

vých měřítkách je extrapolací událostí uvnitř populací a druhů. Oba autoři se domnívají, že existuje vyšší forma selekce, jakási „druhovú selekce“ (*species selection*). Toto téma si ponechám do následující kapitoly. V ní se také budeme věnovat jiné biologické názorové škole, jež byla na podobně chabých základech vydávána za antidarwinovskou – „transformovaným kladistům“. Ti pracují na poli taxonomie, vědy zabývající se klasifikací organismů.

Jediný správný strom života

Tato kniha se převážně zabývá evolucí jako řešením problému složitého „designu“, evolucí jako správným vysvětlením jevů, jež podle Paleyho názoru dokazovaly existenci božského hodináře. Právě proto se neustále vracím k vyprávění o očích a echolokaci. Existuje však ještě celá řada dalších věcí, jež evoluční teorie vysvětluje. Jde o fenomén diverzity: o to, jak jsou různé formy rostlin a živočichů rozšířeny na zeměkouli, a o distribuci znaků mezi nimi. Přestože mě převážně zajímají oči a jiná složitá zařízení, nesmím opomenout ani tuto roli, kterou evoluce hraje v našem pochopení přírody. Tato kapitola se tudíž týká taxonomie.

Taxonomie je věda o klasifikaci. U řady lidí má nezaslouženě nudnou pověst kvůli podvědomým asociacím se zaprášenými muzejními regály a pachem konzervačních látek. Jako by si ji lidé pletli s preparátorstvím. Ve skutečnosti je však taxonomie všechno ostatní jenom ne nudná. Z důvodů, které mi nejsou úplně jasné, je to jedno z nejkontroverznějších odvětví celé biologie. Zajímají se o ní filozofové i historikové. Sehrává důležitou roli v každé diskusi o evoluci. A z řad taxonomů vyšli jedni z nejvýmluvnějších biologů dnešní doby, kteří si hrají na antidarwinovské.

Taxonomové se převážně věnují studiu živočichů a rostlin, ale klasifikovat lze cokoli – skály, válečné lodě, knihy na policiče, hvězdy či jazyky. Přehledná klasifikace nám často bývá představována jako užitečné opatření či přímo praktická nezbytnost; to je nepochybně část pravdy. Knihy ve velké knihovně nejsou skoro k ničemu, nejsou-li uspořádány nějakým nenáhodným způsobem, takže knihu na určité téma v případě potřeby rychle najdeme. Věda, či snad dokonce umění knihovnictví je cvičením v aplikované taxonomii. Ze stejného důvodu se biologům zdá život hned lehčí, když mohou rozškátulkovat zvířata a rostliny do dohodnutých a pojmenovaných kategorií. Avšak tvrdit, že toto je jediný důvod pro existenci taxonomie, by znamenalo míjet podstatu problému. Z hlediska evolučních biologů je na taxonomii živých organismů něco velmi specifického, něco, co

neplatí pro žádný jiný druh taxonomie. Vyplývá to z představy o evoluci, podle níž existuje jediný správný způsob větvení rodokmenu všech forem života. Na něm můžeme založit svou klasifikaci. Kromě své unikátnosti má toto třídění jedinečnou vlastnost, které budu říkat *perfektní uhnízdění* (*perfect nesting*). Co tato vlastnost znamená a proč je tak důležitá?

Vezměme si knihovnu jako příklad nebiologické taxonomie. Neexistuje žádné unikátní a jediné správné řešení problému, jak knihy v knihovně či v knihkupectví roztrždit. Jeden knihovník může rozdělit svou knižní sbírku do kategorií věda, historie, próza, umění, zahraniční díla atd. Každá z těchto hlavních kategorií může mít ještě podskupiny. Oddělení vědy může obsahovat pododdělení biologie, geologie, chemie, fyzika a tak podobně. Biologické knihy mohou být dále tříděny do poliček věnovaných fyziologii, anatomii, biochemii, entomologii a mnoha dalších. Nakonec mohou být knihy v každé poličce seřazeny podle abecedy. Další z hlavních oddělení v knihovně – oddělení prózy, historické literatury, zahraničních knih atd. – mohou být členěna podobně. Celá knihovna je takto hierarchicky rozdělena způsobem, jenž umožňuje čtenáři snadno najít knihu, kterou právě hledá. Hierarchická klasifikace je výhodná, neboť ten, kdo si potřebuje něco půjčit, najde svou knihu rychle. Ze stejného důvodu jsou hesla ve slovníku řazena abecedně.

Neexistuje však žádná jedinečná hierarchie, podle níž by knihy musely být uspořádány. Jiný knihovník by mohl zvolit odlišný způsob řazení sbírky knih, avšak stále hierarchický. Nemusel by například dávat zahraniční knihy do samostatného oddělení, mohl by knihy seřadit podle témat bez ohledu na jazyk, jímž jsou napsány: německé biologické knihy do oddělení biologie, německou historickou literaturu do oddělení historie apod. A třetí knihovník by se mohl rozhodnout pro radikální metodu, na základě níž by všechny knihy všech témat seřadil podle roků vydání a při hledání knih požadovaného tématu by se spolehl na papírovou nebo počítačovou kartotéku.

Byť jsou tyto tři přístupy naprosto odlišné, posloužily by všechny pravděpodobně stejně dobře. Byly by pro čtenáře přijatelné, ačkoli zřejmě nikoli pro cholerického postaršího Londýňana, jehož jsem kdysi slyšel v rádiu spílat předsednictvu jeho klubu za to, že zaměstnalo knihovníka. Knihovna si podle něj celé století vystačila bez nějakého organizování a on neviděl žádný důvod, proč by tomu teď

mělo být jinak. A když se ho reportér opatrně zeptal, jak si myslí, že by měly být knihy uspořádány, zahrml konzervativní člen klubu bez zaváhání: „Nejvyšší nalevo, nejmenší napravo.“ Knihkupectví seřazují své populární knihy do hlavních oddělení, která odpovídají poptávce. Nikoli věda, historie, literatura, geografie atd. – ale nálepky zahrada, vaření, televizní tituly a duchovní literatura jsou jejich hlavní „chlívečky“. Jednou jsem dokonce narazil na poličku s prominentním označením „NÁBOŽENSTVÍ A UFO“.

Neexistuje tedy jediné *správné* řešení problému, jak klasifikovat knihy. Knihovníci se mohou rozumně přit o to, která metoda třídění je lepší, ale kritériem výhry či prohry v takové debatě není větší „pravda“ či „správnost“ jednoho systému oproti druhému. Budou mezi nimi spíše padat argumenty jako „pohodlnost pro uživatele“, „rychlost vyhledávání titulů“ atd. V tomto smyslu lze o taxonomii knih říct, že je libovolná. To neznamená, že není důležité vymyslet dobrý klasifikační systém; ani zdaleka. Jde o to, že neexistuje žádný systém klasifikace, na němž by se v našem informačním světě všichni univerzálně shodli jako na jediném správném. Na druhé straně má taxonomie živých tvorů, jak si dále ukážeme, tuto zásadní vlastnost, která klasifikaci knih chybí; přinejmenším tehdy, když zastáváme evolucionistické pozice.

Pochopitelně lze vymyslet neomezené množství způsobů klasifikace živých tvorů. Ukázu však, že všechny kromě jednoho jsou právě tak arbitrární jako jakákoli knihovnická taxonomie. Muzejník například může, je-li to po něm žádáno, uspořádat sbírky podle velikosti preparátů a podmínek v depozitářích; velké vycpaniny může dát do jednoho oddělení, drobný hmyz umístit do entomologických krabic, ty preparáty, které vyžadují tekuté konzervační látky, ponechat v lahvích, nejmenší dát na podložní sklička atd. Takové pohodlné třídění se zčásti uplatňuje v zoologických zahradách. V londýnském zoo jsou nosorožci ubytováni v „pavilonu slonů“ z toho prostého důvodu, že jejich ubikace musí být stejně pevné jako ty sloní. Aplikovaná biologie by mohla zvířata klasifikovat podle toho, zda jsou škodlivá (tato kategorie by se dále dělila na zvířata škodlivá ze zdravotnického hlediska, zemědělské škůdce a ta, jejichž kousnutí a bodnutí je bezprostředně nebezpečné), užitečná (rozdělená podobným způsobem) a neutrální. Odborník na výživu by mohl zvířata klasifikovat podle výživné hodnoty jejich masa pro člověka, včetně složitěho dělení na podkategorie. Moje babička kdysi vyšívala pro děti plá-

těnou knížku o zvířatech, která byla uspořádána podle toho, jaké mají končetiny. Antropologům se zase podařilo zdokumentovat četné důmyslné způsoby taxonomie živočichů, které vytvořily rozličné kmeny po celém světě.

Avšak mezi všemi klasifikačními systémy, které si jen můžeme představit, je jeden systém zcela jedinečný. Je unikátní v tom smyslu, že na něj lze jednoznačně aplikovat pojmy „správný“ či „nesprávný“, „pravdivý“ nebo „falešný“, máme-li ovšem k dispozici dostatek informací. Jde o systém založený na evolučních vztazích. Abych se vyhnul zmatkům, budu pro něj používat označení, které biologové používají pro jeho nejstriktnější podobu: kladistická taxonomie (*cladistic taxonomy*).

V kladistické taxonomii je konečným kritériem pro zařazení organismů do jedné skupiny míra jejich příbuznosti, jinými slovy relativní vzdálenost od společného předka. Například ptáci se odlišují od neptáků proto, že všichni pocházejí z jednoho společného předka, který není předkem žádného neptáka. Podobně savci mají všichni společného předka, který nebyl předkem jediného nesavce. Ptáci a savci mají poněkud vzdálenějšího společného předka, kterého sdílejí s řadou dalších živočichů, třeba s hady, ještěry a hateriemi. Živočichové pocházející z tohoto společného předka se nazývají blanatí (*Amniota*). Ptáci a savci tedy patří mezi blanaté. Z pohledu kladistů nejsou „plazi“ právoplatný taxonomický pojem, neboť jsou definovány výjimkou: plazi jsou všichni blanatí obratlovci kromě ptáků a savců.* Jinými slovy – nejbližší společný předek všech „plazů“ (hadů, želv a spol.) je také předkem některých „neplazů“, jmenovitě ptáků a savců.

Mezi savci sdílejí potkani a myši společného předka, levharti a lvi mají také společného předka a právě tak i šimpanzi a lidé. Blízce příbuzné jsou ty druhy, jež mají blízkého společného předka. Vzdáleněji příbuzné druhy sdílejí staršího společného předka. Velmi vzdáleně příbuzní živočichové, třeba lidé a slimáci, mají opravdu velmi staré společné předky. Žádné organismy nemohou být zcela nepříbuzné, neboť je bezmála jisté, že život vznikl na Zemi pouze jednou.

* Plazi jsou tedy příkladem tzv. parafyletické skupiny (nezahrnují všechny potomky jednoho předka), naopak savci nebo ptáci jsou skupinami monofyletickými (zahrnují všechny potomky jednoho předka). Kladistika uznává pouze monofyletické skupiny.

