

DIALEKTIKA EVOLÚCIE MAKROMOLEKÚL

JÁN SZANTÓ, Virologický ústav SAV, Bratislava

Jedným z najvýznamnejších úspechov biológie polovice 19. storočia, v ktorom klasici vedeckého socializmu videli potvrdenie svojej filozofie a jeden zo základov jej ďalšieho rozpracovania, bolo vytvorenie teórie evolúcie druhov Darwinom, ktorá sa všeobecne a právom označuje ako darvinizmus. Vo vývoji živej hmoty, ale aj vo všeobecnosti je moment menlivosti neoddeliteľný od momentu stálosti. Na tomto dialektickom chápaní evolúcie živej hmoty je postavená Darwinova teória o vzniku a vývoji druhov. Je známe, že evolučné myšlienky vo všeobecnej podobe vyslovili filozofi a prírodovedci dávno pred Darwinom. Avšak až Darwin postrehol základné protirečenia v živej prírode. Je to dedičnosť a menlivosť. Dedičnosť je zameraná na zachovanie daného stavu organizmu a variabilita na jeho rozkolísanie — zmenu. Všetky dokonalejšie druhy sa vyvinuli z druhov jednoduchších, existujúcich predtým, cestou zmien a negácie predchádzajúcich. Darwin ako prvý vysvetlil mechanizmus vývoja, fylogenézy. Podstatou tohto mechanizmu je prírodný výber jedincov najlepšie prispôsobených pre život. Prírodný výber je podmienený existenciou nadprodukcie, variability a tzv. „boja o život“. Téza „boja o život“ zahŕňa v sebe konkurenčné — súťažiace vzťahy živočíchov medzi sebou a proti okolitému prostrediu. Prírodným výberom Darwin vedecky zdôvodnil relatívnu účelnosť organizmov a odmietol mystický výklad tohto faktu. Marx a Engels hodnotili Darwinovu evolučnú teóriu ako dialektickomaterialistickú, hoci zdôrazňovali, že Darwin nebol uvedomelým dialektikom.

I keď Darwin vedel vysvetliť vznik nových druhov procesom divergencie, t. j. odchýlením sa znakov východiskového druhu, nepoznal ešte podstatu premenlivosti. Táto bola vedecky objasnená skúmaním dedičnosti a poznaním nosiča genetickej informácie, nukleových kyselín. Dokázalo sa, že variabilita je výsledkom rekombinácií a mutácií génov. Rekombinácia znamená interakciu dvoch dedičných základov, genómov, pričom časť jedného genómu sa spojí s časťou druhého genómu toho istého druhu. Mutácie vznikajú v prírode spontánne pri replikácii, syntéze dezoxyríbonukleovej kyseliny (pri niektorých vírusoch aj ribonukleovej kyseliny), ktorá je nosičom genetických informácií. Vyjadrené pojmami a predstavami informačnej teórie, fylogenéza predstavuje otvorený informačný kanál. V skutočnosti počas evolúcie stúpa množstvo informácie. Nakoľko prírastok je adekvátny vonkajším podmienkam, vonkajšia informácia sa musí dostať dnu a stať sa vnútornou informáciou. Kombinácia zosilňovača a selektívneho filtra je zodpovedná za vstup vonkajšej informácie. Podľa Aptera (1) pre živé organizmy sú charakteristickými vlastnosťami samoudržovanie, zladenie dejov a štruktúr za určitým cieľom, spätná väzba, informačná sieť, t. j. vlastností, ktoré sa

nachádzajú v oblasti aplikácie súboru teórií, známych pod spoločným menom „kybernetika“. Rozvoj kybernetiky podmienili predovšetkým potreby techniky, hlavne riešenie problémov, ktoré sa vyskytli pri prenose správ, konštrukcií samočinných počítačov a samočinne riadených rakiet.

Nezávisle od kybernetiky, ba dokonca pred jej vznikom sa vyvinul komplex teórií, ktoré nazývame spoločným menom fyzikálno-chemické. Do oblasti aplikácie fyzikálno-chemických teórií patria aj deje, ktoré nachádzame v živých sústavách: katalyzované chemické reakcie, konformačné zmeny organických molekúl, tvorba nadmolekulárnych komplexov, elektrochemické a fotochemické reakcie, transportné deje a iné. Je oprávnený predpoklad, že sústavy, ktoré nazývame živými, patria súčasne medzi sústavy, na ktoré možno aplikovať kybernetické teórie a medzi sústavy, na ktoré možno aplikovať fyzikálno-chemické teórie. [2, s. 12—20] Uzavreté sústavy môžu vymieňať s okolím energiu, ale nie hmotu, naproti tomu organizmy, aby zachovali svoje životné prejavy, musia s okolím vymieňať nielen energiu, ale aj hmotu a ako celok zotrávajú pritom v nerovnovážnom stave, ktorý ani nesmeruje k rovnováhe.

