

MARCIN RZĄDECZKA

Problem technologicznego zapośredniczenia rozwoju nauki a powstanie bioinformatyki

ABSTRACT. The codependency of science and technology. The case of bioinformatics. The bioinformatics revolution is probably the third major revolution in the life sciences, the other two being the Darwinian revolution and the Mendelian revolution. However, contrary to these two early revolutions, the bioinformatics revolution was only possible due to the underlying technological breakthrough. Many philosophical papers ignore or at best diminish the significance of the mutual relations between the scientific revolutions and the technological development, which is often downgraded and regarded as the secondary to the conceptual changes. It can be roughly stated that the more science is dependent on the technology the more important became technical devices for the successful development of a scientific theory. Undoubtedly, the bioinformatics is a scientific discipline, which has been strongly influenced by the technology, and, without any exaggeration, can be described as an example of science that would not be possible without the technological background. The presented paper argues against the position known as the technological parallelism, i.e. the belief that not only conceptual revolutions are the main causes of technological breakthroughs but also technological breakthroughs are, by themselves, unable to initiate a paradigm shift and a resulting scientific revolution. The history of science provides more support for the thesis that the early computers shaped the paradigm of computational biology and created the whole gamut of problems to be analyzed by the nascent field of bioinformatics.

KEY WORDS: bioinformatics, bioinformatics revolution, technological parallelism, the codependency of science and technology

1. Paralelizm technologiczny

Uznawanie postępu technologicznego za fundament rozwoju naukowego jest dla współczesnego człowieka tezą do tego stopnia bezrefleksyjnie uznaną za oczywistą, że aż banalną i niewymagającą choćby odrobiny namysłu nad głębszą naturą tej relacji. Najłatwiej dającymi się dostrzec reperkusjami nadmiernego uproszczenia tezy o technologicznym zapośredniczeniu rozwoju nauki są często popularne próby ujmowania historii nauki na dwa niekorespondujące ze sobą sposoby – jako historii wielkich naukowych idei bądź jako historii wielkich wynalazków, często wymieszane ze sobą w rozmaitych proporcjach, lecz tworzące ostatecznie mieszaninę zdecydowanie niejednorodną. Taki właśnie nadmiernie uproszczony sposób patrzenia na historię nauki jest wodą na młyn poglądu określanego niekiedy mianem paralelizmu (technologicznego), a więc przekonania, że technologia jest z natury owocem rozwoju naukowego, lecz jej relacja z tworzącymi ją dyscyplinami naukowymi rzadko ma charakter zwrotny, a jej dalszy rozwój przebiega mniej lub bardziej równoległe względem wiedzy naukowej, która wcieliła ją w życie.

Pogląd ten można więc uznawać za kolejny przypis do Platona, gdyż w zgodzie z jego koncepcją stopni wiedzy przejście od nauki teoretycznej do nauki stosowanej i od tej do wiedzy technologicznej wiąże się z przejściem od wyższego do niższego poziomu ogólności i tym samym wyklucza jakąkolwiek zwrotność. Ideał pojmowania nauk przyrodniczych *per analogiam* do systemów dedukcyjnych ma niewątpliwie swoją własną długą i rozgałęzioną historię, która rozpoczyna się wraz z Parmenidesem, uwiadacznia się między innymi u Platona, Kartezjusza czy Spinozy, a znajduje swoje dwudziestowieczne apogeum w nomologiczno-dedukcyjnym modelu wnioskowania naukowego Hempela-Oppenheima i trwa często niedostrzeżona lub nieuświadomiona wśród fundamentów współczesnej kultury intelektualnej, w tym również w zasobniku idei filozofii nauki.

