

veřejný prospěch, vyžadující její udržení minimálně částí jedinců ve společenstvu – protože, pravda, nemůžete hrát Srdce bez pikové dámy.

Novou hypotézu autoři názorně aplikují na jeden z nejhojnějších planktonních druhů otevřeného oceánu, pikosinici rodu *Prochlorococcus*, která má mnohem menší genom, než bychom očekávali. Redukce genomu (Reductive genomic evolution), řízená genetickým driftem, se vyskytuje běžně u endosymbiotických bakterií (viz např. Vesmír 86, 436, 2007/7). U volně žijících organismů je naopak méně běžná, ale vyskytuje se např. právě u rodu *Prochlorococcus*, kde je s největší pravděpodobností řízena spíše přírodním výběrem než genetických driftem. Vědci se zabývali tím, jak *Prochlorococcus* dokázal být tak extrémně úspěšný, když ztratil významné geny, včetně genu pro enzym katalázu, která umožňuje neutralizovat vliv peroxidu vodíku, tedy sloučeninu, která může poškozovat nebo i zabíjet buňky. *Prochlorococcus* spoléhá na jiné mikroorganismy ve svém okolí, že peroxid vodíku z prostředí odstraní, což mu umožňuje přežít svou odpovědnost na nešťastné držitelce karty v okolí. To je příklad, jak může jeden druh profitovat z redukce genů, i když závisí na dalších členech společenstva, kteří mu vypomohou.

Ztráta genů kódujících určité metabolické funkce u volně žijících organismů může vést k závislosti na jiných mikroorganismech ve společenství. Nová teorie redukční evoluce (BQH) vysvětluje, jak selekce k takové závislosti vede. Za předpokladu, že funkce genu je postradatelná, může ztráta genů poskytovat pro organismus selektivní výhodu v hospodaření s limitními zdroji. Mnohé vitální genetické funkce jsou buňkou propustné, stávají se proto neodvratně veřejnými statky, které jsou dostupné pro celé společenstvo. Nejsou-li zcela ztraceny ze společenstva, jsou postradatelné pro jedince. BQH předpovídá, že ztráta nákladné funkce je selektivně upřednostňována na úrovni jedince a bude pokračovat, dokud je produkce veřejných statků dostatečná, aby podporovala rovnováhu ve společenstvu; tehdy by výhoda další ztráty měla vyvážit náklady. Evoluce proto generuje organismy s redukováným genomem, které jsou závislé na „pomocnících“. BQH může vysvětlit pozorovanou neuniverzalitu prototrofie², rezistenci ke stresu a jiné buněčné funkce v mikrobiálním světě. Nabízí rovněž nový pohled na komplikovaná, vzájemně závislá společenstva mikroorganismů, jako jsou např. mikrobiální bifilmly – komplexní přírodní společenstva složená často z mnoha různých skupin bakterií.

K DALŠÍMU ČTENÍ

Morris J. J., Lenski R. E., Zinser E. R.: The Black Queen Hypothesis: Evolution of dependencies through adaptive gene loss. *mBio* 3(2), e00036-12, 2012.

Cesta k postneodarwinismu

Změna paradigmatu v genetice?

EDUARD KEJNOVSKÝ

Doc. RNDr. Eduard Kejnovský, CSc., (*1966) vystudoval Přírodovědeckou fakultu Masarykovy univerzity. V Biofyzikálním ústavu AV ČR, v. v. i., v Brně se zabývá studiem evoluce pohlavních chromozomů a dynamikou genomů. Na Přírodovědecké fakultě Masarykovy univerzity a na Jihočeské univerzitě přednáší evoluční genomiku. Je autorem knížky esejí *Horská rozjímání* (viz Vesmír 92, 585, 2013/10).

Genetika se mění. Pokusme se zamyslet nad tím, jak se měnilo nahlížení na DNA, geny a genomy v posledních desetiletích.¹ Níže popsané poznatky spoluutvářejí nový obraz evolučního myšlení formující se v průběhu druhé poloviny 20. století, označovaný někdy jako postneodarwinismus. Prošli jsme změnou paradigmatu, anebo jde o normální vývoj oboru?