Schematicky prebieha autoreprodukcia organizmu počas fylogénzy takto. Rodičovský organizmus naprodukuje nadbytok potomstva. Tento nadbytok jedincov v uvedenom modeli predstavuje zosilňovač. Pretože pri prenose informácie existuje určitá úroveň šumu (mutácie), vlastností dcériných organizmov nie sú identickou kópiou rodičovského organizmu. Množina týchto variabilných jedincov sa dostáva do interakcie s prostredím. Prostredie predstavuje selekčný filter. Filter prepustí iba takých jedincov, ktorých vlastností sú v súhlase s vonkajšími podmienkami. Tak sa priemer vlastností jedincov prvej generácie posunie v smere selekčného tlaku prostredia. Z toho vyplýva, že počas fylogénzy selekcia funguje mechanizmom spätnej väzby. Pri tomto mechanizme informácie o rozdieli medzi „očakávaným“ a faktickým stavom sa mení na príčinu stále väčšieho sa približovania sústavy (organizmu) k požadovanému stavu (prežitie).

V každom živom organizme je zapísaná jeho minulosť, začínajúca sa momentom vzniku života na zemi. Tento záznam v zakódovanej forme sa zachováva v obrovských molekulách DNK, ktoré tvoria genóm organizmu alebo celú zásobu jeho genetických informácií. V ohraničenejšej forme genetická informácia sa prejavuje v proteínových molekulách, ktoré určujú formu a funkciu organizmu. Štruktúru molekuly DNK popísal Chargaff [3, s. 737—738], Wilkins [4] a Watson a Crick [5], prácu genetického kódu a syntézu bielkovín Crick [6, s. 138—163], Jacob a Monod [7, s. 318—356] a Nirenberg a spol. [8, s. 549—557] DNK a bielkoviny sú živými dokumentmi evolučnej histórie. Veľmi sa líšia chemickou skladbou, ale súčasne majú jeden veľmi podstatný všeobecný príznak: ich molekuly predstavujú lineárne sekvencie (postupnosti) subjednotiek líšiacich sa medzi sebou len málo, tak ako rôz-

nofarebné gulôčky v náhrdelníku. Každá „guľka“ je upevnená na určité, presné miesto. Následkom mutácií môže nastať zmena farby „guľky“, zámena, vymiznutie alebo pribudnutie zbytočnej „guľky“. Molekuly bielkovín majú určitú priestorovú konfiguráciu, čo im dovoľuje vykonávať špecifické funkcie. Vo vírusoch, ktoré nesú informáciu pre vlastnú syntézu, sa nachádza až niekoľko sto génov. V podstate gén pozostáva z niekoľkých stoviek kódujúcich „písmen“. Pokiaľ ide o chemickú štruktúru peptidových reťazcov, v ktorých je stelesnená informácia zakódovaná v príslušných génoch, tá sa dá skúmať. Základný reťazec proteínovej molekuly, t. j. sekvencia aminokyselinových molekúl spojených peptidovými väzbami, nazýva sa polypeptidom. Peptidová väzba vzniká pri spojení dvoch molekúl aminokyselín s vylúčením jednej molekuly vody.

Len čo sa vypracovali metódy na určenie postupnosti aminokyselín bielkovín, biochemici začali skúmať druhové rozdiely v sekvenciách aminokyselín. Hoci pôvodným cieľom bolo zistiť aminokyselinové zvyšky potrebné pre proteínovú funkciu, rýchlo sa zistilo, že komparatívne výskumy bielkovín, súbežne s rovnakým výskumom nukleových kyselín umožnili nazrieť do evolúcie na úrovni génov. Hlavné porovnanie sekvencií a časové rozpätie evolučnej divergencie druhov umožnilo urobiť odhad rýchlosti, pri ktorej sa hromadili mutácie v génoch. Hoci bolo veľa diskusie okolo rýchlostnej konštanty zmeny sekvencií a faktoroch ju podmieňujúcich, výsledky pozorovaní indikujú, že variácie rýchlosti v rámci danej triedy bielkovín sú približne dvojnásobne väčšie, ako by sa dalo očakávať podľa jednoduchého Poissonovho procesu, ako je tomu pri rádioaktívnom rozpade. Existencia konštatnej rýchlosti zmeny sekvencie aminokyselín v molekule bielkoviny viedla k zavedeniu pojmu „evolučných hodín“. Empirické zistenie, že gény a bielkoviny sa správajú ako evolučné hodiny, sa ukázalo užitočným na poli paleontológie, antropológie a systematickej biológie. Keďže evolúcia sekvencií je hlavne divergentná, je relatívne jednoduché rekonštruovať fylogenetické stromy za sekvenčných údajov. Evolučné stromy znázorňujú približné poradie rozvetvení príbuzných vetví vedúcich k súčasným druhom zo spoločného predka. Fylogenetická analýza sekvenčných údajov najviac prispela k pochopeniu evolučných vzťahov medzi organizmami a organelami. (9, s. 573—639)