Správná kladistická taxonomie je striktně hierarchická. To znamená, že ji lze zobrazit jako strom, jehož větve se vždy větví, ale nikdy se nesbíhají. Podle mého názoru (některé taxonomické školy, jimiž se budeme zabývat později, by nesouhlasily) je taxonomie striktně hierarchická *nikoli* pro naši pohodlnost, ani ne proto, že všechno na světě lze uspořádat hierarchicky, ale jednoduše proto, že evoluce vede k hierarchicky uspořádaným vztahům mezi organismy. Jakmile se jednou strom života rozvětví do určité minimální vzdálenosti (přinejmenším za hranice druhu), jeho větve se už nikdy nespojí (mezi vzácné výjimky patří vznik eukaryotické buňky zmíněný v 7. kapitole). Třebaže ptáci a savci pocházejí ze společného předka, tvoří dnes samostatné větve evolučního stromu, které se už nikdy nesetkají: hybrid mezi savcem a ptákem nikdy nevznikne. Takováto skupina organismů, z nichž všichni pocházejí ze společného předka, který nebyl předkem žádného nečlena této skupiny, se označuje jako *klad* (*clade*), podle řeckého výrazu pro větev stromu.

Představu o striktní hierarchii lze také vyjádřit pojmem „perfektní uhnízdění“. Napišme jména mnoha druhů zvířat na velký arch papíru a kolem příbuzných skupin nakresleme kruhy. Například potkan a myš by byli spojeni malým kroužkem, který by naznačoval, že jsou bratrance, tedy že mají nedávného společného předka. Podobný kroužek by spojoval morče a kapybaru. Kroužky spojující potkana s myší a morče s kapybarou (spolu s bobry, dikobrazy, ververkami a mnoha dalšími zvířaty) by pak byly spojeny dalším, větším kruhem, označeným jako hlodavci. O vnitřních kruzích říkáme, že jsou „uhnízděny“ uvnitř větších vnějších kruhů. Kousek vedle na papíře budou lev a tygr spojeni dalším malým kroužkem. Ten by byl spolu s dalšími zahrnut do kruhu označeného kočkovitě šelmy. Kočky, psi, lasičky, medvědi a další by byli ohraničeni řadou kroužků uvnitř jiných kroužků a to celé by bylo v jednom velkém kruhu s popiskem šelmy. Hlodavci a šelmy by se pak nalézali v další sérii kruhů, které by nakonec byly ohraničeny jediným velkým kruhem, označeným savci.

Na tomto systému kruhů je důležité to, že je *perfektně uhnízděný*. Nikdy, ani v jednom jediném případě, se kruhy nebudou protínat. Pro jakékoli dva překrývající se kruhy bude platit, že jeden bude úplně celý ležet uvnitř druhého. Plocha ohraničená vnitřním kruhem je vždy zcela uzavřena kruhem vnějším, žádné – třeba ani částečné – překrývání nenastává. Tuto vlastnost (perfektní taxono-

mické uhníždění) nemají knihy, jazyky, typy půd nebo názorových škol ve filozofii. Nakreslí-li knihovník jeden kruh kolem biologických knih a druhý kruh kolem teologických děl, zjistí, že oba kruhy se překrývají. V místě překryvu budou knihy s názvy „Biologie a křesťanská víra“ apod.

Při letmém pohledu můžeme očekávat, že klasifikace jazyků je perfektně uhnížděná. Jak už jsme si ukázali v 8. kapitole, jazyky procházejí evolucí podobně jako živočichové. Jazyky, které se teprve nedávno oddělily od společného předka – třeba švédština, norština a dánština –, mají k sobě navzájem blíž než k jazykům, od nichž se oddělily před delší dobou, třeba k islandštině. Jenže jazyky se nejen rozdělují, ale také splývají. Moderní angličtina je křížencem germánských a románských jazyků, které se rozdělily mnohem dříve, a proto by angličtina do hierarchického uhnížděného diagramu nezapadla lehce. Kruhy zahrnující angličtinu by se navzájem protínaly a částečně překrývaly. Biologické klasifikační kruhy se takto nikdy neprotínají, neboť biologická evoluce nad úrovní druhu je vždy divergentní.

Když se vrátíme k příkladu s knihovnou, žádný knihovník se nemůže úplně vyhnout problému s přechodnými články či překryvy. Umístit knihy o biologii a teologii vedle sebe a knihy s přechodnými tématy mezi ně k ničemu nevede, protože co potom s knihami, které se týkají témat na pomezí mezi biologií a chemií, mezi fyzikou a teologií, historií a teologií či historií a biologií? Myslím, že se nemylim, když tvrdím, že problém s přechodnými formami je nevyhnutelnou a niterně danou vlastností všech taxonomických systémů kromě těch, které pocházejí z evoluční biologie. Mohu-li mluvit za sebe, pro mě z toho vyplývá neobyčejně nepříjemný problém v mém profesionálním životě, když se snažím uspořádat knihy, úřední formuláře, staré dopisy nebo separáty vědeckých článků, které mi zaslali (s těmi nejlepšími úmysly) mí kolegové. Ať už člověk zvolí jakýkoli způsob třídění, vždy se najdou nějaké nešikovné položky, které nikam nezapadají, a tak mě nepříjemná nerozhodnost bohužel nutí k tomu, abych je odložil na pracovní stůl, kde pak leží celé roky, než je mohu bezpečně vyhodit. Řešení nenabízí ani zavedení kategorie „nezařaditelné“, neboť ta mívá hroznou tendenci narůstat. Vůbec bych se nedivil, kdyby měli knihovníci a kurátoři biologických muzejních sbírek zvláštní náchylnost k žaludečním vředům.

V taxonomii živých tvorů na takové problémy se zařazováním

nenarazíme. Neexistují žádná „nezařaditelná“ zvířata. Držíme-li se nad úrovní druhu a zabýváme-li se jen dnešními zvířaty (nebo druhy jakéhokoli „řezu“ historií), nemůžeme narazit na žádné podivné přechodné formy. Setká-li se evolucionista s něčím takovým, řekněme třeba s něčím, co vypadá přesně napůl cesty mezi savcem a ptákem, může si být jistý, že to nutně *musí* být buď savec, nebo pták. Přechodný vzhled musí být jen zdánlivý. Nešťastný knihovník se na žádnou takovou duševní posilu spolehnout nemůže. Nějaká kniha může naprosto klidně náležet zároveň do biologického a historického oddělení. Kladisticky orientovaný biolog se nikdy nemůže zabývat knihovnickými debatami o „vhodnosti“ zařadit velrybu mezi savce nebo ryby, nebo ji umístit jako přechodný článek mezi tyto dvě skupiny. Můžeme zde vzít v úvahu jen argumenty založené na faktech. V tomto případě se náhodou všichni dnešní biologové shodují v jednom: velryby jsou savci, nikoli ryby, a nejsou ani v nejmenším něco mezi. Nejsou o nic blíže rybám než lidé, ptakopyskové či jakýkoli jiný savec.

Skutečně je velice důležité pochopit, že všichni savci – lidé, velryby, ptakopyskové a zbytek – jsou *naprosto stejně* blízce příbuzní rybám, neboť všichni savci jsou spojeni s rybami prostřednictvím jediného stejného předka. Mýtus, že například savci vytvářejí jakýsi žebříček nebo „škálu“, kde druhy stojící „dole“ jsou blíže rybám než ty, co stojí „nahore“, je snobárna, která nemá co dělat s evolucí. Tato prastará predevoluční představa zvaná někdy „velký řetězec bytí“ (*the great chain of being*) nějakým podivným způsobem pronikla do způsobu, jakým mnoho lidí o evoluci přemýšlí, přestože by měla být evoluční biologii zlikvidována.

Na tomto místě neodolám a obrátím vaši pozornost k ironii, která se skrývá ve výzvě, kterou kreacionisté rádi vmetají do tváře evolucionistům: „Ukažte nám vaše mezičlánky. Kdyby byla evoluční teorie pravdivá, musela by tu být zvířata napůl mezi kočkou a psem nebo mezi žábou a slonem. Viděl však někdo žaboslona?“ Už se mi dostaly do rukou kreacionistické pamflety, které se pokoušely zesměšňovat evoluci kresbami groteskních chimér, které měly třeba zadní část těla jako kuň a přední jako pes. Patrně se jejich tvůrci domnívají, že evolucionisté by měli očekávat existenci takových zvířat. Nejenže je taková představa úplně mimo, ale je přímo pravým opakem toho, co evoluční biolog předpokládá. Jeden z nejlépe podložených předpokladů evoluční teorie naopak říká, že takové mezi-

články by existovat neměly. V tom tkví jádro mého srovnání třídění živočichů a knih.*

Taxonomie živých tvorů, kteří vznikli během evoluce, má tu jedinečnou vlastnost, že je bezrozporná. Podmínkou jsou ovšem perfektní informace. To jsem měl na mysli, když jsem napsal, že slova jako „pravdivý“ nebo „falešný“ lze aplikovat na závěry kladistické taxonomie na rozdíl od tvrzení o taxonomii knihovnické. Musím však upozornit na dvě omezení. Za prvé, perfektní informace nemáme. Biologové nemusí navzájem souhlasit, pokud jde o příbuzenské vztahy mezi konkrétními organismy. Takové neshody nemusí být snadné urovnat, poněvadž nám mohou chybět informace, například dostatek příslušných fosilií. K tomu se ještě vrátím. Za druhé, jiné těžkosti vznikají tehdy, máme-li k dispozici příliš *mnoho* zkamenělin. Elegance a jednoznačnost klasifikace se rozplynou jako pára nad hrncem, pokusíme-li se vzít v úvahu všechny živočichy, kteří kdy žili, a nikoli jen dnes žijící druhy. To proto, že ať jsou jakékoli dva dnešní druhy, třeba pták a savec, navzájem sebevíc vzdálené, měly v dávné minulosti společného předka. Pokusíme-li se napasovat tyto předky do naší dnešní klasifikace, můžeme se dostat do problémů.

V okamžiku, kdy vezmeme v úvahu vyhynulé druhy, přestane platit, že neexistují žádné přechodné formy. Právě naopak – musíme teď zápasit s potenciálně souvislou řadou mezičlánků. Rozdíl mezi moderními ptáky a neptáky (třeba savci) je jednoznačný jen proto, že všechny mezičlánky, které je spojovaly skrze dávného společného předka, jsou mrtvé. Abychom si to mohli ukázat názorněji, předpokládejme opět, že příroda byla neobyčejně „laskavá“ a poskytla

* Jádrem problému je naše lidská potřeba (a nutnost) rozškátulkovat kontinuální proměnné do diskretních kategorií. Například věk jedince je kontinuální záležitost, voličem se však člověk stává v den svých osmnáctých narozenin; každý člověk, bez ohledu na své stáří (kontinuální proměnná), buď volit může, nebo nemůže (diskretní proměnná) – žádná přechodná kategorie „polovoliče“ neexistuje. Totéž platí pro mezičlánky: „Tvrzení kreacionistů, že žádné mezičlánky neexistují, musí být na úrovni druhu pravdivé z *definice*, o skutečném světě však neříká vůbec nic – vypovídá pouze o tom, jak se zoologové rozhodli organismy pojmenovat a třídít“ (Richard Dawkins, *Výstup na horu nepravděpodobnosti*). Podle systematických konvencí je každý mezičlánek například mezi „plazy“ (plazi v kladistickém pojetí ovšem jako právoplatná skupina neexistují – viz výše, zde jde jen o ilustraci obecného principu) a ptáky zařazen buď mezi plazi předky, nebo mezi ptáky. Přestože se ve fosilním záznamu zachovalo až nepříjemně velké množství přechodných forem (lépe než cokoli jiného o tom svědčí nesnáze s jejich zařazením), v zoologickém systému se žádný plazopták nikdy neobjeví, i kdyby se našlo mezičlánků třeba milion.

nám úplný fosilní záznam, zkamenělinu každého tvora, který kdy žil. Když jsem tuto fantastickou představu uvedl v minulé kapitole, poznamenal jsem, že v jistém smyslu by příroda vlastně byla v takovém případě nelaskavá. Měl jsem tehdy na mysli veškerou tu dřinu při studiu a popisu všech těch zkamenělin. Teď se však dostáváme k jinému aspektu této paradoxní nelaskavosti. Úplný fosilní záznam by neobyčejně ztížil klasifikaci zvířat do samostatných skupin, které by bylo možno nějak pojmenovat. Museli bychom se jednoznačných pojmenování vzdát a uchýlit se k nějakému speciálnímu matematickému nebo grafickému záznamu s použitím logaritmického pravítka. Lidské myšlení má raději jednoznačná jména, takže v jistém smyslu je opravdu lepší, že fosilní záznam není úplný.

