

Organické kódy a paměti

Jana Švorcová

„DNA (Deoxyribonukleová kyselina) je nositelkou genetické informace všech organismů s výjimkou těch nebuněčných organismů, u nichž hraje tuto úlohu RNA (RNA-viry, virusoidy a viroidy). DNA je pro život nezbytnou látkou, která ve své struktuře kóduje a buňkám zadává jejich program, a tím předurčuje vývoj a vlastnosti celého organismu“ (Wikipedia).

Tato definice deoxyribonukleové kyseliny je odrazem dnešního převažujícího chápání role DNA, jakožto nositelky veškeré informace nutné pro pochopení vývoje živé bytosti. Toto chápání má svůj původ v genocentrickém pohledu na živé organismy již od dob neodarwinistické syntézy. Dle něho geny zcela kauzálně ovlivňují fenotyp a ontogenezi organismů, vše je napevno „zadrátováno“ a řízeno programem. Tato představa DNA jakožto pasivní litery programu, který je dekódován pomocí molekulárních automatů, které dále staví tělo, popírá autonomnost živých systémů a redukuje vše živé na Descartesovy „štěkající stroje“. Zápis DNA je pak informační instrukcí, ne informací, které by měla buňka porozumět.

Právě ono programové předurčení je nešťastnou formulací v této definici. Mnozí biologové navzdory obecně sdílené víře upozorňují na to, že vztah genů a tělesné podoby organismu není jednoduše odvoditelný (Markoš, Vyskot). Kromě uznaného faktu, že genetický kód není výsledkem pouhých fyzikálněchemických procesů v buňce (a následnému útěku k vysvětlení genetického kódu jakožto zmrzlé náhody), objevuje se čím dál více poznatků epigenetiky a zcela neobjasněnou stále zůstává např. i role produktů regulačních genů v evoluci a ontogenezi organismů. Nicméně výše uvedené formulace utvářejí už dlouhá desetiletí názorovou atmosféru nejen na poli vědy a později je velmi obtížné se z této atmosféry vymanit.

Oproti tomuto redukujícímu pojetí stojí tradice sémiotické biologie, která přisuzuje molekulárně informační struktuře DNA sémantický obsah. Ten se pak významově nerealizuje díky přečtení programem, ale díky interpretačnímu úkonu. Analogií tohoto příkladu může být vztah textu, čtenáře a významu, který pro čtenáře daný text nese. Významem je dané jedinečné uchopení textu čtenářem, jeho představy, myšlenkové obrazy, jedinečné asociace. Čtenářův výklad závisí samozřejmě na momentálním způsobu bytí čtenáře, na jeho životní zkušenosti. Text je tu pro čtenáře, čtenář je předpokládán, ba dokonce musel být ve vztahu přítomen dříve než samotný text. Teprve díky čtenářovi povstává význam, který text nese.

V pojetí biosémiotiky je pak významem sekvence či sekvencí informační molekuly DNA tělesný tvar v podobě proteinů nebo již samotného těla. Tento tělesný význam je interpretován proteinovým a ribonukleovým aparátem (fenotypem buňky), který je za expresi genu zodpovědný. I ten musí být

v buňce (v zygote) přítomen ještě dříve, než je interpretováno první slovo molekulárního textu zapsaného abecedou nukleotidů. Sama DNA neobsahuje klíč k vlastní interpretaci, k ní vždy potřebuje oplodněné vajíčko. Tímto způsobem je pak přenášena molekulární historie, DNA je vždy interpretována podle stejných molekulárních zvyklostí, které organismus získal během evoluce.

Biosémiotika (*bios* – život, *semion* – znak) chápe tedy život nejen z perspektivy fyzikálních a chemických zákonitostí, ale živé bytosti jsou v tomto ohledu především vyhodnocovatelé významu. Význam se tak stává vedle energie a informace dalším zásadním pojmem, se kterým je třeba v dnešní biologii počítat (Barbieri). Jako významy pak nejsou chápány pouze podněty vnějšího prostředí, tzn. biosémiotiku nezajímá pouze etologická, behaviorální či ekologická stránka způsobu bytí organismů (Thomas Sebeok mluví o tzv. *exosémiotice*); jako znak nesoucí význam pro jeho vyhodnocovatele je v posledních letech dějin biosémiotiky chápána i sama DNA či signální molekula (*endosémiotika*).

Za zakladatele biosémiotiky bývá považován **Jakob von Uexküll**, který přišel s metaforou *Umweltu* jakožto vlastního žitého světa každého jednotlivého organismu, z něhož rozumí svému okolí. Uexküllovy myšlenky jsou dnes spojovány především s ekologickými a etologickými bádáními. Zásadní obohacení znamenaly pro biosémiotickou tradici dnešní doby myšlenky a pojmosloví sémiotické teorie **Charlese S. Peirce**. Uexküllovy i Peircovy myšlenky později rozvíjel **Thomas A. Sebeok** (pojem *zoosémiotika*). Na rozvoji biosémiotické tradice se taktéž nesmazatelně podepsala tzv. *Tartuská škola* v Estonsku (**Jurij Lotman**).

Další tradicí, která přisuzuje pojmu jakým je význam podstatnou úlohu v biologii, je tzv. *sémantická biologie*, kterou rozvíjí italský biolog **Marcello Barbieri**. Ten ve své knize *Organické kódy. Úvod do sémiotické biologie* (2001) přichází s řadou zajímavých hypotéz.

Programová metafora

V zygote vzniklé splynutím dvou gamet je rodičovská DNA (mluvíme-li o pohlavním rozmnožování), která je obecně považována za program řídící vývoj. Pokud je tomu tak, můžeme se ptát: kdo tento program vytvořil? Jak tento program funguje? Komu dává smysl? Lze opravdu všechny procesy v živém organismu vysvětlit pomocí programové metafory?

