

**Co nového v přírodních vědách****Darwinismus včera a dnes**

MILAN BEZDĚK

Někteří fyzikové hloubající o podstatě věci věří, že je v základech světa jednotící princip, který bude odhalen a popsán „teorií všeho“. Většina badatelů zkoumajících živou přírodu je spolu s klasiky Theodosiem Dobzhanskim, Ernstem Meyrem a Johnem Meynardem Smithem přesvědčena, že jednotící princip v tomto případě již odhalili Charles Darwin a Alfred Russel Wallace a popsali jej svou teorií evoluce. Dobzhanského často citovaný výrok „*nothing in biology makes sense except in the light of evolution*“ hovoří za vše.

Darwin a Wallace vyšli z *faktu* evoluce a objevili její *přirozený mechanismus*. Vysvětlují různost živých forem jako důsledek *přírodního výběru* (selektce) z variability jedinců v populaci druhu. Evolučně významná variabilita je dána „drobnými, náhodnými změnami v základu dědičnosti“.

Podle Darwinovy teorie *všechny živé formy divergují z jednoho společného zdroje (prapředka), a jsou tedy v generickém vztahu; pro darwinistu je evoluce historií živých forem; není pokrokem a nesměruje k předem danému cíli*.

*Ale existuje evoluce fakticky?* Odpověď na tuto otázku dlouho nebyla samozřejmá, neboť donedávna existovaly jen nepřímé důkazy evoluce, opírající se o srovnávání morfologických znaků žijících i vymřelých tvorů a o datování na základě geologické stratigrafie. Až výzkumy na poli molekulární biologie přinesly přesvědčivou odpověď.

Dnes víme, že existuje mezidruhovú příbuznost funkčně si odpovídajících bílkovin. Čtenář to sám může posoudit například srovnáním pěti sekvencí z molekuly enzymu<sup>1</sup> fosfoglycerat kinasy (PGK):

- (1) **ILDIGDASAQELAEILKNAKTILWNGP**
- (2) **GLDIGPDSVKTFNDALDTTQTIIWNGP**
- (3) **GLDVGPKTRELFAAPIARAKLIVWNGP**
- (4) **GLDCGTESSKKYAEAVARAKQIVWNGP**
- (5) **GLDCGPESKKYAEAVTRAKQIVWNGP**

Každá sekvence obsahuje 27 aminokyselin<sup>2</sup> (písmena označují některou z 20 přírodních aminokyselin); jejich zdrojem byly molekuly PGK, izolované

1 Enzym je proteinový katalyzátor biochemických reakcí.

2 Aminokyseliny jsou základními stavebními kameny bílkovin. Existuje 20 přirozených aminokyselin. Jejich lineární sled v proteinu je určen lineárním sledem kodonů v genech. 61 kodonů odpovídá 20 aminokyselin (3 kodony z 64 možných mají jiný vý-

z buněk (1) bakterie *Escherichia coli*, (2) pšenice, (3) mouchy octomilky (*Drosophila melanogaster*), (4) koně, (5) člověka.

Kdyby mělo všech pět sekvencí s vyznačenými polohovými i kvalitativními shodami vzniknout nezávisle, pak by pravděpodobnost takové události odpovídala zlomku  $4,295 \times 10^{-41}$ . Ta událost v časovém intervalu, vymezeném existencí Země ( $4,5\text{--}4,6 \times 10^9$  let), by asi vůbec nemohla nastat. Vznik podobností (konzervativních homologií) však vysvětluje hypotéza, že všechny molekuly PGK (a logicky i jejich nositelé) mají společného předka a vzájemně se liší jen díky postupnému hromadění mutačních změn. Na základě četnosti těchto mutací můžeme dokonce definovat uzlové body evolučního větvení jednotlivých variant PGK a spočítat časy jejich divergence (tudíž i evoluční vzdálenosti jejich nositelů).

Počítačové databáze dnes poskytují obrovský srovnávací materiál bílkovinných sekvencí i sekvencí nukleových kyselin. Všechny srovnávací studie těchto sekvencí jsou naprosto konzistentní, potvrzují fakt evoluce. Definitivní, nevyvrátitelný důkaz nakonec přineslo poznání, že genetický kód<sup>3</sup> a jeho interpretace v buňkách jsou všem známým bytostem společné. V souladu s tím bezjaderné bakterie „porozumějí“ genetickým zprávám ze vzdálených mnohobuněčných eukaryot a naopak například vhodným „náhradním dílem“ z genomu<sup>4</sup> myši lze reparovat defekt ve vývoji oka mouchy octomilky. Metody genových manipulací denně přináší mnoho podobných příkladů.

