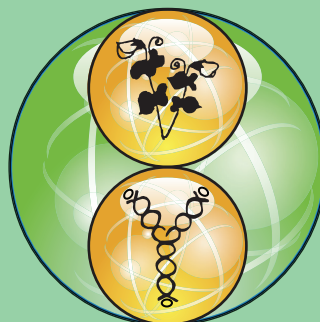




INFORMAČNÍ LISTY



Obsah

6. edukačný workshop o univerzitnom vzdelávaní genetiky	2
Zápis ze schůze výboru GSGM, z.s. konané dne 8.2. 2024	4
Vyúčtování hospodaření GSGM, z.s. v roce 2023 za Českou republiku.	7
Vyúčtovanie hospodárenia GSGM, z.s. v r. 2022-2023 za Slovenskú republiku	8
Upoutávka na knihu „What tumors teach us“, český překlad	9
Cena dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej v roku 2023.....	11
Příspěvek vítěze Ceny dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej za rok 2023 (Daniel Jablonski)	13
Příspěvky držitelek Speciální ceny pro mladé vědecké pracovníky (v rámci Ceny dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej) (Askar Gafurov).....	20
Poznámky z čítania knihy od autora G. Radicka (2023) (L. Tomáška)	26
Test psaní textu umělou inteligencí (J. Pergner)	29
Výber citátov z esejí kurzu Výzvy súčasnej genetiky (L. Tomáška).....	36
Eseje (L. Fantová, E. Šranková, Z. Strejčková).....	40
Perličky ze školních lavic (D. Holá).....	49

INFORMAČNÍ LISTY

číslo 60, březen 2024

Vydává Genetická společnost Gregora Mendela, z.s.

Redakční rada – Výbor GSGM

Výkonný redaktor – Mgr. Alexandr Sember, Ph.D.

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AVČR, v.v.i.

Grafická úprava – prof. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.

UMFGZ, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně

ISSN 3029-5270

6. edukačný workshop o univerzitnom vzdelávaní genetiky

Séria česko-slovenských edukačných workshopov pokračuje 6. ročníkom s názvom **Využitie umelej inteligencie vo výučbe genetiky**. Workshop sa uskutoční 31. mája 2024 (piatok) na Prírodovedeckej fakulte Univerzity Komenského v Bratislave. Účasť na seminári vyžaduje bezplatnú registráciu: <https://forms.office.com/e/dDQdUJmTDg>

Cieľom workshopu je diskutovať o nekonvenčných technikách vyučovania, o využití technológií z online výučby pri štandardnom vyučovaní a o výzvach, ktoré pre výučbu predstavujú nástroje umelej inteligencie (ďalej AI). na českých a slovenských vysokých školách.

Program:

8:45-9:00 – registrácia

9:00-10:30

Interaktívny workshop: Využitie umelej inteligencie vo vyučovaní genetiky

Mgr. Gabriela Pleschová, MSc. PhD., Sofia Olšovská (Centrum pedagogickej podpory, Filozofická fakulta UK, Bratislava)

Anotácia: Workshop predstaví zásady vytvárania zadaní, tzv. promptov, pre chatGPT a iné príklady generatívnej umelej inteligencie. Účastníčky a účastníci si budú môcť vyskúšať tvorbu zadaní na príkladoch, ktoré môžu využiť vo svojich kurzoch. V závere podujatia zhodnotíme možnosti a výzvy využitia umelej inteligencie vo vzdelávaní na VŠ, vrátane (ne)etického využívania umelej inteligencie.

10:30-10:45 – prestávka

10:45 – 11:30

Nástroje AI vo výučbe genetiky

doc. RNDr. Ľubomír Antoni, PhD. (Ústav informatiky Prírodovedecká fakulta UPJŠ, Košice)

Anotácia: Umelá inteligencia (AI) predstavuje oblasť informatiky zameranej na tvorbu algoritmov a metód, pomocou ktorých dokážu inteligentné stroje vykonávať úlohy, akými sú napríklad rozhodovanie, klasifikácia obrazu, rozpoznávanie reči, či tvorba prirodzeného jazyka. V príspevku prezentujeme základné pojmy v oblasti umelej inteligencie a popisujeme základné typy úloh a nástrojov, pomocou ktorých môžu metódy umelej inteligencie pomôcť preklenúť medzery medzi súčasným stavom poznania a vedomosťami študentov. Uvádzame prípadové štúdie využitia umelej inteligencie v inovatívnom genetickom vzdelávaní.

11:30-12:30 – obedná prestávka

12:30-13:00

Umelá inteligencia v hodnotení genetiky a príbuzných subdisciplín

RNDr. Linda Petijová, PhD., doc. RNDr. Katarína Bruňáková, PhD., RNDr. Ivana Ihnatová, PhD. (Ústav biologických a ekologických vied, Prírodovedecká fakulta UPJŠ, Košice)

Anotácia: V príspevku prezentujeme využitie rôznych online platforiem na báze umelej inteligencie (Socrative, QuestionWell) na generovanie a manažment testov vhodných na priebežné upevňovanie vedomostí v rámci zatriaktívnenia edukačného procesu. Uvedené platformy poskytujú spätnú väzbu vyučujúcemu aj študentom v reálnom čase a tiež umožňujú získavať údaje o hodnotení, na základe ktorých môže vyučujúci prispôbiť obsah, rozsah a zameranie výučby. V druhej časti príspevku predstavíme výsledky pokusov o získanie odpovedí na testové otázky pomocou platforiem generatívnej AI (chatGPT, perplexity, copilot).

13:00-14:00

Všeobecná diskusia

Moderátorka: prof. RNDr. Andrea Ševčovičová, PhD.

14:00-14:30

Zasadanie vyboru GSGM

Link na registráciu (neplatí sa žiadny registračný poplatok):
<https://forms.office.com/e/dDQdUJmTDg>

Počas workshopu bude robená fotodokumentácia. Pokiaľ niekto nesúhlasí so zverejnením fotografií svojej osoby, je potrebné to oznámiť pri počas registrácie na mieste konania workshopu.

Zápis ze schůze výboru Genetické společnosti Gregora Mendela, z.s., (dále jen GSGM) konané dne 8.2.2024

Přítomni: Čellárová, Holá, Knoll, Lízal, Pergner, Procházková, Sember, Slaninová, Šeda, Tomáška, Urban

Omluveni: Mašek, Ševčovičová

Program zasedání:

- 1) příprava Edukačního semináře 2024
- 2) finanční povinnosti spolku
- 3) webové stránky spolku
- 4) Informační listy GSGM, příprava jejich nejbližšího čísla
- 5) různé

Schůze se konala online prostřednictvím platformy MS Teams. Schůzi zahájil předseda spolku dr. Pavel Lízal, který přítomné členy výboru přivítal a informoval je stručně o programu zasedání (viz výše).

ad 1) Dr. Lízal informoval, že podle předběžné dohody s ředitelkou Mendelova muzea Mgr. Blankou Křížovou bude možné na konci května v prostorách muzea opět uspořádat již tradiční Edukační seminář GSGM. Dotázal se prof. Tomášky (hlavního organizátora programu těchto seminářů), zda je pro rok 2024 již vybrané hlavní téma semináře. Prof. Tomáška navrhl jako téma Využití umělé inteligence (AI) při výuce, přičemž by opět bylo možné uspořádat jako jeden z bloků workshop pořádaný didaktickými z Centra pedagogické podpory Filozofické fakulty Univerzity Komenského v Bratislavě. Dr. Lízal konstatoval zajímavost a aktuálnost tématu, ale dotázal se, zda už jak pedagogové, tak studenti v ČR a SR mají s AI ve výuce genetiky dostatek zkušeností a zda bude tudíž možné zajistit přednášející na celý seminář, nebo zda by to pokrylo pouze část semináře. Doc. Holá uvedla, že toto by mohl být skutečně problém, protože např. na Univerzitě Karlově v Praze se o problematice AI ve výuce teprve začíná diskutovat a tvoří se skupiny, které se tím zabývají, ale implementováno do výuky to ještě nebylo. Navrhla buď spojit toto téma s tématem online výuky, nebo téma AI odložit o rok. Dr. Lízal potvrdil, že na MU je situace podobná, souhlasil s možným spojením s tématem online výuky, ale doporučil (spolu s prof. Tomáškou) se soustředit nejen na online, ale obecně na jakékoli jiné, méně tradiční formy výuky. Dr. Pergner navrhl, že by bylo možné pro letošek uspořádat odpoledne alespoň workshop, během něhož by mohli účastníci semináře být seznámeni s možnostmi, které AI pro výuku na VŠ nabízí; navrhl, že osloví kolegu z Ostravské univerzity, který se touto problematikou zabývá. Dr. Sember, prof. Čellárová a prof. Tomáška také nabídli, že osloví případné řečníky, kteří se této tématice věnují, zda by byli ochotni na semináři vystoupit. Všichni členové výboru s navrženou koncepcí semináře (dopoledne téma online/netradičních forem výuky jako blok, kde budou vystupovat pedagogové, a blok, kde budou vystupovat studenti; odpoledne seznámení účastníků s možnostmi AI ve VŠ výuce formou workshopu / přednášek ze strany odborníků na

tuto problematiku a na závěr celkový diskuzní panel) souhlasili. Dr. Lízal poté navrhl jako vhodný termín poslední květnový týden – 31.5. nebo 30.5., což definitivně dohodne s ředitelkou Mendelova muzea v nejbližších dnech. Následovala krátká diskuze o zajištění občerstvení pro seminář a administrativě spojené s platbou za toto občerstvení; bylo dohodnuto, že pokud se částka za občerstvení bude pohybovat v podobném rozsahu jako v loňském roce, doc. Holá zajistí finanční sponzoring.

ad 2) Doc. Holá připomněla povinnosti spolků v ČR podle občanského zákoníku a zákona o účetnictví, které souvisejí s vedením jednoduchého účetnictví ve strukturované podobě a zahrnují i každoroční odevzdávání výročních finančních správ v předepsané podobě do rejstříkové evidence (na Městský soud v Brně). Prof. Knoll konstatoval, že příslušnou zprávu za rok 2023 v předepsané podobě připraví a zpráva bude ve spolupráci s dr. Lízalem požadovaným způsobem (datovou schránkou, elektronický podpis předsedy spolku) v zákonem stanovené lhůtě odeslána. Ještě je třeba ověřit, do které kolonky patří bankovní poplatky a poplatek za pronájem spolkovny, což zjistí dr. Lízal u účetních na Masarykově univerzitě. Dr. Slaninová ověří, zda se nezměnily zákonné povinnosti v tomto směru i v SR. Doc. Holá rovněž doporučila při budoucích volbách výboru stanovit osobu, která bude mít pro SR i podpisová práva; dr. Lízal doplnil, že v tom případě bude třeba toto zakotvit i ve stanovách.

ad 3) Dr. Urban konstatoval, že nový web je připraven k překlopení z původní podoby, obdržel od některých členů výboru nějaké drobné připomínky k jeho grafické podobě, podle kterých web upravil. Prof. Knoll otevřel otázku předplácení domény, na které jsou webové stránky GSGM provozovány. Tato doména byla až dosud financována společností M.G.P. spol., Zlín (jejímž vedoucím je člen spolku dr. Karel Zelený). Prof. Šeda upozornil, že platnost domény končí 30.5.2024, tedy je nutné situaci urychleně řešit. Dr. Lízal zjistí u dr. Zeleného, resp. jeho administrativního personálu, možnost dalšího pokračování provozování a financování domény v rámci M.G.P. spol. Členové výboru se dohodli, že dokud nebude situace se stávající doménou a jejím pokračováním vyjasněna, zůstane web spolku v dosavadní podobě; podle situace se pak buď pouze překlopí starý web na nový v rámci původní domény, nebo bude nutné zajistit doménu např. v rámci některého z univerzitních serverů MU.

ad 4) Dr. Lízal připomněl, že se blíží termín plánovaného vydání jarního čísla Informačních listů (IL). Dr. Sember jakožto hlavní redaktor informoval o předchozím čísle IL, které bylo rozesláno členům spolku již pouze v elektronické podobě (jak bylo dohodnuto již dříve, pouze čtyři členové GSGM z ČR, kteří nemají e-mailovou adresu, od dr. Sembera obdrželi jím vytištěnou a svázanou formu posledních dvou čísel IL). Členové výboru se jednomyslně shodli na tom, že v budoucnu již budou IL skutečně zasílány VÝHRADNĚ elektronicky; příslušní členové, kteří nemají e-mailovou adresu, budou kontaktováni (za ČR zajistí doc. Holá, dr. Lízal, dr. Sember) a buď poskytnou e-mailovou adresu nějaké blízké osoby, na kterou by se IL mohly odesílat, nebo se rozhodnou, že si IL budou stahovat/číst přímo na webových stránkách spolku.

Dr. Sember rovněž informoval o některých grafických úpravách a o zavedení jednotného formátování citací. Konstatoval, že by byl vděčný za zpětnou vazbu – výzva

k tomuto bude členům spolku zaslána v e-mailu spolu s příštím číslem IL. Ohledně přípravy nového čísla uvedl, že jako jeho náplň již má některé zápisy ze zasedání apod., dále studentské eseje od prof. Šmardy z jeho kurzu Příběh vědy, Perličky ze školních lavic. Bylo by vhodné zařadit upoutávky na chystané akce (edukační seminář, případně další konference). Dr. Lízal navrhl zařadit upoutávku na knihu prof. Šmardové Co nás učí nádory (resp. její anglický překlad) a knihu o archeologicko-genetickém výzkumu G.J. Mendela vydanou vysokoškolským nakladatelstvím Munice. Prof. Tomáška slíbil dodat do nového čísla IL několik krátkých příspěvků, prof. Šeda osloví některé absolventy z 1.LF ohledně možné publikace autoreferátů jejich dizertačních prací, dr. Pergner přislíbil také sepsání nejméně jednoho krátkého příspěvku.

Doc. Holá se dotázala na situaci s nahlášením přechodu IL z tištěné na elektronické formy: dr. Sember v tomto ohledu kontaktoval Národní centrum ISSN, které IL přidělilo nové ISSN (3029-5270) a všechny povinnosti jsou tedy splněny. Nové ISSN bude nadále uváděno v tiráži IL. Různé knihovny, které v minulosti dostávaly tištěnou verzi IL, budou o přechodu na elektronickou formu a o tom, kde ji najít, dr. Semberem informovány (poté, co bude definitivně dořešena otázka webových stránek).

ad 5) V rámci tohoto bodu nebylo k projednávání nic předloženo.