Geny byly dříve považovány za jediné důležité složky genetické informace. Již od dob prvních analýz eukaryotických genomů však víme, že geny často tvoří jen nepatrný podíl genomu – u člověka pouze 1,5 %, počítáme-li jen části překládané do proteinů. Většinu našeho genomu představují repetitivní (opakující se) úseky DNA (Vesmír 88, 556, 2009/9). Ve světle nových poznatků o genomech byl genově-centrický model vystřídán genomově-centrickým, kladoucím důraz na všechny komponenty genomu a vzájemnou provázanost všech buněčných procesů. Ukázalo se, že genom má nejen vnitřně repetitivní charakter, je navíc i velmi dynamický, především

díky transpozonomům, úsekům DNA schopným přemísťovat se z jednoho místa genomu na jiné. Určitým posunem byla i změna v nahlížení na transpozony nejen jako na pouhé genomové parazity, ale jako na evolučně i funkčně důležité, inherentně dynamické komponenty genomu.

V posledních desetiletích se ukazuje, že opakující se úseky DNA představují potenciální místa pro genetickou rekombinaci. Nyní víme, že rekombinační procesy se nomezují pouze na zrání pohlavních buněk a na výměny mezi partnerskými chromozomy (každý chromozom se vždy páruje se svým partnerem, diploidní organismy mají vždy dvě sady chromozomů – jednu od tatínka a druhou od maminky), ale že dochází i k takzvané ektopické rekombinaci, kdy se párují různé části genomu, ležící třeba i na též chromozomu. Výsledkem mohou být všemožné přestavby genomu. Situaci ještě komplikuje další rekombinační proces, označovaný jako genová konverze, při němž dochází ke „konverzi“ jedné alely podle alely

jiné. „Silnější“ alela tak může přetvořit k obrazu svému například celou rodinu genů, jako jsou například mnohakopiové geny kódující ribozomální RNA, což je zcela v rozporu s Mendelovými zákony.

Další představa, která byla nabourána, spočívala v tom, že geny se přenášejí pouze z rodičů na potomky. Stále rostoucí počet příkladů takzvaného horizontálního genového přenosu ale jasně ukazuje, že geny mohou migrovat i mezi různými biologickými druhy, často značně evolučně vzdálenými, a to nejen u bakterií, ale i u eukaryot. Jedním z těchto příkladů je i putování DNA z buněčných organel (původně volně žijících bakterií) do buněčného jádra (Vesmír 86, 179, 2007/3).

Barevnost genetického obrazu buňky, jež se stále bohatěji prokresluje, dotvářejí i nové poznatky týkající se struktury DNA, zejména jejího konformačního polymorfismu (strukturální rozmanitosti). Již první objevy na počátku sedmdesátých let 20. století naznačily, že DNA není pouhou pravidelnou dvoušroubovicí (pravotočivou B-DNA), jak předpokládali její objevitelé J. Watson a F. Crick v padesátých letech, ale že může v závislosti na pořadí nukleotidů a podmínkách vnějšího prostředí zaujímat i další konformace – například pravotočivou A-formu, levotočivou Z-formu či dokonce trojvláknové nebo čtyřvláknové struktury.

Již také víme, že genetická informace není uložena pouze v pořadí nukleotidů DNA. Další vrstva informace – epigenetická informace – je vepsána do chemických modifikací DNA a histonů. Celý rozsáhlý obor – epigenetika – se zabývá mechanismy a úlohou těchto modifikací při fungování živých tvorů i způsobem jejich dědičnosti (viz rovněž téma epigenetika, jemuž se Vesmír věnoval v únorovém čísle: Vesmír 94, 105, 2015/2; 94, 110, 2015/2 a 94, 114, 2015/2 a další články na vesmir.cz).

Dříve byla DNA považována za základní molekulu, z níž všechno vychází. Nyní je obraz mnohem složitější. Jednoduché schéma přenosu genetické informace v buňce vtisknuté do centrálního dogmatu molekulární biologie (tok informace ve směru DNA→RNA→protein) se nejen rozšířilo objevem reverzní transkripce o skutečnost, že genetická informace se může přenášet i z RNA zpět do DNA, ale výrazně se zkomplikovalo odhalením bohatého světa nejrůznějších molekul RNA (včetně velmi malých) tvořících jakousi buněčnou RNA infrastrukturu. Ty nejsou jen genetickým „smetím“, nýbrž plní nejrůznější role na mnoha úrovních realizace genetické informace. Díky nim a jejich interakcím se také rozostřila či spíše rozkošatila dříve jednoduchá definice genu (Vesmír 91, 673, 2012/11).