Ideał ten znajduje też swoje odzwierciedlenie w koncepcji paralelizmu technologicznego i skutkuje całym wachlarzem wartych dogłębnego namysłu i ożywionej dyskusji tez, z których jedna w szczególności będzie tematem niniejszego artykułu. Wyraża ona przekonanie, że technologie nie wpływają na rozwój naukowy w sferze przewrotów konceptualnych, a już

z pewnością nie mogą być zarzewiem rewolucji naukowych. Mówiąc inaczej, paralelizm zakłada, że nowe technologie „biernie czekają”, aż któryś z naukowców wykorzysta je do rozwiązania problemu, który teoretycznie został już opracowany, lecz jego dotychczasowe empiryczne rozstrzygnięcie nie było możliwe ze względu na brak stosownej aparatury. Historia informatyki i biologii dostarcza jednak co najmniej jednego kontrprzykładu tej tezy, pokazując, że stosunek nauki do technologii może się okazać dużo bardziej złożony, niż nakazywałyby zakładać sielankowy pejzaż malowany przez paralelistów.

W opozycji do założeń paralelizmu powstanie bioinformatyki było inspirowanym technologicznie wydarzeniem, które można poważnie rozpatrywać jako potencjalnego kandydata do miana rewolucji naukowej. Istotą owej rewolucji były narodziny biologii obliczeniowej i tak zwanego paradygmatu komputacyjnego, który zupełnie zmienił sposób konceptualizacji danych sekwencyjnych w naukach biologicznych. Za niesłuszną należy też uznać tezę głoszącą, że historia technologii komputerowych i historia biologii obliczeniowej są od siebie względnie niezależne. Tezę tę wyraża się często w postaci przekonania, że na pewnym etapie rozwoju historycznego komputery po prostu uzyskały moc obliczeniową pozwalającą na ich zastosowanie do modelowania procesów biologicznych i/lub przetwarzania i opracowywania informacji o procesach biologicznych. Tymczasem historia bioinformatyki sugeruje raczej, że to możliwości wczesnych komputerów wyznaczyły paradygmat biologii obliczeniowej, a w konsekwencji również zakres problemów, które mogły stać się przedmiotem rodzącej się bioinformatyki [por. Stevens, 2013]¹.

2. Pierwsze zastosowania komputerów – fizyka wysokich energii i wojskowość

Śledząc historię komputerów pod kątem zastosowań, do których były wykorzystywane, nie sposób oprzeć się wrażeniu, że profil rozwoju tech-

¹ Cytowana praca zawiera rozbudowaną argumentacją antyparalelistyczną.

nologii komputerowych w latach 40. i 50. XX wieku wyznaczała głównie wojskowość, do której szybko dołączyła fizyka wysokich energii. Jednymi z pierwszych obliczeń wielkoskalowych, do których wykorzystano komputer, były obliczenia termojądrowe, do których w 1946 roku zaprzężony został ENIAC (Electronic Numerical Integrator and Computer). Oficjalnym sponsorem ENIACa było wprawdzie Laboratorium Badań Balistycznych (Ballistic Research Laboratory), a jego pierwotnym przeznaczeniem miało być wykonywanie obliczeń na potrzeby tablic balistycznych, lecz na skutek zaangażowania badaczy z Los Alamos jednym z pierwszych testowych problemów były obliczenia wykorzystane na użytek badań nad bombą wodorową [Goldstine, 1972, s. 214].

Innym istotnym zastosowaniem było modelowanie procesów i koordynowanie eksperymentów fizycznych, w tym na przykład wykorzystanie komputerów do zbierania danych z detektorów w komorach pęcherzykowych. Komory pęcherzykowe są urządzeniami przeznaczonymi do obserwacji cząstek elementarnych, które, przechodząc przez wypełniający komorę gaz w stanie ciekłym, pozostawiają za sobą charakterystyczny ślad złożony z pęcherzyków pary. Ze względu na znaczną ilość zdarzeń wymagających obserwacji i ich krótki czas zachodzenia surowe dane z komór pęcherzykowych wymagają złożonej obróbki przed ich prezentacją w postaci rozpoznawalnej dla człowieka. Wynalezienie komory pęcherzykowej zostało uznane za odkrycie na tyle istotne, że Donald A. Glaser uhonorowany został za nie Nagrodą Nobla w 1962 roku – jedną z niewielu przyznanych za budowę nowych instrumentów badawczych, a nie nową propozycję teoretyczną. Podkreślić przy tym warto, że po otrzymaniu nagrody Glaser przeniósł swoje zainteresowania na biologię molekularną i dalej pracował twórczo nad automatyzacją badań naukowych (np. hodowli kultur bakteryjnych na pożywce z agaru) [Glaser, Vettel, 2006].