Aj keď väčšina biochemikov, ktorí skúmajú makromolekulárnu evolúciu, súhlasí s tým, že evolúcia sekvencií aminokyselín závisí od uplynulého času, je už menší súhlas s tým, či hodiny sú poháňané rokmi alebo generáciami. Wilson a spol. (9, s. 573—639) použil údaje, ktoré mali k dispozícii z dvanástich polypeptidov a porovnali počet sekvenčných zmien, ktoré sa nahromadili v príbuzných vetvách dvadsiatich-šiestich druhových párov organizmov s dlhou alebo krátkou generačnou dĺžkou od odchýlky z ich spoločného predka. Výsledky autorov svedčia o tom, že aspoň u cicavcov sú dôležitejšie roky ako generácie pre evo-

lúciu sekvencií aminokyselín. Hoci evolúcia sekvencií napreduje približne konštantnou rýchlosťou v proteínoch tej istej funkčnej skupiny, evolučná rýchlosť nie je nevyhnutne rovnaká v proteínoch s rozličnými funkciami. Napr. sérový albumín sa vyvíja podstatne väčšou rýchlosťou ako cytochróm c. Rozdiely v evolučnej rýchlosti sa pripisujú rozdielom v pravdepodobnosti fixácie mutácií. Predpokladá sa, že rýchlosť evolúcie bielkoviny závisí od pravdepodobnosti, že substitúcia bude v súlade s biochemickou funkciou bielkoviny, ako aj od postrádateľnosti organizmom, t. j. od pravdepodobnosti, že organizmus môže prežívať a rozmnožovať sa aj bez tejto bielkoviny.

Na základe súčasných poznatkov o sekvencii aminokyselín v niektorých polypeptidoch už dnes možno preveriť správnosť troch základných postulátov. Podľa prvého vznikli polypeptidové reťazce súčasných organizmov v procese evolúcie ako výsledok divergencie homológnych polypeptidových reťazcov, ktoré existovali už skoršie. Druhý postulát hovorí o tom, že výsledkom duplikácie génov, ktorá sa uskutočnila v ďalekej minulosti, je výskyt génov v dvoch alebo vo viacerých častiach genómu potomkov. Preto súčasné organizmy môžu mať dva alebo viacej homológnych génov a potom môžu riadiť syntézu dvoch alebo viacej homológnych polypeptidových reťazcov. V ďalšom sa gény menia mutáciami nezávisle jeden od druhého. Podľa toho príslušné polypeptidové reťazce musia mať rôznu štruktúru. Nakoniec tretí postulát potvrdzuje, že v procese prírodného výberu sa najčastejšie upevňujú tie mutácie, ktoré spôsobujú zámenu jednotlivých aminokyselinových zvyškov v polypeptidovom reťazci.

Prvými modelmi, na ktorých začal skúmať Zuckerkandl (10) a spolupracovníci zákonitosti evolúcie makromolekúl, boli globíny: hemoglobín [Hg] a myoglobín [Mg]. Mg je bielkovina — monomér, ktorá má funkciu uchovávať kyslík [O₂]. Hg — bielkovina krvi má funkciu prenášať O₂. Je to tetramér nachádzajúci sa v niekoľkých formách v tom istom živočíšnom druhu. U dospelého je molekula Hg tvorená zo štyroch subjednotiek: z dvoch α - a dvoch β -reťazcov. Počas embryonálneho vývinu Hg prechádza niekoľkými formami. Najprv je to aglomerát tvorený dvoma α - a dvoma ϵ -reťazcami, neskôr sú to dva α - a dva γ -reťazce; nakoniec dva α - a dva δ -reťazce. Súčasne s δ -reťazcom sa tvorí β -reťazec, ktorý tvorí aglomerát s α -reťazcom v dospelom jedinci. Sledovaním primárnej štruktúry Mg a Hg toho istého organizmu sa zistila homológia ich reťazcov, t. j. majú niektoré aminokyseliny v poradí zhodné a iné zmenené. Zistilo sa, že počet výnimiek aminokyselín je väčší medzi Mg a Hg ako medzi vlastnými (α a β , α a γ , atď.) reťazcami Hg. Najmenej sa líši β -reťazec od δ -reťazca. Zároveň s týmto sa sledovali rozdiely medzi homológnymi polypeptidovými reťazcami z rôznych súčasných živočíchov. Stupeň homológie medzi týmito polypeptidovými reťazcami je viacmenej proporcionálny stupňu príbuznosti živočíchov, ktorá sa určila ich miestom na fylogenetickom strome. Z toho vyplýva,

