

29+ důkazů pro makroevoluci

Douglas Theobald, Ph.D. (Department of Biochemistry, Brandeis University)

Verze z r. 2007

Stručný výtah z článku publikovaném na portále TalksOrigin.org: <http://www.talkorigins.org/faqs/comdesc/>

Překlad a zpracování: Škoda Pavel, B.Th. (2011)

I. část - Unikátní historický fylogenetický strom

1.1 Základní jednota života

Pokud existuje genealogická příbuznost všeho živého, tak všechny živé organismy musí vykazovat 4 shodná základní kritéria, která charakterizují život:

1. Rozmnožování
2. Dědičnost
3. Katalýza
4. Metabolismus (využití energie)

Toto platí a dosud nebylo žádným nálezem vyvráceno

Potvrzení:

a) živé organismy používají pouze konkrétní polymery

Ačkoli je možné syntetizovat stovky polymerů, které by byly vhodné, živé organismy používají pouze polynukleotidy, polypeptidy a polysacharidy.

b) genetickým materiálem jsou pouze nukleové kyseliny

DNA používá pouze 4 nukleosidy (deoxyadenosin, deoxythymidin, deoxycytidin a deoxyguanosen) i když v přírodě se jich vyskytuje více než 100 a další je možné syntetizovat uměle.

c) ke katalýze chemických reakcí jsou používány specifické proteiny

Přestože je známo cca 390 aminokyselin, proteinové molekuly v živých organismech jsou tvořeny pouze z 22 druhů aminokyselin.

d) existuje univerzální genetický kód DNA

Teoreticky by bylo možné, aby měl každý organismus svůj unikátní genetický kód (existuje $1,4 \times 10^{70}$ informačně ekvivalentních genetických kódů, které by používaly stejné kodony a aminokyseliny jako standardní genetický kód. To by bylo velmi užitečné například proto, že by nemohlo docházet k virovým infekcím. Přesto tomu tak není a všechny organismy mají univerzální kód.

e) shodný metabolismus všech organismů

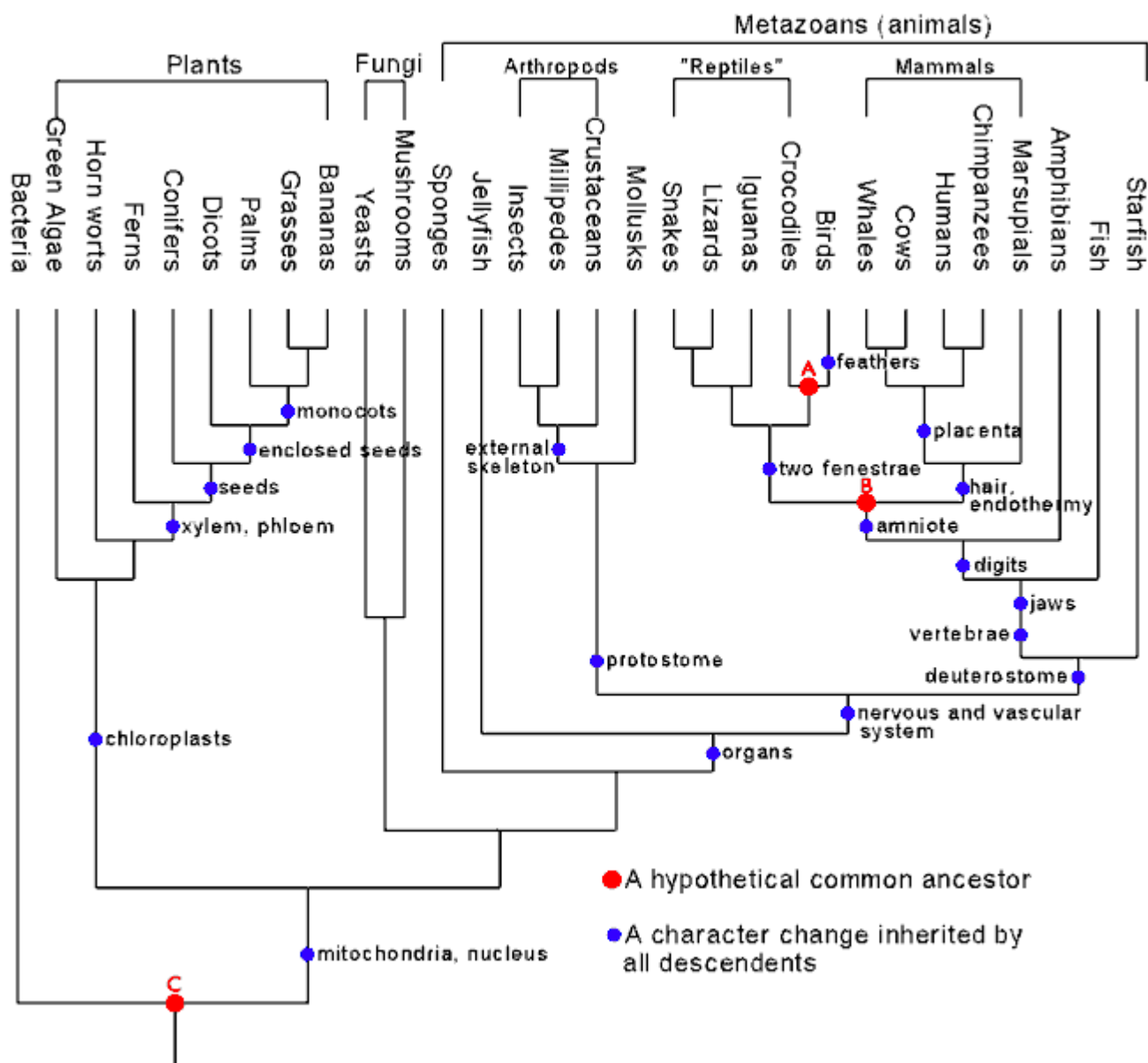
U všech probíhá např. glykolýza, cyklus kyseliny citronové, nejzákladnější jednotkou pro uchování energie je molekula adenosintrifosfátu (ATP) aj.

1.2 Vnořená hierarchie druhů (skupiny uvnitř skupin)

Z živých organismů lze vytvořit **objektivní hierarchii** na rozdíl od např. hornin nebo aut, které lze sice také uspořádat do hierarchie, ale pouze dle subjektivních měřítek, to znamená, že u nich lze nalézt více možných hierarchií. U živých organismů však má strom života **velmi vysokou statisticky signifikantní hierarchickou strukturu** a tzv. **fylogenetický signál**.

Pokud by tomu tak nebylo, bylo by možné nalézt organismy, které do této struktury nezapadají. Například savce, kteří by měli peří (peří je výborným tepelným izolátorem). Nic takového však nenacházíme. Všechny znaky známých organismů jsou konzistentní s uvedeným modelem a lze je začlenit do navržené struktury.

pozn. většina ze cca 1,5 milionu známých druhů byla objevena až po vydání Darwinovy teorie, přesto však je lze jednoznačně začlenit do hierarchické struktury. Dále se také odhaduje, že katalogizováno a detailně prozkoumáno bylo dosud pouze necelých 10% žijících druhů.



1.3 Shoda nezávislých fylogenezí

pozn. fylogeneze = vývoj druhu (opakem je ontogeneze = vývoj jedince během jeho života)

Pokud zde máme jeden historický fylogenetický strom, který sjednocuje všechny druhy do objektivní genealogie, pak by všechny sepárátní linie důkazů měli konvergovat do stejné struktury. **Fylogenetické sromy nezávisle odvozené na základě morfologie a z molekulárních sekvencí se vzájemně shodují s minimální mírou statistické odchylky.**

Existuje 10^{38} možných způsobů jak uspořádat 30 hlavních taxa do fylogenetického stromu. Vztahy odvozené z morfologické podobnosti jsou však perfektně shodné s výsledky získanými z molekulárních studií cytochromu-c. Statistická odchylka je zde menší, než jaká existuje například pro výpočet gravitační konstanty g, která se pokládá za zcela ověřený fakt!

pozn. není znám žádný biologický důvod, kromě evoluce, proč by podobná morfologie musela mít i podobnou biochemii. Naopak se ví, že mnoho různých DNA sekvencí a biochemických struktur může způsobit stejnou funkčnost a stejnou morfologii.