Po vyčerpání programu a všech diskuzních příspěvků dr. Lízal schůzi výboru ukončil a poděkoval přítomným za účast. Příští zasedání výboru se bude konat v rámci edukačního semináře na konci května 2024.

Schválil P. Lízal

Zapsala: D. Holá

Vyúčtování hospodaření GSGM od 1.1.2023 do 31.12.2023 za Českou republiku

Vyúčtování hospodaření GSGM od 1.1.2023 do 31.12.2023 za Českou republiku

Zůstatek k 31.12.2022 **37524,15 Kč**

z toho	na účtu KB	35354,15
	v pokladně	2170,00

Příjmy v období **6950,00 Kč**

1. členské příspěvky (6950 Kč):

z toho	placené na účet KB	6950,-
	placené hotově	000,-

Výdaje v období **10290,50 Kč**

1. poplatky bance za vedení účtu a položky	1388,-
2. faktura za pronájem místnosti (spolkovny)	4900,50
3. faktura za zajištění semináře (31.5.23)	3238,00
4. poštovné	180,-
5. kancelářské potřeby	584,-

Zůstatek k 31.12.2023 **34483,65 Kč**

z toho	na účtu KB	33077,65
	v pokladně	1406,00

Zpracoval hospodář:

dne 8.2. 2024

prof. RNDr. Aleš Knoll, Ph.D.

Kontroloval revizor účtu, doklady a výpisy banky předloženy:

dne

RNDr. Tomáš Mašek, PhD.

Vyúčtovanie hospodárenia GSGM od 1.1.2022 do 31.12.2023 za Slovenskú republiku

Zostatok k 31. 12. 2021 **1 098,56 EUR**

A. na účte Tatra banka 403,67 EUR

B. v hotovosti 694, 89 EUR

Príjmy a výdavky v roku 2022-23

A.

Príjmy z členských poplatkov k 31. 12. 2023 228,00 EUR

Poplatky banke za vedenie účtu dokl. č. 1. 164,7 EUR

B.

Príjmy z členských poplatkov k 31.12. 2023 0,00 EUR

Výdavky 0,00 EUR

Zostatok k 31. 12. 2023 **1 161,86 EUR**

z toho A. na účte Tatra banka 466.97 EUR

B. v hotovosti 694, 89 EUR

Spracovala:

dne 18.4. 2024

doc. Mgr. Miroslava Slaninová, Ph.D.

WHAT TUMORS TEACH US

PARALLELS IN CELL A HUMAN BEHAVIOR

Jana Šmardová

First edition, Masaryk University Press, Brno, CZ, 2023,
349 pages, ISBN 978-80-280-0376-0



Kniha vyšla koncem roku 2023 jako anglický překlad úspěšného českého originálu, který vydalo v roce 2021 stejné nakladatelství. Podobně jako u české verze grafické zpracování a ilustrace zajistila paní Mgr. Jana Koptíková, Ph.D. Autorka, **prof. RNDr. Jana Šmardová, CSc.** – dlouholetá členka České Lékařské společnosti J.E.P., České onkologické společnosti a Společnosti českých patologů, se anglického vydání nedočkala. Zemřela 31. 8. 2023 ironicky právě na tu nemoc, které se profesionálně celý život věnovala a která ji fascinovala. Tato kniha se stala jejím osobním i profesním odkazem.

Tématiku nádorů zde prezentuje originálním způsobem: jednak v rovině přírodovědecké a medicínské, a jednak v rovině přesahové. Obě roviny jsou v knize zřetelně barevně odlišeny. V první rovině autorka poskytuje dokonalý výklad znaků nádorů a molekulárních mechanismů, kterými vznikají a tato část může sloužit jako velmi přehledná a precizně napsaná vysokoškolská učebnice pro studenty biologických a medicínských oborů, které nádory zajímají. Druhá, přesahová rovina, je určena široké veřejnosti, všem přemýšlivým čtenářům, kterým není jedno, jak a kam se vyvíjí současná lidská společnost. Rozpracovává zde tematiku nádorů v hlubším kontextu, vyvádí ji ze systému buněk v organismu a převádí ji do „vyšších“ systémů, především systému jedinců v lidské společnosti.

MASARYK
UNIVERSITY
MONOGRAPHS

WHAT TUMORS TEACH US

PARALLELS IN CELL AND HUMAN BEHAVIOR



Jana Šmardová

Jana Šmardová chápe vznik nádorů jako výsledek pokřivení pravidel, která řídí úspěšné a harmonické soužití buněk v mnohobuněčných organismech. Tato pravidla důkladně analyzuje a klade si otázku, zda mohou mít obecnější platnost. Může patologické chování nádorových buněk, které dokáže fatálně poškodit celý organismus mít svůj odraz i v nedobré chování jedinců v lidské společnosti, a tak ji ohrožovat? Existuje „nádorové chování“ člověka?

Jana Šmardová si je vědoma všech rizik antropocentrismu, proto své úvahy opírá o po-střehy ze světa sociologie, ekonomie, politologie, psychologie, které vycházejí z bezmála čtyř stovek citací, které v knize uvádí. Nesnaží se čtenáře přesvědčit, že inspirována buňkami našla unikátní návod, jak vybudovat

zdravou a udržitelnou lidskou společností, ve které se všem dobře žije, ale vybízí k přemýšlení a nabízí závěry, ke kterým dlouhodobým studiím dospěla.

Tato kniha v české či anglické verzi by neměla chybět v knihovnách škol, vědců a lékařů zabývajících se rakovinou a všech čtenářů, kterým není lhostejný stav lidského společenství a směru, kterým se vyvíjí. Každého čtenáře nenásilně vede k vlastní sebereflexi, zda svým životním stylem přispívá či nepřispívá jak svému osobnímu zdraví, tak zdraví celé společnosti.

Kniha vyšla v tištěné i elektronické verzi a jsou jí věnovány nově zřízené webové stránky <https://www.nadorynasuci.cz>. Knihu lze zakoupit v běžných knihkupectvích nebo v Munishop Masarykovy univerzity: <https://munishop.muni.cz/>.

Knihu si se zájmem přečetl např. americký lékař a vedoucí osobnost paliativní péče v USA **prof. Ira Byock, MD**, autor uznávaných knih *Dying Well* a *The Best Care Possible*. Své dojmy shrnul takto: Jana Šmardová v knize Co nás učí nádory těží z molekulární, buněčné a vývojové biologie a nachází přesvědčivé poznatky aplikovatelné na lidské chování a naše sociální patologie. Podvádění a sobectví jsou znaky nádorových buněk. Stejné rysy jsou základem mnoha společenských neduhů, jako je chudoba, bezdomovectví, závislost, nenávisť, rasismus, násilí. K udržení zdravé lidské společnosti je nutná ostražitost a odpovědnost, stejně jako spolupráce a velkorysost. Šmardová si uvědomuje, že onkogeneze je nevyhnutelným – v jistém smyslu normálním – rysem lidské biologie, který má společné rysy s jinými komplexními systémy, včetně lidské společnosti. Přestože Šmardová v době psaní této pozoruhodné knihy žila s postupující rakovinou, její poselství je nadějně. Vyzývá k bdělosti a odpovědnosti ve službách lidské společnosti a života.

prof. RNDr. Jan Šmarda, CSc
Ústav experimentální biologie
Přírodovědecká fakulta MU
Kamenice 5, 625 00 Brno



Cenu Ludmily Sedlárovej-Rabanovej za rok 2023 získal Daniel Jablonski z Katedry zoológie Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského

Ľubomír Tomáška

Katedra genetiky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského Bratislava,
Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava

V ôsmom ročníku Ceny Ludmily Sedlárovej-Rabanovej za výnimočnú publikáciu v biologických vedách sa stal laureátom (a držiteľom finančnej odmeny 2000 EUR) Mgr. Daniel Jablonski, PhD. z Katedry zoológie Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave (**na obrázku**), za prácu uverejnenú v časopise [*Proceedings of the National Academy of Sciences USA*](#). Cenu si prevzal 11. decembra 2023 v posluchárni CH1-2 PriF UK na slávnostnom ceremoniáli, ktorý sa uskutočnil pod záštitou dekana fakulty prof. Petra Fedora a pred takmer stovkou hostí vrátane sponzora Ceny LSR Ing. Viliama Sedlára. Daniel Jablonski spolu so svojimi spoluautormi z oblasti molekulárnej taxonómie navrhli inovatívny, štandardizovaný prístup určovania druhov a poddruhov, predovšetkým živočíchov. Nový prístup vychádza z genomickej fylogeografie a z poznatkov, ako mnohé druhy v prírode vznikajú. Populácie sa počas procesu vzniku druhov izolujú geografickými či ekologickými bariérami a vyvinú sa do samostatných línií. Keď sa tieto línie opäť náhodne stretnú, snažia sa reprodukovať. Časom nahromadená odlišnosť v DNA spôsobí ich čiastočnú nekompatibilitu. Autori si všimli, že sesterské evolučné línie s odhadmi divergencie pred 3, 4 a viac miliónmi rokov hybridizujú menej ako mladšie línie. Druhy preto predstavujú populácie s limitujúcou mierou výmeny genetickej informácie, čo môže byť teoreticky využité ako jedno z kritérií, či konkrétne línie zodpovedajú druhom, alebo nie. V štúdiu preto navrhujú, aby sa geneticky unikátne, ale evolučne mladšie a reprodukčne stále kompatibilné línie opisovali ako poddruhy. Tak im možno udeliť vedecké meno, študovať ich evolučnú históriu, zaradiť na červené zoznamy a chrániť. Nový návrh preto môže odpovedať na potreby ochrany evolučne jedinečných, i keď reprodukčne kompatibilných populácií bez toho, aby došlo k umelému navýšeniu počtu druhov. Tieto línie, ktoré sú navyše často endemické a hrajú v evolúcii druhu obrovskú rolu, špeciálne chránené nebývajú. Predmetná štúdia tak môže mať výrazný vplyv na hodnotenie biodiverzity bez potreby zvyšovania počtu druhov, čo povedie k



efektívnejšej ochrane na základe poznatkov z evolučnej histórie populácií. Okrem tejto práce bol dr. Jablonski v roku 2023 autorom ďalších 8 publikácií v renomovaných zahraničných časopisoch, čo podčiarkuje jeho výnimočnú vedeckú produktivitu.

Okrem hlavnej Ceny komisia udelila aj Špeciálnu cenu pre mladého vedeckého pracovníka Mgr. Askara Gafurova, PhD. z Katedry informatiky, Fakulty matematiky, fyziky a informatiky za prácu uverejnenú v časopise [BMC Bioinformatics](#). V tejto publikácii so svojimi spoluautormi vyvinuli bioinformatický nástroj *VirPool* určený a odhadovanie zastúpenia jednotlivých variantov vírusu SARS-CoV-2 v zmesných vzorkách, ktoré môžu pochádzať napríklad z monitorovania odpadových vôd. Počas pandémie COVID-19 sa analýza odpadových vôd dostala do popredia ako sľubná metóda na monitorovanie prítomnosti vírusu v určitej oblasti a pokiaľ sa prepojí aj so sekvenovaním, je možné ju použiť aj na kvantifikáciu zastúpenia jednotlivých variantov.

Okrem laureáta hlavnej a špeciálnej ceny si prevzali čestné uznanie aj traja finalisti: Mgr. Andrea Vetráková (Ústav molekulárnej biológie SAV) [za prácu](#) popisujúcu využitie spór baktérií *Bacillus subtilis* na prípravu orálnych vakcín; Mgr. Dominik Šťastný (Centrum biovied SAV) [za publikáciu](#) o molekulárnych nástrojoch vnútrobunkového transportu sterolov a MUDr. RNDr. Dominika Fričová, PhD. (Neuroimunologický ústav SAV) [za článok](#) o význame mitofágie (recyklácie mitochondrií) v etiológii Parkinsonovej choroby.

Ako každoročne boli udelené aj štipendiá LSR. Ich držiteľkami sa v roku 2023 stali Mgr. Diana Mjartinová z Lekárskej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave (úpríspevok na konferenciu *Neuroscience 2024* v Chicagu, USA), Mgr. Viktória Fabianová z Katedry biochémie PriF UK (príspevok na zahraničný študijný pobyt na Univerzite v Zürichu) a Mgr. Sofia Virágová z Katedry genetiky PriF UK (EMBO workshop *Scientific integrity: How to publish reproducible results*).

Od roku 2016, keď bola [Cena LSR](#) udelená po prvý krát, sa jej vyhlasovanie stalo už tradičným a veľmi príjemným sprestrením hektického konca roka. Akcia organizovaná občianskym združením Natura a Katedrami genetiky a biochémie PriF UK totiž umožňuje nielen spoločne sa potešiť z úspechov prírodovedcov pracujúcich na slovenských inštitúciách, ale aj neformálne podiskutovať o aktuálnych otázkach spojených s akademickým prostredím. Preto sa už teraz tešíme na návrhy na Ceny i žiadosti o štipendiá LSR v roku 2024.

Pod(druhy) – co nás fylogeografie učí o klasifikaci biodiverzity

Daniel Jablonski

Katedra zoologie, Univerzita Komenského v Bratislave, Ilkovičova 6, 842 15
Bratislava, Slovensko

Když v roce 1975 Peter Scott a Robert Rines prezentovali v prestižním časopise *Nature* text k legendární lochenské příšeře a navrhli vědecké jméno *Nessiteras rhombopteryx* (nový rod i druh), nesledovali tím prvoplánovou senzaci za každou cenu, ale argumentovali, že dle tehdejší (i současné) Britské legislativy, může jedině oficiální opis nastartovat ochranu živočicha, který může být potenciálně na pokraji vyhynutí. A proto je i tak vzácně, pokud vůbec, pozorován (Scott a Rines 1975). Jinými slovy, aby mohlo být něco chráněno, potřebuje být pojmenováno a autoři tím vytvořili prostor pro větší zájem a financování projektu, který by mohl potvrdit existenci tohoto tvora a zajistit jeho ochranu. To se, nutno dodat, dodnes nepodařilo. Tvor se stále věrohodně nenašel a nepomohla později ani moderní analýza environmentální DNA. Vyhynul? Nikdy neexistoval? I když rok 1975 ještě zdaleka nebyl dobou, kdy by se organismy opisovaly a taxonomicky definovaly na základě jejich genetických odlišností, autoři tehdy spojením jména a ochrany přesně trefili do černého. Nic tento fakt v článku nevystihuje lépe než věta „*better, they argue, to be safe than sorry*“. I když studie nepřináší žádný hmatatelný holotyp ani typovou sérii lochenské příšery (což je při taxonomických aktech důležité), autoři poskytli jako doplňující důkazy podvodní fotografie částí těla domnělého jedince, jakož i nákres, při kterém uvádějí, že se druh živí pravděpodobně rybami, včetně lososů. Fotografie jsou sice dle pravidel zoologické nomenklatury podpůrným materiálem pro taxonomický akt, celkový popis vzhledem k absenci tvora je ale spíše kontroverzní.