Sukcesem zakończyło się również wykorzystanie komputerów do eliminacji szumów tła w stosowanych od 1962 roku komorach iskrowych, gdzie promieniowanie jonizujące pozostawia pomiędzy płytkami komory ślad w postaci tak zwanej ścieżki jonizacji, która widoczna jest jedynie przez ułamek sekundy, co czyni ją możliwą do wychwycenia jedynie przez układy elektroniczne. Nie mniejszą rolę odgrywało też zarządzanie danymi

z użyciem struktur pozwalających na ich łatwe przechowywanie i wyszukiwanie. Za przykład posłużyć może tu chociażby sukces UNIVAC (**UNIV**ersal **Aut**omatic **C**omputer), którego wersja z 1956 roku, sprzedawana pod nazwą UNIVAC 1103A (znana również jako Univac Scientific), dysponowała pamięcią 12 288 36-bitowych słów, co czyniło ją niezwykle przydatnym narzędziem do przechowywania i wyszukiwania danych wykorzystywanych na przykład w obliczeniach inżynierskich [Ceruzzi, 2000, s. 198].

3. Walter Goad – fizyk, który zainspirował biologię obliczeniową

Biologia obliczeniowa i w konsekwencji bioinformatyka² nie były dziełem wyłącznie biologów. To fizycy, stosowane przez nich metody analizy numerycznej i wykorzystywane głównie w fizyce komputery dały początek rodzącej się dyscyplinie, wyznaczając przy tym w dużej mierze jej obszar badań i metody, jakimi miała się posługiwać.

Jednym z pierwszych badaczy, którzy z powodzeniem przenieśli niektóre stosowane w fizyce koncepcje i metody do nauk biologicznych, był niewątpliwie Walter Goad (1925–2000). W 1951 roku Goad przybył do Los Alamos National Laboratory. Tam jego badania koncentrowały się na przepływie neutronów w uranie znajdującym się w stanie nadkrytycznym. Początkowo Goad nie miał dostępu do komputera, ale już od 1952 roku w Los Alamos funkcjonował MANIAC (**M**athematical **A**nalyzer, **N**umerator, **I**ntegrator, and **C**omputer), a od marca 1953 także IBM 701 [Metropolis, Nelson, 1982, s. 348–357]. Ze względu na konieczność pracy z dużą ilością danych wykorzystywał komputery do obliczeń związanych z zasto-

² Kwestia roboczej nawet definicji bioinformatyki jest przedmiotem wielu sporów. Na potrzeby niniejszego artykułu przywołać można dwie najszerzej uznawane: 1) bioinformatykę można zdefiniować jako dyscyplinę zajmującą się wielkoskalową organizacją informacji przechowywanej przez makromolekuły będące przedmiotem badań biologii [Luscombe et al., 2001]; 2) według Bioinformatics.org bioinformatyką jest natomiast każde użycie komputera w celu opisu cząsteczek wchodzących w skład żywych organizmów.

sowaniem metod numerycznych i statystycznych, a także przechowywania wyników obliczeń. Nowatorstwo jego podejścia przejawiało się między innymi w potraktowaniu przepływu neutronów w bombie wodorowej jak przepływu cieczy, który opisywać można z powodzeniem za pomocą metod statystycznych, dzięki czemu mógł uniknąć konieczności rozwiązywania równania ruchu dla każdego neutronu. Zastosował w tym celu metodę Monte Carlo, którą kilka lat wcześniej rozwinął pracujący w Los Alamos polski matematyk Stanisław Ulam [Metropolis, 1987, s. 125–130].