Přirovnání: stejný SW může být napsán v různých programovacích jazycích (Javě, Pascalu, C++,...) a následně různými způsoby zkompilován do binárního kódu. Není proto nutné vždy očekávat, že shodně funkční SW bude napsán ve stejných jazycích.

1.4 Mezičlánky a přechodné formy: možné morfologie předpovězených vývojových předchůdců

Vědci na základě fylogenetického stromu předpovídají existenci mezičlánků a vývojových forem v uzlech (nodes) stromu. Tito živočichové by měli vykazovat konkrétní morfologické charakteristiky. Nálezy fosílií postupně tyto teoretické odhady potvrzují.

př.1 přechodný článek mezi plazy a ptáky

Dnes již máme k dispozici kompletní set fosílií přechodných forem mezi dinosaury a ptáky, takže již neexistuje žádná morfologická mezera: *Eoraptor*, *Herrerasaurus*, *Ceratosaurus*, *Allosaurus*, *Compsognathus*, *Sinosauropteryx*, *Protarchaeopteryx*, *Caudipteryx*, *Velociraptor*, *Sinovenator*, *Beipiaosaurus*, *Sinornithosaurus*, *Microraptor*, *Archaeopteryx*, *Rahonavis*, *Confuciusornis*, *Sinornis*, *Patagopteryx*, *Hesperornis*, *Apsaravis*, *Ichthyornis*, *Columba* aj.

př.2 přechodný článek mezi plazy a savci

I zde existuje prakticky úplný fosilní záznam - od *Pelycosauria*, *Therapsida*, *Cynodonta* až k *primnitivním savcům*. Hlavní dva rozdíly mezi oběma skupinami:

1. plazy mají minimálně 4 kosti v dolní čelisti (př. dentary, articular, angular, surangular, and coronoid), ale savci pouze jednu

2. plazy mají pouze jednu kost středního ucha (třmínek), ale savci mají tři (kladívko, kovadlinka a třmínek)

Nalezené fosílie podrobně dokumentují postupnou změnu jak se kladívko, kovadlinka a angular oddělili od dolní čelisti plazů a staly se částmi ucha u savců. Podrobný popis zde:

http://www.talkorigins.org/faqs/comdesc/section1.html#morphological_intermediates_ex2

př.3 přechodné články mezi opicemi a člověkem

Pan troglodytes (šimpanz) je nejbližší žijící příbuzný *Homo sapiens sapiens* (člověka). Předpokládá se proto existence vyhynulých organismů se znaky obou těchto skupin. Řada takových fosílií byla nalezena:

- (A) *Pan troglodytes*, chimpanzee, modern
- (B) *Australopithecus africanus*, [STS 5](#), 2.6 My
- (C) *Australopithecus africanus*, [STS 71](#), 2.5 My
- (D) *Homo habilis*, [KNM-ER 1813](#), 1.9 My
- (E) *Homo habilis*, [OH24](#), 1.8 My
- (F) *Homo rudolfensis*, [KNM-ER 1470](#), 1.8 My
- (G) *Homo erectus*, [Dmanisi cranium D2700](#), 1.75 My
- (H) *Homo ergaster* (early *H. erectus*), [KNM-ER 3733](#), 1.75 My
- (I) *Homo heidelbergensis*, "[Rhodesia man](#)," 300,000 - 125,000 y
- (J) *Homo sapiens neanderthalensis*, [La Ferrassie 1](#), 70,000 y
- (K) *Homo sapiens neanderthalensis*, [La Chappelle-aux-Saints](#), 60,000 y
- (L) *Homo sapiens neanderthalensis*, [Le Moustier](#), 45,000 y
- (M) *Homo sapiens sapiens*, [Cro-Magnon I](#), 30,000 y
- (N) *Homo sapiens sapiens*, modern

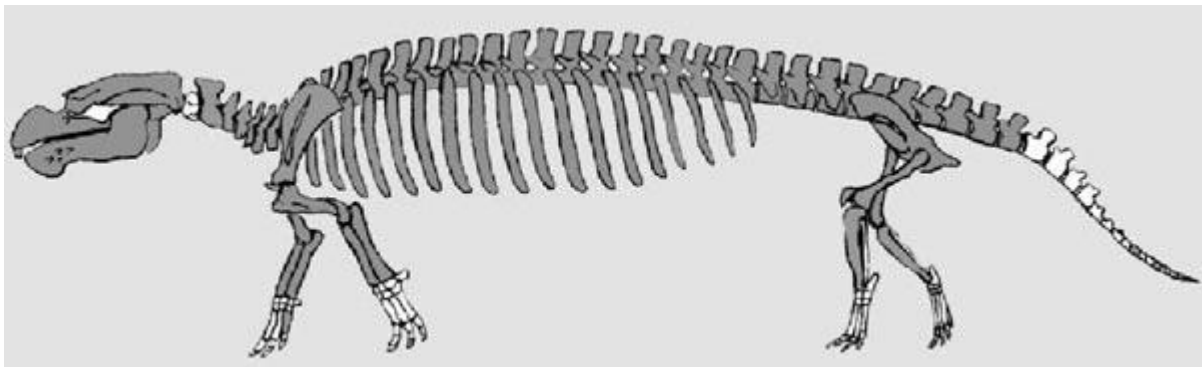


př.4 fosilie velryb s končetinami

Předpokládalo se, že velryby a delfíni se museli vyvinout ze suchozemských savců s končetinami. Teprve nedávno bylo nalezeno několik přechodných forem velryb s končetinami, které tento předpoklad potvrdily. Někteří z těchto tvorů podobných velrybám byli schopni používat své končetiny k pohybu po souši, a jiní již nikoli.

př.5 mrož s končetinami

Mroži jsou plně vodní savci, kteří nemají zadní končetiny a místo předních mají nožní ploutve. Teorie evoluce předpokládá, že se mroži vyvinuli ze suchozemských savců s končetinami. Nedávno byla na Jamajce nalezena fosílie přechodné formy se čtyřmi končetinami *Pezosiren portelli*.



Mnoho dalších příkladů zde: <http://www.talkorigins.org/faqs/faq-transitional.html>

1.5 Chronologické pořadí přechodných forem

Studie především z posledních deseti let potvrdily **pozitivní korelaci mezi fylogenezí a stratigrafií**. K měření této korelace byly použity různé způsoby datování (RCI, GER, SCI) a byla zjištěna velmi vysoká míra korelace se statistickou platností (statistical significance) $P < 0.0001$.

Také se předpokládalo, že čím více fosilií se objeví, tím bude korelace přesnější. Tento předpoklad se také stále prakticky potvrzuje.

př.1 nalezené přechodné formy mezi ptáky a plazy byly datovány do horní jury a dolní křídy (cca 150 mil let) zatímco přechodné formy mezi plazy a savci byly shledány starší a datovány do karbonu a permu (cca 250-350 mil.let). To přesně odpovídá tomu, co se předpokládalo teoreticky dle fylogenetického stromu.

př.2 Bylo prostudováno 24 různých taxa obratlovců (Norell, Novacek,1992). Pro každou taxa byla porovnána fylogenetická pozice známých fosílií s jejich stratigrafickou pozicí. U všech 24 taxa byla nalezena odpovídající korelace a u 18 z nich byla statisticky výrazně signifikantní.

př.3 jiný výzkum se zabýval detailní stratigrafickou analýzou 384 publikovaných kladiogramů rozmanitých mnohobuněčných živočichů (Benton, Hitchin, 1997). Byly použity 3 datovací metody (RCI, SRC, SCI). I přesto, že autoři přistupovali k analýze značně konzervativně (tj. zahrnuli do ní i kladiogramy s chudým rozlišením, s velmi malým počtem taxa a nevyřadili fosilie se sporným datováním) došli k extrémně vysokému stupni korelace, kdy statistická odchylka byla pouhých $P < 0.0005$.