Po půl století dnes v taxonomii využíváme metody, o kterých se biologům a taxonomům předtím nezdálo. Žijeme vzrušující a jedinečnou dobu, kdy efektivní metody sekvenování DNA poprvé v historii vědy umožňují, při relativně nízkých nákladech, rekonstruovat evoluci biodiverzity. A tím ji i přesněji klasifikovat. To vše ve stínu biodiverzitní krize (De Vos 2014), kdy druhy a neznámé evoluční linie pravděpodobně vymírají rychleji, než jsou objevovány. Šesté masové vymírání započalo. Proto se hraje o čas a o to, abychom stačili objevit co nejvíce ze současné diverzity života na zemi, než nám navždy zmizí. Lidstvo na jednu stranu objevuje a zpřesňuje tuto diverzitu, ale, paradoxně, narůstá i tak zvaná taxonomická inflace (Harris a Froufe 2005). Tehdy dochází k druhovým popisům evolučních linií, která nezodpovídají obecným (a nutno dodat jistým způsobem subjektivním) kritériím toho, co za druh obecně považujeme (Mayr 1942). Popisy druhů a poddruhů jsou přitom zásadní aktem, který dovoluje dorozumívání jak odborné, tak laické veřejnosti. V případě jedovatých živočichů může mít špatně uchopená taxonomie vliv i na veřejné zdraví, kdy mohou být běžné druhy označeny různými jmény, což může způsobovat zmatky např. při aplikaci protijedů. Definovat proto druh, podle jasných a objektivních kritérií, je objektem zájmu mnohých evolučních biologů a tento zájem vzrůstá s množstvím nových druhů a výzev, které tyto objevy přinášejí. Jenže, co je druh je v kontextu diverzity života na zemi opravdu těžké říci jednou, krátkou poučkou. Velmi

dobře to vystihl Charles Darwin v roce 1856, kdy v dopise J. D. Hookerovi napsal, že *„Je skutečně směšné vidět, jakou významnost mají nápady v myslích různých přírodovědců, když mluví o „druzích“ ... myslím si, že to všechno pochází z pokusu definovat nedefinovatelné.“* Charles Darwin však tehdy netušil o efektivních genetických metodách, které se v taxonomii budou široce využívat v prvních desetiletích 21. století.

Na světě dnes existuje více taxonomů popisujících druhy než kdykoli předtím v historii lidstva a jejich počet dokonce roste rychleji než rychlost popisu druhů. Některé popisy jsou ale založeny na překvapivě vágních kritériích a samostatné druhy reálně představovat nemusí. Proto jsme se rozhodli navrhnout standardizovaný přístup klasifikace druhů (a poddruhů), zejména živočichů, a to na základě jejich odlišnosti, času DNA divergence a hybridizace. To vše s využitím integrativních, multilokusových a ideálně genomických dat, která jsou dostatečně robustní na to, aby dovolovala klasifikovat biodiverzitu na základě její evoluční historie (Dufresnes et al. 2023). Jelikož se taxonomie dotýká patrně všech biologických věd a má celospolečenský význam, návrhy uvedené ve studii mohou mít široký dopad. Nově definovaný přístup tak zároveň slibuje připravit cestu pro efektivnější a objektivnější úsilí o ochranu volně žijících živočichů.

Abychom však mohli popsat nový druh (případně poddruh), musíme se nejprve shodnout na tom, co druh (a poddruh) je. Od pradávna se lidé snažili organismy žijící v jejich prostředí třídit případně pojmenovat. Revoluční pohled na tuto užitečnou vlastnost však přinesl Carl Linné ve svém díle *Systema naturae*, konkrétně jeho desátém vydání (1758), které mělo na dnešní systematiku a taxonomii zásadní vliv. Linné byl však i v kontextu doby specifický člověk a jeho třídění bylo založené na myšlence, že *„Země byla stvořena ke slávě Boží... ...Studium přírody vyjeví božský řád Božího stvoření, a proto bylo úkolem přírodovědce vytvořit takový systém třídění, který by odhalil tento vesmírný řád“*. Co je tedy klíčem systému vesmírného řádu? Mnoho odborníků tradičně definuje druhy jako populace, které ztratily reprodukční spojení, čím dojde vzniku reprodukčně-izolačních bariér, což je základní definice tzv. biologického konceptu druhů německého evolučního biologa Ernsta Mayra (1942). Je to velmi přímočará definice, jistě správná, ale určitě nekompletní v kontextu komplexity živého světa. Od doby, co Mayr postuloval biologický koncept druhu bylo totiž definováno okolo dalších 30 druhových konceptů (např. kladistický, ekologický, genetický, fylogenetický apod.; Zachos 2016). Vše podle toho, jak se rozvíjel výzkum evoluční biologie a později molekulární taxonomie. Z hlediska taxonomie (a inflace) byl průlomovým tzv. „General lineage species concept“ (de Queiroz 1998), který definuje každou fylogenetickou linii jako druh, přičemž tyto linie mohou, ale nemusí vykazovat odlišnost ve fenotypu. To vedlo do stavu, že se začaly popisovat druhy z téměř každé odlišné populace s cílem zachovat jejich ochranu. Je to opačný extrém vůči biologickému konceptu a nutno dodat, že vycházel i z euforie (molekulárních) taxonomů, kteří narazili na jakousi „zlatou žílu“ výzkumu a klasifikace biodiverzity.

Něco takového však zákonitě vede ke třem základním problémům, i) taxonomické inflaci, ii) nepřesné katalogizaci (jedna linie = jeden druh je přílišné generalizování tak komplexní problematiky, jako je speciace) narušující důvěru veřejnosti v taxonomický výzkum a vědu obecně, a iii) paradoxnímu odčerpávání zdrojů na skutečné výzvy výzkumu biodiverzity a ohrožených druhů. Příkladem mohou

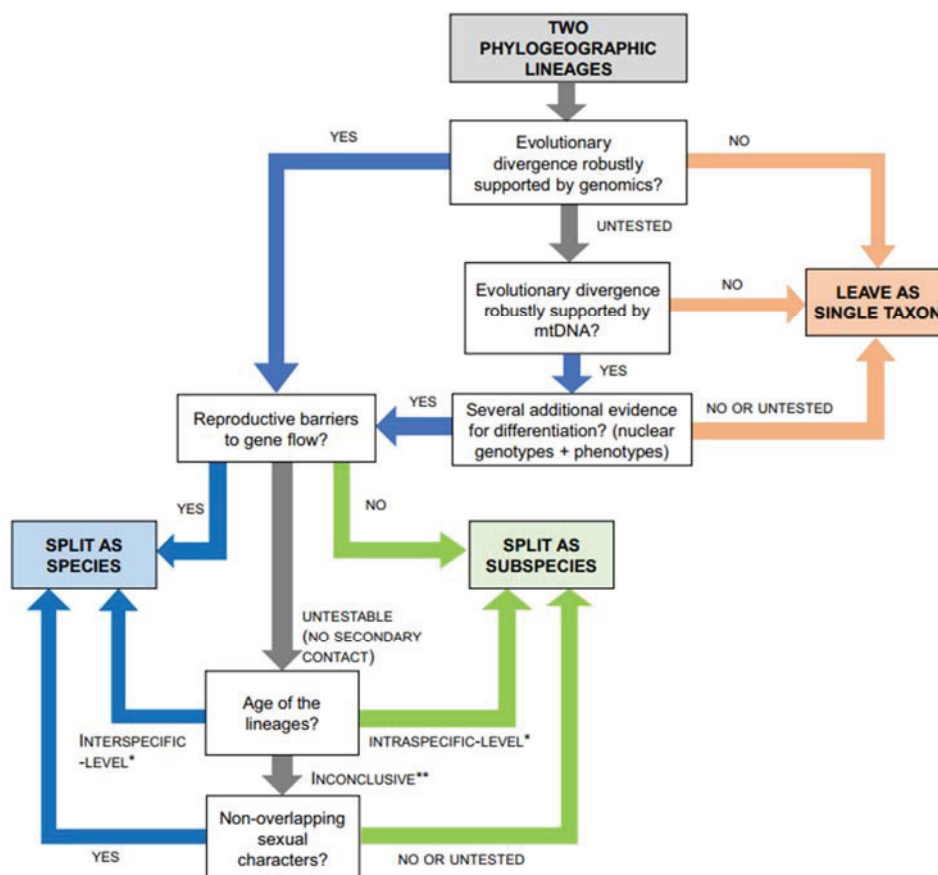
být někteří obojživelníci jihovýchodní Asie, jako rod *Sphaerotherca*, kde jsme ukázali, že některá nová jména by měla být synonyma již starších jmen, protože nereprezentují unikátní evoluční linie (Jablonski et al. 2021). Opačným extrémem je však také taxonomické nehodnocení fylogenetických linií. K tomu se uchylují evoluční studie (viz „lineage B“ nebo „Northern lineage“), pro které taxonomie nehraje význam. Avšak, ani taxonomie vycházející z fylogeografie založené na jednom genu není výhrou. Zejména fragmenty jednolokusové mitochondriální DNA se často používají jako argument, že určitá populace nebo její část se liší od populací s širokým rozšířením a představují speciální událost hodnou popisu. V jistém slova smyslu určitě ano. Avšak, takový argument je málo informačně podpořený, protože ač mitochondriální DNA je v jistých fázích taxonomického výzkumu dobrým kritériem, který naznačuje, co se v historii skupiny pravděpodobně dělo, v zásadě je její informační hodnota diskutabilní a liší se případ od případu (viz např. Dufresnes a Jablonski 2022). Jak se ukázalo, některé mitochondriální linie mohou představovat jen tzv. „ghost“ linie (Petzold a Hassanin 2020), které se při studiu genomické DNA neobjevují. Navíc, pokud to trochu přezenu, téměř vždy se dají i u takových domnělých linií najít morfologické či ekologické rozdíly, které však nemusí být nutně diagnostické a odrážet procesy evoluční divergence. Nejčastěji představují lokální adaptace nebo fenotypovou plasticitu (Jablonski et al. 2023).

V zásadě se vědecká komunita do značné míry shoduje na tom, že druhy odpovídají odlišným populacím, které se nakonec stanou biologicky izolovanými (koncový bod speciace; Stankowski a Ravinet 2021). Přetrvávají však neshody ohledně toho, jak je v praxi vymezit, tedy zda klást důraz na divergenci a evoluční nezávislost (de Queiroz 1998), nebo na proces, který k ní vede, tedy na reprodukční izolaci. Diagnostika, tj. stanovení použitelných kritérií identifikace a vymezení, je pro praxi taxonomie zásadní, a protože reprodukční izolaci je obtížné posoudit, většina kandidátských druhů je přednostně charakterizována na základě jejich molekulární nebo fenotypové divergence, kombinující genetické, morfologické, behaviorální a ekologické důkazy (např. integrativní taxonomie; Padial et al. 2010). Organismy a populace se však často skládají z různých geograficky odlišných entit, které si z mnohých důvodů zasluhují taxonomické zhodnocení, protože jsou výsledkem proběhlých (druhy) nebo probíhajících (poddruhy) speciálních procesů. Druhy představují linie, ale linie nemusí být a nejsou nutně druhy. Tyto entity, dle mnohých studií sahající do období konce Pliocénu a Pleistocénu, zatím nedosáhly kompletní reprodukční izolace, a i když nepředstavují samostatné druhy, jejich evoluční významnost je nezpochybnitelná (Dufresnes et al. 2023). Pleistocén započal před ca dvěma a půl miliony let, hovoříme tedy ve většině případů o organismech, které jsou zde asi 200x déle než nejstarší lidské civilizace (Natúfien). Představují současnou diverzitu v rámci druhu a mohou tak být klasifikovány jako poddruhy, zjednodušeně řečeno jako jakési „budoucí druhy“, které jsou zdrojem budoucích speciálních událostí i (genetické) variability druhů. Definování těchto koncových větví fylogenetických stromů jako druhů tak představovalo metodologický hazard a subjektivní přeceňování biologické rozmanitosti. Nutno dodat, že podobné přeceňování jsme v historii taxonomie ale už zažili, a to zejména koncem 19. a do poloviny 20 století, kdy bylo druhové jméno udělováno mnohým, morfologicky odlišným populacím.

Na Zemi je známo okolo 1.5 milionu druhů živočichů, 2.3 miliónu druhů organismů bylo pojmenováno, ale údajně až milióny zde pravděpodobně stále čekají na taxonomické zhodnocení čili popis (Wiens 2023). Abychom sladili protichůdné názory a chránili rozmanité aspekty biologické rozmanitosti vyváženějším způsobem, navrhli jsme nový přístup, který vychází z genomické fylogeografie a toho, jak druhy v přírodě vznikají. Divergence a reprodukční izolace jsou totiž dvě stránky stejného příběhu. Populace se izolují geografickými nebo ekologickými bariérami, vyvinou se do samostatných linií, a když se tyto linie znovu setkají, a snaží se reprodukovat, nahromaděná odlišnost v DNA způsobí genetickou nekompatibilitu. Druhy jsou tedy odlišné linie s limitující mírou hybridizace. Míra divergence v DNA těchto linií tak může být prakticky použita jako měřítko k argumentaci, zda linie odpovídají druhům nebo ne (viz **Obr. 1**). V praxi aplikace tohoto přístupu vyžaduje kvantifikaci stupně genetické kompatibility mezi liniemi. Např. evoluční linie u obojživelníků a plazů starší více než 3–4 miliony let (miocén/pliocén) jen obtížně mísí své genomy (tzn. hybridizují jen vzácně), zatímco mladší (pleistocenní) linie většinou tvoří stovky kilometrů široké hybridní zóny. A proto navrhuje, že toto pozorování může být obecně využito v taxonomii, a tedy i přesnějšímu stanovení a klasifikaci současné biodiverzity. I když všechny evoluční linie nemusí nutně reprezentovat druhy, neznamená to, že by měly zůstat bez jména. Proto navrhuje odlišné, avšak reprodukčně kompatibilní geografické linie popisovat jako odlišné poddruhy. Koncept poddruhů je starý jako binomická nomenklatura sama (Lukhtanov 2024, Dufresnes et al. 2024), avšak až nyní máme možnost objektivněji posoudit, zda daný organizmus reprezentuje druh, poddruh nebo populaci s vyšší mírou lokální adaptace. Právě nedávné výzkumné přihlídnutí k tomu, co se děje v hybridních zónách, přispělo k odborné diskusi a aktualizaci oficiálního seznamu druhů evropských obojživelníků, čímž se ukončily desítky let trvající spory, co je nebo není v Evropě druh (Spyebroek et al. 2020).