Od końca 1952 roku Goad udoskonalał opracowane przez siebie metody, pracując nad modelowaniem rozchodzenia się promieniowania kosmicznego w atmosferze. Prawdziwy przełom w jego zainteresowaniach naukowych nastąpił jednak dopiero wraz z początkiem lat 60., kiedy to zaczęła zajmować go złożoność procesów zachodzących w układach biologicznych. W czasie wizyty w University of Colorado Medical Center podjął intensywną i owocną współpracę z fizykiem chemicznym Johnem Cannem, który badał w tym okresie procesy transportowe w układach biologicznych. Początkowo wykorzystywali w tym celu elektroforezę żelową – technikę analityczną polegającą na rozdzielaniu umieszczonego na podłożu żelowym materiału biologicznego na jednolite frakcje poprzez wymuszenie ruchu cząsteczek w polu elektrycznym. Prędkość wędrówki w ośrodku żelowym zależy od wielu czynników, lecz do najistotniejszych zaliczyć można ładunek elektryczny, wielkość cząsteczki i jej kształt. Później Goad i Cann zaczęli stosować do rozdzielania frakcji ultracentryfugę – rodzaj wysokoobrotowej wirówki, która dzięki wykorzystaniu siły odśrodkowej pozwalała oddzielić frakcje gęstsze (wędrujące ku brzegom) od frakcji rzadszych (wędrujące ku osi obrotu). Pomocniczo korzystali również z chromatografii, która pozwalała rozdzielać mieszaniny zawierające materiał biologiczny z użyciem fazy rozdzielczej, tj. materiału wykazującego selektywne własności sorpcyjne. Wszystkie trzy rodzaje użytych technik analitycznych pozwalały na skuteczne wykorzystanie komputerów do opracowywania wyników badań. W użyciu były wtedy głównie IBM-704 i IBM-7094. Nieocenioną pomocą okazały się dla Goada poprzednie doświadczenia z badań nad uranem w stanie nadkrytycznym i rozchodzeniem się promieniowania kosmicznego, gdyż szybko zauważył podobień-

stwo procesów transportu biologicznego do znanych mu już procesów fizycznych. Dla matematycznego ujęcia problemu nie miało większego znaczenia to, czy analizowany był przepływ neutronów w masie nadkrytycznej, czy przepływ makromolekuł w zawiesinie żelowej. Obydwa rodzaje procesów można było z powodzeniem modelować, wykorzystując metody statystyczne, w tym dobrze już wtedy opracowaną metodę Monte Carlo. Znane mu z fizyki metody wykorzystywał Goad do badania tak różnych zjawisk, jak trawienie polinukleotydów, oddziaływanie białek z kwasami nukleinowymi, a nawet rozprzestrzenianie się chorób zakaźnych [Stevens, 2013, s. 23].

Na początku lat 70. biologia obliczeniowa była niezwykle ezoteryczną dyscypliną, której znaczenie rozumiało wtedy bardzo niewielu naukowców, spośród których sami biolodzy stanowili margines. W 1974 roku został wydział w Los Alamos Wydział Biologii Teoretycznej i Biofizyki (T-10), stanowiący samodzielną grupę badawczą skupioną wokół analizy różnorodnych problemów z pogranicza biologii i fizyki, do których należały na przykład modele immunologiczne, transport błonowy czy badanie uszkodzeń wywoływanych w DNA przez promieniowanie jonizujące. Już na początku swojej działalności badacze z T-10 skoncentrowali swoje wysiłki na badaniu sekwencji nukleotydów³ [Goad, 1989, s. 288–293].