II. část - Historie

2.1 Anatomie - zbytkové orgány

Anatomické či molekulární nefunkční (rudimentární) zbytkové orgány jsou jedním z nejznámějších důkazů evoluce. Jejich existenci nejlépe vysvětluje teorie postupného vývoje, kdy funkčnosti i struktury byly v průběhu makroevoluce získávány a opět ztráceny podle měnících se podmínek života.

pozn. ačkoli bývají většinou nefunkční, není jejich kompletní nefunkčnost nezbytně nutná pro jejich zařazení mezi zbytkové orgány. Pokud jsou totiž zbytkové orgány funkční, zajišťují pouze relativně jednoduché, minoritní či vedlejší funkce a používají struktury, které byly zřetelně určeny pro jiné komplexnější účely.

Příklady:

- **křídlo pštrosa** má složitou strukturu jako křídlo létajících ptáků, ale není využíváno k letu;
- **slepi jeskynní salamandři** (druhy *Typhlotriton spelaeus* a *Proteus anguinus*) mají plně vyvinuté oči, které jsou však kompletně skryté pod kůží a jsou tedy nefunkční;
- *Apterocyclus honolulensis* je příkladem **nelétavého hmyzu, který má krovky srostlé**, ale pod nimi jsou ukrytá dokonale zformovaná křídla. Je to jeden z mnoha známých případů.
- **většina hroznýšů má pod kůží skryté zbytkové pánvičky**, které nejsou připojeny k páteři (předpokládá se, že hadi pochází ze čtyřnohých plazů)
- **pampelišky** se rozmnožují bez oplodnění (tzv. apomixis) ale přesto mají květy a produkují pyl
- **zuby moudrosti u člověka** - tyto zuby se vyskytují u 90% lidí a nikdy nevyrostají z dásně, u jedné třetiny lidí jsou navíc deformované a mohou být příčinou bolesti, zranění či dokonce způsobit úmrtí (předchůdci člověka byli býložravci a zuby moudrosti byly potřeba pro rozžvýkání rostlinné potravy)
- **slepé střevo člověka** - i když tento orgán může mít i u současného člověka podpůrnou funkci (při formování imunitního systému) je zřejmě především pozůstatkem původně mnohem delšího slepého střeva, který měli naši předkové pro lepší zpracování rostlinné stravy.
- **kostrč u člověka** - nachází se tam, kde má většina obratlovců ocas; člověk a některé opice však jsou jedinými obratlovci, kteří v dospělém věku ocas nemají. Kostrč není nutná pro sezení, chůzi ani vylučování. U některých jedinců však může způsobovat chronickou bolest ([coccydynia](#)).

2.2 Atavismus

pozn. **Atavismus** (mn. č. atavismy, z *lat. atavus*, prapředek) je rys nebo znak, biologickou evolucí už překonaný a vymizelý, který se však znovu objeví jako výjimka.

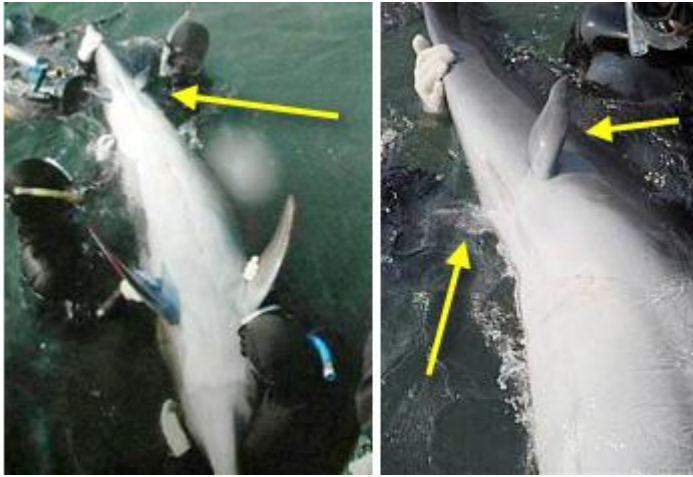
Základní rysy atavismu:

1. vyskytují se u dospělých jedinců
2. rodiče jedince tyto rysy nemají
3. jedná se o výjimečný (vzácný) jev v populaci

Z hlediska potvrzení teorie evoluce jsou zajímavé především atavistické struktury, které jsou **charakteristické pro jinou taxa, než do které patří daný organismus**. Stejně jako u zbytkových orgánů nemůže mít žádný organismus atavistické struktury, které neměl žádný jeho předek dle fylogenetického stromu. Pokud by se takový případ našel, jednalo by se o důkaz proti teorii evoluce. Zatím však všechny známé případy odpovídají teorii.

př. 1 nalezené žijící velryby a delfíni se zadními končetinami

V r. 2006 byl u japonských břehů chycen delfín se čtyřmi ploutvemi (nyní se nachází v Taiji Whaling Museum). Delfín má navíc zadní pár končetin - jedná se o plně zformované a funkční pádlovité končetiny. Podobných případů je známo více.



př.2 narozené děti s ocasem

V lékařské literatuře je popsáno více než 100 takových případů. Méně než jedna třetina z nich jsou tzv. pseudo-ocasy (nejedná se o skutečné ocasy, ale o důsledky poškození při vývoji plodu).

V ostatních případech se však jedná o neúplnou regresi ocasu embrya. Viz RTG šestileté holčičky.



Obvyklá velikost se pohybuje od 2,5 do 12,5 cm a jedinci s ním mohou libovolně pohybovat svalovými kontrakcemi jako odpovědí na různé emotivní stavy. Obvykle se nedědí, ale je znám jeden případ, kdy byl děděn u žen po 3 generace. Dnes již známe geny, které jsou zodpovědné za vznik ocasu u savců - tyto geny mají také všichni lidé, většinou jsou však u nich díky evolučnímu vývoji neaktivní a jsou tak pouze historickým pozůstatkem z vývoje genomu člověka.

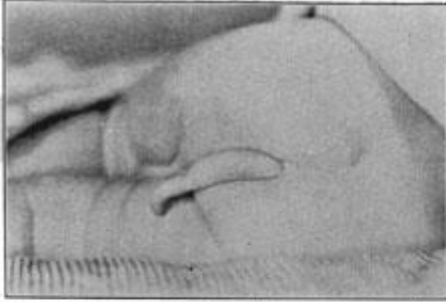


Fig.1 - Photograph showing tail in extended condition. Fig. 2. - Photograph showing tail in state of contraction.



2.3 Molekulární zbytkové charakteristiky

Zbytkové charakteristiky lze nalézt i na molekulární úrovni

př.1 Kyselina ascorbová (vitamin C)

Člověk nemá schopnost syntetizovat kyselinu ascorbovou, její nedostatek v potravě se projeví jako kurděje. Protože však většina zvířat (kromě primátů a morčat) tuto schopnost má, musel ji mít i předchůdce člověka. Předpokládalo se tedy, že na molekulární úrovni musí u člověka (a primátů a morčat) existovat nějaká zbytková charakteristika a to se potvrdilo, když byl nalezen příslušný pseudogen (tj. gen schopný požadované funkce, ale nyní nefunkční).

Tento pseudogen je u člověka mírně odlišný než příslušný pseudogen u šimpanzů, o něco více odlišný než u orangutanů a ještě o něco více odlišnější než u makaků. A to přesně odráží posloupnost vývoje tak, jak je určena evoluční teorií. Navíc bylo zjištěno, že tyto geny akumulovaly své mutace rychlostí, která přesně odpovídá té, která byla teoreticky předpovězena.

př.2 geny pro vnímání pachů (OR = Odorant Receptor genes)

Předpokládalo se, že předchůdci člověka museli mít mnohem více vyvinutý čich, podobně jako dnes většina savců. To se potvrdilo z genomu člověka.