Takto definované populace mohou být oficiálně (vědecky) pojmenovány a v případě potřeby mohou být zařazeny na červené seznamy. Náš návrh tak může prakticky odpovědět na potřeby ochrany evolučně jedinečných, i když reprodukčně kompatibilních populací, aniž by došlo k umělému zvýšení počtu druhů a tím i zvyšování nákladů na jejich studium a ochranu. Příkladem mohou být nedávné popisy endemických populací, např. balkánských žab *Pelobates balcanicus chloee* Dufresnes et al., 2019 nebo nejdelšího beznohého ještěra světa, *Pseudopus apodus levantinus* Jablonski et al., 2021 z Blízkého východu, které svými popisy nastartovaly zvýšený zájem o poddruhovou taxonomii a ochranu těchto jedinečných populací (Dufresnes et al. 2019, Jablonski et al. 2021).

Podporou uznání vyšší biodiverzity bez zvyšování počtu druhů nám nový přístup umožňuje tuto diverzitu lépe vymezit tak, aby byla srovnatelnější napříč živočišným světem a tím mohla být i efektivněji aplikována ochranná úsilí.



*as inferred from the age of confirmed species and subspecies

** the relationship between divergence and reproductive isolation could not be established

Obr. 1: Operační postup k vymezení fylogeografických linií do druhů nebo poddruhů dle Dufresnes et al. (2023). Pracovní postup začíná zkoumáním evolučního významu linií a poté se zabývá jejich klasifikací na druhy (modrá) nebo poddruhy (zelená).

Za výsledky výše popsaného výzkumu byl autor v roce 2023 oceněn Cenou Dr. Ludmily Sedlárové-Rabanové.

Literatura

- De Queiroz K (1998) The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation: A conceptual unification and terminological recommendations. In *Endless Forms: Species and Speciation*, D. J. Howard, S. H. Berlocher, Eds., Oxford University Press, pp. 57–75.
- De Vos JM, Joppa LN, Gittleman JL, Stephens PR, Pimm SL (2015) Estimating the normal background rate of species extinction. *Conserv Biol.* 29: 452–462.
- Dufresnes C, Jablonski D (2022) A genomics revolution in amphibian taxonomy. *Science* 377: 1272.
- Dufresnes C, Poyarkov N, Jablonski D (2023) Acknowledging more biodiversity without more species. *Proc Natl Acad Sci U S A* 120: e2302424120.

- Dufresnes C, Strachinis I, Tzoras E, Litvinchuk SN, Denoël M (2019) Call a spade a spade: taxonomy and distribution of *Pelobates*, with description of a new Balkan endemic. *ZooKeys* 589: 131–158.
- Dufresnes, C., N. Poyarkov, D. Jablonski (2024) Reply to Lukhtanov: Polytypic species: Old wine in a new bottle. *Proc Natl Acad Sci U S A* 121: e2321819121.
- Harris DJ, Froufe E (2005) Taxonomic inflation: species concept or historical geopolitical bias? *Trends in Ecology & Evolution* 20: 6–7.
- Jablonski D, Masroor R, Hofmann S (2021) Revisited molecular phylogeny of the genus *Sphaerotheca* (Anura: Dicroglossidae): the biogeographic status of northernmost populations and further taxonomic changes. *Diversity* 13: 216.
- Jablonski D, Tzoras E, Panagiotopoulos A, Asztalos M, Fritz U (2023) Genotyping the phenotypic diversity in Aegean *Natrix natrix moreotica* (Bedriaga, 1882) (Reptilia, Serpentes, Natricidae). *ZooKeys* 1169: 87–94.
- Jablonski D, et al. (2021) Morphological and genetic differentiation in the anguid lizard *Pseudopus apodus* supports the existence of an endemic subspecies in the Levant. *Vertebr Zool.* 71: 175–200.
- Linnaeus C (1758) *Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Editio decima, reformata. Tomus I. Holmiae (Laurentii Salvii): [i–iv] + 1–824.*
- Lukhtanov VA (2024) Polytypic species concept and subspecies in the genomic era. *Proc Natl Acad Sci U S A* 121: e2317038121.
- Mayr E (1942) *Systematics and the Origin of Species* (Columbia Univ. Press, New York).
- Padial JM, Miralles A, De la Riva I, Vences M (2010) The integrative future of taxonomy. *Front Zool.* 7: 16.
- Petzold A, Hassanin A (2020) A comparative approach for species delimitation based on multiple methods of multi-locus DNA sequence analysis: A case study of the genus *Giraffa* (Mammalia, Cetartiodactyla). *PLoS One* 15: e0217956.
- Scott P, Rines R (1975) Naming the Loch Ness monster. *Nature* 258: 466–468.
- Speybroeck J, et al. (2020) Species list of the European herpetofauna – 2020 update by the Taxonomic Committee of the Societas Europaea Herpetologica. *Amphibia-Reptilia.* 41: 139–189.
- Stankowski S, Ravinet M (2021) Defining the speciation continuum. *Evolution* 75: 1256–1273.
- Wiens JJ (2023) How many species are there on Earth? Progress and problems. *PLoS Biol.* 21: e3002388.
- Zachos (2016) *Species Concepts in Biology. Historical Development, Theoretical Foundations and Practical Relevance.* Springer, 220 pp.



Mgr. Daniel Jablonski, PhD. (1987) působí jako odborný asistent na Katedře zoologie PriF UK, kterou také absolvoval. Ve svém výzkumu se zaměřuje na otázky spojené s evolucí, diverzitou a taxonomií obojživelníků a plazů za kterými procestoval více než 50 zemí. Soustřeďuje se na málo zkoumané oblasti, zejména na Balkánském poloostrově, Blízkém východě a ve střední Asii. Navštívil a spolupracuje s mnoha univerzitami a vědeckými institucemi, je členem redakčních rad, spolu-editor časopisu *Alytes* a člen taxonomické komise *Societas Europaea Herpetologica*. E-mail: daniel.jablonski@uniba.sk

VirPool: odhad proporcí variantů koronavíru SARS-CoV-2 v odpadových vodách pomocí statistického modelování

Askar Gafurov

Katedra informatiky, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Univerzita Komenského, Mlynská dolina, 842 48 Bratislava

V publikácii ocenej Špeciálnou cenou dr. Ludmily Sedlářové-Rabanovej pre mladých vedeckých pracovníkov sa venujeme odhadu proporcií variantov SARS-CoV-2 v odpadových vodách. Pre tento účel sme vytvorili softvérový nástroj VirPool, voľne dostupný na internete (<https://github.com/fmfi-compbio/virpool>).

Pandémia COVID-19 je sprevádzaná bezprecedentnou úrovňou sekvenčného monitorovania vírusu SARS-CoV-2, s viac ako 16,5 milióna genómových sekvencií uložených v databáze GISAID (Elbe a Buckland-Merrett 2017) do začiatku februára 2024. Tieto sekvencie sú väčšinou získavané zo vzoriek jednotlivých pacientov po pozitívnych klinických testoch. Dlhodobé štúdie ukázali, že zloženie fragmentov vírusovej RNA vo vode odzrkadľuje kvalitatívne a kvantitatívne šírenie vírusových línii v populácii (Agrawal et al. 2022; Amman et al. 2022). Epidemiologické monitorovanie odpadových vôd (angl. *wastewater-based epidemiology* alebo *WBE*) sa ukázalo ako nákladovo efektívna a škálovateľná alternatíva k sekvenovaniu individuálnych vzoriek pacientov (Hrudey et al. 2022; Saford et al. 2022). Rozličné PCR techniky sa môžu použiť na odhad počtu kópií génov vírusu vo vode pre určenie epidemiologických trendov. Toto môže byť sprevádzané sekvenovaním zmesi genómov vírusu prítomných vo vzorke, čím sa efektívne mapuje variabilita sekvencie vírusu v rámci miestnej populácie. Monitorovanie odpadovej vody môže pomôcť vyrovnávať sa s odchýlkami v analýze klinických vzoriek spôsobenými rozdielmi v dostupnosti testov a ochote podstúpiť klinický test. Navyše zvýšené hladiny vírusovej RNA vo vode môžu predchádzať výsledkom klinického testovania o niekoľko dní alebo dokonca dlhšie, ak klinický test nie je okamžite dostupný (Bibby et al. 2021; Hrudey et al. 2022), a teda analýza odpadovej vody môže poskytnúť predčasné signály varovania o zhoršujúcej sa epidemiologickej situácii alebo o výskyte nových variantov vírusu v určitej oblasti. Epidemiologické monitorovanie odpadových vôd je teda doplnkovým a nezávislým pohľadom na pandemickú situáciu, cenným pre orgány verejného zdravotníctva a ich úsilie o riadenie pandémie (Gawlik et al. 2021; Nourbakhsh et al. 2022; World Health Organization 2022).

Svetová zdravotnícka organizácia monitoruje prevalenciu variantov vírusu po celom svete a vyberá tzv. znepokojujúce varianty (angl. *variants of concern* or *VOC*), ktoré sa vyznačujú zvýšenou prenosnosťou, virulenciou alebo schopnosťou unikáť ochrane poskytovanej vakcínami a liekmi. Niekoľko týchto variantov spôsobilo masívne vlny epidémií, najmä varianty Alfa, Delta a Omicron (Pango línie B.1.1.7, B.1.617.2 a B.1.1.529). Preto je veľmi dôležité monitorovať prevalenciu

týchto variantov, najmä na začiatku novej vlny, keď orgány verejného zdravotníctva očakávajú príchod novej varianty v určitej oblasti.

Prvotné práce na analýze vzoriek odpadovej vody SARS-CoV-2 sa sústredili na vytvorenie konsenzuálnej sekvencie pre vzorku alebo na detekciu individuálnych mutácií, nasledovanú manuálnou analýzou výsledkov (Nemudryi et al. 2020; Agrawal et al. 2021, 2022; Crits-Christoph et al. 2021; Hillary et al. 2021; Izquierdo-Lara et al. 2021; Xie et al. 2022). Neskôr bola prítomnosť znepokojujúcich variantov zistená na základe vopred vybraných mutácií typických pre každý variant (Fontenele et al. 2021; Jahn et al. 2022; La Rosa et al. 2021). Vopred vybrané genomické pozície s mutáciami charakteristickými pre jednotlivé varianty sa neskôr používali aj na kvantifikáciu prevalence variantu. Pri každej takejto pozícii sa odhaduje podiel alely patriacej variantu a konečný podiel sa stanovuje ako priemer alebo medián jednotlivých odhadov na jednotlivých pozíciách (Rios et al. 2021; Wurtz et al. 2021; Brunner et al. 2022; Pechlivanis et al. 2022). Keďže sa jednotlivé varianty posudzujú individuálne, metóda môže poskytovať nekonzistentné odhady (napr. súčet podielov jednotlivých variantov je väčší ako jeden) a môže byť ovplyvnená mutáciami, ktoré sú spoločné pre viacero variantov. Daný problém môže byť naďalej zhoršený zvýšeným výskytom konvergentných evolučných udalostí medzi rôznymi líniami v dôsledku selektívneho tlaku. Na zohľadnenie týchto spoločných mutácií Ellment et al. (2021) odhadovali podiely variantov optimalizovaním L2 metriky medzi zmiešaním frekvencií báz jednotlivých variantov a pozorovanými frekvenciami konkrétnych mutačných miest. Amman et al. (2022) túto myšlienku posunuli ďalej odhadovaním podielov súčasne pre viacero vzoriek s prihliadnutím na čas ich odberu. Takýto prístup by mohol byť rozšírený aj na zohľadnenie geografických závislostí.

Podobný problém bol predtým riešený v kontexte vírusových populácií. V probléme rekonštrukcie spektra kvázidruhov (angl. *quasispecies spectrum reconstruction* alebo QSR) sa skúma sekvenovaná vzorka obsahujúca čítania z niekoľkých odlišných variantov vírusu (nazývaných aj haplotypy), s cieľom určiť sekvencie jednotlivých haplotypov a kvantifikovať ich prevalence (Eriksson et al. 2008; Zagordi et al. 2011; Ahn a Vikalo 2018). Haplotypy sa obvykle určujú špecializovanými algoritmami na zostavovanie genómov (angl. *genome assemblers*), ktoré využívajú prekrývania čítaní a pokrytie sekvencií [napr. ShoRAH (Zagordi et al. 2011)], a nasleduje kvantifikácia jednotlivých variantov. Všeobecne tieto prístupy predpokladajú, že individuálne haplotypy poskytujú rovnomerné pokrytie celého referenčného genómu, že sekvencie sú náhodne vybrané z haplotypov a že samotné haplotypy sú dobre reprezentované jednou konsenzuálnou sekvenciou, prípadne s niekoľkými lokálnymi variáciami priraditeľnými chýbam sekvenovania.