Sekwencje były wdzięcznym tematem badań z kilku względów. Po pierwsze, dostrzeżono, że badanie sekwencji jest w pewnym sensie kluczem pozwalającym zrozumieć cegiełki składające się na informację biologiczną. Ich badanie miało znaczenie nie tylko dla biologii ewolucyjnej, która wykorzystywała je do konstrukcji drzew filogenetycznych reprezentujących genetyczną odległość dzielącą różne grupy organizmów, lecz również dla genetyki medycznej, immunobiologii i medycyny sądowej. Takie ujęcie problemu przemawiało też w pewnym sensie do poczucia prostoty fizyków, którzy traktowali je jak problem fundamentalnego poziomu opisu, porównywalny w pewnym sensie do poszukiwania cząstek

³ Należy nadmienić, że, wcześniej niż W. Goad, M. Dayhoff wskazała na komputer jako narzędzie badawcze w biologii i wykorzystywała go do badania sekwencji aminokwasów [Dayhoff, 1965].

elementarnych w fizyce wysokich energii. Po drugie, kod genetyczny wydawał się strukturą w pełni matematyzowalną, którą można było reprezentować na przykład za pomocą pojęcia przestrzeni metrycznej, tj. w postaci metrycznej przestrzeni sekwencji nukleotydów. Fizycy widzieli tu znaczne możliwości wykorzystania dobrze znanych im już metod statystycznych. Wreszcie po trzecie, duża ilość danych związana z opracowywaniem sekwencji wymagała obróbki numerycznej z użyciem komputerów, do których w tym czasie dostęp mieli głównie fizycy i wojskowi [Stevens, 2013, s. 25].

Pod opieką Goada grupa młodych fizyków pracowała z pełną świadomością innowacyjności prowadzonych badań zarówno nad oprzyrządowaniem, jak i nad oprogramowaniem do porównywania sekwencji, analiza których miała dać początek nowej rewolucji naukowej – rewolucji bioinformatycznej. W 1982 roku opublikowany w *Los Alamos News Bulletin* ogłosił, że metody statystyczne (w tym Monte Carlo) okazały się niezwykle przydatne w analizie sekwencji nukleotydów. Rzec można nawet, że wkład Los Alamos do rozwoju biologii obliczeniowej jest w pewnym sensie pokłosiem prowadzonych tam prac militarnych, których wyniki zostały wykorzystane do szeregu zastosowań cywilnych. Z danych zgromadzonych w trakcie analizy sekwencji powstały najpierw Los Alamos Sequence Database, a wkrótce potem GenBank – pierwszy w historii zbiór publicznie dostępnych sekwencji DNA.

4. James Ostell – zoolog, biolog molekularny i pionier badań bioinformatycznych

Na początku lat 80. komputery pozostawały dla biologów wciąż bardziej nowinką technologiczną niż ważnym narzędziem pracy. Dostępne były już wprawdzie analizatory sekwencji, takie jak na przykład MOLGEN, lecz liczba ich użytkowników nie przekraczała kilkudziesięciu osób. O wykorzystaniu komputerów w biologii niewiele wiedział też James Ostell, gdy w 1979 roku zaczynał pracę nad rozprawą doktorską na Wydziale Biologii Molekularnej i Rozwojowej Uniwersytetu Harvarda. Mimo że Ostell był

z pierwszego wykształcenia zoologiem specjalizującym się w entomologii, fascynowały go bardzo nowe możliwości otwierające się przed biologią molekularną za sprawą rozwoju technik sekwencjonowania i klonowania DNA [Ostell, 2007]. Z wielkim zapałem zsekwencjonował białka wchodzące w skład skorupki jaja kurzego, lecz jego entuzjazm wkrótce osłabł ze względu na brak pomysłów na wykorzystanie uzyskanych sekwencji w praktyce. Zasugerowano mu wtedy, by skorzystać z uczelnianych komputerów i dokonać próbnej analizy pozyskanych danych. Ostell wziął w tym celu udział w kursie komputerowym, na którym nauczył się między innymi podstaw programowania w języku FORTRAN. Mógł w tym czasie korzystać z komputerów wyposażonych w 8-bitowy procesor Intela, 48 kilobajtów pamięci RAM, 8-calowy napęd dyskietek i system operacyjny CP/M (Control Program for Microcomputers), a także miał dostęp do terminalu pozwalającego na połączenie z rozwijanym przez Stanford analizatorem MOLGEN [Ceruzzi, 2002, s. 238–239].