že počet zhôd a nezhôd aminokyselín medzi homológnyimi polypeptidovými reťazcami určitej bielkoviny je dokladom a zároveň meradlom času od momentu ich vzniku. Na základe získaných faktov v chemickej paleogenetike Pauling [11, s. 110—118], Ingram [12, s. 110—118] a Zuckerkandl [10, s. 110—118] zaviedli predstavu duplikácie štruktúrneho génu v kombinácii s divergenciou. Podľa nej vznikli súčasné homológne reťazce Mg a Hg takto: Duplikáciou štruktúrneho prageínu (štruktúrne gény nesú informáciu pre vytvorenie každého polypeptidového reťazca) sa vytvorili dva identické gény. Tieto v priebehu dlhého obdobia evolúcie podliehajú mutáciám (ide zväčša o bodové mutácie) nezávisle jeden od druhého a teda im odpovedajúce polypeptidové reťazce musia mať rôznu primárnu štruktúru. Duplikácia štruktúrneho génu v ďalekej minulosti mala za následok vznik génu Mg a pravekého génu Hg. Gén pravekého Hg v dôsledku opakovaných duplikácií pravdepodobne dal vznik α -, β -, γ - aj δ -reťazcu súčasného Hg. Potvrdením správnosti tejto predstavy vývoja štruktúrneho génu procesom duplikácie a divergencie je fakt, že v DNK vyšších organizmov [cicavce] sa zistili opakujúce sa úseky — redundancie. Počnúc od najnižších organizmov k vyšším počet redundancií stúpa. Percento opakovaných sekvencií, ktoré má opica *Rhesus maccacus* spoločné s inými živočíchmi v závislosti od času, kedy došlo k odštiepeniu vývojových línií tejto opice od príslušných druhov, ukázalo, že čím je dlhší čas od odštiepenia, tým majú menšie percento opakovaných spoločných sekvencií.

Treba pamätať, že molekulové mutácie, ktoré sú základom evolučného procesu, nevznikajú v polypeptidových molekulách. Tieto mutácie vznikajú v štruktúrnych génoch, ktoré nesú informáciu pre skladbu polypeptidového reťazca. Býva pravidlom, že tyntéza inej aminokyseliny na základe zmenenej genetickej informácie je škodlivá pre organizmus. Avšak niektoré zmeny, ktoré vznikli, zvyšujú pravdepodobnosť pre prežitie organizmu. V tomto prípade sa gén odovzdáva potomstvu. Takýto je molekulárny základ prírodného výberu. Ale sú aj mutácie, ktoré spôsobujú vypadnutie alebo pridanie iných aminokyselinových zvyškov v polypeptidových reťazcoch. Môžu sa vyskytovať ešte zložitejšie genetické procesy, pri ktorých, ako už bolo spomenuté, vzniká duplikácia štruktúrnych génov. Duplicitné gény majú význam nielen pre evolúciu druhu, ale pre vývoj samého organizmu. Z hľadiska evolúcie druhu je dôležité to, že sa vytvárajú dve alebo viac kópií genetického materiálu, ktoré sa môžu ďalej vyvíjať nezávisle jeden od druhého. Tak sa môže duplicitný gén natoľko zmeniť, že umožňuje syntézu nového typu polypeptidového reťazca s celkom inou funkciou ako u jeho predka. Z hľadiska jednotlivého organizmu je veľmi výhodný výskyt duplicitných génov v rozličných častiach genómu, a to preto, že v takomto prípade, keď je peptid nepostrádateľný pre udržanie sa organizmu, nie je potrebná aktivácia celého genómu. Takto dupli-

cita génov poskytuje možnosť pre fungovanie zložitejšieho mechanizmu aktivácie a inaktivácie génov v procese vývoja.