Avšak tieto predpoklady nie sú splnené v prípade sekvenovania SARS-CoV-2 v odpadovej vode. Vzorky SARS-CoV-2 z odpadovej vody sú bežne sekvenované protokolom ARTIC, pôvodne vyvinutým v kontexte epidémie vírusu Zika (Quick et al. 2017). Sekvencia vírusu je rozdelená do prekrývajúcich sa segmentov (nazývaných amplicóny), ktoré sú najskôr zosilnené pomocou PCR, aby sa zvýšil počet molekúl prítomných v sekvenovanej vzorke. V závislosti od protokolu je približná dĺžka amplicónov sa pohybuje od 400 bp (Loman et al. 2020) (ďalej

označované ako krátke amplikóny) po 1,5-2,5 kbp (Eden a Sim 2020; Freed et al. 2020; Resende et al. 2020) (dlhé amplikóny). Až po PCR amplifikácii je vzorka sekvenovaná pomocou Illumina alebo Oxford Nanopore MinION technológií. Účinnosť PCR amplifikácie sa líši medzi amplikónmi, čo vedie k veľmi nerovnomernému pokrytiu po celom genóme. Okrem toho sekvencie čítaní nesiahajú cez hranice amplikónov, čím sa naruší spojenie haplotypu medzi amplikónmi. Nakoniec, individuálne varianty SARS-CoV-2 zahŕňajú obvykle veľký počet odlišných sekvencií, a túto diverzitu je ťažké vyjadriť jedinou konsenzuálnou sekvenciou.

V ocenennej publikácii predstavujeme nový prístup založený na pravdepodobnostnom modeli čítaní zmesi variantov. Náš model zachytáva diverzitu sekvencií prítomných v rámci individuálnych variantov pomocou využitia variantných profilov odvodených z dostupných sekvencií GISAID pre konkrétny variant. Zároveň modelujeme aj sekvenčné chyby, čo je podstatné pri aplikácii na datasety získané sekvenčnými technológiami s vyššou chybovosťou, ako napríklad Oxford Nanopore. Náš prístup neklasifikuje individuálne čítania alebo mutácie ako príslušné k určitému variantu, ale namiesto toho hľadá riešenie, ktoré má najväčšiu zhodu s pozorovanými dátami. Preto nepotrebujeme predvýber pozícií charakteristických pre každý variant, a môžeme využiť informácie obsiahnuté v celkovej dĺžke sekvenovaných čítaní. Z tohto hľadiska je náš prístup podobný prístupu Erikssona et al. (2008), hoci náš model je zložitejší vzhľadom na špecifiká problému analýzy odpadovej vody. Nakoniec náš prístup je schopný využívať spojenie medzi individuálnymi miestami v rámci toho istého sekvencovacieho čítania, čo vedie k zvýšenej presnosti v prípade použitia dlhých nanoporových amplikónov, a to aj napriek vyššej chybovosti danej technológie.

Stručný popis štatistického modelu pre odhad proporcií variantov

Pre vstupnú osekvenovanú vzorku VirPool odhaduje proporcie sekvenovaných čítaní pochádzajúcich z vybraných variantov. Variant k je charakterizovaný svojím variantným profilom P_k , kde $P_k(i, a)$ je pravdepodobnosťou pozorovania nukleotidu a na pozícii i vo variante k . Pozície sú číslované podľa referenčného genómu, a všetky sekvencie, ktoré považujeme, sú zarovnané na tento referenčný genóm.

Algoritmus VirPool je riadený pravdepodobnostným modelom, ktorý priradzuje pravdepodobnosť váham jednotlivých variantov $w_1, w_2, \dots, w_K$, kde K je počet variantných profilov. Intuitívne tieto váhy zodpovedajú podielom čítaní pochádzajúcich z jednotlivých variantov zmiešaných v konkrétnej vzorke. Predpokladajúc, že konkrétne čítanie $R = r_1 r_2 \dots r_{|R|}$ začínajúce na pozícii s pochádza z variantu k , pravdepodobnosť pozorovania tohto čítania je jednoducho súčin pravdepodobností jednotlivých nukleotidov:

$$Pr(R|k) = \prod_{i=1}^{|R|} P_k(s + i - 1, r_i).$$

Táto pravdepodobnosť sa musí tiež upraviť o sekvenčné chyby.

Celková vierohodnosť je pravdepodobnosť pozorovania súboru čítaní $\rho = (R_1, \dots, R_m)$ pre dané váhy variantov. V našom modeli je každé čítanie generované nezávisle, takže celkovú vierohodnosť možno vyjadriť ako

$$L(w_1, \dots, w_K | \rho) = \prod_{i=1}^m \sum_{k=1}^K Pr(R_i | k).$$

Tu predpokladáme, že začiatkové pozície a dĺžky jednotlivých čítaní sú pevne stanovené vopred. Treba poznamenať, že ak by boli tieto vzorky získané z akéhokoľvek rozdelenia nezávislého od variantov, pridalo by to len konštantný faktor k pravdepodobnosti a nemalo by to vplyv na optimalizáciu váh.

Pre daný súbor čítaní a variantných profilov sa váhy variantov odhadujú tak, aby sa maximalizovala celková vierohodnosť $L(w_1, \dots, w_K | \rho)$.

Výsledky analýzy VirPool závisia od výberu variantov zahrnutých do analýzy. V našej práci sa spoliehame na klasifikáciu SARS-CoV-2 variantov od Pango (Rambaut et al. 2020), ktorá je založená na fylogenetickej analýze vzoriek vírusu. Vybraným vrcholom fylogenetického stromu sú pridelené identifikátory variantov, vedúc k hierarchickému systému podvariantov vložených do väčších variantov. Pre analýzu používame výber niekoľkých Pango variantov. Typicky by sa mali vybrať varianty záujmu, ktoré sa šíria v určenom čase v danej oblasti. V našich experimentoch zahrňame aj variant "iné", ktorý predstavuje všetky ostatné sekvencie SARS-CoV-2, ktoré nepatria do vybraných variantov. Vysoká váha variantu "other" výsledku umožňuje používateľovi zistiť, že by sa vybraná sada variantov sa mala upraviť.

Podakovanie

Ďakujem nadácii Natura za udelenie Špeciálnej ceny Dr. Ludmily Sedlárovej-Rabanovej v roku 2023. Moje podakovanie tiež patrí všetkým spoluautorom ocenennej publikácie a osobitne mojej školiteľke doc. Broni Brejovej, ktorá mňa na túto cenu nominovala.

Literatúra

- Agrawal S, Orschler L, Lackner S (2021) Metatranscriptomic analysis reveals SARS-CoV-2 mutations in wastewater of the Frankfurt metropolitan area in Southern Germany. *Microbiol Res Announc.* 10(15):00280.
- Agrawal S, et al. (2022) Prevalence and circulation patterns of SARS-CoV-2 variants in European sewage mirror clinical data of 54 European cities. *Water Res.* 2022;214: 118162.
- Ahn S, Vikalo H (2018) aBayesQR: A Bayesian method for reconstruction of viral populations characterized by low diversity. *J Comput Biol.* 25(7): 637–648.
- Amman F, et al. (2022) Viral variant-resolved wastewater surveillance of SARS-CoV-2 at national scale. *Nat Biotechnol.* 2022. 40(12): 1814–1822.

- Bibby K, Bivins A, Wu Z, North D (2021) Making waves: Plausible lead time for wastewater based epidemiology as an early warning system for COVID-19. *Water Res.* 202: 117438.
- Brunner FS, et al. (2022) City-wide wastewater genomic surveillance through the successive emergence of SARS-CoV-2 Alpha and Delta variants. *Water Res.* 226: 119306.
- Crits-Christoph A, et al. (2021) Genome sequencing of sewage detects regionally prevalent SARS-CoV-2 variants. *mBio.* 12(1): 02703–02720.
- Eden JS, Sim E (2020) SARS-CoV-2 genome sequencing using long pooled amplicons on Illumina platforms. *protocols.io* Dostupné z: <https://doi.org/10.17504/protocols.io.befyjbpw>
- Elbe S, Buckland-Merrett G (2017) Data, disease and diplomacy: GISAID's innovative contribution to global health. *Global Chall.* 2017;1(1):33–46.
- Ellmen I, et al. (2021) Estimating variant of concern abundance from SARS-CoV-2 wastewater sequencing data. Technical Report 2021.06.03.21258306, medRxiv 2021.
- Eriksson N, et al. (2008) Viral population estimation using pyrosequencing. *PLoS Comput Biol.* 4(5): 1000074.
- Fontenele RS, et al. (2021) High-throughput sequencing of SARS-CoV-2 in wastewater provides insights into circulating variants. *Water Res.* 205: 117710.
- Freed NE, Vlkova M, Faisal MB, Silander OK (2020) Rapid and inexpensive whole-genome sequencing of SARS-CoV-2 using 1200 bp tiled amplicons and Oxford Nanopore Rapid Barcoding. *Biol Methods Protoc.* 5(1): 014.
- Gawlik B, et al. (2021) SARS-CoV-2 surveillance employing sewage: towards a sentinel system. Luxembourg: Publications Ofce of the European Union.
- Hillary LS, et al. (2021) Monitoring SARS-CoV-2 in municipal wastewater to evaluate the success of lockdown measures for controlling COVID-19 in the UK. *Water Res.* 200: 117214.
- Hrudey SE, Conant B (2022) The devil is in the details: emerging insights on the relevance of wastewater surveillance for SARS-CoV-2 to public health. *J Water Health.* 20(1): 246–270.
- Izquierdo-Lara R, et al. (2021) Monitoring SARS-CoV-2 circulation and diversity through community wastewater sequencing, the netherlands and belgium. *Emerg Infect Dis.* 27(5):1405–1415.
- Jahn K, et al. (2022) Early detection and surveillance of SARS-CoV-2 genomic variants in wastewater using COJAC. *Nat Microbiol.* 7(8): 1151–1160.
- La Rosa G, et al. (2021) Rapid screening for SARS-CoV-2 variants of concern in clinical and environmental samples using nested RT-PCR assays targeting key mutations of the spike protein. *Water Res.* 197: 117104.
- Loman N. et al. (2020) ARTIC nanopore protocol for nCoV2019 novel coronavirus. Dostupné z: <https://github.com/artic-network/articncov2019>. Citováno 13.6. 2022.
- Nemudryi A, et al. (2020) Temporal detection and phylogenetic assessment of SARS-CoV-2 in municipal wastewater. *Cell Rep Med.* 1(6): 100098.
- Nourbakhsh S, et al. (2022) A wastewater-based epidemic model for SARS-CoV-2 with application to three Canadian cities. *Epidemics* 39: 100560.

- Pechlivanis N, et al. (2022) Detecting SARS-CoV-2 lineages and mutational load in municipal wastewater and a use-case in the metropolitan area of Thessaloniki, Greece. *Sci Rep.* 12(1): 2659.
- Quick J, et al. (2017) Multiplex PCR method for MinION and Illumina sequencing of Zika and other virus genomes directly from clinical samples. *Nat Protoc.* 12(6): 1261–1276.
- Rambaut A, et al. (2020) A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol.* 5(11):1403–1407.
- Resende PC, et al. (2020) SARS-CoV-2 genomes recovered by long amplicon tiling multiplex approach using nanopore sequencing and applicable to other sequencing platforms. Technical Report 2020.04.30.069039, bioRxiv 2020.
- Rios G, et al. (2021) Monitoring SARS-CoV-2 variants alterations in Nice neighborhoods by wastewater nanopore sequencing. *Lancet Reg Health-Europe.* 10: 100202.
- Saford HR, Shapiro K, Bishel HN (2022) Wastewater analysis can be a powerful public health tool—if it's done sensibly. *Proceed Natl Acad Sci. U S A* 119(6): 2119600119.
- World Health Organization (2022) Environmental surveillance for SARS-CoV-2 to complement public health surveillance: interim guidance, 14 April 2022. Technical report: World Health Organization.
- Wurtz N, et al. (2021) Monitoring the circulation of SARS-CoV-2 variants by genomic analysis of wastewater in Marseille, southeast France. *Pathogens.* 10(8): 1042.
- Xie Y, et al. (2022) RNA in municipal wastewater reveals magnitudes of COVID-19 outbreaks across four waves driven by SARS-CoV-2 variants of concern. *ACS ES &T Water.* 2:1852–1862.
- Zagordi O, Bhattacharya A, Eriksson N, Beerenwinkel N (2011) ShoRAH: estimating the genetic diversity of a mixed sample from next-generation sequencing data. *BMC Bioinform.* 12: 119.



Mgr. Askar Gafurov, PhD. (1994) je absolventom Fakulty matematiky, fyziky a informatiky Univerzity Komenského v Bratislave v odbore Informatika. Od začiatku magisterského štúdia sa venuje bioinformatike a aplikáciám štatistických metód v nej. Po skončení doktorandského štúdia na FMFI UK pôsobí na fakulte naďalej ako odborný asistent. V súčasnosti je na ročnom výskumnom pobyte v Laboratóriu informatiky, robotiky a mikroelektroniky v Montpellier (LIRMM). E-mail: askar.gafurov@fmph.uniba.sk

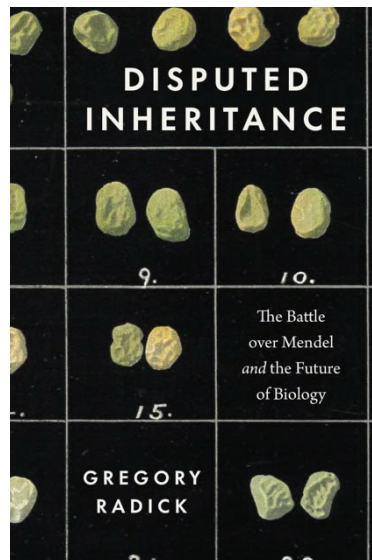
Čo by bolo keby?

Lubomír Tomáška

Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského Bratislava, Ilkovičova 6, 842 15
Bratislava

Poznámky z čítania knihy: Gregory Radick (2023). Disputed Inheritance: The battle over Mendel and the future of biology. The University of Chicago Press, 630 str.

Historický naratív počiatkov modernej genetiky je plusmínus takýto: Gregor Mendel v roku 1866 publikoval prácu, v ktorej popísal materiálny základ dedičnosti. Z jeho hybridizačných pokusov s hrachom vydedukoval, že existujú materiálne dedičné faktory, ktoré sú na základe jednoduchých pravidiel prostredníctvom gamét distribuované do tiel príslušníkov nasledujúcich generácií. Znaky sa vyskytujú v dvoch formách, dominantnej a recesívnej, pričom pri krížení čistých línií sa u hybridov recesívna forma stráca, len aby sa u ich potomkov objavila vo frakcii veľmi blízkej jednej štvrtine. Mendelom



sledované znaky boli podmienené dedičnými faktormi, ktoré boli voľne kombinovateľné, takže kombinácii znakov u potomkov hybridov je možné zapísať ako polynomickú funkciu $(3 : 1)^n$, kde n je počet sledovaných znakov. Tieto pravidlá sú v učebniciach formalizované ako pravidlo dominancie a uniformity, pravidlo segregácie a pravidlo nezávislého rozdelenia.