Počítačové analogie ovládají již od druhé poloviny minulého století mnohé vědecké obory, od neurobiologie po lingvistiku. Biologie si vypůjčuje pojmosloví z počítačového programátorství, ale je tomu evidentně i naopak – jako v případě pojmu virus ve smyslu škodícího softwaru. Po odhalení struktury DNA byla programová metafora přijata velmi rychle, ačkoli stále nevíme, jak přesně tento program funguje a jaké jsou jeho algoritmy. To však řada vědců vnímá jako detail, k jehož rozuz-

lení se postupně dobereme, stejně tak jako k počítači, který bude schopen reprodukce (Danchin 2005).

Jako zástupce strojově-programové metafory můžeme zvolit Jacquese Monoda, jenž ve svém díle *Náhoda a nutnost. Pojednání o přírodní filosofii moderní biologie* (1970) přesvědčeně tvrdí, že živé bytosti jsou chemické, kybernetické stroje, a to co se týče jejich struktury, činností i fungování. Jejich fungování i struktury zajišťují proteiny, kódované konzervativním programem v podobě nukleové kyseliny, tzn. základní genetické invarianty DNA, která je čtena fenotypem. Molekulu DNA také přirovnává k aperiodickému krystalu (původně představa Schrödingera r. 1944). Ontogeneze pak je dle jeho názoru analyzovatelná terminologií mikroskopických interakcí.

Monod a Jakob odhalili v 60. letech 20. století proces řízení produkce beta-galactosidasy u *Escherichia coli*, řízení takového genetického programu u bakterií. Jejich model (tzv. gal operon) je zpětnovazebním okruhem spínaným represorem a induktorem (galaktosidy). Monod jednoduše extrapoluje tyto poznatky i na eukaryotické mnohobuněčné organismy. Nicméně při studiu jejich ontogeneze se ukazuje, že tato extrapolace není možná, například kvůli existenci orthologů v podobě homeotických genů. Výsledné tělesné struktury, za něž jsou tyto orthology zodpovědné, jsou v rámci živočišné říše až neuvěřitelně odlišné.

Dalším problémem strojové metafory by mohla být právě chemická volnost genetického kódu, tj. jeho nevysvětlitelnost z dosavadních poznatků chemie. Ta odkazuje i na další předpoklad v metafoře programu obsažené, totiž na existenci tvůrce tohoto kódu. Metafora programu ho mlčky předpokládá. Nechceme-li být kreacionisty, je nutno vypracovat přijatelnou verzi evoluce takového programu. Nicméně je zřejmé, že tato metafora je pro vědecké bádání velmi příhodná: živé bytosti jsou pak chápány jako stroje, skutečnosti, jež lze popsat objektivně jako pouhé výskyty (Neubauer 2002).

Jazyková metafora

Budeme-li chtít vyložit povahu DNA dvoušroubovice jiným, než zmiňovaným běžným způsobem, můžeme zvolit jazykovou metaforu. Ostatně pojmy jazykové a pojmy komunikace, pojmy jako „genetická kniha“, odpověď na signál, signal recognition či messenger RNA pronikají do biochemie či molekulární biologie už dlouho. Sekvence DNA je pomocí jazykové metafory chápána jako sdělení zapsané abecedou nukleotidů. Čtyřpísmenná chemická abeceda nukleotidů tvoří v různých kombinacích slova, sekvence nukleotidů či geny, jejichž význam, tj. tělesný tvar, znak či vlastnost jedince (ale i absence určité formy znaku), povstává pak díky příslušné molekulárně proteinové výbavě buňky. V obou případech (v případě genu i slova) koresponduje informace s lineárním pořadím základních jednotek (Barbieri 2006).

Význam může být pak ovlivněn jedním či větší skupinou genů (pak mluvíme o tzv. epistatické interakci) nebo naopak jediný gen může poskytnout vícero významů (pleiotropie). Tyto kontextuální projevy genů mají pak různý vliv na dědivost a selekci daných znaků/významů v evoluci. Geny tak mění své významy v závislosti na okolních genech (tzv. genová vazba), tzn. význam genu jako takového není dán pouze sledem jeho nukleotidů, ale i relacemi s okolními geny. Nejinak je tomu i v jazyce se slovy.

Samotná představa, že život dokázal zapsat návod na tvoření sebe sama do podoby DNA je pozoruhodná. Jesper Hoffmeyer a Claus Emmeche v článku *Code-Duality and the Semiotics of Nature* (2005) tento výkon označují pojmem *self-reference* (soběvztažnost). Vlastnost soběvztažnosti musí systém mít, abychom ho mohli označit za živý, soběvztažnost spočívá ve schopnosti sebereprezentace v digitálním a zároveň i v analogovém světě. Tato dualita kódu, dualita zápisu a těla, spočívá v tom, že paměť systému zapsaná v DNA (metaúroveň) je zároveň přepisem systému samotného. Kniha zvaná genom je čitelná pouze analogovou informací již zabudovanou v zygote. Nic digitálního nemůže ve světě fungovat samo o sobě, stejně jako nic analogového samo o sobě nemůže procházet evolucí (Emmeche, Hoffmeyer 2005).

Metafora jazyka jako lineárního sledu genetického zápisu je pro účely této práce lákavá, avšak způsobem, jakým byla popsána výše, je stále redukovatelná na binární kód nul a jedniček. Redukovatelnost spočívá právě ve způsobu tvorby významů, ve způsobu, jak je význam at' už k nulám a jedničkám, nebo k slovům samotným, přiřazován. Hovořím tu o dvou způsobech tvoření významu: (1) přiřazování významů znakům na způsob tvorby programu pomocí programovacího jazyka, tj. tvorby algoritmu (kdy je význam k znaku přiřazen jednoznačně a z vnějšku) nebo na způsob (2) tvorby významu, kterému buňka porozumí ze svého kontextu a zkušenosti, tj. takové přiřazování významu, kdy je v samotném procesu přiřazování význam tvořen a sjednáván, a je tak tvořen konvenčně (od lat. *convenire* - přijít společně). Tedy takovým způsobem, jakým k tvorbě jazyka skutečně dochází. Konfrontace způsobů jakým jsou významy znakům přidělovány, je zároveň konfrontací mezi dvěma teoretickými naukami v biologii, které se významem vůbec zabývají. Jde o konfrontaci mezi biologií sémantickou a sémiotickou.