Kdybychom vzali v úvahu všechna zvířata, která kdy v minulosti žila, a nejen dnešní druhy, význam slov „člověk“ nebo „pták“ by se stal stejně nejasným a rozmazaným jako význam pojmů „vysoký“ či „tlustý“. Zoologové se mohou donekonečna hádat, zda určitá zkamenělina je, či není pták. Tato otázka skutečně přichází na přetřes, když se diskutuje o slavné zkamenělině archeopteryxe (*Archaeopteryx*). Ukazuje se, že je-li rozdíl „pták/nepták“ jednoznačnější než rozdíl „vysoký/nízký“, pak pouze proto, že v případě „pták/nepták“ jsou všechny podivné mezičlánky dávno mrtvé. Kdyby nějaká nezvykle selektivní epidemie vyhubila všechny středně vysoké lidi, nabyly by pojmy „vysoký“ a „nízký“ úplně stejný jednoznačný význam jako slova „pták“ a „savec“.

Skutečnost, že většina přechodných forem je nyní mrtvá, nezachránila od trapné nejednoznačnosti jen zoologickou klasifikaci – zachránila i lidskou etiku a právo. Náš systém zákonů a morálních pravidel je hluboce spjat s hranicemi druhu. Ředitel zoologické zahrady má zákonné právo „odstranit“ šimpanze, na jehož výživu nestačí rozpočet, zatímco jakýkoli náznak toho, že by mohl „odstranit“ nadbytečného ošetřovatele nebo prodavače vstupenek, by vyvolal bouři nevole. Žádný člověk by dnes neměl být vlastnictvím jiného člověka, avšak logické zdůvodnění diskriminace šimpanzů v tomto ohledu zřídka vysloví nahlas a osobně pochybuji o tom, že nějaké obhájitelné a logické zdůvodnění vůbec existuje. Tento dech beroucí „druhismus“, jenž vychází z našeho pohledu na svět inspirovaného křesťanskou vírou, jde tak daleko, že potrat jediné lidské zygoty (v každém případě je osudem většiny z nich stejně spontánní potracení) může vyvolat více morálního znepokojení a spravedlivého

rozhořčení než vivisekce jakéhokoli počtu inteligentních dospělých šimpanzů! Setkal jsem se se slušnými a liberálními vědci, kteří sice neměli v úmyslu pitvat šimpanze zaživa, nicméně vášnivě obhajovali své právo udělat něco takového, kdyby se pro to rozhodli a nepletly se jim do toho zákony. Takoví lidé se často naježí při sebemenším náznaku porušení lidských práv. Jediný důvod, proč můžeme spokojeně žít s takovým dvojím metrem, je ten, že přechodné formy mezi člověkem a šimpanzem už nejsou mezi živými.

Poslední společný předek lidí a šimpanzů žil zřejmě velmi nedávno: před nějakými 5 miliony let. Tedy rozhodně později než společný předek šimpanze a orangutana a o nějakých 30 milionů let později než společný předek šimpanzů a opic. Šimpanzi a my sdílíme přes 99 % genů. Kdyby se na různých zapomenutých ostrovech všude po světě objevily přežívající přechodné formy mezi šimpanzem a člověkem, našel by se někdo, kdo by pochyboval o tom, že by to hluboce zasáhlo naše zákony a morální pravidla, zvláště kdyby se tyto žijící mezičlánky mezi sebou volně křížily? Buď by všechny mezičlánky musely být obdařeny plnými lidskými právy („Volte šimpanze!“), nebo by se musel zavést složitý apartheidový systém diskriminujících zákonů a soudů, který by v konkrétních případech rozhodoval, zda je daný jedinec podle zákona „šimpanzem“, nebo „člověkem“, a rodiče by si dělali starosti, aby se jejich dcera náhodou neprovdala za jednoho z „nich“. Řekl bych, že svět je až příliš dobře probádán na to, abychom mohli doufat v uskutečnění této fantazie, která by nás ovšem pořádně vytrestala i polepšila. Avšak každý, kdo považuje lidská „práva“ za něco zjevného a samozřejmého, by si měl uvědomit, že pouhopouhé šťastné náhodě vděčíme za skutečnost, že tyto rozpaky budící přechodné formy nepřežily. Kdyby naopak dosud šimpanze nikdo neobjevil, mohli bychom je dnes považovat za mezičlánky, které by nám mohly komplikovat chápání našich lidských práv.

Pozorný čtenář předešlé kapitoly by mohl podotknout, že celý argument o taxonomických kategoriích, které se začínají rozmazávat, vezmeme-li v úvahu i jiná než dnešní zvířata, předpokládá konstantní a nepřerušovanou rychlost evoluce. Čím více se náš pohled na evoluci blíží extrémní představě o hladké kontinuální změně, tím pesimističtější by měly být naše názory na používání takových slov jako pták či nepták, člověk nebo nečlověk pro všechny tvory, kteří kdy žili. Naopak extrémní saltacionista by mohl věřit, že skutečně

existoval první člověk, jehož mutantní mozek byl dvakrát větší než mozek jeho otce nebo jeho šimpanzoidního bratra.

Jak jsme si už ukázali, zastánci teorie přerušovaných rovnováh většinou nejsou opravdoví saltacionisté. Nicméně se zdá, že pro ně bude nejednoznačnost pojmenování představovat menší problém než pro představitele kontinuálnějšího pohledu na rychlost evoluce. Na problém s pojmenováním by narazili i punktualisté, kdyby se úplně všechna zvířata, která kdy žila, zachovala ve formě zkamenělin, neboť i z punktualistů se při detailním pohledu vyklubou normální gradualisté. Ovšem tento problém pro ně bude méně závažný než pro nepunktualistický pohled na evoluci, neboť podle punktualistických předpokladů je velmi nepravděpodobné, že najdeme fosilie z krátkých období rychlých evolučních změn, zatímco nálezy zkamenělin z dlouhých období stáží jsou mnohem pravděpodobnější.

Právě proto kladou punktualisté (především Niles Eldredge) tak velký důraz na „druh“ jako skutečnou entitu. Pro nepunktualistu je druh definovatelný jen proto, že všechny těžko zařaditelné mezičlánky jsou mrtvé. Extrémní antipunktualista, který hájí názor o celistvosti evoluční historie, nemůže „druh“ vůbec vnímat jako nějakou samostatnou věc. Jediné, co vidí, je rozmazané kontinuum. Z jeho pohledu druh nikdy nemá jasně rozpoznatelný začátek, jen někdy má jasně definovaný konec (to když vyhyne) a často jeho existence nekončí, ale postupně se rozplývá do jiného druhu. Zato podle punktualisty druh jasně vzniká v nějakém konkrétním okamžiku (přesněji řečeno je tu období přechodu, které trvá desítky tisíc let, ale to je z hlediska geologických měřítek krátká doba) a jeho konec je definitivní, tedy žádné postupné odeznívání do formy nového druhu. Poněvadž z hlediska punktualisty druh stráví většinu času v neměnné stáži, která je jasně ohraničena jeho vznikem a zánikem, vyplývá z toho (pro punktualistu), že pro každý druh lze určit jasně definovanou a měřitelnou „délku života“. Nepunktualista by žádnou „délku života“ druhu analogickou délce života individuálního organismu neviděl. Extrémní punktualista chápe „druh“ jako oddělenou entitu, která si opravdu zaslouží své jméno. Extrémní antipunktualista ho naopak bere jako náhodný úsek souvisle proudící řeky a nevidí žádný zvláštní důvod označovat jeho začátek a konec.

V punktualistickém dramatu o evoluci nějaké skupiny živočichů, třeba koní za posledních 30 milionů let, by vystupovaly spíše druhy

než jednotlivé organismy, protože punktualistický autor považuje druh za skutečnou „věc“, která má svou vlastní oddělenou identitu. Druhy budou náhle vstupovat na scénu a náhle z ní budou mizet, nahrazovány druhy dalšími. Bude to historie postupných výměn, jeden druh bude uvolňovat místo dalšímu. Kdyby však stejný příběh napsal antipunktualista, posloužila by mu jména druhů jen jako jakási vágní berlička. Podívá-li se totiž podél časové osy, přestane rozlišovat druhy jako samostatné entity. Skutečnými herci dramatu se stanou jednotliví jedinci v proměňujících se populacích. V jeho knize budou jednotlivé organismy uvolňovat místo svým potomkům, nikoli druhy svým následným druhům. Pak ovšem není divu, že punktualisté mají zvláštní sklon věřit v typ přírodního výběru, který by pracoval na úrovni druhu a který považují za analogický darwinovské selekci na prosté individuální úrovni. Nepunktualisté naopak budou přírodní výběr chápat spíše tak, že nepracuje na žádné vyšší úrovni než na úrovni jednotlivých individuí. Představa „druhové selekce“ (*species selection*) pro ně není lákavá, protože nevnímají druhy jako entity, které by dlouhodobě a samostatně existovaly v geologickém čase.

Teď je vhodná chvíle pojednat o hypotéze druhové selekce, která nám tu v jistém smyslu zbyla z minulé kapitoly. Nemám v úmyslu jí zde věnovat moc prostoru, protože jsem už v *Rozšířeném fenotypu* vyjádřil své pochybnosti o její údajné důležitosti pro evoluci. Je pravda, že drtivá většina druhů, které kdy žily, vyhynula. Stejně tak je pravda, že nové druhy vznikají rychlostí, která přinejmenším vyrovnává rychlost vymírání čili extinkcí, takže neustále přetrvává jakýsi „druhový fond“, jehož složení se časem mění. Nenáhodné přežívání a odstraňování druhů z této zásobárny by opravdu teoreticky mohlo vést k nějakému vyššímu stupni přírodního výběru. Je možné, že některé vlastnosti druhu ovlivňují pravděpodobnost, že vyhyne, či že z něj vyraší nový druh. Druhy, které kolem sebe vidíme, budou především ty, které mají vše, co je třeba k tomu, aby na světě zůstaly (aby „byly speciovány“), a také to, co je třeba k tomu, aby nevyhynuly. Myslete si, že je to nějaká forma přírodního výběru, chcete-li, ačkoli mám podezření, že má blíže k jednostupňové selekci než ke kumulativnímu přírodnímu výběru. Jsem však dost skeptický ohledně představy, že by tento typ selekce mohl mít nějaký velký význam pro naše chápání evoluce.