Molekulárne biologické prístupy k vysvetleniu evolučných procesov pri bakteriofágoch a vírusoch sa zakladajú v podstate na osvedčených metódach biochémie, biofyziky a molekulárnej genetiky. Morfológická štruktúra živočíšnych a rastlinných viriónov, symetria nukleokapsidu je výrazom priestorového usporiadania molekuly nukleovej kyseliny, a okolo nej rozmiestnených bielkovinových molekúl, ktoré tvoria spolu vírusový kapsid. Okolo nukleokapsidu sú v niektorých čeľadiach vírusov druhotné obaly. Všetky látky zodpovedné za architektúru vírusov sú priestorovo i počtom definované a predstavujú veľmi ekonomický systém. Architektúra vírusov je jednoduchšia ako bakteriofágov, predovšetkým tých, čo majú bičík. Keďže fyzikálna štruktúra je determinovaná vývojom preverenou optimálnou a ekonomickou funkciou v zhode s fyzikálnymi zákonitosťami skladby hmoty, mohlo by sa z tohto usúdiť, že bakteriofágy sú vývojovo staršie, lebo majú zložitejšie štruktúry potrebné pre proces interakcie fága s vnímovou bunkou. Živočíšne vírusy nemajú takéto zložité povrchové štruktúry. Morfológia štruktúry viriónov a jej porovnávanie medzi vírusmi rozličných čeľadí je významným taxonomickým kritériom a uplatňuje sa v komparatívnej i evolučnej virológii. Chemická skladba viriónov je určená primárnou, sekundárnou a terciárnou štruktúrou bielkovín a nukleových kyselín. Pod chemickou skladbou viriónov si predstavujeme sekvenciu báz alebo bázových párov nukleových kyselín, jednovláknitosť alebo dvojitú vláknitosť molekuly nukleovej kyseliny vírusu alebo fága a molekulovú hmotnosť nukleovej kyseliny, ako aj primárnu, sekundárnu a terciárnu štruktúru bielkovín. Primárna štruktúra je sekvencia amínokyselín spojených kovalentnou väzbou. Sekundárnu a terciárnu štruktúru vytvárajú hydrofóbne, elektrostatické, vodíkové a disulfidové väzby. Priestorové usporiadanie bielkovinových molekúl vo virióne zabezpečuje rozličné funkcie. Bielkovina má predovšetkým ochrannú funkciu pre nukleovú kyselinu, keď ju obaľuje. Nukleoproteín, ktorý vykonáva takúto úlohu, je často spoločný (alebo veľmi príbuzný) pre rody a druhy alebo skupiny vírusov. Z evolučného hľadiska by tento proteín, kódovaný vírusovým genómom, mohol byť najstarším proteínom viriónov. Ďalšie bielkoviny vírusov a fágov majú rozličný biologický význam. Uplatňujú sa v procese adsorpcie, majú významné vlastnosti pre virulenciu a antigénnu charakteristiku viriónov. Niektoré z nich majú dôležité enzymatické aktivity a zúčastňujú sa rozličným spôsobom na začiatku a priebehu replikačného cyklu vírusu v bunke (RNK polymeráza, reverzná transkriptáza). Štruktúrne bielkoviny fágov a vírusov sú kódované zväčša vírusovým genómom. Avšak obalené vírusy začleňujú snáď do svojej štruktúry aj bunkové bielkoviny (ATP-ázu a iné). Vysoko špecifikovaný význam majú povrchové membrány obalených vírusov, ktoré obsahujú aj z buniek

získané látky ako lipidy a cukry. Veľmi dôležitou povrchovou štruktúrou obalených vírusov sú glykoproteíny. Nimi sa charakterizujú príslušné druhy a typy vírusov, resp. ich rekombinanty. Ich dôkaz vo vírusoch pochádzajúcich z rozličných druhov živočíchov, stojacich na rozličných stupňoch fylogenetického rebríka, dovoľuje uvažovať o cestách šírenia (ekológia) sledovaných vírusov, ako aj o ich evolúcii.

Pri predpoklade, že určitý druh vírusu vznikol v určitom druhu živočicha alebo rastliny po tom, čo sa tento objavil na našej planéte, boli by dve možnosti potvrdzovať takéto pôvod vírusov. Biochemická analýza sekvencie báz nukleových kyselín v prvotnom hostiteľovi by mala aspoň v určitých úsekoch zodpovedať sekvencii báz v nukleovej kyseline chromozómu bunky príslušného živočíšneho druhu. Treba pripustiť, že nemožno po toľkých stovkách miliónov rokov dokázať skoro úplnú identitu, lebo znaky živých systémov sa vyvíjali divergentne, konvergentne i paralelne. [13, s. 4—8] Otázku príbuznosti ľudských a živočíšnych vírusov sa pokúsili riešiť Subak—Sharpe a spolupracovníci [14, s. 4—8], ktorí používali inú, veľmi dômyselnú metódu, ktorá umožnila charakterizovať sekvencie DNK. Metóda sa nazýva „analýza sekvencie najbližšieho suseda“ a dáva štatistický obraz o detailnejšom usporiadaní sekvencie báz v nukleovej kyseline. Touto metódou dokázali blízku príbuznosť DNK malých vírusov (papova) s DNK bunky cicavca. Naproti tomu DNK herpetických vírusov a poxvírusov skôr pripomínala bakteriálnu DNK. Tam, kde sekvencia báz je vo víruse a jeho hostiteľskej bunke veľmi podobná, mohla vírusová nukleová kyselina vzniknúť osamostatnením segmenta hostiteľskej nukleovej kyseliny. Tam, kde dochádza k rozdielom vo frekvencii báзовých dupletov vo vírusových nukleových kyselinách a živočíšnych druhov, odkiaľ sa tieto vírusy pravidelne izolujú, vírusy pochádzajú alebo vznikli z evolučne vzdialeného hostiteľa. Je tu ale aj alternatívny výklad. Malé vírusy nedokážu kódovať svoje vlastné transferové RNK. Aby mohli čo najekonomickšie využiť translačný aparát bunky, ich DNK musí mať kodóny v takom pomere, v akom ich má bunka. Potom sa podobnosť sekvencie báz mohla vyvinúť konvergenciou zo sekvencií pôvodne odlišných. Veľké vírusy si ale kódujú samy niektoré transferové RNK, čím modifikujú translačný aparát bunky, a preto ich sekvencie sa môžu od bunkových úplne odlišovať.