Život mezi automatismy a uchopováním významu

Na buněčných procesech je demonstrována řada případů, které ne vždy můžeme objasnit procesem katalýzy, ale mohli bychom je zařadit do kategorie procesů uchopování významu. Buňka si během nich z genomu vybírá ty významy, které za dané situace dávají smysl. Finální výpovědi mají pak v různých kontextech různé obsahy: např. díky různé volbě promotoru, z kterého bude určitý gen přepisován či díky variabilní možnosti sestřihu nativního transkriptu RNA. Tytéž znaky mohou mít v různých kontextech zcela protichůdné významy: např. siRNA může fungovat jako jakási

negativní výpověď a umlčet gen, ale zároveň je schopna transkripce genů i aktivovat.

Na DNA se pak můžeme dívat jako na slovník jazyka, kdy proteiny budou slovy, která se stávají součástí buněčných výpovědí v podobě vyšších organizačních celků. Některé z těchto výpovědí zůstávají neměnné a daly by se přirovnat k různým klišé, jiné jsou víceméně ustálenými promluvy, další jsou dynamickým a stále proměnlivým tokem řeči (Markoš 2000).

Barbieriho sémantická biologie

Marcello Barbieri ve své knize *Organické kódy* (2006) přichází s několika inspirativními myšlenkami. Tato práce staví především na jeho koncepci kódu a paměti v epigenезi. Embryonální vývoj je dnes běžně vykládán jako geny naprogramovaný proces. Barbieri se táže: známe však stroj nebo program, který by mohl zvyšovat svou složitost stejně jako je tomu u individuálního vývoje živého organismu? Záporná odpověď ho vede k výkladu, jak k tomuto může docházet právě u živého tvora. Embryonální vývoj jako konvergentní nárůst složitosti se podle Barbieriho rekonstruuje postupně z neúplných informací pomocí organických kódů a pamětí. Barbieri ve své knize vytvořil i matematickou formulaci této rekonstrukce, ta však nebude předmětem této práce. Nás v této kapitole bude zajímat pro začátek jeho pojetí kódu.

Barbieri nezmiňuje v souvislosti se svým pojetím kódu totiž pouze kód genetický, ale o kódech mluví i v rámci dějů signalizačních, v rámci sestřihu hnRNA, kompartmentalizace nebo cytoskeletu apod. Je to právě genetický kód, který přinesl zvrát v biologickém myšlení. Jeho univerzálnost a neměnnost, jak tvrdí Barbieri, naznačuje, že právě genetický kód stál na počátku prvních živých organismů. Jelikož bylo laboratorně dokázáno, že afinita aminokyselin a jejich specifických tRNA při translaci není výsledkem fyzikálněchemických zákonitostí a vazba aminokyseliny na tRNA může být laboratorně pozměněna, a lze tak vytvořit zcela jiné kódující pravidlo, objevila se otázka, co je příčinou stávajícího jednoznačného přiřazování tripletů k aminokyselinám. Uznání existence genetického kódu, přičemž kódy mimo biologii byly vnímány vždy jako pravidla daná historickou konvencí a tedy jako jevy kulturní, vedlo k těžce řešitelnému dilematu jeho vzniku. Někteří biologové se pak při snaze o vysvětlení jeho povahy uchylují k hypotéze o zmrzlé náhodě nebo hypotéze o inteligentním designérovi.

Barbieri ve své knize neuvádí kritérium, podle kterého tuto složitost posuzuje. Posudky tohoto typu jsou vždy problematické, zasahují totiž do dvou různých úrovní popisu. Poznámku však můžeme chápat ve vztahu k informační úrovni popisu: při srovnání genu pro určitý protein a samotného proteinu je množství informace, které je dané pořadím v řetězci v řádech mnohem menší než množství informace, kterou bychom museli vynaložit pro popis trojrozměrné struktury tohoto proteinu (Monod 1970).

Kód je chápán zcela jednoduše jako soubor kolektivních pravidel, která propůjčují významy informačním strukturám (1). Na jejich individuálních znacích nemusí nijak samotný kód záviset (nezávislost informace a jejího významu); jejich vzájemný vztah je zcela arbitrární (2). Jedná s tedy o propojení dvou zcela nezávislých světů (3) (Barbieri 2006, str. 82-83), ať už se jedná o svět teček a čárek a svět abecedy propojený morseovým kódem nebo o svět DNA (RNA) a svět proteinů propojených kódem genetickým. Samotná afinita tRNA a aminokyselin je zcela arbitrární a není odvoditelná ze znalostí dnešní biochemie.

Organický kód tedy poskytuje specifitu mezi dvěma světy (Barbieri 2006), abychom podle Barbieriho mohli mluvit o organickém kódu, musí být v dané biochemické reakci přítomné tři základní aktéři: znak, adaptor a objekt. Demonstrujeme-li společně s Barbierim tyto tři aktéry na příkladu genetického kódu, bude se jednat (1) o kodon (znak), kombinaci tří ribonukleotidů na řetězci mRNA; (2) o adaptory, v tomto případě o tRNA, která je spojníkem mezi světem nukleových kyselin a aminokyselin; a (3) o samotné aminokyseliny (objekty). Právě adaptory propůjčují význam mRNA kodonům. V demonstraci tohoto příkladu však Barbieri příliš zdůrazňuje roli adaptorových tRNA, aniž by se zásadně zaměřil na roli aminoacyl-tRNA-syntetáz. Právě tyto enzymy jsou zodpovědné za přesnost překladu a za „stabilitu“ genetického kódu. Rozeznávají totiž právě jednu svou příslušnou aminokyselinu a celou řadu k ní příslušných tRNA a umožňují syntézu aminoacyl-tRNA. Přesnost syntézy je zajištěna specifikou vazebných míst a opravnou postsyntetickou aktivitou enzymu aminoacyl-tRNA-syntetázy. Na tento nedostatek Barbieriho výkladu translace bylo již upozorněno jinde (Markoš, Cvrčková, Gajdoš, Hajnal 2004). Genetický kód je zajisté dobře zmapovaným a kompletním příkladem organického kódu. Barbieri však mluví také o kódech sestřihu, signální transdukce, kompartmentalizace i o kódech cytoskeletu.