Lidé mají tolik OR genů jako savci, ale cca 70% z nich jsou pseudogeny (= neaktivní). Například myši mají většinu OR genů jako my, ale všechny mají aktivní. Naproti tomu delfíni je mají také, ale aktivní není žádný (čich nepotřebují).

2.4 Ontogeneze a vývoj organismu

Finální dospělá forma organismu je produktem řady kumulativních vývojových procesů. Aby se druhy mohly morfologicky vyvinout, musely se tyto vývojové procesy nezbytně změnit. Z hlediska makroevoluce zde máme závěr, že **vývoj organismu je modifikací ontogeneze jeho předků**. Ontogeneze vytváří fylogenezi. Když máme znalosti o ontogenezi organismu, můžeme předpovědět jisté aspekty, jakou cestou se ubírala evoluce organismu. Proto embryologie poskytuje testovatelné předpovědi a potvrzení o makroevoluci.

př.1 ušní kůstky savců a čelisti plazů

Embryologické studie ukazují, že dvě kosti vyvíjejícího se embrya plaza se nakonec zformují v čelistní kosti nazvané quadrate a articular. U vačnatců se však ty samé dvě struktury zformují nikoli do čelistních kostí, ale do ušních kůstek (kladívka a kovádlíky). To ukazuje na skutečnost, že během evoluce se kosti středního ucha savců vyvinuly z čelistních kostí plazů. Toto zjištění embryologie je nezávisle plně potvrzeno fosilními nálezy organismů s přechodnými strukturami uvedených kostí (viz bod 1.4 př.2)

př. 2 hltanové vaky obratlovců a žaberní oblouky

U embryí savců nacházíme dočasné hltanové vaky, které jsou morfologicky nerozlišitelné od žaber vodních obratlovců. U savců se z nich však nevyvinou žábry, ale eustachova trubice, střední ucho, mandle, brzlík aj. Tento pozůstatek evoluce dokládá, že savci dříve byli vodními živočichy a dýchali skrze žábry.

př.3 zadní končetiny u embryí velryb a plazů

V průběhu embryonálního vývoje se objeví zárodky zadních končetin, které jsou v dalším vývoji před vylíhnutím reabsorbovány.

př.4 ocas lidského embrya

vyvine se 4-5 týden po početí, má 10-12 obratlů a zasahuje daleko za dolní končetiny (cca 10% délky embrya). V osmém týdnu zmizí buněčnou smrtí 6 posledních obratlů ocasu a zbylé se zmenší. Dospělý jedinec má pouze kostrč.

3D animace: <http://embryo.soad.umich.edu/>

př.5 vaječné skořápky a karunkula vačnatců

Plazy a ptáci kladou vejce. Mláďata při líhnutí narušují skořápku vajec buď pomocí tzv "vaječných zubů" nebo speciálního výrůstku tzv. karunkuly. Savci, o kterých se předpokládá, že se vyvinuli z plazů, tyto útvary již nemají. Avšak primitivní savci jako ptakopysk nebo ježura mají oba tyto útvary a to i přesto, že jejich vajíčka nemají tvrdou skořápku. To zřetelně potvrzuje jejich původ z plazů.

pozn. evoluční teorie odmítá Haeckelovu teorii, že vývoj embrya odráží fylogenetický vývoj druhu. Je však zřejmé, že vývoj embrya reflektuje během svých fází vývoje vývoj embryí svých blízkých evolučních předchůdců nikoli však jejich podobu jako dospělých jedinců.

2.5 Současná biogeografie

Divergence druhů probíhá nejen v čase, ale také v prostoru. Proto předchůdce každého druhu většinou nenacházíme libovolně, ale v konkrétních geografických lokalitách. Proto by i rozšíření současných druhů mělo být konzistentní s lokalizací jejich předchůdců - a to potvrzují fosilní nálezy.

Výjimkou jsou samozřejmě druhy s extrémní mobilitou. Vliv má také kontinentální drift a samozřejmě i časový rozptyl - čím je větší, tím je pravděpodobnější se populace nového druhu rozšířila více.

Klasickým případem jsou vačnatci, kteří až na pár výjimek žijí pouze v Austrálii (výskyt vačice opossum v americe se vysvětluje kontinentálním driftem). A naopak se v Austrálii nevyskytují placentální savci (ti, kteří tam jsou nyní, tam byli zavlečeni člověkem).

Jiným příkladem mohou být aligátoři a magnólie, kteří se vyskytují pouze v severovýchodní Americe a východní Asii (tyto dvě oblasti si v době existence kontinentu Laurasie byly blízko).

2.6 Historická biogeografie

Geografické rozložení fosílií by mělo odpovídat fylogenetickému stromu

př.1 vačnatci

předpoklad: měli by existovat fosílie předchůdců dnešních vačnatců vyskytujících se v Austrálii a Jižní Americe z doby, kdy byly tyto oblasti spojeny v jeden kontinent

potvrzení: byly nalezeny fosílie raných vačnatců z pozdní křídy, tj. z doby, kdy byly jižní Amerika, Antarktida a Austrálie spojeny v jediný kontinent. Tyto fosílie byly nalezeny dokonce i v Antarktidě, kde dnes žádní vačnatci nežijí!

př. 2 koně

předpoklad: existující kompletní fosilní záznam vývoje koní by měl být "hladce" geograficky propojen (následné formy by se měli nacházet blízko svých předchůdců).

potvrzení: fosílie deseti přechodných forem koně (od *Hyracotheria*, který se podobá psu, přes *Orohippus*, *Epihippus*, *Mesohippus*, *Miohippus*, *Parahippus*, *Merychippus*, *Dinohippus*, *Equus*, až k současnému *Equus*) jsou odstupňovány zhruba po období 5 mil. let. Všechny se nacházejí na severoamerickém kontinentu.

př.3 lidoopi a lidé

předpoklad: jak z hlediska kladistické morfologie, tak dle DNA jsou lidé blízce příbuzní lidoopům žijícím dnes na africkém kontinentu. Lze tedy předpokládat, že fosílie ranných hominidů se budou vyskytovat právě zde.

potvrzení: fosílie *Ardipithecus ramidus*, *Australopithecus anamensis*, *Australopithecus afarensis*, *Australopithecus garhi*, *Kenyanthropus platyops*, *Kenyanthropus rudolfensis*, *Homo habilis* byli nalezeni v jižní a východní Africe.

III. část - přizpůsobivost a evoluční omezení

Vývoj s postupnou modifikací znamená, že organismy mohou k modifikaci použít pouze co, co již mají - jsou doslova otroky své vlastní historie. Je to proto, že struktury, na rozdíl od funkcí, jsou striktně dědičné. To je příčinou extrémního omezení pro možné cesty evoluce.

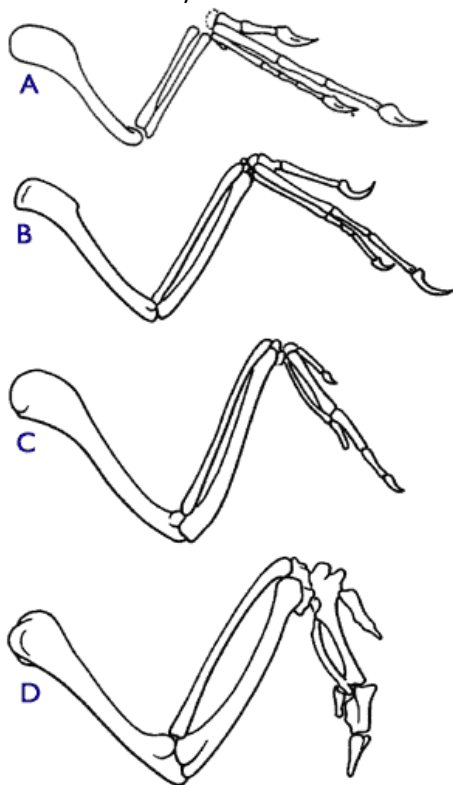
3.1 Anatomická parahomologie

Parahomologie znamená podobnost struktur i přes jejich odlišnou funkci. Existuje-li gradualismus (postupný vývoj), pak existuje i parahomologie. Na základě parahomologie lze provádět detailní a explicitní předpovědi možných morfologií ve fosíliích.