V súčasnosti je veľmi sľubný molekulárne genetický prístup. Vo vývoji vírusov a ich hostiteľských buniek sa uplatňuje mutácia, rekombinácia a selekcia. Mutácie pri fágoch a vírusoch vedú k rôzne závažným zmenám v genóme fága alebo vírusu a majú za následok napr. výmenu jednej aminokyseliny za druhú alebo inú zmenu v sekvencii. Zmeny sa týkajú jediného znaku alebo spriahnutých znakov. Životnosť mutantov preveruje ich schopnosť reprodukovať sa a odoláť selekčnému tlaku okolia vrátane podmienok prostredia. Vznik mutantov sa dokazuje znakmi, ktorými sa mutant líši od vlastností rodičovského vírusu.

Mutácia vírusu sa však môže prejavíť aj pri infekcii celého organizmu, ak mutácia postihla gény zodpovedné napr. za zmenenú virulenciu, či už v zmysle plus alebo mínus. Niektorí autori sa domnievajú, že rekombinácie sú významnejším genetickým faktorom evolúcie vírusov a fágov, lebo pri rekombinácii sa vymieňajú väčšie úseky genómu. Rekombinácie sa uskutočňujú v priebehu infekcie jednej bunky dvoma geneticky rozličnými vírusmi toho istého druhu. Rekombinanty môžu získať také nové antigénne vlastnosti, že proti nim nie je u ľudí imunita z predchádzajúcich infekcií. Takto sa vysvetľuje vznik chrípkových epidémií alebo pandémieí.

Ako sa už spomenulo, fylogenetický strom získaný molekulárnym výskumom súhlasí s poradím vetvenia na fylogenetickom strome získaným všeobecne štúdiom evolúcie organizmov. Avšak existuje dôležitý rozdiel medzi evolúciou sekvencií polypeptidových reťazcov a evolúciou na úrovni organizmu. Evolučné stromy sa robili výskumom mimo už spomenutého Hg a Mg aj výskumom sekvencií aminokyselín cytochrómu c. [15, s. 279—284] V tom istom časovom rozpätí jedna skupina organizmov (napr. cicavce) môže javiť veľký rozsah morfolologickej evolúcie, kým iná skupina (napr. žaby) môže ostať morfologicky v podstate nezmenená. Ale bielkoviny žiab všeobecne javia ten istý stupeň zmien sekvencií ako cicavce. Wilson a jeho spolupracovníci [9, s. 573—639] neodhalili žiaden presvedčivý dôkaz, že fenotypicky konzervatívne organizmy (t. j. „žijúce fosílie“) majú retardovanú evolúciu sekvencií, alebo že evolúcia sekvencií je zrýchlená v organizmoch, ktorých rýchlosť fenotypických zmien je neobyčajne rapídna.

Experimentálne výsledky molekulárnej biológie si priam vynucujú, aby sa na ich základe vypracovala jednotná interpretácia. Iľjin [16, s. 282—294] o tom píše: „Je symptomatické, že medzi známymi biológmi rastie presvedčenie, že evolučné učenie ako základný pilier biologického poznania musí aj naďalej plniť funkciu jednotiaceho faktora, aby sa tak prostredníctvom integračného uplatnenia všetkých postupov mohla utvoriť jednotná teória života (teoretická biológia). Teoretická biológia ako jednotný základ celého komplexu biologických disciplín musí byť zároveň teóriou poznávania živého.“ Z hľadiska marxistickej filozofie je to zvlášť dôležité, lebo marxistickí filozofi sa už tradične venujú problémom prírodných vied, vrátane biológie. Z prírodných vied vždy smeroval prúd myšlienok k marxistickej filozofii. Vieme, že biológia ovplyvnila vývin marxistickej filozofie. Poznatky z molekulárnej biológie a molekulárnej genetiky spolu s evolučnou teóriou zdokonaľujú a upresňujú filozofické tézy, ako je napr. determinizmus a dialektická koncepcia vývinu.