Sémiotická biologie

Biosémiotika je dnes chápána jako věda o znacích v živých systémech (Kull 1999). Snaha biosémiotické tradice je uchopit živý organismus ne jako mechanickou *res extensa*, ale jako aktivního vyhodnocovatele významů znaků. Její současný koncept velmi ovlivnily myšlenky **Charlese S. Peirce** (1839-1914), který se soustředil na procesy poznání. Myšlenka jakožto reprezentace pro něj byla typickým příkladem znaku. Proces sémiose tak pro něj představoval základní způsob uchopování naší reality. Svůj koncept znaku definoval jako neredukovatelnou triadickou kompozici representamenu (znak či nositel znaku), jeho objektu (nemusí být nutně fyzické povahy) a jeho interpretantu (zodpovědný za vztah objektu a znaku). Neredukovatelnou v tom smyslu, že žádnou z komponent nelze uvažovat odděleně a autonomně bez vztahu ke zbývajícím komponentám triády. Sémiose je procesem, ve kterém mysl produkuje interpretant

(mentální model objektu) na základě representamenu produkovaného bezprostředním objektem. Bezprostřední objekt je pak jednotlivé uchopení objektu dynamického, který je součástí světa, avšak není přímo poznatelný (Markoš 2000).

Aplikováno na biologii můžeme za nositele znaku (representamen) považovat genetickou informaci jedince, která je dále interpretována jeho potomky. Representamen je pak nejenom znakem, ale v dalším kroku sémiose se representamenem stává celá původní triáda. Nekonečný sémiotický cyklus probíhá pak na způsob spirály, kdy se původní triáda stává vždy representamenem pro triádu další (Emmeche, Hoffmeyer 2005). Se sémiotikou triádou je spojen další fenomén, a to je zvyk (habit). Nastane-li toto stádium, máme sklon považovat naši interpretaci nezmění a celý význam objektu se nezhroutí a není znovu reinterpretován.

Právě díky existenci zvyku, ukotvené interpretaci nepoznatelného dynamického objektu, je pak možné intersubjektivní porozumění (a fungování objektivní vědy, viz níže). Zjevná korelace fenoménu zvyku a kódu bude pojednána později.

Výstižné je vysvětlení **Umberta Eca** (1997): „Prvost (representamen) nám umožňuje poznat, že je možné, že je zde cosi. Aby se však toto dalo vyslovit, abych mohl říct, že cosi mi vzdoruje, musela už předtím vstoupit do hry Druhost. V oblasti Druhosti (interpretans) opravdu můžeme do čehosi vrazit. Když nakonec přejdeme k Třetosti, které implikuje zobecnění, dopracujeme se k bezprostřednímu objektu. Ten mi otevřel přístup k obecnému, ale právě proto mi už není zárukou, že zde skutečně přebývá nějaké cosi, že nejde jen o mou konstrukci" (podle Markoš 2003).

Paralela Peircova dynamického objektu a Kantovy koncepce *Ding an sich* je zřejmá, svět sám o sobě není poznatelný, naše interpretace však díky habitu není solipsistická ani zcela svévolná. Podobné koncepce však vrhají pochyby na objektivitu a konečnost vědeckého poznání, jednoznačnost vědeckých poznatků a celá oblast kognice interpretanta (jako i vědce) je pak vržena na nejistou půdu intersubjektivního sjednávání významů, na půdu, na níž se pohybují spíše jevy kulturní, nevědecké. Vědecká pravda však na této nejisté půdě nedokáže fungovat, vědecká pravda musí být systematizována v řádu logiky a pro intersubjektivitu v ní není místo.

Další postavou zmiňovanou v úvodu této práce, která zásadně ovlivnila vývoj biosémiotické tradice, byl **Jacob von Uexküll** (1864-1944). Ten sice nevytvořil striktní vymezení pojmů znak a význam, ale vymezil tyto pojmy spíše aplikací na procesy komunikace organismu v rámci svého žitého světa. Zásadní v jeho nauce bylo také pojetí organismu jakožto subjektu; tohoto privilegia se dosud dostávalo pouze lidem. Subjekt-organismus se ke svému okolí vztahuje pomocí funkcionálních okruhů (*Funktionskreis*), které jsou tvořeny jak znaky vnímání (*Merkmale*), tak znaky působení (*Wirkmale*). Znaky vnímání představují způsob jedinečného kvalitativního uchopení objektu ze světa daným organismem (pomocí jeho smyslové výbavy). Pomocí znaků působení se objekt subjektu zase specificky zjevuje skrze své jevové stránky, jimiž může na

organismus působit. Těchto funkcionálních okruhů může být různý počet a společně pak tvoří umwelt subjektu-živočicha.

Uexküll umwelt tedy rozděloval na svět vnímání (*Merkwelt*) a svět působení (*Wirkwelt*). Tyto dvě oblasti se spojují v jeden celek skrze vnitřní svět těla organismu (tzn. skrze nervovou soustavu spojující smysly a efekty) (Souček 2007, Kliková, Kleisner 2006). Považovat von Uexkülla za biosémiotika však odmítá Markoš (2006) a vnímá Uexkülla jako kreacionistu, jehož pojetí umweltu je pro živou bytost v posledku stejně reduktivní jako je tomu u mechanisticky-programové metafory. Tato živá bytost (či ekosystém) totiž sama nic nerozhoduje, jedná pouze podle plánu Přírody.