Existuje bezpočet příkladů jak u žijících tak u vyhynulých organismů.

Příklad: podobné kosti ve shodných relativních pozicích vytváří ruce primátů, křídla netopýrů, křídla ptáků, křídla pterosaurů, ploutve velryb a tučňáků, nohy koně, přední končetiny krtek - všechny mají podobné struktury, ale rozdílné funkce. Nezávislé důkazy z fosilního záznamu nám potvrzují, že tyto struktury se vyvíjely jedna z druhé.

Teorii evoluce by zdiskreditoval jakýkoli nálezný fosílie, která by vykazovala prvky, které se nemohly vyvinout z předchůdců takového organismu - například pokud by se našel okřídlený kůň (pegas) nebo pták zároveň s křídly i s předními končetinami apod. Žádný podobný kompromitující nálezný však za více než 200 let hledání fosílií dosud nebyl učiněn.



Na obrázku: Srovnání předních končetin

A) Theropodního dinosaura (*Ornitholestes*), B) *Archeopteryx*, C) *Sinornis* (archaického pátka z ranné křídy a D) křídlo současného kuřete

3.2 Molekulární parahomologie

Parahomologie na molekulární úrovni je velmi působivá. Mnoho proteinů s naprosto rozdílnou funkcí má úžasné podobnou jak sekvenci aminokyselin tak třídimenzionální strukturu.

př.1 Lysozym je protein, který má většina organismů a používá ho k obraně (na ničení stěn buněčných jader). α -Lactalbumin je mu velmi podobný, avšak má naprosto odlišnou funkci - používá se k syntéze laktózy u savců.

př.2 geny kvasnic (jednobuněčných organismů) jsou geny, které plní základní biochemické funkce v organismu. Předpokládá se, že tyto geny jsou evolučně nejstarší a měli by tedy být obsaženy v evolučně následných organismech jako jsou červi. Fylogenetická analýza tyto předpoklady plně potvrdila.

př.3 v genomu *Caenorhabditis elegans* je 18 000 genů a z toho polovina je duplikací jiných genů stejného genomu. Podobné je to s genomem hmyzu, kde je 40% redundantních.

Rozsáhlejší studie eukariotických genomů potvrdily, že parahomologie je značně rozšířeným jevem a že strukturální inovace jsou relativně vzácné. Průměrně je 70% genomu libovolného organismu sdíleno s jinými organismy, což indikuje, že v průběhu evoluce byla většina genů z genomu opakovaně používána pro různé funkce v různých organismech. Lze tedy konstatovat, že v průběhu evoluce eukaryot vzniklo jen velmi málo skutečných strukturálních či genetických inovací, protože většina genů byla jednoduše duplikována a/nebo opětovně používána s minimálními změnami ať již v daném organismu nebo v organismech jiných. Proto úroveň rozdílnosti mezi organismy (odhadem cca 30%) lze evidentně přičítat především postupným mikroevolučním procesům.

3.3 Anatomická analogie

Analogie je dalším důsledkem evolučního principu a popisuje případy, kdy rozdílné struktury plní nyní obdobnou funkci. Všechny struktury (v modifikované podobě), které plní aktuální funkci jsou vždy přítomné i u jejich vývojových předků.

příklady:

- oko obratlovců a oko hlavonožců
- pouštní rostliny ze Sahary a z pouští v Americe
- ve vodě žijící savci (velryby, delfíni) a ptáci (tučňáci)

3.3 Molekulární analogie

příklad:

tři různé proteiny (*subtilisin*, *carboxy peptidáza II* a *chymotrypsin*) patří mezi serinové proteázy (při procesu trávení odbourávají jiné proteiny). Všechny mají stejnou funkci, stejná katalitická rezidua na svých aktivních místech a stejný katalytický mechanismus. Přesto nemají žádnou shodnou sekvenci ani strukturální podobnost.

3.4 Anatomická suboptimalita

Evoluční přizpůsobivost je příčinou existence různých suboptimálních funkcí a struktur. Protože evoluční vývoj staví především na tom, co již existuje, bývá požadovaná nová funkčnost často dosažena strukturami, které

nejsou zdaleka tak optimální, jak by mohli být v případě, že by požadavek na konkrétní funkčnost byl známý již na počátku a nevznikl až v průběhu vývoje.

př.1 u savců se trávicí trakt kříží s dýchacím systémem.

Mnohem efektivnější by bylo, pokud bychom mohli dýchat i polykat zároveň (zabránilo by se tak úmrtím z udušení při jídle). Příčinou je, že se savci vyvinuli z devonské ryby, která měla plíce a dýchala tak, že polykala vzduch. Teprve později se z čichových dírek ryb vyvinul systém pro dýchání na souši. Proto jsou dnes nosní dírky u savců na opačné straně jícnu než plíce.

př.2 převrácená sítnice oka u savců s její slepou skvrnou.

Příčinou je umístění nervů a krevních vlásečnic na sítnici a proto světlo než dopadne na světlocitlivé buňky musí procházet nejprve skrze ně. Slepá skvrna je způsobena otvorem v zadní části oka, kde se sbíhají všechny nervy a skrze sítnici vedou do mozku. Aby se tento problém eliminoval, je v oku několik kompenzačních struktur a mechanismů (fovea, pomalejší a více průsvitné nemyelinizované nervy)

pozn. oko hlavonožců je podobné a založené na stejných mechanických principech jako oko savců, ale nemá výše uvedené dva nedostatky

Mnoho dalších příkladů zde: <http://www.talkorigins.org/faqs/jury-rigged.html>

3.5 Molekulární suboptimalita

Méně než 2% z **lidské DNA** je využíváno k tvorbě proteinů. Celých 45% lidského genomu je tvořeno **transpozony**, které nemají žádnou funkci. Například retrotransponon LINE1 zabírá plných 17% lidského genomu. I kdyby tyto genetické elementy poskytovali bona fide nějakou nám dosud neznámou funkčnost jako celek, zůstávají přesto nejméně efektivními geny v celé biologii pro jejich nadměrný počet a jejich známou náchylnost způsobovat onemocnění (rakovinu a dědičné chroby).

Přibližně 20% lidského genomu je tvořeno **pseudogeny** - většina z nich nemá pro jedince žádný význam.

Většina eukariotických genů, které kódují proteiny je oddělena nekódujícími sekvencemi, které se nazývají **introny**. Než může být informace uložená v genech využita k tvorbě proteinů, musí se introny z řetězce vyříznout. Introny tvoří 80% průměrného genu obratlovců. Podobně jako v případě transpozonů nemá většina intronů žádnou funkci (pouze v řídkých případech se účastní genové regulace nebo kódování funkční RNA).

Zbylá část eukaryotického genomu je tvořena krátkými **opakujícími se sekvencemi** jako např. AAAAAA, CACACA, nebo CGGCGGCGG. Zdá se že neexistuje žádný způsob jak odstranit zbytečné a nefunkční části DNA. Jakmile se sem dostanou, zůstávají zde napořád.

Podobné nadbytečné části DNA mají i **jednobuněčné organismy**. Například nálevníci *Paramecium aurelia* a *Paramecium caudatum* jsou na základě morfologické a fenotypické analýzy nerozlišitelní, avšak genom druhého z nich je 45x delší než genom prvního a obsahuje tedy obrovské množství zbytečných informací. Jiný příklad: jednobuněčný organismus *Paramecium caudatum* má 3x delší DNA než člověk.