Od roku 1859, kdy Darwin publikoval svůj *Původ druhů*, došlo ve vědách o živé přírodě k mnohým významným událostem a *darwinismus za sto padesát let prodělal svůj vlastní vývoj* v souladu s hromadícími se poznatky paleontologie, srovnávací anatomie, embryologie a zejména genetiky. Na počátku 20. století byla znovuobjevena mendelovská genetika, jež byla během tří následujících desetiletí obohacena genetikou populační. Zatímco ta první se soustřeďovala na vztahy mezi jednotlivými geny<sup>5</sup>, druhá se zabývá zkoumáním frekvenčních a kombinačních změn v množinách genů (alel)<sup>6</sup>. Darwinova

znam). K překladu z „jazyka nukleových kyselin“ (genů) do „jazyka proteinů“, tj. k mechanismu proteosyntézy, slouží tzv. transkripčně-translační aparát, zahrnující soubor enzymů, různé typy RNA a RNA-proteinové komplexy (ribozomy).

- 3 *Genetický kód* je lineární posloupností nepřekrývajících se kodonů. Kodony jsou trojice tvořené kombinací ze čtyř prvků (bázi nukleových kyselin), A, T (nebo U), G, C; existuje tedy 4<sup>3</sup> (tj. 64) kodonů z nich jen 61 specifikuje některou z 20 přirozených aminokyselin. Kód je tedy degenerovaný (svým způsobem redundantní), neboť k téže aminokyselině se může vztahovat několik různých kodonů. Degenerativita kódu je produktem molekulární evoluce; je evolučně konzervativní, snižuje pravděpodobnost poškození bílkovin v důsledku mutací genů.
- 4 *Genom* je úplným souborem genů v daném organismu. Jaderný genom je rozčleněn do jednotlivých chromozomů; buněčné organely mohou mít své vlastní genomy.
- 5 *Gen* lze ztotožnit se segmentem DNA (výjimečně RNA v případě některých virů), je základní strukturně-sémantickou jednotkou genetické informace.
- 6 *Alela* je mutantní varianta genu; množina alel je množinou různých mutantních forem téhož genu; spolu s množinami alel jiných genů tvoří základ genetické variability populací.

teorie integrující klasickou mendelovskou genetiku a genetiku populací je nazývána „novou syntézou“ – „neodarwinismem“.

Neodarwinismus interpretuje evoluci jako selektivní, graduální změnu relativních frekvencí alel, nacházejících se ve společném genetickém prostoru. (Lze konstatovat, že na této poměrně srozumitelné vývojové etapě ustrnula většina dnešních laických kritiků darwinismu; za všechny uveďme alespoň amerického profesora právní vědy P. J. Johnsona a jeho dílo *Darwin on Trial*, 1993; v českém překladu *Spor o Darwina*, Praha 1996.)

Ve druhé polovině 20. století se zrodila molekulární biologie a molekulární genetika a neodarwinismus se brzy dostal do problémů s fakty, hromadícími se z těchto nových oborů.

Připomeňme si pětici fundamentálních objevů z mimořádně plodného období 50. až 70. let:

- byla objevena dvoušroubovicová struktura DNA<sup>7</sup> (J. Watson a F. Crick),
- byl objeven mechanismus zdvojování genetické informace (M. Meselson a F. Stahl; J. H. Taylor),
- bylo objeveno, že informace pro syntézu proteinů se z genů přepisuje do RNA<sup>8</sup> (mRNA; F. Jacob a J. Monod), která slouží jako „pracovní kopie DNA“ pro syntézu proteinů,
- byl dešifrován genetický kód (M. W. Nirenberg, H. G. Khorana, S. Ochoa),
- F. Crick postuloval hypotézu (dnes známou jako „centrální dogma molekulární biologie“), že tok informace v biologických systémech je jednosměrný a uskutečňuje se od DNA (a RNA) k proteinům. Toto „centrální dogma“ můžeme též chápat jako molekulární zdůvodnění nemožnosti lamarckistického mechanismu evoluce, tj. evoluce skrze dědičnost vlastností cíleně získaných během individuálního života.