Na biosémiotiku je dnes také často nahlíženo jako na nauku, v které se snoubí poznatky přírodních a duchovních věd. Ve smyslu syntézy těchto věd, která by mohla rozpory mezi nimi překonat, je proto do ní vkládána i velká naděje (Chebanov 1998). Peircova triáda znak-interpretant-objekt (význam) je dnešními biosémiotiky aplikována na vysvětlení vztahu mnoha přírodních jevů, vztahu frekvence genů, reprodukce a prostředí; vztahu genetické informace, předků a potomků; vztahu fenotypu a genotypu. Např. Emmeche a Hoffmeyer (2005) za znak označují DNA, objektem je pak organismus a interpretantem zygota. Dále považujeme-li stále DNA za znak, může být celý rod chápán jako interpretant a objektem se tak stává ekologická nika. Dle biosémiotiky je tedy pro život charakteristická jakási triadická logika (Bruni 2007).

Sémantická versus sémiotická biologie

Podle Barbieriho dosud biosémiotika nedokázala, že buňka je sémiotickým systémem (Barbieri 2007). On sám soudí, že motorem vývoje jednotlivého organismu i druhu není proces sémiose, ale kódování; příkladem je mu především existence genetického kódu. Tento soubor konvencí, stejný pro všechny organismy téměř po celou jejich historii, nezávisí na interpretaci, je totiž zcela konzervativní. Barbieri proto sémiotickou triádu zaměňuje za triádu znak – kód – význam. Kód je ustaven tvůrcem kódu (code maker), tam kde by biosémiotik mluvil o triádě genotyp – interpretant – fenotyp, mluví Barbieri o triádě genotyp – tvůrce kódu – fenotyp (neboli genotyp – ribotyp – fenotyp). Pro Barbieriho ve vztahu genotypu a fenotypu není místa pro interpretaci, resp. interpretace je zúžena na soubor kódujících pravidel. „Interpretační proces je nutný k tomu, aby došlo k volbě mezi pluralitou pravidel, neznamená to, že se v tomto procesu pravidla tvoří.“ Sémiose je pak kontextově závislá a vyžaduje podle Barbieriho kontextově závislý kód (Barbieri 2007).

Proces interpretace přichází tedy na řadu teprve tehdy, je-li kód kontextuálně závislý, a tak musí dojít k interpretaci z *předem daných* možností volby, které však sám agens nevytváří. Kód tedy předchází interpretaci, ta se děje již na základě kódu. Teprve v tomto bodě by Barbieri mohl o své

sémantické biologii mluvit i jako o biologii sémiotické, což sice činí často (Barbieri 2007), nicméně z podstaty biosémiotiky tak činí neprávem. Jeho sémantická biologie znamená přiřazování jednoznačných významů znakům na základě pevně stanoveného kódu, pro interpretaci, která hraje tak podstatnou roli v biosémiotice, tu není místo. Jsou-li kódující pravidla, možnosti volby, již předem dány, stává se pak kód kódem počítačím a strojová metafora se nám oknem vrací zpět. Ve světě předem daného pak nemůže vzniknout žádná nová interpretace, žádná novinka. Barbieri by pravděpodobně novinku vysvětlil jako novou, dosud neuskutečňovanou volbu v rámci kódujících pravidel.

Ač on sám mluví o své nauce jako o sémantické biologii a současně ji označuje jako vědu o významu, do sémiotické biologie³ být podle mého názoru zařazena nemůže. Vzpomeňme ještě pojetí **Thomase Sebeoka**: interpretace je nutná a dostačující podmínka pro to, abychom mohli mluvit o procesu sémiose (1963). Sebeok uvažoval o sémiosi pouze ve vztahu organismů k jejich *umwelt*ům.

Jak ale ke vzniku kódu dochází? Co pro Barbieriho přesně znamená spojení „kontextově závislý kód“? Rozumí buňka svému kontextu opravdu pouze na základě kódu? Kontextuální závislost vychází dle Barbieriho z genetického předurčení organismů, počet kódujících pravidel uložených v genomu však nemůže být nekonečný. Některá pravidla jsou podle Barbieriho získávána učením, toto učení pak samozřejmě vyžaduje paměť, z čehož plyne, že interpretace pak není pouze kontextově, ale i paměťově závislá. Jak se ale buňka může naučit interpretovat novinku, je-li od začátku omezena konečným kódovacím systémem pravidel uložených v genomu?

Zřejmě pouze náhodnou mutací ve stávajícím systému kódů. Barbieri se domnívá, že na základě kódu je možno budovat komplexnější typy sémiotických procesů. Evoluce sémiose se pak děje na základě: (1) přidávání nových kódů a (2) vytvořením sémiotického systému schopného interpretace. Historie sémiose začala podle Barbieriho procesem, který pracoval na základě kontextově-volných kódů a postupně produkoval kódy více a více kontextově závislé (Barbieri 2007). Co však Barbieri přesně míní spojením výrazů kontextově-volný kód, dále nevysvětluje. Míni tím snad kód nezávislý na jakémkoli kontextu, něco jako pevně daný (*hard-wired*) kód? Zřejmě ano. Jak potom ale může docházet k uchopování kontextu, pokud na počátku stály pouze jednoznačně určené vztahy, jednoduše popsatelné aparátem formální logiky? Můžeme v tomto případě vůbec o vzniku něčeho jako je kontext mluvit? Barbieriho pojetí kontextově volného kódu pak vlastně neguje Batesonův výrok „bez kontextu není komunikace“ (Bateson 1972).

Původní bezkontextuálnost Barbieriho sémiotiky, na jejímž počátku stály původně jasná pravidla, vrhají pochyby i na jeho pojem *code-maker*. Tvůrcem kódu jsou dle jeho teorie adaptorové molekuly: tRNA (a aminoacyl-tRNA syntetázy) u kódu genetického, spliceosom u kódu sestřihu či trojice receptor- mediátor-zesilovač u kódu signální transdukce. Mluví-li však o tvůrci

kódu, měl by tento aktivně vytvářet kódující pravidla (de facto po způsobu představy sémiotické biologie), v Barbieriho pojetí je však pouze spojovacím článkem, doslova adaptorem, v předem daných pravidlech původně kontextově nezávislého kódu. Význam je podle Barbieriho na tvůrci kódu závislý, ale zdá se, že pouze ve smyslu onoho spojovacího článku, což znamená, že nejde o aktivního tvůrce. Nelze říci, že by adaptory byly zcela pasivními články, nicméně o tvorbě pravidel tu nemůže být řeč.