Na druhej strane však treba vidieť, že medzi buržoáznymi filozofmi sú takí, ktorí dokazujú, že veda nie je filozofii potrebná, lebo prírodné vedy, vrátane biológie, nemôžu filozofii nič poskytnúť. S takýmito názormi polemizuje známy anglický biológ Waddington [17] v predslove

ku knihe *Cesta k teoretickej biológii*. Medzi buržoáznymi vedcami sú aj takí, ktorí kriticky vystupujú proti dialektickomaterialistickej filozofii a odmietajú dialektiku v živej prírode. Tak to urobil francúzsky genetik Monod (18) vo svojej knihe *Náhoda a nevyhnutnosť*.

Podľa Monoda poznatky molekulárnej biológie vyvracajú dialektickomaterialistický názor na vývin. Molekulárna biológia vraj potvrdzuje, že v živej prírode má prevahu stabilita, nemennosť a invariantnosť. Vývin, ak sa vyskytne, nemožno pokladať podľa Monoda za zákonitý proces smerujúci od nižšieho vyvinového stupňa k vyššiemu, ale len za obyčajnú a celkom náhodnú odchýlku od zvyčajného priebehu udalostí, kde sa vždy reprodukuje určitý stabilný stav. Za základ biológie považuje teóriu genetického kódu a podľa jeho názoru vo svetle úspechov molekulárnej biológie a molekulárnej genetiky ustupuje evolučná teória do úzadia. Monod sa prísne dodržiava „centrálnej dogmy genetiky“, podľa ktorej informácia ide vždy smerom od DNK cez RNK k bielkovinám. Avšak novšie výskumy nádorových vírusov ukázali, že tieto obsahujú enzým — reverzná transkriptáza — ktorý obráti normálny tok genetickej informácie a DNK sa syntetizuje na matrici RNK. (19, s. 129—186) Podobný obrátený prepis genetickej informácie sa neskoršie opísal aj v oocytoch amfíbií a pri syntéze DNK génu pre globín na matrici RNK z retikulocytov. Vidíme, že „centrálne dogma genetiky“ vo svojej klasickej definícii je neudržateľná vo svetle novších molekulárne biologických poznatkov. V Monodovej interpretácii vyznieva dialektika tak, ako by ignorovala moment stability a nemennosti v procesoch prebiehajúcich v živej prírode. Dialektika vychádza z pohybu, zmeny a vývinu, avšak predpokladá moment stálosti, dedičnosti, ktoré sa riadia podľa „stálych“ zákonov.

Mechanizmom prírodného výberu boli organizmy schopné prispôbiť sa a adaptívnou radiáciou vznikali nové druhy zo spoločného predka. Avšak sotva by stačila adaptívna radiácia na vznik takého rozmanitého množstva bielkovín súčasných najvyšších organizmov z jednej bielkovinovej pramolekuly. Ak by sa nebrala do úvahy duplikácia štruktúrneho génu, muselo by sa predpokladať, že by sa z pôvodnej baktérie vyvinuli iba ďalšie formy baktérií. Pohľad na evolúciu na molekulárnej úrovni nám ukázal nielen vznik nových kvalít — funkcií (Hg prenáša kyslík) zo starých (Mg len uchovával O₂), ale nám odhalil aj formu prechodu. Duplikáciou génu narastá kvantita a práve tento kvantitatívny vzrast je predpokladom zmeny kvality. Bez zmeny kvantity nemôže nastať zmena kvality. Potom vyzerá prírodný výber na molekulárnej úrovni takto: Duplikácia štruktúrnych génov zabezpečuje „nadprodukcii“ génov a nezávislé mutácie týchto génov zabezpečujú variabilitu. Iba nadbytočný gén môže akumulovať inak „zakázané“ (letálne) mutácie do takej miery, že sa vytvorí nový génový lókus. Úplatnia sa a odovzdajú potomstvu zmeny funkcie, ktoré zväčšia šancu organizmu na prežitie. Tieto „vybrané“ nové funkcie sú na vyššej úrovni