Od 19. století se formovala embryologie jako experimentální věda. Výjimečnou osobností tohoto období byl K. von Baer, který na základě srovnávací anatomie embryí obratlovců objevil základní vývojové archetypy a usoudil, že jsou z nich v každé evoluční linii, ale v různých vývojových fázích odvozeny druhově specifické struktury (1828). Tento geniální závěr již předznamenal dnešní představy o vztahu mezi ontogenezí a fylogenezí.

Evoluční a vývojová biologie však dlouho existovaly jako dvě oddělené vědní disciplíny. Ani idea statického genu – základní princip klasické mendelovské genetiky –, ani modely populačních genetiků nebyly totiž použitelné pro vysvětlení embryonálního vývoje a molekulární podstaty evolučních změn. Napřed *bylo nutno vstřebat řadu „heretických“ poznatků a vyčkat jejich nových interpretací.*

7 DNA, deoxyribonukleová kyselina, je informační složkou genomů, hlavní nositelkou genetické informace.

8 RNA, v období vzniku života jediná nositelka genetické informace, dnes slouží v různých variantách především jako nástroj proteosyntézy.

Pozorováním původně okrajového jevu, totiž změn zbarvení a tvaru kukuřičných zrn s dědičností vymykající se zákonům mendelovské genetiky došlo k převratným změnám v názorech na mechanismy dědičnosti. Nepravidelnosti v dědičnosti barevných změn byly B. McClintockovou vysvětleny jako důsledek mobility genů; takto byly identifikovány *autonomní mobilní genetické elementy*, pohyblivé sekvence, schopné narušovat integritu genů a měnit jejich funkce. Analogicky byly vysvětleny i nestabilní mutace u bakterie *Escherichia coli*, jejichž projevy se neslučovaly s jednoduchou genetickou interpretací (P. Starlinger a H. Saedler).

Výsledky výzkumů B. McClintockové byly však v rozporu s klasickou představou o neměnné struktuře genů a neměnné posloupnosti genů v genomu. Nálezy nestandardních genetických jevů se dále hromadily: mobilitou DNA sekvencí bylo vysvětleno šíření mnohočetné rezistence k antibiotikům mezi bakteriemi, bylo vysvětleno střídání antigenní proměnlivosti salmonel a trypanozom i střídání pohlaví u kvasinek a – na stejném principu – i vznik rozmanitosti protilátek. S mobilitou sekvencí DNA se nejčastěji setkáváme tam, kde jsou nezbytné rychlé odpovědi k náhlým změnám prostředí. B. McClintocková v r. 1983 ve své nobelovské přednášce uzavírá:

*Genomy a geny jsou strukturně nestabilní a tato nestabilita je jejich inherentní, přirozenou vlastností.*

Objevitelské drama dále pokračovalo. Novými cytologickými metodami byl zjištěn hrubý nesoulad mezi obsahem DNA v buňkách (v genomech) a biologickou komplexitou<sup>9</sup> organismů, známý dnes jako „*paradox hodnoty C*“. Evolučně pokročilé organismy totiž často obsahují méně jaderné DNA než organismy složené z několika málo typů buněk. Dokonce i v rámci téže taxonomické skupiny může existovat velký rozptyl v obsahu jaderné DNA. Objevily se šokující otázky: Proč by se měly organismy na stejné evoluční úrovni lišit velikostí genomů? Proč by měly mít buňky vodních řas v genomu o několik řádů více DNA než *Homo sapiens*?

9 *Komplexita vs. složitost: „neredukovatelná komplexita“*. Je účelné rozlišovat složitost a komplexitu. Kritéria poskytuje termodynamika – složité mohou být lineární procesy; složité jsou objekty, které lze rozložit a opět poskládat ve funkční celek (hodinky, automobil, virus). Komplexní jsou hierarchická uspořádání, jejichž existence souvisí s nelineárními procesy v otevřených systémech (plamen svíce, živá buňka, organismus); v těchto existenčních podmínkách komplexita znamená nerozložitelnost (celostnost). Neredukovatelná komplexita (M. Behe) je vágní pojem; není zřejmé, zda zahrnuje složitost či komplexitu. Mnohé biologické objekty nacházející se v izolovaných podmínkách lze redukovat na složky a znovu poskládat ve funkční celky, jsou tedy složité (ribozom, translační či transkripční komplex, chromatin). Biologická komplexita je zase redukovatelná na časovou posloupnost evolučních kroků v procesu kumulativní selekce (vznik genetického kódu a proteosyntetického aparátu, vznik enzymové kaskády srážlivosti krve, motorického aparátu mikroorganismů; vznik oka a oční čočky; další příklady najdeme v základních učebnicích vývojové biologie nebo v monografii A.S. Wilkinse: *The Evolution of Developmental Pathways*, 2002).