Moje skepse může být odrazem mého zkresleného pohledu na to,

co je důležité. Jak už jsem napsal na začátku této kapitoly, po evoluční teorii především požadují, aby vysvětlila složité a dobře konstruované mechanismy – třeba srdce, ruce, oči nebo echolokaci. Nikdo, ani ten nejnadšenější druhový selekcionista, si nemyslí, že by druhová selekce něco takového mohla dokázat. Někteří vědci se domnívají, že druhová selekce umí vysvětlit některé dlouhodobé trendy ve fosilním záznamu, například běžně pozorovaný trend k zvětšování těla. Jak už jsme si ukázali, dnešní koně jsou větší než jejich 30 milionů let staří předkové. Druhový selekcionista nesouhlasí s představou, že k zvětšení došlo díky neustálé individuální výhodě: pro ně fosilní trend nenaznačuje, že by větší jedinci byli neustále úspěšnější než menší jedinci téhož druhu. Myslí si, že se stalo něco následujícího. Na počátku bylo mnoho druhů, jakýsi druhový fond. Některé z těchto druhů byly velké, jiné malé (možná proto, že v některých druzích se lépe dařilo větším jedincům, v jiných zase menším). Druhy s velkou průměrnou velikostí těla měly nižší pravděpodobnost, že vyhynou (nebo větší šanci, že z nich vypučí nové druhy), ve srovnání s drobnými druhy. Bez ohledu na to, co se dělo uvnitř druhů, vznikl (podle druhových selekcionistů) fosilní trend k větším tělům, který byl vyvolán nástupem *druhů* se stále větší velikostí těla. Je dokonce možné, že u většiny druhů měli *menší* jedinci výhodu oproti větším, přesto však mohl trend k zvětšování těla zůstat zachován. Jinými slovy, *druhová* selekce mohla upřednostňovat menšinu druhů, v jejichž rámci byli upřednostňováni větší jedinci. Přesně k tomuto závěru došel, jako skutečný dáblův advokát, velký neodarwinistický teoretik George C. Williams dávno předtím, než na scénu vstoupil druhový selekcionismus.

Mohli bychom říct, že se tu (a možná i ve všech údajných příkladech druhové selekce) setkáváme ani ne tak s evolučním trendem, jako spíše s jakousi *sukcesí*, která se podobá situaci, kdy je nějaké pusté místo postupně obsazováno stále většími a většími rostlinami od drobných plevelů přes malé byliny, keře až po zralé „klimaxové“ lesní stromy. Ať už tomu však říkáte sukcesní nebo evoluční trend, mohou mít druhový selekcionista docela dobře pravdu v tom, že to je právě tento typ trendu, s nímž se při své paleontologické práci často setkávají ve vrstvách fosilního záznamu po sobě následujících. Jak už jsem však uvedl, nikdo netvrdí, že druhová selekce je významným vysvětlením evoluce složitých adaptací. Proč?

Složité adaptace nejsou totiž ve většině případů vlastnostmi dru-

hu, ale vlastnostmi jedinců. Druhy nemají oči ani srdce; to jedinci je mají. Vyhyne-li druh kvůli špatnému zraku, tak nejspíš proto, že každý jedinec daného druhu uhynul, protože špatně viděl. Kvalita zraku je vlastností jednotlivců. Jaké vlastnosti může mít *druh*? Odpověď zní, že to musí být ty znaky, které ovlivňují přežití a rozmnožování druhu takovými způsoby, že je nelze zredukovat na součet jejich vlivů na individuální přežití a reprodukci. V hypotetickém příkladu s koňmi jsem předpokládal, že menšině druhů, u nichž byly upřednostňováni větší jedinci, hrozilo vyhynutí méně než většině druhů, u nichž byli ve výhodě menší jedinci. Taková představa je ale pořádně nepřesvědčivá. Těžko si představit důvody, kdy by souhrnný vliv pravděpodobnosti přežití jednotlivých příslušníků daného druhu neměl mít vliv na pravděpodobnost přežití celého druhu.

Lepší příklad druhového znaku – tedy znaku, který je vlastností druhu, a nikoli jedinců – je následující. Předpokládejme, že u nějakého druhu žijí všichni jedinci stejným způsobem. Například všichni koalové žijí na eukalyptových stromech a ládují se jen eukalyptovými listy. Takový druh můžeme označit za uniformní. Jiný druh se může skládat ze spousty odlišných jedinců, kteří budou žít celou řadou různých způsobů. Každý jedinec může být specialistou jako koala, ale druh jako celek vykazuje pestrou škálu stravovacích návyků. Někteří jedinci nežerou nic jiného než eukalyptové listy, jiní zase pšenici, další jen jamy, ještě další zase jen pomerančovou kůru atd. Takovému druhu říkáme variabilní. Řekl bych, že teď je celkem snadné představit si podmínky, za nichž by snadněji vymřel uniformní druh než druh variabilní. Koaly plně spoléhají na eukalypty a nějaká eukalyptová epidemie ve stylu tracheózy jilmů by jejich existenci rychle ukončila. Naopak u variabilního (pokud jde o stravovací návyky) druhu by *někteří* z jedinců překonali jakoukoli epidemii – a druh by přežil. Stejně tak lze snadno uvěřit představě, že z variabilního druhu vyraší nový dceřiný druh snadněji než z uniformního druhu. Toto by snad mohly být příklady opravdové druhové selekce. Na rozdíl od krátkozrakosti či dlouhozrakosti jsou „uniformnost“ a „variabilita“ skutečné druhové znaky. Problém je v tom, že takových znaků projevujících se na druhové úrovni je jako šafránu.

Americký evolucionista Egbert Leigh je autorem zajímavé teorie, kterou by šlo interpretovat jako možného kandidáta na příklad opravdové druhové selekce, ačkoli ji navrhl dříve, než slogan „druhová selekce“ přišel do módy. Zajímal ho věčný problém evoluce al-

truistického chování jedinců. Správně si uvědomil, že dostanou-li se individuální zájmy do konfliktu se zájmy druhu, musí krátkodobé individuální zájmy převážit. Zdá se, že nic nemůže zadržet vítězné tažení sobeckých genů. Avšak Leigh přišel s následujícím zajímavým návrhem. Musí existovat nějaké skupiny či druhy, u nichž se náhodou to, co je nejlepší pro jedince, prakticky shoduje s tím, co je nejlepší pro druh jako celek. A také musí existovat druhy, u nichž se individuální zájmy obzvláště silně odchyľují od zájmů druhu. Za jinak stejných podmínek je docela možné, že pravděpodobnost vyhynutí tohoto druhého typu druhů bude vyšší. Jakási forma druhové selekce by pak mohla upřednostňovat nikoli sebeobětování jedince, ale ty druhy, u nichž jedinec *nemusí* obětovat své vlastní blaho. Mohli bychom pak být svědky evoluce zdánlivě nesobeckého individuálního chování, neboť druhová selekce by preferovala ty druhy, u nichž individuálnímu sebezájmu nejlépe poslouží jejich vlastní zdánlivý altruismus.

Snad nejnapadnějším příkladem skutečně druhového znaku je způsob rozmnožování – pohlavního versus nepohlavního. Z důvodů, jejichž podrobný popis by přesáhl rámec této knihy, je samotná existence sexuálního rozmnožování pro darwinistu pěkně tvrdým teoretickým oříškem.* Před mnoha lety byl Ronald Fisher, který se stavěl nepřátelsky k jakékoli představě selekce na úrovni vyšší, než je jedinec, připraven udělat výjimku pro obzvláštní případ sexuality. Tvrdil, že pohlavně se množící druhy jsou z důvodů, které zde také nemohu rozebírat (nejsou tak jasné, jak by se mohlo zdát), schopny rychlejší evoluce než druhy množící se nepohlavně. Evoluci podléhají druhy, nikoli jedinci: nemůžete tvrdit, že individuální organismus evoluuje, tedy že se v evoluci mění. Fisher proto vyslovil myšlenku, že přírodní výběr na druhové úrovni je částečně zodpovědný za mimořádný výskyt sexuálního rozmnožování mezi dnešními živočichy. V takovém případě zde však hovoříme o jednostupňové, nikoli o kumulativní selekci.

Podle Fisherovy představy mají asexuální druhy tendenci vyhynout rychleji, protože nepodléhají evoluci dostatečně rychle na to, aby udržely krok s rychlostí, jakou se mění prostředí. Pohlavně se rozmnožující druhy s prostředím krok drží. Tím pádem kolem sebe

* Čtivý rozbor tohoto problému nalezne čtenář v knize Matta Ridleyho *Červená královna* (Praha 1999).

vidíme většinou sexuálně se množící druhy. Avšak ta „evoluce“, jejíž rychlost se u těchto dvou systémů liší, je pochopitelně obyčejná darwinovská evoluce poháněná kumulativní selekcí na individuální úrovni. Druhovú selekce je jednoduchá jednostupňová selekce, která vybírá mezi dvěma znaky, asexualitou versus sexualitou, pomalou versus rychlou evolucí. Veškeré nástroje sexuality, pohlavní orgány, sexuální chování, buněčné stroje obstarávající pohlavní dělení buněk, to vše musel vytvořit darwinovský kumulativní výběr na nízké individuální úrovni, *nikoli* druhová selekce. V každém případě se dnešní biologové shodují v názoru, že starší teorie, podle níž je sexualita udržována nějakým typem skupinového nebo druhového výběru, se mýlí.

Na závěr našeho vyprávění o druhové selekci můžeme říct, že dokáže vysvětlit složení „druhového fondu“ v jakémkoli konkrétním časovém okamžiku. Z toho plyne, že je také schopna vysvětlit změny v jeho složení v průběhu geologických období, a tedy i změny ve složení fosilního záznamu. Nelze ji však považovat za významnou sílu v evoluci složitých živých strojů. Jediné, co druhová selekce zvládne, je vybírat mezi alternativními složitými designy, které už ovšem vznikly v evoluci skutečnou darwinovskou selekcí. Jak už jsem řekl, druhová selekce možná funguje, ale nezdá se, že by toho *dělala* zrovna mnoho! Teď ale zpět k taxonomii a jejím metodám.

Napsal jsem, že kladistická taxonomie má oproti knihovnickému typu taxonomie výhodu v tom, že v přírodě existuje jeden jediný skutečný způsob uspořádání živých organismů, který je hierarchický a který čeká, až jej objevíme. Stačí jen vypracovat metody, jež by nám ono objevování umožnily. Bohužel zde se potýkáme s některými praktickými problémy. Nejzajímavějším strašákem taxonomů je evoluční konvergence. Tomuto navýsost důležitému jevu jsem už věnoval půl kapitoly. Ve 4. kapitole jsme si mnohokrát ukázali, že někteří živočichové se začali podobat jiným druhům z druhého konce světa, protože s nimi sdíleli podobný způsob života. Novosvětští nájezdni mravenci připomínají stěhovavé mravence Starého světa. Až zarážející podobnost vznikla během evoluce zcela nepřibuzných elektrických ryb z Afriky a Jižní Ameriky či mezi pravými vlky a vakovlkem (*Thylacinus*) z Tasmánie. U všech těchto příkladů jsem jen tak bez důkazů tvrdil, že všechny tyto podobnosti jsou konvergentní, tj. že vznikly nezávisle u nepřibuzných druhů. Jak ale víme, že jde o nepřibuzné druhy? Jak to, že taxonomy, kteří na míru pří-

buznosti mezi různými druhy usuzují na základě podobností, nezmátla podivně blízká podobnost, která na první pohled tyto tvory spojuje? Otázku můžeme obrátit i do podstatně hrozivější podoby: Tvrdí-li nám taxonomové, že dva druhy, třeba králíci a zajíci, *jsou* opravdu blízce příbuzné, jak mohou vědět, že je nepopletla mohutná konvergence?