Nedostatek efektivního designu je tak potvrzením neřízeného dlouhodobého vývoje organismů.

IV. část - Důkazy z molekulární sekvence

Podstata molekulárních sekvencí umožňuje extrémně působivé pravděpodobnostní kalkulace, které demonstrují, jak dobře se předpovědi postupného vývoje s modifikacemi shodují s empirickým pozorováním.

4.1 Redundantnost proteinové funkcionality

Podpora pro teorii postupného vývoje založená na studiích molekulárních sekvencí má charakter deduktivního důkazu, který umožňuje jednoznačný závěr, že **podobnost implikuje příbuznost**.

Argumentace:

1. Existují tzv. všudypřítomné geny - jsou to geny, které má každý organismus, protože zajišťují základní životní funkce.

2. Tyto všudypřítomné geny nemají souvislost s fenotypem konkrétních druhů - nezáleží zda se jedná o bakterii, žábu, velrybu nebo člověka, tyto geny jsou ve všech organismech a v nich tyto geny plní stejné základní životní funkce

3. Molekulární sekvence všudypřítomných genů jsou funkčně redundantní - jakýkoli všudypřítomný gen má extrémní velký počet rozdílných funkčně ekvivalentních forem (tj. proteinových sekvencí, které mohou plnit stejné biologické funkce)

4. Specifické všudypřítomné geny nejsou potřebné u žádného druhu - evidentně není žádný apriorní důvod, proč by ve všech organismech měli být stejné či dokonce podobné sekvence. Žádná specifická sekvence není funkčně nezbytná v žádném organismu - nezbytná je pouze jedna z velkého počtu funkčně ekvivalentních forem daného všudypřítomného genu nebo proteinu.

5. Dědičně návazné sekvence, dokonce i v případě absence funkční nezbytnosti - je zde právě a pouze jediný pozorovaný mechanismus, který způsobuje, že dva rozdílné organismy mají všudypřítomné proteiny s podobnou sekvencí (samozřejmě pokud pomineme extrémně malou pravděpodobnost pouhé náhody). Tímto mechanismem je dědičnost.

Závěr: z výše uvedeného plyne, že podobné všudypřítomné geny indikují genealogickou příbuznost - čím více si jsou sekvence všudypřítomných genů podobné, tím je příbuznost bližší.

př. cytochrome-c je látka nezbytná k životu a je obsažena ve všech živých organismech. Jedná se ale zároveň o extrémně funkčně redundantní protein - pouze cca třetina ze 100 aminokyselin, které obsahuje, je nezbytných ke specifikování správné funkčnosti tohoto proteinu, proto je zde teoreticky možné obrovské množství jeho variant. Teoreticky existuje 10^{93} možných funkčních proteinových sekvencí cytochromu-c (to je více, než kolik je atomů v nám známém vesmíru). **Statisticky lze předpokládat, že každý biologický druh může mít libovolnou "verzi" tohoto proteinu. Dle vývojové teorie se však očekává, že u příbuzných druhů se bude projevat větší podobnost v jeho sekvenci v závislosti na genealogické příbuznosti.**

Pokud se tedy u dvou druhů nalezne cytochrom-c, který je shodný nebo podobný, znamená to, že druhy si jsou genealogicky příbuzné.

Tento předpoklad byl ověřen: V případě člověka a šimpanze je sekvence cytochromu-c naprosto shodná! Od jiných savců se však liší přibližně 10 aminokyselinami. U jiných organismů je to ještě více a například kvasnice *Candida krusei* (od člověka nejvzdálenější příbuzný eukariotický organizmus), má cytochrome-c odlišný v 51 aminokyselinách. Je tedy zřejmé, že se nemůže jednat o náhodu, ale je to přímé potvrzení větší či menší genealogické příbuznosti organismů podle fylogenetického stromu.

4.2 Redundantnost kódování DNA

Genetický kód DNA je značně informačně redundantní. V průměru jsou zde tři kodony (tj. triplety DNA bází), které mohou specifikovat naprosto shodnou aminokyselinu.

př. opět použijme případ cytochromu-c: máme zde teoreticky 10^{46} různých DNA sekvencí, které mohou kódovat naprosto shodnou proteinovou sekvenci. Lze tedy říci že existuje 10^{46} možných genů, které toto zajistí. Z předchozího příkladu (bod 4.1) vyplynulo, že proteinové sekvence cytochromu-c u člověka šimpanze jsou naprosto shodné. I když existuje teoreticky obrovské množství možností, jak kódovat DNA, aby existovala shoda vyprodukovaných proteinů, bylo zjištěno, že oba úseky DNA u člověka šimpanze, které kódují cytochrome-c, se liší pouze o 1,2%! To je jednoznačný další důkaz genealogické příbuznosti.

pozn. kombinovaný efekt redundantnosti kódování DNA a redundantnosti proteinové sekvence vysvětlený v bodech 4.1 a 4.2 má za následek dvojitou redundanci při porovnávání sekvencí DNA; DNA sekvence všudypřítomných proteinů jsou kompletně nekorelační s fenotypickými rozdíly mezi druhy, ale jsou silně kazuálně korelační s dědičností. Proto je fylogenze založená na DNA považována za tolik robustní.

4.3 Molekulární důkazy - Transpozony

V mnoha ohledech jsou **transpozony** podobné virům, nemají však proteinový obal jako viry, nemohou proniknout buňčnou stěnou, a proto se také nemohou replikovat v genomu jejich hostitele. Můžeme se na ně ale dívat jako **intragenomové parazity**. Jediným způsobem, jak se běžně mohou přenést z jednoho organismu na druhý je přímo zdvojením DNA a dědičností (rodič předá transpozony potomkům). Replikace transpozonů se nazývá **transpozice** a transpozony se při ní zkopírují a tuto svoji kopii vloží náhodně někde do řetězce DNA hostitele. Transpozice byla pozorována u celé řady organismů od kvasnic přes hmyz až po člověka. U lidí může způsobit různá onemocnění (neurofibromatózu, hemofilii, rakovinu aj.)

Části DNA mezi sekvencemi genů, které kódují proteiny, se nazývají **mezigenové regiony** (intergenic regions) a obsahují velmi mnoho transpozonů, endogenních retrovirů, pseudogenů, mikrosatelitů apod. Tyto mezigenové sekvence jsou do značné míry vytvářené náhodně a vytvářejí proto specifický vzor DNA a podobně jako otisky prstů, kterými se lidé mezi sebou výrazně odlišují. Mezigenové regiony jsou však dědičné (jsou součástí DNA), a proto je zde mezi příbuznými velmi silná korelace. **Proto nalezení stejného transpozonu ve stejné chromozomové lokaci u dvou organismů je silným důkazem o jejich vzájemné příbuznosti.**

př.1 Jedním z důležitých SINE transpozonů je prvek 300 bp Alu. Alu elementy obecně mají všichni savci a u člověka tvoří 10% genomu (tj. 60 milionů bází opakující se DNA). Používají se dnes k vystopování historické a prehistorické migrace lidí a také ve forenzní kriminalistice. Z našeho pohledu je však podstatné, že lidský klastř alfa-globin obsahuje 7 Alu elementů a každý z nich mají i šimpanzi a to v naprosto shodném umístění.

př.2 Tři různé specifické SINE transpozice byly nalezeny ve stejné chromozomální lokaci u velryb, hrochů a přežvýkavců, kteří by dle fylogenetického stromu měli být velice blízkými příbuznými. Avšak jiní méně příbuzní savci jako např. velbloudi a prasata tyto specifické transpozice nemají.