V téže době R. J. Britten a D. E. Kohne objevili nové typy sekvencí DNA, opakujících se v genomech v desítkách až stotisících kopií. Tato *frakce DNA, nekódující složení proteinů*, byla nazvána *repetitivní DNA*. Repetitivní DNA, v genomech mnohonásobně převážující tradiční geny, vysvětluje paradox hodnoty C (vězme, že v lidském genomu nejvýš 2% DNA obsahuje informaci pro syntézu proteinů!).

Repetitivní sekvence DNA a mobilní genetické elementy B. McClintockové jsou příčinou *dynamiky genomů* (tj. strukturní nestability genomů). *Objev dynamiky genomů nás zcela vzdálil od paradigmatu klasické genetiky s její koncepcí statických genomů, s geny poskládanými jako korálky na nitce.*

Analýzu této situace a vědeckou kritiku „nové syntézy“ předložil americký genetik R. C. Lewontin (*The Genetic Basis of Evolutionary Change*, 1974). Ukázal, že gradualistický model evoluce a klasická i populační genetiky nemohou hodnověrně vysvětlit vzrůst biologické complexity a vznik nových druhů, pokud nebudou asimilovány nové poznatky.

Nyní se nacházíme ve fázi takové „tvůrčí asimilace“; například vznik *princiálních evolučních inovací*<sup>10</sup> („makroevoluce“) spojujeme nikoli jen s graduální akumulací drobných mutací, ale právě s genomovou nestabilitou: spontánním zmnožováním sekvencí a přeskupováním genomových a genových modulů<sup>11</sup> (S. Ohno, *Evolution by Gene Duplikation*, 1970; česky *Evoluce genovou duplikací*, 1975).

Vybavení novými poznatky z oboru molekulární biologie a genetiky můžeme překročit k řešení problému *evoluce biologické complexity*. Spontánní vzrůst complexity organismů byl pro neodarwinistu nepřekonatelným problémem, navíc byl v rozporu s principy klasické (rovnovážné) termodynamiky. Dnes jej vysvětlujeme *kumulativní selekcí*. Je to necílený výběrový mechanismus, který v každém selekčním kroku využívá „součástky“ (komplexy, genetické moduly) úspěšné v předchozích evolučních etapách. Tento evoluční „tvůrčí“ proces slavný molekulární genetik F. Jacob vtipně charakterizoval jako „flikování“ (F. Jacob: *Evolution and Tinkering*, 1977).

„Malé“ darwinovské mutační změny, tak jak je uvažovali neodarwinisté, nejsou však z mechanismu evoluce vyloučeny: předpokládáme, že se podílejí

10 *Principiální evoluční inovace; makroevoluce; mikroevoluce.* Principiální inovace a makroevoluce přinášejí zásadní změny ontogenetických (vývojových) programů s emergencí nových biologických forem. Mikroevoluce zahrnuje vznik variant a nepodstatných modifikací ontogenetických programů – vede k morfoloogickým a etologickým odlišnostem, v extrémních případech i ke speciaci (vzniku nových druhů). Mikroevoluce je hlavním zdrojem biodiverzity.

11 *Moduly genomové, genové, proteinové.* Genomy, chromozomy, chromozomové domény, geny i proteiny se v důsledku způsobu svého vzniku v prebiotických podmínkách a počátečních života skládají z omezeného počtu strukturních jednotek různých délek, modulů. Genetické moduly jsou předlohou pro rekombinační výměny a genomovou dynamiku. (Symetrii genomů podle změny měřítka rozlišení a četnosti subjednotek lze formalizovat fraktální geometrií.)

především na neprinciálních genetických změnách vedoucích k rozrůžňování živých forem (na „mikroevoluci“) a vzniku biodiverzity<sup>12</sup>.