To je skutečně znepokojující otázka, neboť historie taxonomie je plná případů, kdy pozdější taxonomové tvrdili, že jejich předchůdci se mýlili právě z tohoto důvodu. Ve 4. kapitole jsme se setkali s argentinským taxonomem, který prohlašoval, že litopterni jsou předky pravých koní, zatímco dnes je považujeme za konvergentní s pravými koňmi. Dlouho se věřilo, že africký dikobraz je blízce příbuzný americkému dikobrazovi (kuandu), dnes se však domníváme, že obě skupiny dostaly od evoluce své ostnité kabátky nezávisle. Snad se jim na obou kontinentech hodily ze stejných důvodů. Kdo nám zaručí, že budoucí generace taxonomů opět svůj názor nezmění? Jak máme věřit taxonomii, je-li konvergentní evoluce tak schopným padělatelem zrádných podobností? Skutečnost, že na scénu dorazily nové účinné metody, založené na molekulární biologii, mě však naplňuje optimismem.

Nejprve zopakují to, co jsme se dozvěděli v předešlých kapitolách. Veškerá zvířata, rostliny a bakterie, ať už se nám zdají navzájem sebevíc odlišné, jsou si úžasně podobné, sestoupíme-li na molekulární úroveň. To je nejlépe vidět na samotném genetickém kódu. Genetický slovník má 64 slov DNA, každé z nich se skládá ze tří písmen. Všechna lze přesně přeložit do řeči bílkovin, buď jako aminokyselinu, nebo interpunkční znaménko. Genetický jazyk je náhodný ve stejném smyslu, jako je lidský jazyk náhodný (například ve slově „dům“ nelze najít žádný zvuk, který by posluchači napovídal, že jde o označení budovy). Proto je tak významné, že každá forma života, bez ohledu na to, nakolik se svým vzhledem odlišuje od ostatních, „mluví“ na úrovni genů téměř naprosto stejným jazykem. Genetický kód je univerzální. To považuji za bezmála definitivní důkaz toho, že všechny organismy pocházejí z jediného společného předka. Pravděpodobnost nezávislého vzniku dvou slovníků založených na náhodných „významech“ je téměř nepředstavitelně malá. V 6. kapitole jsme si ukázali, že kdysi mohly existovat i organismy s jiným genetickým jazykem. Ty už tu však s námi nejsou. Všechny dnes žijící organismy pocházejí z jednoho předka, od nějž zdědily skoro identic-

ký, ačkoli náhodný, genetický slovník, který se téměř neliší v žádném ze svých 64 slov.

A teď si představte, co to znamená pro taxonomii. Před érou molekulární biologie si mohli být zoologové jisti příbuzností pouze u těch živočichů, kteří sdíleli velké množství anatomických znaků. Molekulární biologie náhle otevřela pokladnici podobností, jež přidala ke skromnému seznamu, který už dodala anatomie a embryologie. Oněch 64 absolutních shod (podobnost je příliš slabé slovo) sdíleného genetického slovníku je pouhý začátek. Taxonomie byla transformována. To, co bylo dříve jen vágními dohady o příbuznosti, se teď stalo ze statistického hlediska takřka jistotou.

Skutečnost, že genetický slovník je skoro doslova univerzální, taxonomům připomíná, že příliš mnoho dobrého škodí. Univerzálnost genetického kódu nám říká, že všechny formy života jsou navzájem příbuzné, ale už nám neřekne, které organismy jsou si příbuznější. To nám však může prozradit jiná molekulární informace, neboť v ní nacházíme různou míru podobnosti – nikoli úplnou stejnost. Připomeňme si, že výsledkem práce genetických překládacích strojů jsou molekuly bílkovin, z nich každá je jakousi větou složenou z řady aminokyselinových slov. Tyto věty si můžeme přečíst nejen v jejich přeložené bílkovinné podobě, ale i v původní formě zapsané v DNA. Přestože všechny organismy sdílejí stejný slovník, nevytvářejí na jeho základě stejné věty. A právě to nám poskytuje příležitost vypátrat různou míru jejich příbuznosti. Přestože se v drobnostech bílkovinné věty liší, často jsou si zhruba podobné. Pro jakýkoli pár druhů můžeme najít věty, které jsou si dostatečně podobné na to, aby bylo jasné, že jde o mírně „zkomolené“ verze stejné původní věty. Už jsme se s tím setkali v případě malých rozdílů mezi sekvencemi genu pro histony u krav a bobovitých rostlin.

Dnes mohou taxonomové srovnávat molekulární věty právě tak, jako mohou srovnávat lebky nebo kosti končetin. O velmi podobných sekvencích bílkovin nebo DNA lze předpokládat, že pocházejí z blízkých příbuzných, kdežto rozdílnější „věty“ v DNA budou spíše svůj původ odvozovat od vzdálenějších příbuzných. Všechny tyto věty jsou napsány podle univerzálního slovníku, který nemá více než 64 slov. Kouzlo dnešní molekulární biologie spočívá v tom, že rozdíly mezi dvěma živočichy můžeme přesně měřit – a to přesným počtem slov, v nichž se od sebe liší jejich verze téže věty. Vzpomeneme-li si na genetický hyperprostor z 3. kapitoly, mohli bychom mě-

řit přesný počet kroků, které dělí jedno zvíře od druhého, přinejmenším pokud jde o nějakou konkrétní molekulu bílkoviny.

Využití molekulárních sekvencí v taxonomii má podle jedné vlivné genetické školy – „neutralistů“ (*neutralists*; setkáme se s nimi v další kapitole) – ještě jednu výhodu. Víme totiž, že většina evolučních změn na molekulární úrovni je *neutrálních*. Jsou to změny, které nejsou výsledkem práce přírodního výběru, ale výsledkem náhody. Tudíž nehrozí, že by strašák konvergence, až na výjimečné smolné případy, mohl svést taxonomy na scestí. S tím souvisí i další nám už známá skutečnost – a sice, že jakákoli molekula u jakékoli skupiny živočichů se během evoluce mění vlastní konstantní rychlostí. Z toho plyne, že počet rozdílů mezi srovnatelnými molekulami, třeba mezi cytochromem člověka a prasete bradavičnatého, je dobrým měřítkem času, který uplynul od doby, kdy žil jejich společný předek. Máme tedy docela přesné „molekulární hodiny“ (*molecular clock*). Pomáhají nám odhadnout nejen míru příbuznosti mezi živočichy, ale také dobu, *kdy* přibližně jejich společný předek žil.

Na tomto místě může čtenáře zmást zdánlivý rozpor. Celá tato kniha klade důraz na zásadní význam přírodního výběru. Jak potom můžeme zdůrazňovat náhodnost evoluční změny na molekulární úrovni? Jak se dozvíte v následující kapitole, ve skutečnosti zde žádný rozpor není, alespoň vzhledem k evoluci adaptací, což je hlavní téma této knihy. Ani ten nejnaděšenější neutralista si nemyslí, že tak složité orgány jako oči nebo ruce vznikly náhodným genetickým posunem. Každý biolog, který je při smyslech, souhlasí, že něco takového mohlo vzniknout jen působením přírodního výběru. Jde jen o to, že neutralisté se domnívají – a podle mne správně –, že takové adaptace jsou jen špičkou ledovce. Většina evolučních změn na molekulární úrovni pravděpodobně neovlivňuje žádné funkce.

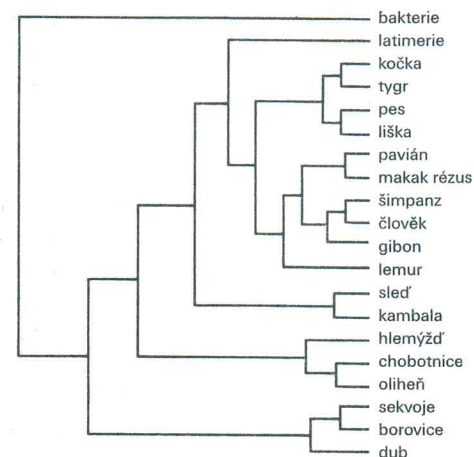
Pokud molekulární hodiny skutečně existují – a zřejmě opravdu platí, že každý typ molekuly se vyznačuje charakteristickým počtem změn za milion let –, můžeme podle nich datovat místa větvení na evolučním stromu. A je-li skutečně pravda, že většina evolučních změn na molekulární úrovni je neutrální, je to nádherný dárek pro všechny taxonomy. Znamená to totiž, že problém konvergence lze vyřešit statistickými zbraněmi. Každý živočich má ve svých buňkách zapsáno obrovské množství genetického textu, který většinou nemá podle neutralistů nic společného s přizpůsobením daného druhu jeho specifickému způsobu života, textu, kterého se selekce praktic-

ky nedotkla a jenž – až na naprosté náhody – není předmětem konvergentní evoluce. Pravděpodobnost, že dva velké úryvky selektivně neutrálního textu se budou čistě šťastnou náhodou podobat, lze spočítat, a pravděpodobnost je to opravdu velmi nízká. A co je ještě lepší, konstantní rychlost molekulární evoluce nám umožňuje *datovat* místa, kde se evoluční linie rozvětvily.

Význam nových molekulárních metod, které umožňují číst sekvenční údaje a které se staly součástí výzbroje taxonomů, lze sotva přeceňovat. Všechny molekulární sekvenční údaje všech živočichů ještě samozřejmě rozluštěny nebyly, ale už dnes je možné navštívit molekulární knihovnu a vyhledat si doslovné a „dopísmenné“ sekvenční údaje alfa-hemoglobinu psa, klokana, ježury, kuřete, zmiže, čolka, kapra nebo člověka. Ne všichni živočichové mají hemoglobin, ale existují jiné bílkoviny, například histony, jejichž nějakou verzi má každé zvíře a rostlina. Také mnoho z nich už lze najít v knihovnách. Nejde o žádné nepřesně naměřené hodnoty, jako třeba o délku nohy či šířku lebky, které se mohou měnit s věkem a zdravotním stavem jedince, či dokonce s kvalitou zraku výzkumníka. Jde o přesně zapsané alternativní verze téže věty ve stejném jazyce, které lze položit vedle sebe a srovnávat tak detailně, jako mohl pečlivý řecký učenec srovnávat dva pergamenové zápisy stejného evangelia. Sekvenční údaje DNA jsou evangelii všeho živého a nám se je povedlo rozluštit.