MOLGEN oferował wprawdzie znaczne możliwości, lecz Ostell szybko uznał go za niesatysfakcjonujący dla swoich celów i ograniczony wyłącznym przeznaczeniem dla komputerów typu mainframe. Antypatię wzbudzały też w nim nieintuicyjne instrukcje, którymi posługiwać się musiał użytkownik, a także nieprzyjemne dla początkujących komunikaty. Powyższe braki zmotywowały Ostella do własnoręcznego napisania w języku FORTRAN nowego analizatora sekwencji, który mógł zostać uruchomiony na komputerze typu desktop. Ponadto za ważny cel obrał sobie przygotowanie przejrzystych komunikatów, które nie będą zawierały ezoterycznych skrótowców, lecz szczegółowo instruować będą o kolejnych krokach analizy.

Przygotowane oprogramowanie było tak dobrze zaprojektowane, że wkrótce zaczęło cieszyć się ogromną popularnością w całym kampusie uniwersyteckim. Kiedy w 1982 roku Ostell poinformował świat naukowy o swoim programie w *Nucleic Acid Research* i zaoferował darmowe kopie każdemu zainteresowanemu, otrzymał setki zapytań z prośbą o udostępnienie. Niestety, jego program nie został uznany przez komisję doktorską za istotny wkład do rozwoju nauk biologicznych, co uniemożliwiało Ostellowi uzyskanie stopnia doktorskiego. Aby obronić się przed zarzutem braku wartości naukowej, Ostell poszukał w Harvard BioLabs współpracow-

ników, którzy pomogli mu znaleźć zastosowania jego programu. Wysiłki te zakończyły się pierwszym poważnym sukcesem w postaci udanego zastosowania jego oprogramowania do wyszukiwania regionów kodujących i granic eksonów u muszki owocowej (*Drosophila melanogaster*) i bobu (*Vicia faba*), jak również w obszarze biologii rozwojowej do analizy niepodatnych na mutacje obszarów kodu genetycznego [Wong et al., 1985, s. 124–135].

Oba zastosowania miały niebagatelne znaczenie. Regiony o bardzo niskim wskaźniku mutacji w stosunku do swoich sąsiadów mogły sugerować tak zwane homologie – kod struktur wspólnych wielu grupom taksonomicznym, które pojawiają się we wczesnej fazie rozwoju i stanowią swoistą platformę dla wykształcania się innych cech. Mutacja w takim obszarze bardzo rzadko jest zatem korzystna. Zastosowanie komputerów wyznaczyło tu więc nowe pole badawcze, pozwalające na bliższą współpracę biologów rozwojowych z genetykami i biologami molekularnymi. Kolejną innowacją było potraktowanie wyszukiwania sekwencji jak problemu statystycznego [Stevens, 2013, s. 30]. Wyłapywanie sekwencji kodujących było w pewnym sensie zadaniem polegającym na znalezieniu sensownego komunikatu wśród dużej ilości szumu, gdyż regiony niekodujące uważane były wtedy za tak zwane śmieciowe DNA (*junk DNA*). Ostell po długich staraniach zdołał w końcu przekonać komisję, która w 1987 roku zgodziła się na przyjęcie rozprawy. Rok później wszedł też w skład National Center for Biotechnology Information (NCBI) i rozpoczął dalsze działania poświęcone zbliżaniu biologii i informatyki.