Pokusme se následujícím schématem zobrazit evoluci skrze dynamiku genomů, mutace a kumulativní selekci:

$$(1) O^1[G^1(g_1, g_2, g_3)] \rightarrow (2) O^2[G^2(g_1, g_2, g_2, g_3, g_2)]$$

$$(3) O^1[G^1(g_1, g_2, g_3)] + O^2[G^2(g_1, g_2, g_2, g_3, g_2)]$$

$$(4) O^1[G^1(g_1, g_2, g_3)] + O^2[G^2(g_1, g_2, g_2, g_3, g_2)] \rightarrow O^3[G^3(g_1, g_2^*, g_2, g_3, g_2)]$$

$$(5) O^1[G^1(g_1, g_2, g_3)] + O^3[G^3(g_1, g_2^*, g_2, g_3, g_2)]$$

$$(6) O^3[G^3(g_1, g_2^*, g_2, g_3, g_2)] \rightarrow O^4[G^4(g_1, g_2^*, g_2, g_3, g_3, g_2)]$$

$$(7) O^4[G^4(g_1, g_2^*, g_2, g_3, g_3, g_2)] \rightarrow O^5[G^5(g_1, g_2^*, g_2, g_3, g_3/g_2^2)]$$

Ve fázi:

(1), (2), došlo k makromutacím<sup>13</sup> – ke dvěma duplikacím genu  $g_2$  a translokaci jedné jeho kopie.

(3) Oba genotypy<sup>14</sup>,  $G^1$ ,  $G^2$ , nesené organismy,  $O^1$ ,  $O^2$ , prošly „hrdlem láhve“ selekce.

(4) Došlo k (mikro)mutaci v jedné kopii genu  $g_2$ , vznikl  $O^3$ .

(5) Ve změněných podmínkách byly úspěšné jen  $O^1[G^1]$ ,  $O^3[G^3]$ .

(6) Došlo k duplikaci  $g_3$ ; vzniká  $O^4[G^4]$ .

(7) Došlo k fúzi intragenových modulů genů  $g_2$ ,  $g_3$ , za vzniku hybridního genu  $g_3/g_2$  a organismu  $O^5[G^5]$ . V aktuálních selekčních podmínkách přežívá jen  $O^4[G^4]$  a  $O^5[G^5]$ .

(V průběhu fází (1) – (7) docházelo ke změnám selekčních podmínek.) Další osud této evoluční trajektorie, (8) ... (n), nelze předpovědět.

12 *Biodiverzita*, rozmanitost života, je souborem všech biologických forem (druhů, variet, ras, atd.) vyskytujících se současně (na Zemi nebo na určitém teritoriu) v tomtéž časovém období.

13 *Makromutace, mikromutace*. Makromutace jsou rozsáhlé genové nebo genomové změny (inzerce, delece, duplikace, amplifikace, translokace, inverze) v důsledku rekombinací sekvencí (modulů). Mikromutace lze ztotožnit s tzv. bodovými mutacemi (změnami v rozsahu jedné nebo několika málo bází) v důsledku chyb replikace DNA.

14 *Genotyp* je úhrnná genetická informace obsažená v genomu.

Tímto schématem lze například zobrazit evoluci globinových genů. Východiskem byl globinový pragen, jehož duplikacemi a modifikacemi vznikly před 500 miliony let dvě homologní evoluční větve: jedna vedoucí k myoglobinu (svalovému přenašeči kyslíku), druhá k prahemoglobinu obsaženému v červených krvinkách. Hemoglobinová větev se po ~150 milionech let opět rozdvíjela na dvě trajektorie, směřující k hemoglobinovým genům typu  $\alpha$  a  $\beta$ . Tímto mechanismem, po sledu dalších duplikací a mutací, vznikly v genomu člověka klastry hemoglobinových genů, lokalizované na dvou různých chromozomech. Díky této molekulární evoluci jsme schopni reagovat na rozdílné potřeby kyslíku embrya, novorozence a dospělého.

V 60. letech byla u bakterií objevena nová kategorie genů – geny regulační a geny jim podřízené skrze regulační proteiny. Byly objeveny *genetické regulační mechanismy* (F. Jacob, J. Monod, 1961). V téže době C. H. Waddington postuloval model „epigeneze“ (rozuměj ontogeneze), založený na hierarchické kaskádě genetických regulací. Jeho „epigenetický“ (rozuměj regulační) model se stal základem pro interpretaci mechanismů vývojových procesů. Dnes víme, že genetické regulace mohou postihnout rychlost dělení buněk (růst orgánu), načasování (chronologii) morfologických změn v průběhu embryonálního vývoje i polohu (topografii) buněk v embryu. Není obtížné si představit, že dědičnou modifikací těchto regulací lze dojít k různým cílům.

Tvořily se počátky vývojové molekulární genetiky a současně se otevírala cesta k „námluvám“ mezi vývojovou a evoluční biologii – ve své době neuskutečnitelný sen K. von Baera.