Barbieri se taktéž dopouští zřetelného protimluvu, považuje-li existenci tabulky jakéhokoli ze zmiňovaných kódů za objektivní, ale zároveň ve své knize mluví o evoluci konvencí. O konvenci mluví čistě proto, protože kód byl vždy považován za něco, co náleží kulturní sféře lidského bytí. V jeho pojetí však o konvenci mluvit nelze, protože kódy představují jasná, předem daná schémata buněčných a ontogenetických procesů. Ne něco, co vyniklo dohodou, smlouváním, a neustálým ověřováním v praxi. Tak je přece běžně výraz konvence chápán ve sféře naší, lidské kultury. Barbieri stále volá po tom, aby byly kódy uznány za reálné. Bylo již řečeno, že jejich existenci považuje za objektivní, což umožňuje učinit ze sémantické biologie vědu objektivní a měřitelnou (Markoš, Kleisner 2007). Jejich vznik vysvětluje neuspokojivě, a tak se dostáváme k problému vzniku kódu nejenom genetického, ale i všech zbývajících, které Barbieri popisuje. Souhlasím s Barbierim, že díky chování organismů na buněčné úrovni, které se nápadně podobá kódu, ustáleným pravidlům, je vytvořena platforma, na jejímž základě je umožněn další vývoj k složitějším biologickým systémům. Dohodnuté kódy jsou platformou, na které musí stavět další sémiose, aby mohlo docházet ke konvergentnímu nárůstu složitosti. Existence podobných platform je zapotřebí stejně jako již zmiňovaných organických pamětí.

Kód jako metafora

Vraťme se zpět k jednomu z vysvětlení povahy kódu: v případě kódu se tedy jedná o propojení dvou zcela nezávislých světů (Barbieri 2006), ať už se jedná o svět teček a čárek a svět abecedy propojený morseovým kódem nebo o svět DNA (RNA) a svět proteinů propojených kódem genetickým. Barbieri tak činí analogii mezi kódem propojujícím dva znakové systémy (morseovu a naši abecedu) a kódem propojujícím svět molekuly DNA a světem proteinů, který už je světem tělesným. Stejně tak mluví o významu jako o mentální entitě, pokud jde o kód mezi mentálními objekty a o významu jako o organické entitě, jde-li o kód mezi organickými molekulami (Barbieri 2007).

Analogie dokládá, že Barbieriho metafora kódu je vytvořena na základě naší kulturní zkušenosti s morseovým kódem, aby tak popsala metaforicky zkušenost zcela novou, tj. zkušenost s fenoménem, jakým je svět DNA, RNA a genetického kódu jako takového (a u Barbieriho i s fenomény dalších molekulárních a buněčných procesů). Jediný druh podobnosti, který mezi těmito

dvěma kódy figuruje, je podobnost zkušenostní (strukturního typu, tj. založené na určité podobnosti těchto dvou zkušeností), podobnost, kterou lze empiricky prožívat jedině ve vztahu k našemu pojmovému aparátu, nikoli však jako zkušenost objektivní. Primární funkcí takovéto metafory je poskytovat částečné porozumění jednomu druhu zkušenosti na základě jiného druhu zkušenosti (Lakoff, Johnson 2002). Podle **Lakoffa** a **Johnsona** jsou takovéto metafory primárně záležitostmi myšlení a činnosti (interakce se světem) a pouze odvozeně záležitostmi jazyka.

Tato kritika se nevztahuje k tvorbě podobných metafor jako takových, jinak než metaforicky vlastní zkušenost a okolní svět ani uchopovat nedokážeme, jde však o to, že nemůžeme tvrdit, že cosi jako kódování u živých bytostí existuje reálně. Kód je pouze metafora, život nemůžeme vtěsnat do tabulek a považovat tyto tabulky za reálný způsob bytí živých organismů, a to na jakékoli úrovni popisu.

Samozřejmě i sémiotická biologie operuje s velkým množstvím podobných metafor, věda bude vždy podobným způsobem antropomorfně „pošpiněná“, ale musíme mít neustále na paměti, že jde o způsob, jakým se my sami ke způsobu bytí našeho okolí vztahujeme.

Znatelná paralela vede mezi Peircovým pojmem zvyk (habit) a Barbieriho pojetím kódu: zvyk jakožto ukotvená intersubjektivní interpretace určitého representamenu, na které staví kolektivní porozumění a možnosti dalších interpretačních úkonů (stejným způsobem fungují i Lakoffovy metafory). Stejně tak kód, vykonávaný mnoha organismy napříč druhy i generacemi, je jistou konvencí, na které podle Barbieriho staví (a jedině na jeho základu je možná) sémiose. Na kódech staví i epigeneze živého tvaru jako taková.

Fenomény zvyku či to, co můžeme nazvat kódem, pozorujeme v živých organismech jako automatismy, s kterými se setkáváme jak v metabolismu, překladi genetické informace či v samotném chování organismů. Automatismy, kódy a habitusy jsou užitečné, bez nich by nebyl umožněn jakýkoli další vývoj, neustále bychom museli přehodnocovat základní procesy a činnosti, a to jak na úrovni molekulární, tak na úrovni jazyka či při každodenní existenci ve světě. Automatické reakce se vyskytují na všech hierarchických úrovních života (rýhování vajíčka, chůze, podmíněné reflexy, instinkty, řízení auta). V některých případech už ani nelze stereotyp opustit (jako v případě pověstné kutilky vleknoucí omráčenou kořist), v jiném je nad ním nadřazené vědomé zasahování (řízení auta) (Markoš 2000).

Domnívám se, že i cesta ke kódům byla cestou sémiose, kdy se kódy staly dohodnutou konvencí, která však musí být neustále sjednávána a utvářena v praxi. Zakotvení v těchto konvencích umožňuje další evoluci. A zde mohu souhlasit s Barbierim, že od těchto konvencí probíhá další vývoj opět cestou sémiose.