Každý taxonom vychází ze základního předpokladu, že blízcí příbuzní budou mít podobnější verze nějaké konkrétní molekulární věty než vzdálenější příbuzní. Tomu říkáme „princip parsimonie“ (*parsimony principle*). Parsimonie je jen jiný výraz pro ekonomickou úspornost. Máme-li soubor známých sekvencí nějakých živočichů, třeba osmi zvířat zmíněných v předešlém odstavci, je naším úkolem zjistit, který ze všech možných stromových diagramů, jenž potenciálně spojuje těchto osm tvorů, je nejvíce parsimonní. Bude to strom, jenž bude „ekonomicky nejúspornější“, ovšem za předpokladu, že v evoluci nastal nejmenší možný počet změn a minimum konvergencí. Tomu můžeme věřit z čistě pravděpodobnostních důvodů. Je totiž nepravděpodobné, zvláště je-li většina molekulární evoluce neutrální, že by se dvě nepřibuzná zvířata trefila přesně do téže sekvence, slovo od slova a písmeno od písmene.

Chceme-li se podívat na všechny potenciální stromy, dostáváme se do výpočetních potíží. Chceme-li klasifikovat jen tři živočichy, je počet možných stromů roven třem: A spolu s B, přičemž C je na ved-



9

Tento rodokmen je správný. Existuje 8 200 794 532 637 891 559 374 dalších způsobů, jak klasifikovat 20 organismů – všechny z nich jsou špatné.

lejší větvi; A spolu s C, s tím, že B je na vedlejší větvi; a B spolu s C, kdy A je na vedlejší větvi. Totéž lze spočítat pro jakýkoli počet živočichů, avšak počet potenciálních stromů prudce stoupá. Vezmeme-li v úvahu pouhé čtyři druhy, bude celkový počet možných stromů stále zvládnutelný – 15. Počítači nezabere mnoho času spočítat, který z nich je nejvíce parsimonní. Budeme-li však chtít klasifikovat 20 živočichů, bude počet možných stromů 8 200 794 532 637 891 559 375 (viz obrázek 9). Bylo spočítáno, že nejrychlejšímu z dnešních počítačů by nalezení nejparsimonnějšího stromu pro pouhých 20 živočichů trvalo 10 miliard let, což je přibližně délka existence vesmíru. A to chtějí taxonomové často vytvářet stromy pro více než 20 druhů.

Přestože byli molekulární taxonomové první, kdo se o něj začal zajímat, číhal ve skutečnosti problém s explozivním nárůstem velkých čísel i ve všech nemolekulárních taxonomických oborech. Nemolekulární taxonomové mu unikli jednoduše na základě intuitivních dohadů. Ze všech potenciálních stromů lze předem obrovské množství stromů okamžitě vyloučit – například všechny ty miliony možných stromů, které umísťují člověka blíže k žízálám než k šimpanzům. Taxonomové se ani neobtěžují brát v úvahu tak evidentně absurdní příbuzenské stromy a spíše se soustředí na relativně málo stromů, jež příliš drasticky nenarušují jejich předběžné úsudky. To

je zřejmě v pořádku, ačkoli je tu vždy nebezpečí, že ten nejvíce parsimonní strom bude mezi těmi, které byly vyloučeny bez dalšího zkoumání. Také počítač lze ovšem naprogramovat tak, aby dokázal dělat zkratky, a tak lze problém s explozivním nárůstem počtu potenciálních stromů milosrdně odstranit.

Molekulární informace je tak bohatá, že svou klasifikaci můžeme opakovaně provádět na základě různých bílkovin. Výsledek analýzy založené na jedné molekule nám pak může posloužit jako kontrola studie založené na jiné molekule. Máme-li obavy, že příběh, který nám prozradila jedna molekula bílkoviny, je ve skutečnosti ovlivněn konvergencí, můžeme si to okamžitě ověřit na nějaké jiné molekule. Konvergentní evoluce je opravdu zvláštní případ shody náhod. S ohledem na tyto koincidence je důležité, že i když se mohou stát jednou, je jen velice málo pravděpodobné, že k nim dojde podruhé. A ještě menší je pravděpodobnost, že se odehrají potřetí. Tím, že budeme analyzovat více různých proteinů, můžeme problém shody náhod skoro vyloučit.

V jedné studii klasifikovala skupina novozélandských biologů 11 živočichů (ovci, makaka rézuse, koně, klokana, potkana, králíka, psa, prase, člověka, krávu a šimpanze), a to ne jednou, ale pětkrát na základě pěti různých molekul bílkoviny. Vědci nejprve vytvořili strom na základě jedné bílkoviny a pak se podívali, zda dostanou *tentýž* strom podle jiné bílkovinné molekuly. Totéž udělali pro třetí, čtvrtý a pátý protein. Teoreticky je možné, že kdyby evoluce neexistovala, ukázala by každá z bílkovin úplně jiný strom „příbuzenských vztahů“.

Pro všech 11 živočichů bylo v knihovně k dispozici všech pět bílkovinných sekvencí. Pro 11 zvířat lze uvažovat o 654 729 075 možných stromech. Proto se vědci museli uchýlit k různým výpočetním figlům, které počítačům usnadnily práci. Nakonec ovšem pro každou z pěti molekul vyrobil počítač nejvíce parsimonní strom. To nám dává pět nezávislých odhadů, jaké jsou příbuzenské vztahy mezi zmíněnými 11 druhy. Nejlepší výsledek, jaký bychom mohli očekávat, je, že všech pět stromů bude identických. Pravděpodobnost, že k tomuto výsledku dospějeme čirou náhodou, je opravdu nesmírně malá: je to jedna ku číslu, které má 31 nul. Nemělo by nás však překvapit, jestliže se nám nepodaří získat natolik dokonalou shodu: jistou míru konvergentní evoluce a shody náhod můžeme přece jen čekat. Mělo by nás však znepokojit, nebudou-li se stromy z pod-

statné části shodovat. Ve skutečnosti se ukázalo, že pět stromů není úplně stejných, ale velmi podobných. Na všech pěti jsou člověk, šimpanz a makak rézus blízko sebe, úplná shoda však nepanuje v tom, které další zvíře je nejbližší tomuto shluku: podle hemoglobinu B je to pes, podle fibrinopeptidu B potkan, fibrinopeptid A ukazuje na shluk zahrnující potkana a králíka a na základě hemoglobinu A jde o shluk tvořený potkanem, králíkem a psem.

Máme jednoho společného předka se psem a jiného společného předka s potkanem. Oba předkové skutečně někdy v minulosti žili. Jeden z nich musí být starší, takže výpočet na základě hemoglobinu B, nebo fibrinopeptidu B se v odhadu evoluční příbuznosti musí mýlit. Jak už jsem poznamenal, takové drobné nesrovnalosti nás nemusí trápit, neboť očekáváme nějakou míru konvergence a nějaké ty shody náhod. Máme-li ve skutečnosti bližší k psovi, znamená to, že my a potkani jsme k sobě navzájem konvergovali s ohledem na fibrinopeptid B. Jsme-li však ve skutečnosti bližší potkanovi, znamená to, že jsme spolu se psy konvergovali v hemoglobinu B. Která z těchto možností je pravděpodobnější, nám pomohou ujasnit další molekuly. Tím se zde však zabývat nebudeme, protože k našemu závěru jsme už došli.

Už jsem se zmínil, že taxonomie je jedním z nejnevrlějších a nejnesnášenlivějších biologických oborů. Stephen Jay Gould to dobře vystihl sloganem „jména a jedovatosti“. Taxonomové jsou se svými myšlenkovými školami svázáni s takovou zvilostí, jakou za normálních okolností očekáváme spíše v politologii či ekonomice, ale běžně ne v akademických oborech. Je jasné, že přívrženci konkrétní taxonomické školy berou sami sebe jako pronásledovanou skupinu svatých bratří, stejně jako kdysi prvotní křesťané. Poprvé jsem si to uvědomil, když mi můj známý, který se zabývá taxonomií, zcela konsternovaný a s tváří rozpálenou doběla sdělil „novinku“, že ten a ten (na jméno nezáleží) „*dezertoval* ke kladistům“.

Následující stručný přehled taxonomických škol pravděpodobně pocuchá nervy některým jejich přívržencům, ale jistě ne více, než když se naprosto běžně navzájem sami dohánějí k zuřivosti. Nikdo nebude nespravedlivě poškozen. Z hlediska svého základního pohledu na svět spadají taxonomové do dvou hlavních táborů. Na jedné straně stojí ti, kdo nedělají žádné cavyky ohledně skutečnosti, že jejich neskrývaným cílem je odhalit evoluční příbuzenské vztahy. Pro ně (i pro mne) je dobrý taxonomický strom takový, který je stromem

evolučních vztahů. Při taxonomické práci si berete na pomoc všechny metody, které máte k dispozici, abyste udělali ty nejlepší odhady o míře příbuznosti jednoho živočicha k druhému. Najít pro tuto skupinu nějaké jméno je těžké, neboť název, který je nasnadě – „evoluční taxonomové“ (*evolutionary taxonomists*) – si uzurpovala jedna konkrétní názorová podskupina. Někdy se jim říká „fyletici“ (*phyleticists*).^{*} Až k tomuto místu jsem tuto kapitolu napsal z pohledu fyletika.

Jenže mnoho taxonomů pracuje jiným způsobem, a to z docela rozumných důvodů. Přestože by nejspíše souhlasili s názorem, že konečným úkolem taxonomie je objevování evolučních vztahů, trvají na tom, že taxonomická *praxe* by měla být oddělena od teorie – podle všeho evoluční teorie – o tom, co vedlo k zjištěným závěrům o podobnostech mezi organismy. Tito taxonomové zkoumají podobnosti samy o sobě. Nezajímá je předem, zda jsou podobnosti výsledkem evoluční historie a zda je blízká podobnost výsledkem blízké příbuznosti. Zakládají spíše svou taxonomii pouze na podobnosti jako takové.

Výhoda tohoto přístupu tkví v tom, že máte-li jakékoli pochyby o existenci evoluce, můžete použít podobnost mezi organismy k tomu, abyste své pochyby otestovali. Pokud evoluce skutečně probíhá, měly by podobnosti mezi živočichy odpovídat určitým předpověditelným zákonitostem, zejména hierarchickému uhníždění. Neexistuje-li evoluce, buďví *jaké* zákonitosti bychom měli očekávat, ale není žádný důvod očekávat uhnížděné hierarchické uspořádání. Tato názorová škola trvá na tom, že předpokládáte-li existenci evoluce po celou dobu, co *děláte* svou taxonomii, nemůžete použít výsledky své práce pro podporu pravdivosti evoluce: to by byl argument kruhem. To bychom mohli považovat za pádný argument, pokud by ovšem někdo měl vážné pochyby o pravdě evoluce. Také zde není lehké najít vhodné jméno pro tuto druhou názorovou taxonomickou školu. Těmto „měřičům čistých podobností“ (*pure-resemblance measurers*) budu říkat „podobníci“.

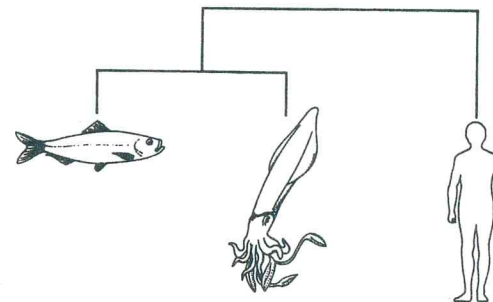
Fyletici – čili taxonomové, kteří se otevřeně pokoušejí zjistit evoluční vztahy – se dále rozpadají na dvě názorové školy. Na kladisty (*cladists*), kteří pracují podle principů, které zavedl Willi Hennig ve své slavné knize *Phylogenetic Systematics* (*Fylogenetická systematika*), a na „tradiční“ evoluční taxonomy („*traditional*“ *evolutionary taxo-*

^{*} Častější bývá označení fylogenetičtí systematici.

nomists). Kladisté jsou posedlí větvením. Jejich cílem je zjistit pořadí, v němž se v průběhu evoluce od sebe oddělovaly jednotlivé rodokmeny. Nezáleží jim na tom, jak moc nebo málo se tyto evoluční linie změnily od místa větvení. „Tradiční“ (*nejde* o pejorativní označení) evoluční taxonomové se liší od kladistů především v tom, že je nezajímá jen větvení evolučních linií, ale berou v úvahu i celkové množství evoluční změny.