Klasický model statického genomu, jen vzácně pozměňovaného náhodnými mutacemi, nahradily dva nové základní principy, pilíře dnešní, „postneodarwinistické“ evoluční teorie:

- *Genomy nejsou pasivními akumulátory genetických změn, ale samy aktivně participují na své evoluci skrze (regulačně) ovlivnitelnou dynamiku sekvencí.*
- *Organickou evoluci lze interpretovat jako důsledek přírodního výběru z dědičných modifikací (variant) ontogenetických programů.*

Uvažme nyní časový sled událostí v evoluci života vzhledem k počátku naší Země. Stáří Země odhadujeme na  $4,5\text{--}4,6 \times 10^9$  let. První nepřímé důkazy života (fotosyntézy) datujeme zpátky o  $3,8 \times 10^9$  let. Prokazatelné fosilie bakterií pocházejí z období –  $3,5 \times 10^9$  let. Následující 2,5 miliardy let byly epochou jednobuněčných bezjaderných mikroorganismů (prokaryot). Tak dlouhého období bylo zapotřebí, aby – asi po mnohých pokusech – postupně došlo k úspěšné kooperaci několika typů prokaryot za vzniku eukaryotických buněk. Dalších 500 milionů let zaujímá evoluce mnohobuněčných organismů s jednoduchým, nečlenitým tělem.

*K revoluční změně došlo před 550 miliony let, v krátkém intervalu ~20 milionů let. Toto období nazýváme kambrickou evoluční explozí.*

Jsmo schopní rekonstruovat, co se v té době událo: Koncem prekambria a počátkem kambria vznikly zcela nové typy regulačních genů, tzv. homeotické geny<sup>15</sup>. Revoluční změnou byl přechod od jednoduchých plochých útvarů k morfologiím s bohatým prostorovým členěním a orientací. Dnes víme, že homeotické geny a jim podřízené regulační kaskády hrají rozhodující úlohu při vývoji členitého těla živočichů, nervové soustavy, oka, pohlavních orgánů rostlin a participují v řadě dalších morfogenetických programů.

Molekulární evoluci soustavy homeotických genů lze vysvětlit duplikacemi a modifikacemi jedné ancestrální sekvence, tedy mechanismem, kterým jsme vysvětlili evoluci globinových genů. Tak z homeotického lokusu v genomu dávného společného předka s 6 geny vznikl lokus s 10 homeotickými geny drozofily a 38 myších homeotických genů, rozdělených ve skupiny na 4 různých chromozomech.

Zmíněná ancestrální sekvence byla sama výsledkem amplifikací a modifikací jednoho pragenu, produkujícího protein s vazebnou afinitou k DNA. Jeho emergence<sup>16</sup> se ukázala být onou inovací, která evoluci otevřela nové prostory. Právě interakce proteinů s DNA jsou podstatou genetických regulačních funkcí. Odraz této původní, vysoce úspěšné sekvence zůstal zachován v genomech bakteriálních virů, bakterií a kvasinek.

Tato kambrická epizoda genetického „flikování“ (F. Jacob) rozhodla o osudu živých forem na Zemi. V té době vznikly archetypální formy živočišných těl, od členovců po předchůdce strunatců; odtud jedna náhodná evoluční větvička, přes všechna kataklyzmata vymírání, dospěla až k nám. Dodnes se zachovalo 35-37 základních vzorů pro konstrukci všech současných živočišných forem.

Kumulativní selekce je tedy mimořádně účinný nástroj; evoluci potencuje, ale současně vymezuje její možnosti. Timto mechanismem jsme s to vysvětlit nejen evoluční homologie, tedy vznik struktur odvozených ze společného předchůdce, ale i analogie, kdy orgány odlišného původu slouží stejnému účelu (viz například křídlo mouchy a letový orgán netopýra). Nelze sice predikovat cíl evoluce, ale můžeme spekulovat o jejich trendech. Pokud jde o růst strukturní komplexity, nepochybně pro ni existují limity. Omezení jsou dána nejen dostupností genetických modulů a jejich vzájemnou kompatibilitou, ale

---

15 *Homeotické geny, homeobox, homeodoména v ancestrální sekvenci.* Homeotické geny (HG), odpovídající za ontogenetické proměny, tvoří v genomech živočichů klastry, produkující tzv. transkripční faktory (TF), regulátory transkripce genů; homeobox je modul tvořený sekvencí bázi DNA, který se překládá do molekuly transkripčního faktoru jako homeodoména. Homeobox může být modifikován mutacemi a kombinován s jinými moduly; v důsledku těchto rekombinací mohou vznikat rodiny TF s různou specifitou vazby k DNA. Rostlinné genomy rovněž obsahují HG, v tomto případě však zpravidla uspořádané jinak než v klastrech.