Príbeh Mendelových objavov pokračuje: ich význam nebol docenený vyše 30 rokov, kým v roku 1900 traja botanici nezávisle od seba popísali rovnaké pravidlá. Tentokrát však bola vedecká komunita pripravená, a zásluhou Williama Batesona sa etablovala nová vedná disciplína genetika a jej terminológia (alela, fenotyp, genotyp,...), ktorá je v rozšírenej podobe využívaná dodnes (Zschocke et al. 2023). Po krátkotrvajúcom spore (1900-1906) tzv. mendelisti (vedenými Batesonom) argumentačne pokorili tzv. biometrikov (zastupovanými W.F. Raphaelom Weldonom a Karlom Pearsonom). Tak sa začala zlatá éra genetiky reprezentovaná objavmi Morganovej školy, molekulárnou genetikou a vrcholiaca ľudským genómovým projektom. Áno, ukázalo sa, že nie všetky znaky sa dedia podľa mendelovských pravidiel, ale veď pravidlá sú potvrdzované výnimkami. S touto logikou sú písané aj základné učebnice genetiky, ktoré využívame na našich kurzoch. Každá začína mendelovskou genetikou, na ktoré nadväzujú zložitejšie koncepty.

Historik Radick vo svojej rozsiahlej monografii tvrdí, že tento naratív nezodpovedá skutočnosti. Dokumentuje, že Mendel nemal ambíciu popísať pravidlá dedičnosti, ale že ho zaujímali pravidlá šľachtenia (ilustruje to napríklad tým, že vo svojej kópii Darwinovho Pôvodu druhov neurobil Mendel ani jednu poznámku v časti o pangenéze, pričom časti o hybridizácii sú husto spoznámkované). Radick tiež

spochybňuje to, že Mendelova práca bola vo vedeckej komunite neznáma; naopak bola medzi šľachtiteľmi hojne citovaná. Autor tiež tvrdí, že väčšina konceptov a vysvetlení mendelistov vznikla *ex post* a nie je ich možné nájsť v originálnom Mendelovom texte.

Radick nespochybňuje význam Mendelových experimentov, tvrdí však, že popisujú skôr exotické ako typické prípady dedičnosti. Už samotné fenotypové znaky, ktoré Mendel študoval sú diskutabilné. Obálka knihy je fotografiou skupiny semien hrášku, ktoré nespádajú do binárnych kategórií (žltý-zelený, hladký-drsný), ale tvoria kontinuálne spektrum. To bol aj jeden z argumentov, ktorý používali biometrici reprezentovaní Weldonom: fenotypový prejav nezávisí len od dedičných faktorov, ale aj od ich „histórie“, to znamená v akom kontexte sú interpretované. Za kontext pritom považovali prítomnosť ďalších faktorov (v Johansenovej terminológii génov) a prostredia.

V rokoch 1900-1906 bol spor mendelistov a biometrikov veľmi vyrovnaný. Jedna z hlavných otázok Radickovej knihy je, prečo nakoniec mendelisti vyhrali v súboji, ktorý v niektorých fázach vskutku pripomínal vojnu (Weldon v jednom z listov píše „všetci si do hádky vezmeme svoje najväčšie a najostrejšie nože“). V istej chvíli sa skôr zdalo, že navrch majú biometrici, keď aj dovtedy hlavné argumentačné piliere mendelistov (napr. dedičnosť farby srsti u myší či koní) začali strácať na presvedčivosti. Stručná odpoveď je, že Weldon v roku 1906 podľahol zápalu pľúc a tak nestihol dokončiť svoj opus magnum *Theory of Inheritance*, v ktorej mal plán sumarizovať svoje predstavy o mechanizmoch dedičnosti. Podrobnejšia – a zložitejšia – odpoveď by bola spojlerom pre tých, ktorí by si chceli Radickovu knihu prečítať aj napriek jej rozsahu a niekedy až príliš detailným kapitolám.

Zaujímavým je Radickov pokus o tzv. kontrafaktuálny (*counterfactual*) prístup (hovorovo, „čo by bolo keby?“). Konkrétne rozoberá otázku, ako by sa vyvíjala genetika v prípade, že by v spore zvíťazili biometrici? Tvrdí, že by to nijako neovplyvnilo úspechy Morganovej školy s tým rozdielom, že jeho kniha by sa volala inak: *The Mechanism of Weldonian Inheritance*. Objavy molekulárnych základov dedičnosti by víťazstvom biometrikov neboli nijako oneskorené, keďže boli založené na úplne inom type experimentov a uvažovania odvodeného skôr z fyziky a chémie. Dokonca implikuje, že koncepcia dedičnosti prezentovaná biometrikmi by menej nahrávala eugenickým argumentom, ktoré mali tragické následky na oboch stranách Atlantiku. Nakoniec Radick naznačuje, že by sme princípom dedičnosti rozumeli viac ako teraz, pretože by sme neboli zdržaní dlhým obdobím hľadania kauzálneho vzťahu medzi znakom a variantom génu (zjednodušene hľadaním génov *pre XY*).

Autor priznáva, že kontrafaktuálny prístup je problematický, pretože neumožňuje testovanie validity jeho hypotéz. Jeden experimentálny test však predsa len ponúka. Spolu s kolegami na University of Leeds zorganizovali základný kurz genetiky, v ktorom rozdelili študentov do dvoch skupín. Pravá preberala základy genetiky štandardným – učebnicovým spôsobom. Druhá skupina nezačala Mendelovými pravidlami, ale kvantitatívnymi znakmi, pričom sa od začiatku zamerala na vzťah génov a prostredia. (Tento pokus o vypustenie, resp. dramatické zníženie akcentu na mendelovskú dedičnosť, nebol nový. Nadviazal na pokus o zásadnú zmenu genetického kurikula prezentovanú Rosie Redfieldovou (Redfield 2012). Po

vyhodnotení oboch častí kurzu druhá skupina študentov vykazovala oveľa nižšiu tendenciu pre génocentrický pohľad na dedičnosť (Jamieson a Radick 2017).

Na Radickovu knihu bolo v priebehu roku 2023 niekoľko pozitívnych recenzií (Hall 2023). Táto reakcia je zaslúžená nielen preto, že poskytuje zrejme najdetailnejší obraz rozhodujúceho obdobia pri formovaní modernej genetiky a poskytuje aj pohľad do psychológie jeho hlavných aktérov. Je zároveň provokatívnym textom, ktorý je užitočný pre edukátorov na univerzitách prírodovedného zamerania. Nie, nemyslím si, že základné kurzy genetiky vyžadujú tak radikálnu zmenu, aká bola realizovaná v Leedse. To, že jeho absolventi majú menej génocentrický pohľad na dedičnosť neindikuje, že genetike rozumejú lepšie ako študenti, ktorí prejdú tradičnou formou kurzu. Skôr sa mi zdá, že vzhľadom k tomu, ako sme vstrebávali základy genetiky my, mohli by sme našich študentov skôr pomýliť. Akokoľvek došlo k víťazstvu batesonovského tábora, vyše 100-ročná história genetiky ovplyvnila stav nášho poznania a dáva zmysel ho v tomto kontexte aj prezentovať nastupujúcej generácii prírodovedcov. Každopádne nám však Radickova knižka ukazuje, že pri vyučovaní mendelovskej genetiky ich musíme častejšie a intenzívnejšie upozorňovať na jej obmedzenia tak, aby boli lepšie pripravení na výzvy súčasnej genetiky, ktorým bude vystavená ich generácia.

Literatúra

- Hall BK (2023) How a scholarly spat shaped genetic research. *Nature* 619: 690–691.
- Comfort N (2023) Book review. *Disputed Inheritance: The battle over Mendel and the future of biology*. *The FASEB J.* 37: e22830.
- Jamieson A, Radick G (2017) Genetic determinism in the genetics curriculum. *Sci Educ.* 26: 1261–1290.
- Redfield RJ (2012) “Why do we have to learn this stuff?”—A new genetics for 21st century students. *PLoS Biol.* 10: e1001356.
- Smith M (2024) Alternative paths for genetics, then and now: Q&A with Gregory Radick about *Disputed Inheritance*. *Trends Genet.* 40(1): 1–14.
- Zschocke J, Byers PH, Wilkie AOM (2023) Mendelian inheritance revisited: Dominance and recessiveness in medical genetics. *Nat Rev Genet.* 24(7): 442–463.

Výuka Mendelovy genetiky ve 21. století s důrazem na nástroje umělé inteligence a chatboty

Jennifer A.I. Nováková a Ctibor H.A.T.G. Pavlát

Ve dnešní technologicky pokročilé společnosti prošlo pole genetiky významnými pokroky díky nástrojům umělé inteligence a chatbotům. Tyto nástroje umělé inteligence a chatboty zásadně změnily způsob, jakým vyučujeme Mendelovu genetiku ve 21. století, poskytují jedinečné příležitosti jak pro studenty, tak učitele (Chinonso et al. 2023). Integrace nástrojů umělé inteligence jako je ChatGPT ve vysokoškolském vzdělávání bude mít dlouhodobě pozitivní dopad na výuku a učení. Umělá inteligence, konkrétně nástroje umělé inteligence a chatboty, se staly silnými nástroji ve sféře vzdělávání. Poskytují personalizované učební zážitky, automatizují opakující se úkoly a umožňují učitelům zaměřit se na důležitější aspekty výuky. Jedním z klíčových oblastí, kde nástroje umělé inteligence a chatboty výrazně ovlivnily výuku Mendelovy genetiky. Tradiční výukové metody v Mendelově genetice často spoléhají na učebnice, přednášky a laboratorní experimenty. I když tyto metody jsou účinné při předávání základních pojmů Mendelovy genetiky, někdy mohou být zdoluhavé a statické (Rotbain et al. 2006). Nástroje umělé inteligence a chatboty na druhou stranu přinášejí dynamický a interaktivní prvek do výukového procesu. S integrováním nástrojů umělé inteligence a chatbotů se studenti mohou zapojit do aktivnějšího učení prostřednictvím interaktivních simulací, virtuálních experimentů a řešení problémových situací. Tyto nástroje umělé inteligence a chatboty mohou poskytovat okamžitou zpětnou vazbu, vést studenty skrz složité koncepty a přizpůsobit úroveň obtížnosti materiálu na základě individuálního výkonu. Navíc nástroje umělé inteligence a chatboty mají schopnost generovat personalizované učební materiály na základě silných a slabých stránek každého studenta. Tento cílený přístup k výuce Mendelovy genetiky zajistí, že studenti obdrží šitou na míru instrukci, což jim umožní lépe pochopit koncepty a to ve vlastním tempu.

Navíc mohou nástroje umělé inteligence a chatboty sloužit jako cenný zdroj pro učitele (Yu et al. 2017). Mohou pomoci při plánování výuky, tvorbě obsahu a návrhu hodnocení. Nástroje umělé inteligence a chatboty mohou generovat interaktivní lekce, vytvářet atraktivní multimediální materiály, a dokonce pomáhat při hodnocení studentských úkolů. Automatizací těchto úkolů mohou učitelé ušetřit čas a zaměřit se na poskytování individualizované pozornosti a podpory svým studentům. Kromě těchto výhod nástroje umělé inteligence a chatboty také nabízejí jedinečnou příležitost pro studenty k spolupráci se svými vrstevníky a zapojení do společného řešení problémů. prostřednictvím virtuálních diskusních místností a spolupracujících platforem mohou studenti spolupracovat na řešení složitých problémů Mendelovy genetiky, diskutovat o svých přístupech a učit se z strategií ostatních. Navíc mohou nástroje umělé inteligence a chatboty poskytnout personalizovaný a adaptivní výukový zážitek. Mohou sledovat pokrok a výkon studentů, identifikovat oblasti, kde potřebují další podporu, a poskytovat cílené zdroje a aktivity k vyplnění těchto mezer (Afrita 2023). Tento personalizovaný přístup nejen zvyšuje zapojení a motivaci studentů, ale také zlepšuje uchování znalostí. Nástroje umělé inteligence a chatboty také mohou pomoci v

procesu hodnocení poskytnutím automatizovaného hodnocení a okamžité zpětné vazby studentům. Tím učitelům šetří cenný čas a umožňuje jim poskytovat včasnou zpětnou vazbu a podporu svým studentům. Navíc nástroje umělé inteligence a chatboty řeší výzvu omezeného poměru učitelů k studentům. Tyto nástroje poskytují další podporu a vedení studentům, zejména v předmětech jako je Mendelova genetiky, kde mohou být koncepty složité a náročné (Pereira 2016).

Využitím nástrojů umělé inteligence a chatbotů mohou učitelé vytvořit pro své studenty interaktivnější a poutavější prostředí pro učení. Tyto nástroje mohou simulovat virtuální experimenty, poskytovat okamžitou zpětnou vazbu na odpovědi studentů a nabízet interaktivní učební zážitky, které zlepšují porozumění a uchování konceptů Mendelovy genetiky. Integrace nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky ve 21. století přináší několik výhod. Zprvu, nástroje umělé inteligence a chatboty mohou studentům poskytnout přístup k bohatství informací a zdrojů. Mohou doporučovat vhodné statistické metody, analyzovat data a vytvářet grafické reprezentace dat a výsledků. To nejen zlepšuje přesnost a efektivitu analýzy dat, ale také zlepšuje komunikaci výsledků výzkumu a platnost výsledků výzkumu (Binu et al. 2014). Zadruhé, nástroje umělé inteligence a chatboty podporují inkluzivitu a dostupnost ve vzdělávání. Použitím generativních nástrojů umělé inteligence mohou učitelé poskytnout studentům se různými schopnostmi a učebními styly více inkluzivní a dostupné vzdělávání. Tyto nástroje mohou personalizovat vzdělávací obsah a aktivity, splňují specifické potřeby každého studenta a usnadňují jeho akademický pokrok a celkový rozvoj. Kromě toho nástroje umělé inteligence a chatboty podporují kritické myšlení a tvůrčí myšlení mezi studenty. Tyto asistenční nástroje stimulují řešení problémů a podporují zkoumání nových myšlenek, podporují rozvoj vyšších kognitivních dovedností. Integrováním nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky mohou učitelé vytvořit dynamické a interaktivní učební prostředí, které vyhovuje různorodým potřebám studentů a povzbuzuje je kriticky a tvůrčím způsobem přemýšlet (Dias a Torkamani 2019). Navíc integrace nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky řeší výzvu omezeného poměru učitelů k studentům. S rostoucí poptávkou po kvalitním vzdělávání čelí učitelé často výzvám při poskytování individualizované podpory a vedení každému studentovi.