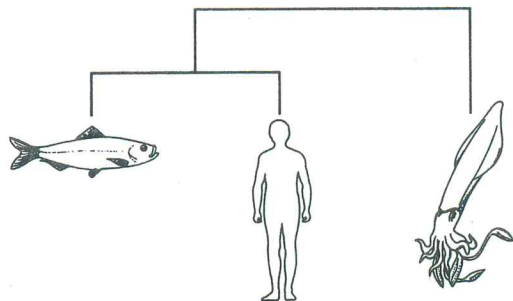
Jakmile se kladisté pustí do práce, mají stále na mysli větvicí se evoluční stromy. V ideálním případě sepiší všechny možné větvicí se stromy pro živočichy, jimiž se zrovna zabývají (pouze dichotomické stromy, neboť trpělivost každého člověka má své meze!). Jak už jsme si ukázali u molekulární taxonomie, zabředáváme s tímto přístupem do problémů, chceme-li klasifikovat mnoho živočichů, neboť počet možných stromů narůstá do astronomických hodnot. Naštěstí jsou k dispozici použitelné zkratky a vhodná přiblížení, díky nimž lze tento způsob taxonomické práce realizovat.

Kdybychom pro jednoduchost chtěli klasifikovat jen tři živočichy, oliheň, sledě a člověka, existovaly by jen tři možné dvouvětvené stromy:

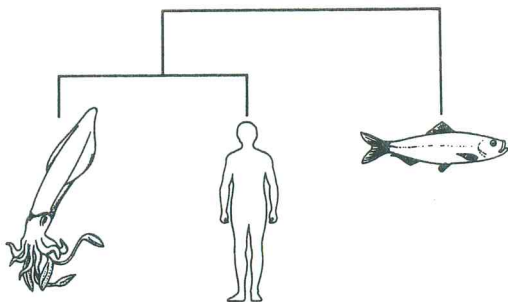


1. Oliheň a sledě jsou si blíže, člověk je „outgroup“.*

^{*} „Outgroup“ je v české biologické hantýrce zavedený pojem, proto jej zde nepřekládám. Označuje skupinu, která ve fylogenetické analýze není zahrnuta mezi skupinami, jejichž příbuzenské vztahy nás zajímají (leží tedy „mimo“ shluk námi sledovaných skupin, odtud anglický výraz „outgroup“). Outgroup – tedy jakýsi „vnější taxon“ – by jim měl být co nejpříbuznější (v ideálním případě by mělo jít o sesterskou skupinu); slouží ke srovnávacím účelům a umožňuje určit polaritu znaků, tj. který stav znaku je původní a který odvozený. Dnes se kladisté snaží zahrnout do analýzy více než jeden outgroup, aby dosáhli věrohodnějších výsledků.



2. Člověk a sled' jsou si navzájem blíže, outgroup je oliheň.



3. Oliheň a člověk jsou si blíže, outgroup je sled'.

Kladista by si postupně prohlédl všechny tři potenciální stromy a vybral by ten nejlepší. Jak ho pozná? V podstatě by to byl ten strom, který spojuje živočichy, kteří mají nejvíce společných znaků. Jako „outgroup“ označíme živočicha, jenž má nejméně znaků společných s druhými dvěma. Ze zde zobrazených stromů by byl vybrán druhý, protože člověk a sled' sdílejí navzájem mnohem více společných znaků, než sdílí oliheň se sleděm nebo oliheň s člověkem. Oliheň je outgroup, protože nemá mnoho společných znaků ani s člověkem, ani se sleděm.

Ve skutečnosti to není tak jednoduché, že by se jen spočítaly společné znaky, neboť některé z nich jsou úmyslně ignorovány. Kladista dává větší váhu znakům, které se v evoluci objevily teprve nedávno. To proto, že starobylé znaky, jež například všichni savci zdědili od svých předků (prvních savců), jsou nepoužitelné pro klasifikaci uvnitř této skupiny. Metody, na základě nichž kladista rozhoduje,

kteří znaky jsou starobylé, jsou zajímavé, ale zavedly by nás mimo rámec této knihy. V tuto chvíli bychom si měli zapamatovat, že kladista většinou uvažuje o všech možných dichotomických stromech, které by *mohly* spojit živočichy, jimiž se zabývá, a pokouší se mezi nimi vybrat jeden správný strom. A pravý kladista nedělá žádné cavyky ohledně toho, že uvažuje o větvících se stromech čili „kladogramech“ (*cladograms*) jako o rodokmenech, tedy o stromech, které jsou odrazem evolučních příbuzenských vztahů.

Dohnána do extrému může posedlost větvením sama o sobě vést k podivným výsledkům. Teoreticky je možné, aby nějaký druh byl do detailu *identický* se svým vzdáleným příbuzným, zatímco by se výrazně lišil od svého blízkého příbuzného. Zkusme si třeba představit dva velmi podobné druhy ryb – řekněme jim Jákob a Ezau – žijící před 300 miliony let. Obě ryby založily dynastie, jejichž potomci žijí do dnešních dnů. Potomci Ezaua stagnovali, neboť se přestěhovali hluboko do moře a tam se jejich evoluce zastavila. Proto je také dnešní potomek Ezaua úplně stejný jako Ezau samotný a proto se také velmi podobá Jákobovi. Jákobovi potomci se během své evoluce měnili a vzkvétali, až se z nich nakonec stali dnešní savci. Avšak jeden rodokmen jeho potomků se také přestěhoval do mořských hlubin, kde sice stagnoval, ale zanechal dodnes své následovníky. Ti jsou k nerozeznání podobní dnešním Ezauovým potomkům.

Jak teď tyto živočichy klasifikovat? Tradiční evoluční taxonom by rozpoznal velkou podobnost mezi primitivními hlubokomořskými potomky Jákoba a Ezaua a klasifikoval by je dohromady. To by striktní kladista udělat nemohl. Ať už hlubokomořští potomci Jákobovi jsou sebevíc podobní hlubokomořským potomkům Ezauovým, zůstávají přesto více příbuzní savcům. Jejich společný předek se savci žil blíže dnešní době, byť jen o trochu, než jejich společný předek s Ezauovými potomky. Proto musí být klasifikováni společně se savci. To se může zdát divné, ale osobně to beru v klidu. Je to přinejmenším naprosto logické a jasné. Kladistika i tradiční evoluční taxonomie mají každá vlastní ctnosti a mně zas tolik nezáleží na tom, jakým způsobem kdo klasifikuje živočichy, pokud mi jasné řekne, jak to dělá.

Obraťme teď svou pozornost k druhé hlavní myšlenkové škole, měřičům čistých podobností, tedy k podobníkům. Ti se také rozpadají na dvě podskoly. Obě se shodují v tom, že je třeba ze svých každodenních myšlenek při práci evoluci vypudit, ale už ne v tom, jak

při své každodenní práci postupovat. Jedné z těchto podškol se někdy říká „fenetici“ (*pheneticists*), jindy „numeričtí taxonomové“ (*numerical taxonomists*). Budu jim říkat „měřiči průměrných vzdáleností“ (*average-distance measurers*), tedy „průměrníci“. Přívrženci druhé školy si sami říkají „transformovaní kladisté“ (*transformed cladists*). To není zrovna nejlépe zvolené jméno, neboť jsou všechno ostatní, jenom *ne* kladisté! Když Julian Huxley vymyslel pojem klad (*clade*), jasně a jednoznačně ho definoval z hlediska evolučního větvení a evolučního původu – jako skupinu všech organismů, které pocházejí z jednoho konkrétního předka.* Protože hlavní snahou „transformovaných kladistů“ je vyhnout se veškerým zmínkám o evoluci a původu, těžko si mohou říkat kladisté. Přesto to dělají – z historických důvodů. Začínali totiž jako praví kladisté a také si ponechali některé metodické přístupy kladistů, zatímco opustili jejich základní filozofii a logiku uvažování. Řekl bych, že nemám na výběr a budu je muset (byť s váháním) nazývat transformovanými kladisty.

Průměrníci nejenže odmítají zahrnout evoluci do své taxonomie (ačkoli žádný z nich o evoluci nepochybuje), shodují se také na tom, že ani nebudou předpokládat, že by uspořádání podobnosti nutně muselo vypadat jako jednoduchá větvení se hierarchie. Snaží se spoléhat na metody, které odhalí hierarchické uspořádání, pokud opravdu existuje, ale nezjistí ho, pokud ve skutečnosti neexistuje. Pokoušejí se ptát Přírody, zda je skutečně uspořádána hierarchicky. Není to lehký úkol a bylo by zřejmě poctivé říct, že pro dosažení tohoto cíle ve skutečnosti neexistují žádné metody. Nicméně se mi samotný cíl jejich snah jeví jako chvályhodný pokus zbavit se předpojatosti. Jejich metody jsou často dost sofistikovány a matematické a hodí se stejně dobře pro klasifikaci neživých věcí, například nerostů či archeologických vykopávek, jako pro živé organismy.

Svou práci začínají tím, že změří vše, co jen na zvířatech, jež je zajímavé, změřit lze. Musíte mít trošku pod čepicí, máte-li tato měření správně interpretovat, ale do toho zde nebudu zacházet. Konečným výsledkem je zkombinování všech naměřených hodnot, čímž dostanou index podobnosti (či naopak index rozdílnosti) mezi všemi zvířaty navzájem. Chcete-li, můžete si představit zvířata jako obláčky bodů v prostoru. Potkani, křečci, myši a ostatní by se nacházeli v jedné části prostoru, daleko od nich by se vznášel další malý oblá-

* Jinak řečeno – klad je monofyletický taxon.

ček ze lvů, tygrů, levhartů, gepardů a spol. Vzdálenost mezi kterýmkoli dvěma body v prostoru je měřítkem toho, nakolik se navzájem podobají, když se dohromady zkombinuje velké množství jejich znaků. Vzdálenost mezi lvem a tygrem je malá, podobně jako vzdálenost mezi potkanem a myší. Avšak vzdálenost mezi potkanem a tygrem nebo mezi myší a lvem je velká. Kombinování znaků většinou průměrníci provádějí pomocí počítače. Prostor, v němž tato zvířata sedí, se povrchně podobá říši biomorf, ale „vzdálenosti“ jsou zde spíše odrazem tělesné podobnosti než genetických podobností.