5. Podsumowanie

Dwa wspomniane wyżej przykłady z historii bioinformatyki jasno pokazują, jak blisko związane ze sobą są historia technologii i historia idei naukowych. Nawet najbardziej zagorzałemu paraleliście trudno byłoby bowiem twierdzić, że bioinformatyka istniała w sferze conceptualnej już wcześniej, a wykorzystanie komputerów dostarczyło tylko możliwości wprowadzenia teorii w życie. Powstanie analizatorów sekwencji i banków

informacji biologicznej wskazało raczej nowe drogi konceptualnego rozwoju biologii, a ich wykorzystanie nazwać można przy pewnych dodatkowych założeniach rewolucją naukową *per se*.

Rewolucja ta wprowadziła przede wszystkim nowy poziom analizy. Obok makroskopowego i molekularnego pojawił się poziom danych biologicznych, które nie należały do żadnego z tych porządków. Twierdzić wprawdzie można, że sekwencjonowanie DNA odbywa się na poziomie molekularnym, lecz dodać należy, że są to tylko surowe dane, którym sens może nadać dopiero analiza sekwencyjna. Badanie informacji biologicznej stało się w ten sposób, obok badania struktur istot żywych, równouprawnionym przedmiotem zainteresowania biologów. Ten nowy poziom analizy umożliwił także dostrzeżenie nowych powiązań pomiędzy początkowo odległymi subdyscyplinami nauk biologicznych i wyznaczył obszary problemowe, których dostrzeżenie trudno byłoby sobie wyobrazić bez udziału komputerów.

Wszystko to składa się na drobny przyczynek do nieco innego obrazu dynamiki rozwoju nauki – gdzie technologia nie jest elementem pomijalnym, lecz integralnym składnikiem współtworzącym transformacje i modyfikacje idei.

Bibliografia

- Ceruzzi P., (2000), "Nothing new since von Neumann", [w:] *The First Computers: History and Architectures*, eds. R. Rojas, U. Hashagen, London, Cambridge, MIT, s. 195–217.
- Ceruzzi P., (2002), *A History of Modern Computing*, Cambridge, MIT.
- Dayhoff M., (1965), "Computer aids to protein sequence determination", *Journal of Theoretical Biology*, 8(1), s. 97–112.
- Glaser D., Vettel E., (2006), *Donald Glaser: The Bubble Chamber, Bioengineering, Business Consulting, and Neurobiology – an oral history conducted in 2003–2004*, Berkeley, University of California.
- Goad W., (1989), "Sequence analysis: contributions by Ulam to molecular genetics", [w:] *From Cardinals to Chaos: Reflections on the Life and Legacy of Stanislaw Ulam*, ed. N. Grant Cooper et al, Cambridge, Cambridge University Press, s. 288–293.

- Goldstine H., (1972), *The Computer: from Pascal to von Neumann*, Princeton, Princeton University Press.
- Luscombe N.M., Greenbaum D., Gerstein M., (2001), “What is bioinformatics? A proposed definition and overview of the field”, *Methods of Information in Medicine*, 40, s. 346–358.
- Metropolis N., (1987), “The beginnings of the Monte Carlo Method”, *Los Alamos Science*, No. 15, s. 125–130.
- Metropolis N., Nelson E., (1982), “Early computing at Los Alamos”, *Journal IEEE Annals of the History of Computing*, 4 (4), s. 348–357.
- Ostell J., (2007), *A Hobby Becomes a Life*, <http://evol.mcmaster.ca/~brian/biomath/role.Ostell.html> [dostęp: 3.12.2017].
- Stevens H., (2013), *Life Out of Sequence. A Data Driven History of Bioinformatics*, Chicago, The University of Chicago Press.
- Wong Y. et al., (1985), “Coding and potential regulatory sequences of a cluster of chorion genes in *Drosophila melanogaster*”, *Chromosoma*, 92 (2), s. 124–135.

Marcin Rządeczka
Instytut Filozofii
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
pl. Marii Curie-Skłodowskiej 4
20-031 Lublin
e-mail: marcin.rzadeczka@poczta.umcs.lublin.pl