16 *Emergence* značí neočekávané vytvoření, objevení se nějakého jevu nebo objektu (v souvislosti s evolucí lze pojmu emergence porozumět podle analogie s jevy deterministického chaosu).



zejména narůstající pravděpodobnosti vnitřních konfliktů v hierarchických biologických systémech.

Rozlišujeme tedy *fakt evoluce a mechanismy evoluce*. Oba tyto aspekty jsou oblíbeným terčem laické kritiky. Podrobnější rozbor těchto kritik by zaujal větší prostor, než máme k dispozici. Lze však obecně zmínit některé základní kritické platformy:

- kritika neuznávající fakt evoluce,
- kritika uznávající fakt evoluce, neuznávající existenci jejího přirozeného mechanismu,
- vědecká kritika uznávající fakt i přirozený mechanismus evoluce,
- pseudovědecká kritika uznávající fakt i přirozený mechanismus evoluce, založená na nepochopení základních principů.

Z biblických axiomat (Genesis) vycházejí „kreacionisté“, popírající samotný fakt evoluce. Dlouhodobým vlivem v tomto směru působil Darwinův charismatický předchůdce C. Linné.

Jedním z axiomů kreacionistů je údaj o stáří Země, který odvodili z údajů v knize Genesis o stáří patriarchů; obecně přijatou konstantou je v tomto případě  $6 \times 10^3$  let. Jestliže přijmeme tento údaj jako fakt, další úvahy o evoluci jsou zbytečné – nedostává se totiž času k rozrůznění živých forem. Lze takto dokázat, že vyhynulí vejeještěři a člověk byli ve své historii současníky. Existují však i měkčí formy kreacionismu, připouštějící možnost změn po aktu (aktech) stvoření. Hlavním argumentem je, že Noemova archa nemohla pojmout zástupce všech živých bytostí. Žádná z dnešních forem kreacionismu však není původní; všechny již byly vyjádřeny v 18. století. Kreacionismus je testovatelnou hypotézou, její platnost může být ověřována objektivními vědeckými metodami.

Stojí za zmínku, že dnešní, méně charismatičtí, zato bojovnější následovníci Linného nacházejí ohlas ve vlivných politických kruzích; jejich konečným cílem je podřízení vědeckého výzkumu náboženským autoritám (k svéráznému „obohacení“ debat o evoluci nedávno přispěla i konference s účastí představitelů naší politické scény).

Pro řadu myslitelů přijímajících samotný fakt evoluce je problémem představa o přirozené emergenci genetické informace. Tak francouzský filozof Tresmontant soudí, že „v žádném okamžiku svých dějin vesmír nedokáže vysvětlit vznik nové informace, jež v něm vyvolává k životu nové bytosti...“ (C. Tresmontant: *Dějiny vesmíru a smysl stvoření*, 1993).

Jiní, kteří nepochopili podstatu mechanismu kumulativní selekce, používají kvazivědeckou argumentaci založenou na nesprávném použití pravděpodobnostních kalkulací a dokazují nemožnost vzniku komplexních systémů náhodnou kombinací prvků a náhodným hromaděním chyb.

Mezinárodním folklorem se stala hypotéza nahrazující evoluční mechanismy odvíjením hypotetického inteligentního designu, *ID*. Původ této myšlenky můžeme vystopovat u sv. Augustina a Tomáše Akvinského. Podrobného roz-

pracování se jí dostalo v 18. století Bonnetem, Treviranem a především anglickým teologem W. Paleyem (*Argument from Design, Natural Theology*, 1802). Současným populárním představitelům koncepce *ID* se stal americký biochemik M. Behe s argumentem „neredukovatelné komplexity“, *NK* (byť původní reinkarnací konceptu *NK* bychom asi našli u P. J. Johnsona). Vágně definovaný pojem *NK* má být důkazem inteligentního, stvořitelského záměru. (Behe však do svých úvah – kromě podpůrných argumentů – opomenul zahrnout i příklady neinteligentních omylů, které vznik *NK* doprovázejí na což před více než dvěma stoletími narazil Linnéův současník Ch. Buffon. Těžko si lze představit, že součástí *ID* byla i drsná logika potravních řetězců.)

