabuniewicz — Molecular biology of the integration of the bacteriophage Lambda 299

DISCUSSION AND CRITIQUE

Marian Kucharski — Some pseudoscientific symptoms in biophysics . . . 307

SPIS TREŚCI

Zofia Kielan-Jaworowska — Pochodzenie torbaczy i ssaków łożyskowych . . 253
Maria Nehring — Konodonty, problemy taksonomii oraz niektóre poglądy na ich stanowisko systematyczne i funkcje życiowe 269
Barbara Wachowicz, Maciej Wachowicz — Pozarolnicze źródła białka, ich wartość żywieniowa i możliwości wykorzystania 281
Stanisław Rakusa-Suszczewski — Zasoby i możliwości połowów fok Antarktyki 291
Bożydar Szabuniewicz — Molekularna biologia integracji bakteriofaga Lambda 299

DYSKUSJA I KRYTYKA

Marian Kucharski — O niektórych przejawach pseudonauki w biofizyce . . 307

RECENZJE

Alicja Guttowa — Neil A. Croll, Pasożytnictwo i inne związki 313
Krzysztof Łastowski — Jan Strzałko, Maciej Henneberg, Janusz Piontek, Wstęp do ekologii populacyjnej człowieka 314
Napoleon Wolański — J. Pařizikova, Otyłość — sprawność fizyczna — zdrowie 318
Napoleon Wolański — W. G. Włastowski, Akceleracja rozwoju 320

KRONIKA NAUKOWA

Wacław Gajewski — Geny zachodzące czy tylko wyjątek? *Alina Rzeczkowska*: Wstępne rezultaty badań biologicznych ze stacji Viking I; *Wiktor J. Pajor* — Nowy białkowy akcelerator wzrostu tkanki glejowej; *Wiktor J. Pajor* — Funkcja cAMP i cGMP w komórkach mięśniowych; *Wiktor J. Pajor* — Biologiczne aspekty badań nad mechanizmem zmętnienia soczewki oka u zwierząt; *Helena Warkowska* — Przejścia fazowe w ewoluującej populacji; *Amelia Zakrzewska* — Rzut oka na lektyny; *Elżbieta Wyroba* — Czy starzenie się komórek i transformacja nowotworowa są wynikiem interakcji DNA z błonami biologicznymi? 323

PRACE ZAKŁADÓW I INSTYTUTÓW NAUKOWYCH

Andrzej Prejs — 25 lat Instytutu Ekologii PAN (1952—1977) 335
Andrzej Elżanowski — Posiedzenie plenarne Komitetu Biologii Ewolucyjnej i Teoretycznej PAN 336

ZEBRANIA, ZJAZDY I KONFERENCJE NAUKOWE

Katarzyna Niewiadomska, Bożena Grabda-Kazubska, Barbara Machnicka — Sympozjum „Genetyczne problemy w parazytologii" 339

Leszek Kordylewski — Sympozjum „Czynnościowa specjalizacja włókien mięśniowych" 343
Krzysztof Bieniarz, Piotr Epler, Mirosława Sokołowska — Druga konferencja okrągłego stołu poświęcona rozrodowi ryb 344
Wojciech Czechowski — Sprawozdanie z konferencji naukowo-technicznej „Warunki rozwoju drzew i ich fauny w Warszawie" 348
Janusz Wiltowski — Międzynarodowe Seminarium Komitetu Planowania Krajobrazu IUCN 350

MISCELLANEA

Kilka pytań i wątpliwości odnośnie do koncepcji „Bioplazmy" 353