4.4 Molekulární důkazy - Redundantní pseudogeny

Pseudogeny jsou velmi podobné funkčním genům kódujícím proteiny (mají stejnou primární DNA sekvenci a často i shodnou chromozomální lokaci genů). Pseudogeny však mají **chybné regulační sekvence**, které zabraňují tomu, aby byl gen přepsán do mRNA a následně pak použit k tvorbě proteinů. Z tohoto pohledu jsou pseudogeny **molekulárním případem zbytkových orgánů**. Pseudogeny sice také ztratily svoji původní funkčnost, avšak na rozdíl od morfologických zbytkových orgánů si organismus jako celek tuto funkčnost může podržet i nadále, pokud nese v genomu jinou funkční náhradu za dané pseudogeny.

Pseudogeny, které jsou zbytkové v morfologickém smyslu, jako např. pseudogen pro syntézu vitamínu C, jsou zmíněny v bodě 2.3.

Ostatní typy pseudogenů, kdy má organismus v genomu jak jejich funkční, tak i nefunkční variantu, se nazývají **redundantní pseudogeny**.

Podobně jako u transpozice je i vznik nových redundantních pseudogenů genovou duplikací jev řídký a náhodný, ale pokud jednou vznikne, přenáší se dále na všechny potomky. Proto je výskyt stejného pseudogenu ve stejné chromozomální lokaci silným důkazem pro společný původ obou organismů.

příklady:

Existuje mnoho příkladů redundantních pseudogenů mezi primáty a člověkem.

- Například **pseudogen hemoglobinu** (gen $\psi\eta$ -globin) se kromě lidí vykytuje již jen pouze u primátů. Zde se však nachází v přesně stejné chromozomové lokaci jako má člověk a navíc i se stejným typem mutace, která mu znemožňuje jeho původní funkci.

- Jiným příkladem může být **pseudogen steroid 21-hydroxylasa**. Jak lidem, tak šimpanzům chybí v tomto pseudogenu stejné osm párů bází a to znemožňuje správnou funkci genu.

4.5 Molekulární důkazy - Endogenní retroviry

Endogenní retroviry jsou molekulární zbytky minulých virových infekcí. Retroviry (jako např. HIV viry způsobující AIDS nebo HTLV1 viry způsobující jistou formu leukémie) vytváří kopie své vlastní virové DNA a vkládají je do hostitelova genomu. Pokud se toto stane u buněk zárodečné linie (spermie či vajíčka) dědí tuto retrovirální DNA i potomci. Opět je tento proces velmi vzácný a náhodný, takže pokud se u dvou organismů nalezne stejná sekvence retroviru, je to závažným důkazem pro jejich příbuznost.

př. 1 V lidském genomu zabírají endogenní retroviry přibližně 1% - jedná se o cca 30 000 sekvencí retrovirů. Dnes známe nejméně sedm případů vložených retrogenů, které jsou shodné jak u šimpanzů, tak u lidí. Jakmile k takové události v minulosti jednou došlo, všichni potomci si tuto sekvenci s sebou nesou dále a předávají ji dalším potomkům. Jedná se tedy opět o silný důkaz, že šimpanzi i lidé mají společného předka.

př. 2 Dle standardního fylogenetického stromu víme, že malé kočky se na rozdíl od velkých kočkovitých šelem oddělili později. Všechny tyto malé kočky (kočka domácí, evropská kočka divoká, africká kočka divoká aj.) sdílejí specifickou sekvenci retroviru. Velké kočkovité šelmy však tento retrovir nemají.

V. část - Změna a nestálost

5.1 Genetická změna

Genotyp rozhoduje o možných fenotypech. Proto je pro pochopení evoluce genetická změna klíčovým faktorem a nutnou podmínkou existence evolučního procesu. **Genom je neuvěřitelně plastický a jeho změna je dědičná a nevratná.**

Jak v laboratořích, tak ve volné přírodě **bylo zaznamenáno množství genetických změn**. Jedná se o nevratné a dědičné změny genomu způsobné: tokem genů, náhodným genetickým driftem, přírodním výběrem a mutacemi. Pozorované mutace byly způsobeny mobilními introny, genovou duplikací, rekombinací, transpozicí, horizontálním genovým transferem (retroviry), substitucí bází, zrušením bází, vložením bází a chromozomálním přeskupením. Chromozomální přeskupení zahrnuje duplikaci genomu (polyploidizace), nerovnoměrný *crossing-over*, inverzi, translokaci, rozštěpení, fúzi, chromozomovou duplikaci a chromozomové odstranění.

5.2 Morfologická změna

Řada pozorování dokládá **existenci morfologických změn v populacích organismů**. Jako příklad můžeme uvést změny barvy orgánů (oči a tělo drosofilů, srsti myši, šupin ryb a peří ptáků apod.). Byly zaznamenány prakticky všechny představitelné změny velikosti a tvarů fyzických parametrů zvířat. To je zvláště klíčové pro postupný vývoj, protože hlavní morfologické rozdíly mezi mnoha druhy jsou jednoduše variací velikosti a jistých aspektů jejich parahomologní struktury.

pozn. parahomologie je opak analogie. Je tím myšlena podobná struktura, která má však jinou funkci.

5.3 Funkční změna

Jedním z hlavních rozdílů mezi organismy je jejich potenciál pro rozdílné funkce. Bylo zaznamenáno **mnoho případů, kdy organismy získaly novou funkci, kterou dříve neměly.**

Příklady:

- Bakterie získávají rezistenci na viry a antibiotika a také se u nich vyvinula schopnost syntetizovat nové aminokyseliny a DNA báze.
- Jednobuněčné organismy získaly schopnost zpracovávat člověkem uměle vytvořené látky nylon a pentachlorofenol a používat je jako svůj jediný zdroj uhlíku.
- U bakterií se vyvinula schopnost žít za teplot převyšujících jejich dosavadní horní akceptovatelnou hranici.
- U *E.Coli* se podařilo uměle vyvolat vývoj zcela nového metabolického systému umožňujícího metabolizovat nový zdroj uhlíku.
- Hmyz se stává rezistentní na insekticidy.
- Rostliny a zvířata si vyvíjejí rezistenci vůči některým onemocněním.
- Korýši si vyvinuli novou obranu proti predátorům.
- U obojživelníků se vyvinula tolerance na kyselost prostředí.
- Savci získali imunitu vůči některým jedům.
- Příznivé mutace byly zaznamenány i u člověka, jako například mutace *Apolipoprotein AI Milano*, která prokázala u svých nositelů snížení rizika kardiovaskulárního onemocnění.

5.4 Záhadná minulost Země a fosilní záznam

předpoklad:

1. Čím dále jdeme do minulosti, tím bychom měli nacházet život více odlišný od současného
2. Dle toho, co víme o dynamice druhů a rychlosti jejich vymírání ze současnosti, se předpokládá, že většina organismů nakonec vždy vyhyne. Proto se také předpokládá, že i většina organismů, kteří žily v minulosti, musela vyhnout a tedy by většina fosilií měla ukazovat druhy, které nejsou předchůdci žádných současných žijících druhů.

potvrzení:

Od vrstev datovaných na 580 mil. let, ve kterých se nacházejí první mnohobuněčné organismy, které jsou naprosto odlišné od všeho, co dnes známe, přes mezozoikum (250-65 mil. let), kde dominovali dinosauři, až k pleistocénu (2 mil. let), kdy se začaly ve větší míře objevovat savci, se výše uvedený předpoklad potvrzuje. Teprve pak se objevují organismy podobné těm, které žijí dnes, ale i zde jsou výjimky jako např. mamuti, šavlozubí tygři, gigantičtí lenochodi apod.

5.5 Etapy speciace (vzniku druhů)

Definice druhu: druhy jsou skupiny skutečně či potenciálně se křížících přírodních populací, které jsou reprodukčně izolovány od ostatních takových skupin.

Předpoklad: Pokud v minulosti probíhalo větvení na nové druhy, pak bychom dnes měli pozorovat všechny možné stupně speciace či genetické izolovanosti - od plně se křížících populací, přes částečně se křížící a křížící se s omezenou či žádnou další plodností až po nekřížící se populace.