Nástroje umělé inteligence a chatboty mohou pomoci zmírnit tuto výzvu tím, že poskytují personalizovanou podporu a zpětnou vazbu studentům. Mohou odpovídat na otázky studentů v reálném čase, poskytovat vysvětlení a příklady a vést je skrz složité koncepty a úkoly řešení problémů (Fulton et al. 2022). Navíc nástroje umělé inteligence a chatboty mohou usnadňovat spolupráci a interakci mezi studenty. Studenti se mohou zapojovat do diskusí a výměny nápadů se svými vrstevníky prostřednictvím virtuálních platformů facilitovaných nástroji umělé inteligence a chatboty.

To nejen zlepšuje jejich porozumění Mendelově genetice, ale také podporuje kooperativní učení a sdílení znalostí mezi studenty. Nakonec, integrace nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky připravuje studenty na pracovní trh 21. století (Zhang a Aslan 2021). Ve dnešním světě transformují technologické pokroky a nástroje řízené umělou inteligencí různé odvětví, včetně vzdělání. Studenti, kteří jsou obeznámeni s nástroji umělé inteligence a chatboty, budou lépe vybaveni k tomu, aby se v budoucích kariérách orientovali a využívali tyto technologie. Celkově vzato, začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky

přináší mnoho výhod. Zvyšuje zapojení studentů, podporuje kritické myšlení a tvůrčí přístup, poskytuje personalizovanou podporu, usnadňuje spolupráci a připravuje studenty na budoucnost. V dnešním rychle se měnícím světě nelze přecenit význam přesných předpovědí počasí. V souhrnu, začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky ve 21. století přináší mnoho výhod. Tyto nástroje mohou zlepšit přesnost a efektivitu analýzy dat, zlepšit komunikaci výsledků výzkumu a nakonec zlepšit platnost výsledků výzkumu pro studenty (Zhang a Aslan 2021). Navíc nástroje umělé inteligence a chatboty mohou zjednodušit administrativní úkoly, uvolňují cenný čas učitelů, aby se mohli zaměřit na výukové aktivity. Navíc personalizace a adaptabilita nástrojů umělé inteligence a chatbotů může splnit individuální učební potřeby studentů, podporující inkluzi a rovnost ve třídě. Začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky ve 21. století přináší mnoho výhod. Tyto nástroje posilují studenty tím, že jim poskytují personalizovanou podporu a podporují kritické myšlení a dovednosti řešení problémů.

Kromě toho nástroje umělé inteligence a chatboty usnadňují spolupráci mezi studenty tím, že poskytují virtuální platformy pro diskuse a sdílení znalostí. Navíc tyto nástroje připravují studenty na budoucí pracovní trh, protože se stále více spoléhá na technologie umělé inteligence (Zhai et al. 2021). V kontextu výuky Mendelovy genetiky mohou nástroje umělé inteligence a chatboty výrazně zlepšit učební zážitek pro studenty. Mohou analyzovat složitá genetická data, doporučovat vhodné statistické metody a vytvářet vizuální reprezentace dat pro prezentace a publikace. Navíc nástroje umělé inteligence a chatboty mohou poskytovat okamžitou zpětnou vazbu a vedení studentům, pomáhající jim porozumět složitým konceptům a zajistit jejich pokrok ve studovaném předmětu. Začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky ve 21. století představuje jedinečnou příležitost zlepšit učební zážitek pro studenty a připravit je na výzvy budoucnosti.

Avšak integrace nástrojů umělé inteligence a chatbotů do vzdělávání také představuje výzvy, které je třeba řešit. Jedním z problémů je zajištění akademické integrity a prevence zneužití těchto nástrojů (Zhang a Aslan 2021). Existuje obava, že studenti by se mohli příliš spoléhat na nástroje umělé inteligence a chatboty, což by mohlo vést k plagiátorství nebo k odevzdání nepřesných informací. Aby se tato výzva překonala, je důležité, aby učitelé zdůraznili roli nástrojů umělé inteligence a chatbotů jako asistenčních nástrojů a nikoli jako náhrady za kritické myšlení a učení. Aby se to zajistilo, měli by učitelé studenty informovat o omezeních nástrojů umělé inteligence a chatbotů a povzbuzovat je k aktivnímu zapojení se do výukové látky. Kromě toho je zásadní, aby nástroje umělé inteligence a chatboty používané ve výuce Mendelovy genetiky poskytovaly přesné a spolehlivé informace. Tyto nástroje by měly být programovány tak, aby odkazovaly na zdroje genetických informací založené na důkazech a dodržovaly vědecké standardy a směrnice. Navíc by chatboty měly jasně uvádět zdroje, které používají, aby se zabránilo šíření zavádějících nebo falešných informací.

Další výzvou při integraci nástrojů umělé inteligence a chatbotů ve výuce Mendelovy genetiky je potřeba individualizace a personalizace. Studenti mají různé učební styly, schopnosti a potřeby a nástroje umělé inteligence a chatboty by měly být schopny se těmito individuálními rozdíly přizpůsobit. Toho lze dosáhnout

implementací algoritmů strojového učení, které analyzují individuální údaje studentů a přizpůsobují jim učební zážitek (Yu et al. 2017).

Tímto způsobem mohou nástroje umělé inteligence a chatboty poskytovat personalizovanou zpětnou vazbu a doporučení, která vyhovují specifickým potřebám každého studenta. Navíc nástroje umělé inteligence a chatboty mohou poskytovat okamžitou zpětnou vazbu a vedení, což umožňuje studentům učit se vlastním tempem a okamžitě získávat objasnění k jakýmkoli nedorozuměním či nejistotám, které by mohli mít. Kromě toho mohou nástroje umělé inteligence a chatboty zlepšit učební zážitek poskytováním interaktivních a poutavých vzdělávacích materiálů. Tyto nástroje mohou prezentovat informace různými formáty, jako jsou videa, simulace nebo interaktivní kvízy, aby vyhovovaly různým preferencím učení a zvyšovaly zapojení studentů. Dále mohou nástroje umělé inteligence a chatboty usnadnit zkušenosti s kolektivním učením tím, že poskytují platformy pro interakci a zapojení studentů s jejich vrstevníky (Yu et al. 2017). To lze provést pomocí funkcí jako jsou diskusní fóra nebo virtuální studijní skupiny, kde mohou studenti sdílet své nápady, klást otázky a spolupracovat při řešení genetických problémů. Navíc mohou nástroje umělé inteligence a chatboty pomoci v procesu hodnocení tím, že poskytují automatizované hodnocení a zpětnou vazbu na úkoly a kvízy. Tyto nástroje mohou analyzovat odpovědi studentů, identifikovat vzory nedorozumění nebo chyb a poskytovat cílenou zpětnou vazbu, aby pomohly studentům zlepšit jejich porozumění Mendelově genetice.

Začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky přináší mnoho výhod jak pro studenty, tak pro pedagogy (Ghorashi et al. 2023). Za prvé, nástroje umělé inteligence a chatboty mohou pomoci zmírnit časové omezení, které často omezuje interaktivní a personalizovanou výuku v tradiční učebně. Za druhé, nástroje umělé inteligence a chatboty mohou studentům poskytnout okamžitý a neustálý přístup k zdrojům a podpoře, což jim umožní studovat vlastním tempem a získávat pomoc, kdykoli ji potřebují. Další významnou výhodou využívání nástrojů umělé inteligence a chatbotů ve výuce Mendelovy genetiky je jejich schopnost analyzovat složitá data a prezentovat je vizuálně atraktivním způsobem, který je pro studenty snadno srozumitelný. To může výrazně zlepšit porozumění genetickým konceptům studenty a pomoci jim navazovat spojení mezi teorií a aplikacemi ve skutečném světě (Fibriana et al. 2017).

Dále se nástroje umělé inteligence a chatboty mohou přizpůsobit různým učebním stylům a poskytovat personalizované učební zkušenosti. To je zvláště důležité v kontextu výuky Mendelovy genetiky, protože zahrnuje porozumění složitým genetickým vzorcům a principům dědičnosti. Začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky může poskytnout více inkluzivní a dostupné vzdělání. Tyto nástroje mohou splňovat potřeby studentů s různými schopnostmi a učebními styly, umožňují jim přístup k informacím a zdrojům způsobem, který vyhovuje jejich individuálním potřebám. Navíc mohou nástroje umělé inteligence a chatboty poskytovat interaktivnější a poutavější učební zážitek. Mohou prezentovat informace dynamickým a interaktivním způsobem, používající vizuální prvky, simulace a interaktivní aktivity, aby pomohly studentům aktivně se zapojit do učebního procesu. Kromě toho mohou nástroje umělé inteligence a chatboty usnadnit spolupráci mezi učiteli a studenty (Afrita 2023). Učitelé mohou využívat chatboty poháněné umělou inteligencí k poskytování personalizované podpory, odpovídání na otázky studentů a

poskytování zpětné vazby k úkolům a kvízům. Navíc mohou nástroje umělé inteligence a chatboty poskytovat cílenou zpětnou vazbu, aby pomohly studentům zlepšit jejich porozumění Mendelovy genetiky. Tyto nástroje mohou identifikovat oblasti, ve kterých studenti mohou mít problémy, a poskytnout cílené intervence nebo další zdroje k podpoře jejich učení. Začlenění nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky nabízí několik výhod, které mohou zlepšit učební zážitek a zvýšit porozumění složitým genetickým konceptům studentů. I když nástroje umělé inteligence a chatboty nabízejí několik výhod ve výuce Mendelovy genetiky, je důležité zvážit potenciální nevýhody a omezení jejich integrace.

Jedním z hlavních obav spojených s použitím nástrojů umělé inteligence a chatbotů ve vzdělávání je potenciální přílišná závislost a závislost na těchto technologiích. Existuje riziko, že studenti se stanou pasivními učiteli, spoléhající se pouze na vedení a zpětnou vazbu poskytovanou nástroji umělé inteligence, aniž by se plně zapojili do kritického myšlení a samostatného řešení problémů (Ma a Jiang 2023). Tato nadměrná závislost může bránit rozvoji základních kognitivních dovedností a schopnosti kriticky myslet, což může vést k potenciálnímu nedostatku hloubky porozumění složitým genetickým konceptům.

Kromě toho použití nástrojů umělé inteligence a chatbotů vyvolává otázky ohledně ochrany osobních údajů a bezpečnosti dat. Začlenění těchto technologií do vzdělávacího prostředí zahrnuje sběr a analýzu obrovského množství dat studentů, což vyvolává obavy ohledně ochrany dat, důvěrnosti a etického využívání informací o studentech. Potenciální zneužití či špatné zacházení s těmito daty by mohlo mít značné důsledky pro ochranu soukromí studentů a důvěru ve vzdělávací instituci.

Navíc schopnosti přizpůsobení a personalizace nástrojů umělé inteligence a chatbotů mohou neúmyslně vést ke snížené expozici různým perspektivám a přístupům k učení (Chen et al. 2020). Jelikož se tyto technologie přizpůsobují individuálním preferencím studentů a učebním stylům, existuje riziko zesilování existujících znalostních zkreslení a omezení expozice alternativním názorům a přístupům k porozumění Mendelově genetice.

Kromě toho, spoléhání se na nástroje umělé inteligence pro hodnocení a hodnocení vyvolává otázky ohledně subjektivní povahy zpětné vazby a hodnocení. I když tyto nástroje mohou poskytovat automatizované hodnocení a zpětnou vazbu, může existovat omezení v jejich schopnosti hodnotit kvalitativní aspekty studentské práce, jako je kreativita, kritická analýza a originalita. To by mohlo vést k standardizovanému a potenciálně omezenému přístupu k hodnocení porozumění a ovládání Mendelových genetických konceptů studenty (Renzulli 2021). Je důležité pečlivě zvážit tyto potenciální výzvy a omezení při integraci nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky, aby byl zajistěn vyvážený a promyšlený přístup k využívání těchto technologií k zlepšení vzdělání.

Závěrem lze konstatovat, že integrace nástrojů umělé inteligence a chatbotů do výuky Mendelovy genetiky představuje slibnou příležitost zlepšit učební zážitek pro studenty a připravit je na požadavky budoucnosti. Adresováním výzev, jako je akademická integrita, přizpůsobení a personalizace, tyto nástroje mají potenciál revolučním způsobem, jak je genetika vyučována a učena.

Kromě toho, výhody nástrojů umělé inteligence a chatbotů, jako je okamžitý přístup k zdrojům, analýza složitých dat a nabídka personalizovaných učebních zkušeností, mohou přispět k inkluzivnějšímu a dostupnějšímu vzdělání. Tento inovativní přístup nejenže vyhovuje různým učebním stylům a schopnostem, ale také podporuje spolupráci mezi studenty a učiteli, což nakonec obohacuje vzdělávací cestu pro všechny zúčastněné.