Shrňme si tedy závěrem této kapitoly stručně body, v kterých byl Barbieri kritizován:

(1) Pokud bude Barbieri trvat na prvenství kódu (původně kontextuálně nezávislého) před interpretací, měl by přehodnotit užívání pojmů jako je tvůrce kódu či evoluce konvencí.

(2) Automatismy translace, sestřihu hnRNA či některých signálních drah můžeme nazývat kódy, nemůžeme však tvrdit, že tyto kódy jsou reálně a objektivně existující a navíc neměnné. Jde pouze o metaforu, o způsob, jak jistým procesům v živých organismech můžeme rozumět. Navíc i samotné vztahy mezi znaky a významy v Barbieriho výkladech nemusejí být jednoznačné, jak bylo ukázáno u kódu sestřihu.

(3) Oproti Barbierimu se domnívám, že kódy a automatismy v živých organismech nehrají prvotní úlohu, ale dochází k nim právě prvotně cestou biologické sémiose, cestou interpretace jedinečných buněčných kontextů. Prvenství automatismů před možností posuzovat vlastní situaci ve světě činní z živých organismů opravdu pouhé automaty bez jakékoli autonomnosti, kteří jsou smýkáni pouze frekvencí mutací v genomu a prostředím, v kterém existují.

Organické paměti

Pojem paměť je dnes hojně užíván v mnoha oborech, mluvíme o paměti počítače, o paměti historické, o paměti genetické, druhové či paměti mozku (v rámci ní pak např. o paměti vizuální, krátkodobé či dlouhodobé). V této kapitole bych se ráda zaměřila na klasifikaci možných koncepcí pamětí biologických. Překvapivě se zde však nebudu věnovat paměti v jejím běžném chápání jakožto schopnosti mozku uchovávat informace, vzpomínky či životní zkušenosti.

Jak obecně definovat paměť? Můžeme si vypůjčit jednu z definic pocházející z teorie systémů: chování systémů bez paměti, tj. změna kombinace signálů na jejich výstupech, děje se pouze na základě toho, jaká je v daném okamžiku kombinace signálů na jejich vstupech. Chování systémů s pamětí závisí nejen na momentální kombinaci vstupních signálů, ale také na kombinacích signálů, s nimiž se daný systém setkal již v minulosti. Systémy s pamětí tedy mohou procházet evolucí, zatímco systémy bez paměti se mohou měnit pouze, pokud se změní kombinace signálů přicházejících na jejich vstupy (Flegr 2005). Flegr dále uvádí, že živé systémy mají v principu dva typy paměti: paměť individuální (ta uchovává informace o podnětech, se kterými se organismus setkal za svého života), jejíž nositelkou jsou nervová a imunitní soustava a paměť evoluční (uchovávající informace o tom, s jakými podněty se setkali jeho blízcí i vzdálení předci), jejíž nositelkou je deoxyribonukleová kyselina (DNA).

Barbieri uvádí jednoduchou definici paměti jakožto permanentního informačního depositáře. Tato definice je podle něho dostatečně obecná, aby ji mohl aplikovat na svou klasifikaci organických pamětí (2006). Paměť rozděluje na genetickou, buněčnou a nadbuněčnou (supracelulární). O epigenetické paměti nemluví.

Paměť genetická

Představa DNA jako informačního depositáře či paměti v dnešní oblasti vědy značně zdomácněla, DNA jako univerzální nositelka dědičnosti je díky své přenositelnosti z generace na generaci vnímána jako médium, které nese historii nejen individuálního organismu (mutace v genomu během jeho existence), ale i historii mnoha jeho předků z hluboké minulosti. To, že v našich buňkách neseme paměť předků časově opravdu velmi vzdálených, dokládají např. atavismy. Ukazuje se tak, že náš genetický zápis obsahuje mnohé anachronismy, nefunkční geny, které se však čas od času mohou znovu projevit.

Z části nám zůstává utajena i funkce oné zdánlivě nadbytečné části našeho genetického depositáře, která již byla zmíněna výše. Zaměříme-li se však např. na intronové či repetitivní sekvence, nalezneme u nich jednu velmi podstatnou regulační funkci: poskytují genomu prostor, který dovoluje štěpit určité úseky v určitou dobu, dále napomáhá kondenzaci chromatinu, tudíž zodpovídá za jeho trojrozměrnou strukturu (tzv. linker mezi nukleosomy je tvořen intronovými sekvencemi) a především jde o prostor, který má význam pro Davidsonem popisovaný regulační aparát genomu: sekvencně specifické elementy tak mohou interagovat (pomocí smyčkových struktur) nejen společně, ale i s transkripčními faktory. Genetický prostor má v tomto případě velký funkční význam. Zajímavým faktem je i to, že ačkoli v genech kódujících zmiňovaný regulační genom napříč živočišnou říší nejsou příliš velké rozdíly, naopak v intronových sekvencích je obsažena velká mezidruhová variabilita (Davidson 2006).

Epigenetická paměť

Je zřejmou, avšak lehce opomínanou pravdou, že buňky vládnu způsobem, jak si zapamatovat, kým jsou. Identita buňky např. může být určena právě aktuálním stavem chromatinu, v jakém se nachází. Tento stav zodpovídá za charakter genové exprese a umlčování genů, činí buňku tím, čím má v daném tělesném kontextu být. Stav chromatinu, musí být udržován buňkou především při replikaci DNA, při mitóze či meióze. Jsou to právě nukleosomy nesoucí specifické modifikace, které umožňují přenos epigenetické informace z generace na generaci a fungují tedy jako epigenetická buněčná paměť (tzv. chromatinová dědičnost).

Při udržování neaktivního stavu chromatinu a morfologie chromosomů vůbec hraje důležitou roli rodina Polycomb genů, jejichž produkty jsou nezbytné ke stabilní represi regulátorů ve vývoji jako

jsou homeotické geny (samozřejmě nesou chromodomény). Naopak aktivní konformace chromatinu je udržována produkty rodiny genů Trithorax (Gilbert 2003).