Počítač je naprogramován tak, aby poté, co spočítá index průměrné podobnosti (nebo vzdálenosti) mezi všemi zvířaty navzájem, prozkoumal všechny vzdálenosti či podobnosti a pokusil se je uspořádat do hierarchických shluků. Bohužel existuje řada neshod v tom, jaká výpočetní metoda by při tomto shlukování byla nejvhodnější. Žádná z metod není jednoznačně správná a různé metody nevedou ke stejnému výsledku. Ještě horší však je skutečnost, že je docela možné, že některé z těchto počítačových metod se až příliš „horlivě“ pokoušejí „vidět“ hierarchicky uspořádané shluky uvnitř jiných shluků dokonce i tehdy, když tam ve skutečnosti žádné nejsou. V poslední době škola měřičů průměrných vzdáleností či „numerických taxonomů“ poněkud vyšla z módy. Myslím si, že jde o krátkodobou záležitost, takové už módní trendy bývají, a také, že tento typ „numerické taxonomie“ se jen tak odepsat nenechá. Očekávám jeho návrat.

Druhá škola podobníků si říká transformovaní kladisté z historických důvodů, na něž jsem už upozornil. Právě z této skupiny převážně číší ona „jedovatost“. Nebudu se, jak bývá zvykem, pokoušet vystopovat historii jejich vzniku v řadách opravdových kladistů. Ve svém základním přístupu mají tito transformovaní kladisté více společného s jinou školou podobníků, a to s „fenetiky“ nebo „numerickými taxonomy“, o nichž jsem právě pojednal pod názvem průměrníci. Společně sdílejí nechuť zatahovat evoluci do taxonomické praxe, ačkoli to *nutně* neznačí nenávisť k samotné myšlence evoluce.

Transformovaní kladisté sdílejí s pravými kladisty řadu praktických metod. Od počátku obě skupiny uvažují prostřednictvím vidličnatě se větvicích stromů, obě považují některé typy znaků za taxonomicky důležité a jiné typy znaků za taxonomicky bezcenné. Neshodují se však v logickém zdůvodnění této vybíravosti. Transformo-

vani kladisté – podobně jako průměrníci – se nepokoušejí nalézt evoluční rodokmeny. Hledají stromy založené na čisté podobnosti. S průměrníky souhlasí v tom, že otázku, zda jsou podobnosti odrazem evoluční historie, je třeba nechat otevřenou. Avšak na rozdíl od těchto měřičů, kteří jsou alespoň teoreticky připraveni ponechat na Přírodě, aby jim řekla, zda je sama skutečně hierarchicky uspořádaná, transformovaní kladisté *předpokládají*, že je. Je to pro ně axiom, článek víry, že věci by měly být klasifikovány do větví se hierarchií (či do skupin uhnížděných v jiných skupinách, což je vlastně totéž). Protože pro ně nemá větví se strom nic společného s evolucí, nemusí se nutně aplikovat jen na živé organismy. Podle zastánců transformované kladistiky lze jejich metody aplikovat nejen na klasifikaci zvířat a rostlin, ale i nerostů, planet, knih a hrnců z doby bronzové. Nepodepsali by se pod závěr, jež jsem se snažil vysvětlit na příkladu s knihovnou, tedy že evoluce je jediným rozumným základem pro unikátní hierarchickou klasifikaci.

Průměrníci tedy měří, jak daleko je jeden živočich od každého z ostatních, přičemž „daleko“ chápou ve smyslu „nepodobá se“ a „blízko“ znamená „připomíná“. Jakmile spočítají společný průměrný index podobnosti, začnou s pokusem o interpretaci svých výsledků pomocí větví se „stromového“ diagramu, kde shluky leží uvnitř jiných shluků. To transformovaní kladisté, podobně jako čistokrevní kladisté, jimiž kdysi byli, uvažují o shlucích a větvích od počátku. Podobně jako praví kladisté by začali, alespoň zpravidla, sepsáním všech možných dvouvětvnatých stromů, z nichž by pak vybrali ten nejlepší.

O čem však ve skutečnosti mluví, když uvažují o každém možném „stromu“, a co mají na mysli nejlepším z nich? Jakému hypotetickému stavu každý strom odpovídá? Pro pravého kladistu, následovníka Williho Henniga, je odpověď naprosto jasná. Každý z 15 možných stromů spojujících čtyři živočichy reprezentuje možný rodokmen. Ze všech 15 možných rodokmenů je však správný pouze a jen jediný. Historie předků dané skupiny zvířat se opravdu stala. Existuje 15 možných historií, vyjdeme-li z předpokladu, že všechny stromy jsou dichotomické, tedy dvouvětvné. Čtrnáct z těchto možností musí být špatně. Pouze jediná může být dobře a může odpovídat historii, tak jak se skutečně odehrála. Ze všech 135 135 možných rodokmenů, které spojují osm živočichů, jich 135 134 musí být chybných a jen jediný odpovídá historické pravdě. Nemusíme si být jisti, *kteřý*

z nich je ten správný, ale opravdový kladista může mít alespoň na prostou jistotu, že skutečně správný strom je pouze *jeden*.

Co však znamená oněch 15 (nebo 135 135 či jakýkoli jiný počet) možných stromů, z nichž jeden jediný je správný, v neevolučním světě transformovaných kladistů? Odpověď zní – nic moc, jak podotkl můj kolega a dřívější student Mark Ridley ve své knize *Evolution and Classification (Evoluce a klasifikace)*. Transformovaný kladista nedovolí, aby do jeho úvah představa *původu* vůbec vstoupila. „Předek“ je pro něj sprosté slovo. Na druhé straně však trvá na tom, že klasifikace musí být větevnatá a hierarchická. Nepředstavuje-li tedy těch 15 (nebo 135 135) možných hierarchických stromů nějakou historii, co pak proboha znamenají? Nezbyvá než obrátit se na pradávnou filozofii pro nějakou zmatenou idealistickou představu, že svět je prostě uspořádán hierarchicky, představu, podle níž všechno na světě má svůj „protějšek“, své mystické jing a jang. K ničemu konkrétnějšímu se tu nikdy nedostaneme. V neevolučním světě transformovaného kladisty jednoduše není možné říct nic jasně a jednoznačně, třeba že „jen jeden ze 945 možných stromů spojujících 6 živočichů může být správný, všechny ostatní musí být chybné“.

Proč je pro transformované kladisty „předek“ sprosté slovo? Není to (doufám) tak, že by si mysleli, že žádní předkové nikdy neexistovali. Spíš se jen rozhodli, že něco takového jako předkové nemá v taxonomii místo. To je obhájitelná pozice, aspoň pokud jde o každodenní taxonomickou *praxi*. Žádný kladista ve skutečnosti na rodokmeny nekreslí zvířata z masa a krve, ačkoli to tradiční evoluční taxonomové někdy dělají. Kladisté všech ražení berou všechny vztahy mezi skutečnými pozorovatelnými zvířaty z formálního hlediska jako *pokrevní příbuzenství*. To má svůj jasný smysl. Co však smysl postrádá, je samotná tabuizace celého *konceptu* předků a odmítání brát předky v úvahu při fundamentálním ospravedlnění toho, proč by základem taxonomie měly být hierarchicky se větvící stromy.

Až nakonec jsem si nechal nepodivnější rys taxonomické školy transformovaných kladistů. Někteří z nich se nespokojili se zcela rozumným názorem, že se jim podaří vyloučit z taxonomické *praxe* úvahy o předcích a evoluci (tuto víru sdílejí s fenetickými „průměrníky“), a rovnou vyrazili do útoku s tvrzením, že na evoluci samotné musí být něco špatně! Tato bizarní skutečnost je téměř k neuvěření, ale někteří přední „transformovaní kladisté“ se netají svým opravdovým nepřátelstvím vůči samotné představě evoluce, zvláště pak

vůči darwinovské evoluční teorii. Dva z nich, Gareth Nelson a Norman Platnick z Amerického přírodovědného muzea v New Yorku, zašli tak daleko, že napsali, že „darwinismus ... je stručně řečeno teorie, která byla testována, a o níž se ukázalo, že je mylná“. Nesmírně rád bych věděl, co to bylo za „test“, a ještě víc jsem žádostiv se dovědět, jakou alternativní teorii by Nelson s Platnickem objasnili jevy, které darwinismus vysvětluje – především adaptivní složitost.

Ne že by sami transformovaní kladisté byli fundamentalistickými kreacionisty. Sám bych řekl, že si libují v poněkud nadnesených představách o důležitosti taxonomie mezi biologickými vědami. Rozhodli se, snad správně, že se jim bude taxonomie dělat lépe, zapomenou-li na evoluci, a hlavně že nikdy nesáhnou po konceptu předka, budou-li o taxonomii přemýšlet. Stejně tak se může výzkumník zabývající se nervovými buňkami rozhodnout, že mu přemýšlení o evoluci v jeho úvahách nijak nepomáhá. Specialista na nervovou soustavu sice souhlasí, že objekt jeho zájmu je produktem evoluce, ale tuto skutečnost ke svému výzkumu nepotřebuje brát v úvahu. Zato toho potřebuje hodně vědět o fyzice a chemii a věří, že darwinismus nemá žádnou důležitost pro jeho každodenní bádání. To je obhájitelný názor. Nemůžete však rozumně tvrdit, že když ve své každodenní praxi ve svém konkrétním oboru nějakou konkrétní teorii nepotřebujete, je proto dotyčná teorie *mylná*. Něco takového můžete vypustit z úst pouze tehdy, máte-li pozoruhodně grandiózní odhad důležitosti svého vlastního vědního oboru.

Ani pak by to nebylo logické. Fyzik nepochybně na to, aby mohl dělat fyziku, darwinismus nepotřebuje. Může si myslet, že biologie je ve srovnání s fyzikou triviální záležitost. Z toho by vyplývalo, že podle jeho názoru má darwinismus pro vědu minimální význam. Na základě toho by však nemohl rozumně dojít k závěru, že darwinismus je právě proto *mylný*! Jenže zrovna něco takového udělaly vůdčí osobnosti z řad transformovaných kladistů. Dobře si povšimněte, že „mylný“ je přesně ten výraz, jež Nelson s Platnickem použili. Nemusím snad ani dodávat, že jejich slova zachytily citlivé mikrofony, o nichž jsem se zmínil v předešlé kapitole, a že výsledkem byla značná publicita. Vydobyli si tím čestné místo ve fundamentalistické kreacionistické literatuře. Když na mou univerzitu nedávno přišel přednášet jeden z vůdčích transformovaných kladistů, přitáhl větší dav než jakýkoli jiný přednášející v tom roce! Není těžké se dovtípit proč.

Není vůbec divu, že tvrzení typu „darwinismus ... je ... teorie, která byla testována, a o níž se ukázalo, že je mylná,“ z úst zavedených biologů, kteří pracují v uznávaném národním muzeu, naženou vodu na mlýn kreacionistům a dalším, kteří jsou aktivně zainteresováni na šíření lží. Toto je jediný důvod, proč jsem své čtenáře vůbec obtěžoval tématem transformované kladistiky. Mark Ridley ve své recenzi na knihu, v níž Nelson s Platnickem naznačili, že darwinismus je mylný, poněkud jemněji poznamenal: „Kdo by to byl řekl, že vše, co tím *mysleli*, bylo, že předky lze jen těžko zařadit do kladistické klasifikace?“ Samozřejmě že není snadné přesně identifikovat, kdo byli skuteční předkové, a existuje pár dobrých důvodů, proč se do toho ani nepouštět. Avšak vyhlašovat něco, co ostatní přivede k závěru, že žádní předkové nikdy *neexistovali*, znamená zkompromitovat jazyk a zradit pravdu.

Teď snad bude lepší, když půjdu ven okopávat zahrádku – nebo tak něco.