Posun od genů ke genomům způsobil, že jedním z dominujících oborů současné biologie se stala genomika. Po sekvencích DNA i RNA prahnou nejen genomici, ale i evoluční biologové, ekologové, populační genetici, molekulární archeologové či antropologové a lékaři. V genomice je klíčový vývoj nových

POSTNEODARWINISMUS

Dominantní směr současného evolučního myšlení, kdy neodarwinismus (tedy klasický darwinismus spojený s mendelovskou genetikou a populační genetikou) navíc vstřebal moderní představy, jako je teorie sobeckého genu (R. Dawkins), teorie symbiogeneze (L. Margulisová), teorie přerušovaných rovnováh (N. Eldredge, S. Gould, E. Mayr), nelineární termodynamika (I. Prigogine), a další objevy molekulární genetiky – konformační polymorfismus DNA, nekódující DNA v genomech, transpozice DNA, horizontální genový přenos, různé rekombinační procesy.

metod. Často se objeví nejprve jako novinky v jedné špičkové laboratoři, poté se rozšíří do dalších laboratoří, následně se metoda stane pracovní náplní laborantky, učí se ji studenti v základním kurzu a nakonec se nabízí komerčně jako placená služba. Práci, kterou dříve dělaly velké týmy po dlouhá léta, dnes díky pokroku technologií zvládne laborantka.

Tak jako genomici (experimentátoři) s oblibou vytvářejí genomové knihovny, bioinformatičtí, kteří získaná sekvenční data analyzují, se rádi obklopují databázemi. Rozmach sekvenování, včetně takzvaného sekvenování druhé generace (NGS, next generation sequencing), vedl k raketovému nárůstu objemu dat ve stávajících databázích i k vytvoření databází nových. Objem těchto dat se každého 1,5 roku zdvojnásobuje.² Sekvenční data generovaná velkými genomickými centry jsou velkou výzvou pro bioinformatiky. Jejich úkolem je dávat datům smysl – klást si biologické otázky a hledat na ně odpovědi. Velkou výhodou je, pokud dojde ke spolupráci bioinformatiků s experimentátory, kteří mohou hypotézy nořící se z analýz dat experimentálně testovat. Ping-pong mezi experimentátorem a bioinformatikem může být velmi plodný a představovat dvě nohy, jimiž kráčí vpřed moderní genomika.

Jako poslední budiž ještě zmíněna jedna významná událost – syntetizování genomu bakterie *Mycoplasma mycoides*, do něhož byla zapsána další informace. Tento zčásti nový genom vědci vložili do bakterie *Mycoplasma capricolum*, z níž předtím její původní genom odstranili. Vložili nový software do existujícího hardwaru a hardware byl podle nového softwaru přebudován – proteiny bakterie se změnilly. Je tedy evidentní, že umíme genomy nejen číst, ale začínáme je i psát, což nutí vědce přemýšlet i nad etickými aspekty své práce.

K milníkům na cestě k současné genetice by bylo možné zajisté přidat řadu dalších. Věda bude přímočaře směřovat i tápavě bloudit dál. Lidské poznání se nezastaví – bude se vyvíjet jak v rámci paradigmat, tedy plyne, tak i skokově ve chvílích změn paradigmatu. Člověk je zvědavý tvůrce.

1) Viz rovněž seriál Vladimíra Vondřejse *Co je to gen?* (Vesmír 90, 685, 2011/12; 91, 77, 2012/2; 91, 238, 2012/4; 91, 359, 2012/6; 91, 600, 2012/10; 91, 673, 2012/11; 92, 638, 2013/11 a 93, 403, 2014/7).

2) Že by tu byla nějaká souvislost s Moorovým zákonem, jenž praví, že se výpočetní kapacita procesoru zhruba každých 18 měsíců zdvojnásobí? Vyslovil ho spoluzakladatel firmy Intel Gordon Moore r. 1965 a původně zněl: „Počet tranzistorů, které mohou být umístěny na integrovaný obvod, se při zachování stejné ceny zhruba každých 18 měsíců zdvojnásobí.“

PARADIGMA VE VĚDĚ (WIKIPEDIA)

Podle široce přijímané koncepce Thomase Kuhna je paradigma souhrn základních domněnek, předpokladů, představ dané skupiny vědců. Ke každému paradigmatu patří i metodická pravidla řešení, intuitivní postoje a hodnocení problémů. Proměna vědeckého paradigmatu se děje zvraty – tzv. vědeckými revolucemi. Ke zvratům dochází po určité době tak, že se dosavadní paradigma vyčerpá.