Potvrzení:

Existuje nespočet případů rozdílných druhů, které mohou v případě neobvyklých okolností či situací vytvářet hybridy. Příklad vrány západní Evropy (*Corvus corone*) a asijské vrány (*Corvus cornix*). Jiným příkladem mohou být dva druhy racků (*Larus L. argentatus* a *L. fuscus*), které se v Anglii pokládají za dva různé druhy, protože se mezi sebou nekříží. Tito racki však žijí i mimo Anglii a zde se bez problémů kříží.

Příkladem druhů, které mohou vytvářet hybridy, ale s omezenou plodností jsou některé druhy žab či koní (př. křížení koně a osla vzniká neplodná mula). Jiné druhy jsou schopné úspěšného oplodnění, ale nový jedinec umírá v embryonálním stádiu, například žáby druhu *Rana pipiens* a *R. sylvatica*.

5.6 Speciace (vznik druhů)

Na základě fosilních záznamů a změřené rychlosti mutací se odhaduje průměrný čas, za který vzniká plně izolovaný reprodukce schopný druh na přibližně 3 miliony let. Pozorování vzniku nových druhů v přírodě je proto velice řídké. V laboratorních podmínkách lze však celý proces značně urychlit.

př.1 skrze hybridizaci a polyploidizaci došlo od počátku 20. století ke vzniku nových druhů u některých krytosemenných rostlin a kapradin (konopí, petrklíč, ředkvička, kapusta, různé druhy kapradí).

př. 2 u mušky drosofilu, hojně zkoumané v laboratorních podmínkách, byl dokumentován vznik nových druhů prostorovou separací, habitatní speciací ve stejné lokalitě, změnou v chování při námluvách, devastujícím přírodním výběrem, efektem úzkého hrdla v populaci a jinými mechanismy.

př. 3 bylo pozorováno šest případů speciace u myší domácích na Madeiře za posledních 500 let jako důsledek geografické izolace, genetického driftu a chromozomových fúzí. Těchto fúzí přežili myši na Madeiře celkem devět. Pro zajímavost: jediná chromozomální fúze je příčinou základního rozdílu v genomu šimpanze a člověka.

Mnoho dalších příkladů zde: <http://www.talkorigins.org/faqs/faq-speciation.html>

5.7 Rychlost morfologických změn

Jako jednotka míry evoluční změny se používá **1 darwin** = změna v charakteristice organismu faktorem e na milion let (e je základ přirozeného logaritmu). viz [http://en.wikipedia.org/wiki/Darwin_\(unit\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Darwin_(unit))
Pro srovnání: rychlost 400 darwinů je dostatečná pro transformaci myši na slona za pouhých 10 000 let.

Předpoklad: pozorovaná rychlost evoluční změny v současných populacích musí být stejná nebo vyšší než ta, kterou pozorujeme ve fosilním záznamu.

Potvrzení:

př.1 Na základě významné studie Phillipa Gingeriche v r. 1983, který analyzoval 512 rozdílných pozorovatelných případů evoluce (data pro svoji studii čerpal ze tří různých skupin zdrojů: 1. z laboratorních experimentů, 2. historicky zdokumentovaných kolonizačních událostí a 3. z fosilního záznamu) byla určena:

- průměrná rychlost ve fosilním záznamu 0,6 darwinů a maximální byla 36 darwinů.
- průměrná rychlost z kolonizačních událostí byla 370 darwinů a nejrychlejší 80 000 darwinů.
- průměrná rychlost v laboratorních podmínkách byla 60 000 darwinů a maximální 200 000 darwinů

př.2 Současná nejaktuálnější studie, která zkoumá paví očka v jejich přirozeném prostředí, udává rychlost jejich evoluce od 4 000 do 45 000 darwinů.

př.3 Když se v pleistocénu vývojem zvětšil mozeček (Cerebellum) hominidů dvojnásobně za 100 000 let, proběhla tato změna rychlostí 7 darwinů. To znamená zhruba 0,02% změn na jednu generaci.

5.8 Rychlost genetických změn

Je třeba porovnat data ze tří nezávislých zdrojů: 1. odhad doby divergence druhů na základě fosilního záznamu, 2. rozdíly v nukleotidech mezi druhy 3. pozorovaná rychlost mutací u současných druhů. Všechny tři zdroje by měly být vzájemně konzistentní.

př. odhaduje se, že člověk a šimpanz měli společného předka před cca 6 mil. lety. Maximální odvozená rychlost substitucí nukleotidů v nejvíce divergentních částech DNA šimpanze a člověka je cca $1,3 \times 10^{-9}$ bázových substitucí za rok. Pokud vezmeme délku generace 15-20 let, je to ekvivalentní rychlosti substitucí 2×10^{-8} za generaci.

Rychlost spontánních mutací u člověka je důležitá pro výzkum rakoviny a je proto dnes značně prozkoumána a činí $1-5 \times 10^{-8}$ bázových substitucí za generaci.

Soulad mezi uvedenými nezávislými zdroji je v tomto případě extrémně působivý.

Závěr

Všechny výše uvedené body jsou důkazem makroevoluce samotné. Tyto důkazy a závěry jsou nezávislé na jakémkoliv gradualistickém vysvětlujícím mechanismu původu a vývoje makroevolučních adaptací. **Žádný z uvedených bodů se přímo nezabývá otázkou, JAK k makroevoluci dochází, pouze dokazuje, ŽE k ní dochází. Proto vědci dnes považují evoluci za ověřený fakt.** Validita makroevolučních závěrů není závislá na tom, zda její mechanismy správně popisuje Darwinismus nebo Lamarckismus či jiná teorie.

Paralelu můžeme najít ve fyzice: Newtonova teorie gravitace tento fenomén popisuje a je nezávislá na jakémkoli vysvětlení, jak její mechanismus funguje. Byla formulována 300 let před tím, než vůbec vznikla první teorie vysvětlující, jak gravitace funguje (na základě kvantové mechaniky).

Darwin je považován za skvělého vědce, protože na rozdíl od Newtona a Einsteina, kteří navrhli pouze popisné teorie, Darwin navrhl jak popis, tak i hodnověrný mechanismus a tím je dědičná variace a přirozený výběr.

Obsah

I. část - Unikátní historický fylogenetický strom	1
1.1 základní jednotka života	1
1.2 Vnořená hierarchie druhů (skupiny uvnitř skupin)	1
1.3 Shoda nezávislých fylogenezí	2
1.4 Mezičlánky a přechodné formy: možné morfologie předpovězených vývojových předchůdců	3
1.5 Chronologické pořadí přechodných forem	4
II. část - Historie	6
2.1 Anatomie - zbytkové orgány	6
2.2 Atavismus	6
2.3 Molekulární zbytkové charakteristiky	8
2.4 Ontogeneze a vývoj organismu	9
2.5 Současná biogeografie	9
2.6 Historická biogeografie	10
III. část - přizpůsobivost a evoluční omezení	11
3.1 Anatomická parahomologie	11
3.2 Molekulární parahomologie	12
3.3 Anatomická analogie	12
3.3 Molekulární analogie	12
3.4 Anatomická suboptimalita	12
3.5 Molekulární suboptimalita	13
IV. část - Důkazy z molekulární sekvence	14
4.1 Redundantnost proteinové funkcionality	14
4.2 Redundantnost kódování DNA	14
4.3 Molekulární důkazy - Transpozony	15
4.4 Molekulární důkazy - Redundantní pseudogeny	15
4.5 Molekulární důkazy - Endogenní retroviry	16
V. část - Změna a nestálost	17
5.1 Genetická změna	17
5.2 Morfologická změna	17
5.3 Funkční změna	17
5.4 Záhadná minulost Země a fosilní záznam	18
5.5 Etapy speciace (vzniku druhů)	18
5.6 Speciace (vznik druhů)	18
5.7 Rychlost morfologických změn	19
5.8 Rychlost genetických změn	19
Závěr	20
Obsah	21