Ač jsou všechny dnes známé epigenetické jevy reverzibilní a nejsou zapsány v genomu, mohou být dědičné. Tato dědičnost se definuje jako nestabilní, neřídí se totiž mendelovskými pravidly. Expresivita genů může být variabilní, nemusí tedy znamenat, že se gen projeví/neprojeví, ale mohou vznikat tzv. mozaikové fenotypy z důvodu kolísání exprese genu v různých tkáních.

Klasickým příkladem tohoto mozaikového fenotypu je poziční efekt u drozofily, kdy exprese genu odpovídající za barvu očního pigmentu může být umlčena vlivem sousedního heterochromatinu (Vyskot 2005). Dlouhá léta se myslelo, že v případě těchto modifikací jde pouze o metylaci cytosinu, která je epigeneticky děděna díky systému, jenž rozpoznává hemimetylovaná vlákna na templátu DNA a může demetylovat i vlákno dceřiné, ale známy jsou i jiné procesy epigenetické dědičnosti. Jde např. o meiotický přenos epigenetického stavu pomocí environmentální indukce, genomový imprinting či známý příklad dědičnosti adaptačního přizpůsobení u organismu rodu *Daphnia* (Vyskot 2007).

Mnohé z epigenetických modifikací probíhají posttranskripčně. Buňka během diferenciaci prochází mnoha kritickými momenty, které lze přirovnat k výběru cesty epigenetickou krajinou (Waddington 1961), v nich se může podrobovat různým změnám (lze navodit např. heat šokem) a některá z těchto změn může zůstat zachována a vede následně k alternativnímu fenotypu (Vyskot 2007).

Buněčná paměť

Pod buněčnou paměť si Barbieri představuje paměť reprezentující determinační stav embryonálního vývoje, která v buňce i v jejích potomcích přetrvává po celý život a účinkuje jako informační depozitář k veškerým buněčným aktivitám (Barbieri 2006).

Hox geny kódují transkripční faktory, které se specificky vážou na enhancery genů aktivních v embryogenezi. Byly nalezeny u všech studovaných eukaryotních organismů a hrají zásadní roli v ontogenetickém rozrůžňování jednotlivých částí těla. K tomu, co dosud víme o homeotických genech, přispěl velkým dílem drobný organismus, se kterým se často setkáváme, a to *Drosophila melanogaster* (Octomilka obecná). Funkce homeotického genu je experimentálně rozpoznatelná pomocí homeózy, což je mutace, při níž morfologické struktury vznikají na nesprávné části těla. Díky mutaci nazvané Bithorax, kterou u drozofily roku 1915 objevil **Calvin Bridges**, se zájem o tuto drobnou mušku jakožto o modelový organismus rozšířil a trvá dodnes. Tato mutace se projevuje proměnou třetího hrudního článku v druhý a muška pak nese na tomto článku další pár křídel místo kyvadélek. Mezi další notoricky známou mutaci patří tzv. *mutace Antennapedia*, kdy jsou tykadla mušky vystřídána končetinami (Caroll 2005).

Později bylo zjištěno, že ne všechny proteinové produkty homeotických genů mají homeodoménu (zejména pak u rostlin) a naopak, že homeobox obsahují i geny, jejichž mutace se neprojevují homeoticky (Vyskot 1999).

Supracelulární paměť

Supracelulární paměť (paměť nadbuněčnou) rozděluje Barbieri na paměť imunitního a nervového systému a paměť těla. V této kapitole se zaměřím stejně jako Barbieri pouze na paměť tělního plánu, tj. informačního depozitáře pro trojrozměrné rozložení orgánů. Paměť těla je reprezentována znaky, které definují daný živočišný kmen (Barbieri 2006).

Autorem představy tělního plánu a kmene je Georges Cuvier (první desetiletí 19. století). Tělní plán je souborem anatomických znaků, které charakterizují prostorovou orientaci tělních orgánů a kmen je skupina živočichů, kteří sdílejí stejný tělní plán. Např. členovci (Arthropoda) mají zevní skelet, břišní nervovou soustavu a srdce na dorzální straně, zatímco strunatci (Chordata) mají vlastní vnitřní kostru, dorzální nervovou soustavu a ventrální srdce.

K tomuto rozlišení dospěl už dříve Carl Ernst von Baer při srovnávání fází embryonálního vývoje u obratlovců. Na základě těchto pozorování došel k poznání, že živočichy lze rozdělit do jednotlivých kmenů podle stádia vývoje, v němž jsou si všichni příslušníci daného kmene podobní. Toto stádium je dnes známé jako stádium fylotypu (poprvé pojem užil Sander 1983). Von Baerovo a Cuvierovo rozlišení kmenů na základě fylotypních stádií (od lat. *fyllum* – kmen) a tělních plánů spolu koreluje. Von Baer správně odhalil, že vývojové cesty od fylotypního stádia se rozrůžňují; ovšem i cesty vedoucí k tomuto stádiu jsou odlišné. Tento fakt poprvé odhalil opět Sander už v roce 1960 (Galís, Metz 2001). Před fylotypovým stádiem se morfologické rozdíly mezi kmenovými embryi snižují, zatímco po tomto stádiu se zvyšují (Barbieri 2006).

Na základě svých pozorování vyslovil von Baer také svůj ontogenetický zákon (1828):

- (1) Obecné znaky velké skupiny živočichů se v embryu vyskytují dříve než znaky specializované.
- (2) Méně obecné znaky se vyvíjejí ze znaků obecnějších, teprve na konci embryogeneze se tvoří znaky velmi speciální.
- (3) Embrya odlišných druhů se od sebe v průběhu vývoje stále více a více odlišují.
- (4) Časné embryo vyššího živočišného druhu není podobné dospělci nižšího živočicha, nýbrž jeho časnému embryu (Vyskot 1999).

Ernst Haeckel r. 1866 rovněž vyslovil teorii, že individuální vývoj organismu od vajíčka k dospělci je zkrácenou verzí evoluce vzniku jednotlivých vývojových linií, resp. ontogeneze je zkrácenou rekapitulací fylogeneze (biogenetický zákon).