Argumentace M. Behea (*Darwin's Black Box*, 1996) se zakládá na důkazu kruhem: *ID* je příčinou *NK* ↔ *NK* dokazuje *ID*. Hypotézy založené na koncepci *ID* nemohou být ověřeny, a tudíž nepřinášejí žádný objektivní poznatek.

Koncepce *ID* je nelogickou formou kreacionismu. Díky své pseudovědecké formě však umožňuje zneužití ve výukových programech nenáboženských disciplín.

Je z náboženského hlediska neúčelná: implikuje deistické pojetí vztahu Boha ke světu (v praxi se totiž mnohý trpící neobrací k hypotetickému Designéru, ale hledá Prozřetelnost, se kterou chce mít osobní vztah).

Pro církevní věřící, kteří kritizují evoluci z pozice náboženské ideologie, by měly být alespoň podnětné – když ne závazné – závěry komise papežské akademie věd z roku 1982, že „fakt organické evoluce, včetně evoluce primátů a člověka, lze považovat za dokázaný“. Filozof a paleontolog, jezuita P. Teilhard de Chardin vysvětluje i existenci nedokonalosti a zla jako nutný důsledek lokálních neuspokojeností evolučního vesmíru.

Řešení „záhad“ přírody s pomocí nadpřirozena odmítá nejen většina vědců (v čele s R. Dawkinsem), ale i mnozí moderní teologové (P. Tillich, R. Bultmann, D. Bonhoeffer). Spatřují v něm jen nepoctivou snahu hledat Boha v mezerách vědeckého poznání.

Laskavý a trpělivý čtenář, který snad dospěl až sem a toleroval nevyhnutelně podrobnosti, bude asi souhlasit, že pochopení dnešní moderní evoluční teorie v její celistvosti, na rozdíl od neodarwinismu, brání její malá názornost. Viděli jsme, že zahrnuje složité molekulární principy a mechanismy, implementuje poznatky z řady nebiologických disciplín (teorie informace, teorie nelineárních procesů a chaosu). Kooperativita molekul a samoorganizace molekulárních komplexů jsou považovány za hnací sílu pro vznik života v prebiotických podmínkách. Symbiogenezi a mezidruhovým přenosem genetické informace jsou vysvětlitelné diskontinuity ve vzrůstu biologické komplexity, například formování jádra, cytoplasmy a organel eukaryotické buňky z prokaryotických předchůdců.

Pro moderního darwinistu je i emergence genetické informace srozumitelná jako důsledek kumulativní selekce bez dodatečných předpokladů (M. Eigen: *Selforganization of Matter and the Evolution of Biological Molecules*,

1971). Emergence informace i spontánní samoorganizace systémů jsou v souladu s principy termodynamiky otevřených systémů (P. Glandorff, G. Nicolis, I. Prigogine: 1971 - 1977).

Celkem vzato, člověk nevybavený potřebným souborem poznatků a schopnostmi širší syntézy může jen výjimečně nabídnout smysluplný příspěvek k vývoji představ o mechanismech evoluce.

*Nahlédněme nakonec, kde mohou být příčiny odporu k racionálnímu vysvětlení našeho původu.*

Především je to iluze člověka o jeho výlučnosti, spolu se subjektivní představou o smyslu a cíli jeho bytí. Další příčinou je samotná lidská přirozenost. Díky ní se pídíme po podstatě věcí a jevů, ale současně dospíváme k úzkosti z důsledků toho poznání; za poznání jsme bolestně trestáni ztrátou životních jistot (tento lidský úděl popisuje příběh o vyhnání z ráje). Evoluční teorie (ruku v ruce s moderní fyzikou) nemilosrdně odstraňuje srozumitelný model světa Dantovy Božské komedie. Nutí nás k duchovní dospělosti v reálném světě, což není snadné sousto.

Mimořádné osobnosti intuitivně, prozřením, dospěly k etice založené na účtě k životu. Hledáme-li smysl existence v „odlidštěném“ světě vědy, hledejme jej – paradoxně – právě na půdě Darwinovy evoluční teorie; ta sice není světskou náhražkou náboženství, zato může být přirozeným zdrojem a zdůvodněním etiky účty k životu. (Konečně nabízí i kosmickou perspektivu: v ní jsme spojeni se vznikem a dějinami celého vesmíru.)



■ César: Komprese auta, 1962