ako predchádzajúce. Lineárna konštrukcia nukleových kyselín a peptidových reťazcov sama osebe vedie k operáciám ako substitúcia, adícia, delícia a fúzia (tieto „zabezpečujú“ variabilitu génov). Kombináciou týchto operácií s duplikáciou génov možno vysvetliť vznik nekonečne veľkého množstva súčasných bielkovín z jednej bielkovinovej pramolekuly. Z evolúcie globínov je zrejme, že nahromadením postupných kvantitatívnych zmien (zmnoženie génov mechanizmom duplikácie) môže po dosiahnutí určitej miery viesť k podstatným kvalitatívnym zmenám — zmenám funkcie. Jedine vnútorné mechanizmy (duplikácia a divergencia génu) určujú kvalitu a mieru zmien vyvolaných vonkajším pôsobením. Predstava duplikácie a divergencie štruktúrneho génu je zároveň dobrým príkladom aj na objasnenie náhodnosti a nutnosti. Duplikácie génu, ako aj mutácie, ktoré spôsobujú divergenciu, sú vzhľadom na východiskový organizmus javy náhodné, avšak sú nevyhnutné pre vznik nového druhu. Duplikácia génu, ktorá sa náhodou vyskytla v určitej časti genómu a nie v inej, a v určitom a nie v inom gène z mnohých, v určitom a nie v inom organizme toho istého druhu, je náhodou. Zároveň je však nevyhnutným dôsledkom súhry určitých príčin (pravdepodobne fyzikálno-chemického charakteru). Duplikácia génu, ako aj mutácie sú javy náhodné z hľadiska východiskového organizmu, naproti tomu ich možný dôsledok, výhodne zmenená stará funkcia alebo vznik novej funkcie stáva sa, alebo je nevyhnutnosťou pre druh, ktorý ju má. Vďaka tejto nadobudnutej novej funkcii daný druh môže „prežiť“. Predstava duplikácie a divergencie štruktúrneho génu je iba jedným aspektom nedeliteľného javu — vývoja organizmu.

V buržoáznej filozofii i naďalej pretrváva snaha modernizovať metafyzickú koncepciu evolúcie a prispôbiť ju novším, prenikavejším vedeckým poznatkom. Materialistický obsah biologických a genetických teórií buržoázni filozofi prispôbujú idealistickým schémam metafyzickej koncepcie. Preto je dôležité, že marxistickí filozofi začínajú intenzívnejšie rozpracovávať princípy štruktúrnosti, systémovosti, celostnosti a determinizmu. (16, s. 282—294) Experimentálne výsledky molekulárnej biológie, vrátane genetiky, poskytujú dosť rozsiahly materiál na to, aby sa mohlo čeliť výpadom buržoáznym filozofov a niektorých vedcov proti dialektickému materializmu.

LITERATÚRA

1. APTER, M. G.: *Cybernetics and development*. Pergamon Press, New York 1966.
2. RUTTKAY-NEDECKÝ, G.: *Termodynamika živých sústav*. Biol. Listy, 36, 1973.
3. CHARGAFF: In: E. J. Ambrose, D. M. Easty: *Cell Biology*, Th. Nelson and Sons Ltd., London 1970.
4. WILKINS: In: E. J. Ambrose, D. M. Easty: *Cell Biology*, Th. Nelson and Sons Ltd., London 1970.
5. WATSON, J. D., CRICK, F. H. C.: *Molecular structure of nucleic acids: a structure for deoxypentose nucleic acids*. Nature [London], 171, 1953.

6. CRICK, F. H. C.: On protein synthesis. Symp. Soc. Exp. Biol., 12, 1958.
7. JACOB, F., MONOD, J.: Genetic regulatory mechanisms in the synthesis of proteins. J. mol. Biol., 3, 1961.
8. NIRENBERG, M. W., JONES, O. W., LEDER, P., CLARK, B. F. C., SLY, W. S., PESTKA, S.: On the coding of genetic information. Cold Spring Harbor Symp. quant. Biol., 28, 1963.
9. WILSON, A. C., CARLSON, S. S., WHITE, J. T.: Biochemical evolution. Ann. Rev. Biochem., 46, 1977.
10. ZUCKERKANDL, E.: The evolution of hemoglobin. Sci. Amer., 212, 1965.
11. PAULING, L.: In: E. Zuckerkandl: The evolution of hemoglobin. Sci. Amer., 212, 1965.
12. INGRAM, V. M.: In: E. Zuckerkandl: The evolution of hemoglobin. Sci. Amer., 212, 1965.
13. BLAŠKOVIČ, D.: Evolúcia vírusov. Bull. Čs. Spol. Mikrobiol., 18, 1977.
14. SUBAK-SHARPE: In: D. Blaškovič: Evolúcia vírusov. Bull. Čs. Spol. Mikrobiol., 18, 1977.
15. FITCH, W. M., MARGOLIASH, E.: Construction of phylogenetic trees. Science, 155, 1967.
16. ILJIN, A. J.: Doslov. In: Princípy dialektického materializmu a súčasná biológia. Nakl. Pravda, Bratislava 1977.
17. WADDINGTON, C. H.: Na puti k teoretičeskoj biologii. Moskva 1970.
18. MONOD, J.: Le Hasard et la Nécessité. Essai sur la philosophie naturelle de la biologie moderne. Paris 1970.
19. TEMIN, H., BALTIMORE, D.: RNA-directed DNA synthesis and RNA tumor viruses. Adv. Virus Res., 17, 1972.