Literatura

- Afrita J (2023) Peran Artificial Intelligence dalam Meningkatkan Efisiensi dan Efektifitas Sistem Pendidikan. *COMSERVA: Jurnal Penelitian Dan Pengabdian Masyarakat*, 2(12): 3181–3187.
- Binu VS, Mayya SS, Dhar M (2014) Some basic aspects of statistical methods and sample size determination in health science research. *Ayu* 35(2): 119–123.
- Chen L, Chen P, Lin Z (2020) Artificial intelligence in education: A review. *IEEE Access* 8: 75264–75278.
- Chinonso OE, Theresa AM, Aduke TC (2023) ChatGPT for teaching, learning and research: Prospects and challenges. *Glob Acad J Humanit Soc Sci*. 5(2): 33–40.
- Dias R, Torkamani A (2019) Artificial intelligence in clinical and genomic diagnostics. *Gen Med*. 11(70).
- Fibriana F, Pamelasari SD, Aulia L (2017) Measuring visual literacy skills on students' concept understanding of genetic transfer material. *J Phys: Conf Ser*. 824.
- Fulton RM, Fulton D, Kaplan S (2022) Artificial intelligence: Framework of driving triggers to past, present and future applications and influencers of industry sector adoption. *arXiv preprint arXiv:2204.01518*.
- Ghorashi NS, Ahmed I, Ghosh P, Sidawy AN, Javan R (2023) AI-Powered Chatbots in Medical Education: Potential Applications and Implications. *Cureus* 15(8): e43271.
- Ma X, Jiang C (2023) On the ethical risks of artificial Intelligence applications in education and its avoidance strategies. *J Edu Hum Soc Scie*. 14:354–359.
- Pereira J (2016) Leveraging chatbots to improve self-guided learning through conversational quizzes. *Proceedings, TEEM '16*: 911–918.
- Renzulli JS (2021) Assessment for learning: The missing element for identifying high potential in low income and minority groups. *Gifted Education International*, 37(2): 199–208.
- Rotbain Y, Marbach-Ad G, Stavy R (2006) Effect of bead and illustrations models on high school students' achievement in molecular genetics. *J Res Sci Teach*. 43(5): 500–529.
- Yu H, Chen M, Leung C, White TJ (2017) Towards AI-powered personalization in MOOC learning. *npj science of learning*. *NPJ Sci Learn* 14:2:15.
- Zhai X, et al. (2021). A review of artificial Intelligence (AI) in Education from 2010 to 2020. *Complexity* 1–18.
- Zhang K, Aslan AB (2021). AI technologies for education: Recent research & future directions *Computers and Education: Artificial Intelligence* 2.

Pokud jste si přečetli předešlý text, možná Vás během čtení upoutalo několik neobratných frází, nesoulad v použití předložek, místy ne zcela logická návaznost a opakování některých myšlenek. Možná Vás zaujalo i zajímavé jméno autorky a autora textu (zkráceně JenniAI a ChatGPT). Celý text vypadá, jako by si autoři textu nedali příliš velkou práci s jeho přečtením. Pravdou je, že autorka text pouze napsala a znovu jej po sobě nečetla. Jedná se totiž o text zcela připravený nástrojem umělé inteligence Jenni AI (<https://jenni.ai/>) sloužícím pro přípravu vědeckých prací. Neplacená verze umožňuje generovat text nejprve v délce 500 slov, následně pak 200 slov každý další den. Placená verze (poplatek 20 dolarů měsíčně, případně 12 dolarů za měsíc při předplatném na rok) umožňuje generaci v podstatě neomezeného textu. Generování textu probíhá po částech (odstavce o několika větách), kdy je možné daný odstavec schválit, nebo nechat přepracovat, případně do něj samostatně zasáhnout. Následně je možné požádat o vytvoření odstavce, který podává myšlenky v kontrastu s předchozím odstavcem. V podstatě kdekoliv v textu je možné požádat o vložení citace k danému tvrzení. Jenni AI prohledá internetové databáze a nabídne seznam možných referencí. V některých případech se stane, že nelze vhodnou referenci najít, případně je reference ve špatném formátu. Zadáním pro Jenni AI v případě předešlého článku bylo: „Napiš essay o výuce Mendelovské genetiky v 21. století s důrazem na nástroje umělé inteligence a chatboty.“ Bylo žádáno o napsání textu v angličtině, generování textu v češtině je problematické. Obecně jsou totiž nástroje AI uzpůsobeny pro použití v anglickém jazyce, protože to poskytuje větší možnosti materiálu pro strojové učení. Vygenerovaný text byl vyexportován do Word dokumentu. Následně byl text postupně po částech vkládán do chatbotu ChatGPT (<https://chat.openai.com/>) neplacené verze 3.5 a přeložen z angličtiny do češtiny bez následných korektur. Výsledný text je tedy produktem dvou nástrojů umělé inteligence. Cílem bylo dokumentovat jen část z možností, které nástroje umělé inteligence nabízejí a ukázat, že bude nutné zvážit změnu ve formátu vypracování studentských prací, např. seminárních, nebo bakalářských, v některých oborech i diplomových. Vypracování předešlého článku zabralo nezkušenému uživateli cca 2 hodiny. Už po první zkušenosti by se však práce na podobném i rozsáhlejší článku zkrátila minimálně na polovinu.

Testování AI provedl a sepsal: Mgr. Jiří Pergner, Ph.D.

Výber citátov z esejí kurzu Výzvy súčasnej genetiky, ZS2023

Takmer tri storočia genetika ovplyvňuje život človeka, najmä teraz.

Existuje veľké množstvo genetických chorôb, s ktorými sa človek stretáva počas celého života.

Hemofília je zriedkavý a vážny neduh, ktorý je spojený s X chromozómom.

Alica Maud Mária od svojho manžela Ľudovíta IV Hessneského porodila dcéru Alix von Hessen-Darmstadt.

V roku 1959 francúzsky genetik Jerome Jean Louis Marie Lejeune objavil ďalší chromozóm na 21. páre v ľudskej bunke.

Etické problémy sa vyskytujú hlavne v Európe keďže genetika ako veda je pomerne mladá.

V tejto eseji sa pokúsim ponoriť (aj keď ponoriť je asi silné slovo), ale pokúsim sa aspoň namočiť si nohy v bazéniku v podobe sveta epigenetiky, objavujúc pár z jej tajomstiev, výziev a chápanie genetiky a života samotného, kde je každá modifikácia značkou minulosti, súčasnosti a možno práve aj budúcnosti genetiky.

...ak zdedilo kombináciu dominantná alela a recesívna alela (dominantný heterozygot, u ktorého sa funkčne prejaví len dominantná alela).

Použil som tento zdroj: Mardiaková E., Čo treba vedieť o génovej terapii. Veda na dosah.

V tejto interdisciplinárnej oblasti sa skúma rozdielny vplyv medzi genetickými danosťami a environmentálnymi faktormi.

Napríklad polymorfizmus COMT Val158Met, ktorý ovplyvňuje dopaminergnú neurotransmisiu sa stal predmetom intenzívneho výskumu v kontexte osobnosti.

Napríklad sklon k duševným chorobám alebo rozvodu, považovaný za dôsledok výchovy, môže byť v skutočnosti do značnej miery determinovaný genetickými faktormi.

MtDNA je často získavaná z biologických vzoriek, ako sú vlasové vlasce.

Táto téma sa bude týkať genetiky, forenznnej genetiky no najmä metód forenznnej genetiky. ... *I am Bond. James Bond.*

Je dôležité poznamenať, že vývoj v oblasti forenzej genetiky pokračuje, čo mňa nesmierne teší. Taktiež som nesmierne rada, že práve na našej škole je možnosť študovať genetiku či už z forenzného hľadiska alebo všeobecného.

Keď už vieme, čo je genetika, môžeme sa vrátiť späť k dedične podmieneným chorobám.

Veľká časť genetických chorôb však nie je vôbec dedičných.

Myslím si, že nie všetky mutácie, ktoré sa dejú v našich telách, presnejšie v bunkách, ovplyvňujú naše zdravie – alebo výzor. Ak by to tak nebolo, prečo nevidíme okolo nás ľudí so schopnosťami superhrdinov, prečo nemajú niektorí ľudia krídla alebo chvost?

Zlatá krv... Pravý názov je „Rh-null“. Krv môžu darovať prakticky úplne komukoľvek, ale dostať ju môžu len z vlastnej skupiny. Skutočnosť, že momentálne sú na svete len deväti ľudia schopní darovať túto krv, je veľmi závažná.

Príslušníci primárnej rodiny boli s veľkou pravdepodobnosťou prípadom tohto ochorenia, takže ak ste prvostupňovou rodinou vaša pravdepodobnosť, že sa stanete prípadom, výrazne stúpa.

Pre existenciu baktérie je vírus nežiadúci a pomerne nebezpečný. Môže v nej zotrvať vo forme profágov, až kým neuzná za vhodné.

Od prevencie po personalizovanú liečbu a výskum, genetické testovanie nám otvára cestu k istejšej a zdravšej budúcnosti.

Zoznam použitej literatúry: <https://gynekologia-samorin.sk/>

Characteristics, function behavior and evolution of genes and chromosomes are all important factors that genetics tackles in as much detail as humanly possible.

The future of genetics is amazing, the only thing we need to do is make it happen.

Táto seminárna práca je napísaná na tému ľudský gény. Sa stal neodlúčiteľnou súčasťou životov všetkých z nás a sme ním obklopaní neustále.

Robert Holley už v roku 1965 osekvenoval genóm pekárskej kvasinky.

Hlísta síce nie je podobná človeku v žiadnom smere, avšak genetický kód je nám veľmi podobný.

Taktiež je potrebné zaistiť aby sa metóda nezneužívala na vytvorenie perfektných detí.

Niečo zaujímavé čo vedci zistili je, že bez DNA žijú bunky len obmedzený čas.

Ak sa chceme baviť o konkrétnej forme génu, na to je tu alela.

Hoci história je právom odsúdenia schopná a podľa dnešných právnych noriem nelegálna, neustále v nás vyvoláva istú zvedavosť, otvára dvere k pochopeniu hraníc medzi ľudským a neľudským v našom neustále sa rozvíjajúcom svete.

Na vrchole poznania izolovaných odvetví sa človek rozhliada a hľadá, kde končí ich samoexistencia a prichádza syntéza v niečo omnoho väčšie, sofistikovanejšie a cennejšie.

Rajčiak Flavr Savr ma zvýšený obsah pektínu a aj zvýšenú schopnosť prepravovať a skladovať plody v zrelom stave.

Vo vykonanom experimente boli použité samce *Aedes aegypti*, ktorí chorobu neprenášajú, pretože neštípu. Boli im modifikované gény a začali produkovať plánovaný proteín. Tým by bolo možné vyhubiť všetky komáre.

Tiež niektoré proteíny sú kódované viacerými génmi, teda nevieme ako ovplyvní zmena gény.

Moja babička začínala so šľachtením mrazuvzdornej ruskej pšenice s úrodnou talianskou. Nie je zástancom genetickej modifikácie. No sama priznáva, že veda pokročila a tak aj jej víri v hlave ponúkané množstvo výhod. Vzhľadom na jej vek verí, že ľudia pristupujú k tejto problematike rozumne a posudzujú všetky pre a proti.

Podporujme výskum, nech smerujeme k dokonalému poznaniu synergických efektov po zásahu do organizmov.

Zdroj: <https://zahradkar.pluska.sk/uzitkova-zahrada>

Vďaka genetickej mutácií majú teraz niektorí ľudia výhodnejší a možno spokojnejší život.

Gilbertov syndróm považujem za výhodu pre každého človeka.

Názov eseje:

Moja výzva z vplyvu alkoholu na organizmus

Sklon k alkoholizmu majú [o.i.] aj príslušníci neformálnych skupín (partie mladých) a niektoré povolania (časníci, stavbári, obchodní agenti a pod.).

Vzhľadom na interakciu génov a prostredia nie je možné, aby sa človek narodil s poruchou užívania alkoholu.

Alkoholizmus je známy ako značne dedičný, ale hľadanie genetickej zraniteľnosti sa ukázalo ťažšie, než sa pôvodne predpokladalo, a do dnešného dňa bolo vysvetlené iba malé percento genetického rozptylu.

Samozrejme sa tu nájdú aj odporci, ktorí sú pohoršení takýmto zasahovaním do DNA a boja sa, že ak bude takáto metóda voľne prístupná, tak hrozí ešte väčšie preľudnenie, kvôli menšej úmrtnosti.

Je možné, že sa táto metóda rokmi zdokonalí tak, že nebudú žiadne nastávať žiadne vedľajšie chyby a mutácie. Ale nám ostáva len čakať a dúfať.

Taktiež motivovať mladých vedcov, školy a iné objekty o genetickom podklade psoriázy by mohlo viesť k ďalším výskumom, investíciám a vývojom.

Určite vás zaujíma, aké druhy ochorení sa dajú pomocou génovej terapie liečiť.

Citáty zapísal: prof. L. Tomáška

Tenký led

Lucie Fantová

V rámci této eseje bych se ráda v několika odstavcích zamyslela nad tím, že genetika, a především objevy na poli genového inženýrství mohou být do jisté míry dvojsečnou zbraní.

Kéž bych měla kudrnaté vlasy. Kéž bych byl o 10 centimetrů vyšší. Kéž bych měla absolutní hudební sluch. Kéž bych měl talent na sport. Každý vřdycky chce to, co nemá. A asi každý z nás si tak někdy v životě řekl nějakou takovou podobnou větu.

To vážně nemocný člověk mívá většinou jediné přání. O něco méně malicherné. Skromnější.

Pro tuto esej jsem vymyslela dva krátké příběhy, které jsou zatím sci-fi, ale já je zde použiji jako příklady pro ilustraci dvojsečnosti problematiky genového inženýrství, tedy cílených zásahů do genetické informace.

V roce 2012 byla objevena nová technika genového inženýrství s názvem CRISPR-Cas9 (Jinek et al. 2012), která lidem umožňuje dělat přesné změny v genech lidských zárodečných buněk. Od té doby probíhají především ve vědeckých kruzích na toto téma velké debaty. Metoda se zdá být užitečná v léčbě geneticky dědičných onemocnění, jako Huntingtonova choroba, cystická fibróza, hemofilie či rakovina. Mohla by mít potenciál v léčbě mnoha dalších chorob. V současnosti však i přes stále probíhající výzkumné projekty neznáme všechny možné důsledky, které by editací DNA mohly v lidském těle nastat. Je zde obrovská obava o to, aby postupem času nebyla tato technika využívána (či zneužívána?) také jako prostředek, díky kterému by lidstvo mělo možnost samo sebe vylepšovat. Lidem by tak vedle oprav chybného genetického kódu, tedy léčebného použití této techniky, mohly být přidány i nové vlastnosti jako kudrnaté vlasy, vyšší postava, absolutní hudební sluch nebo třeba talent na sport, a to vše ještě před narozením. Poptávka po dokonalosti by dozajista byla.

Podívejme se tedy na první příběh. Na první pohled spokojený pár.

Dobrý den, dovolali jste se do ordinace genového inženýrství. U telefonu sestra. Jak Vám mohu pomoci?

Žena je v očekávání. Bude to holčička. Jaká to radost. Všichni už se těší. Nastávající maminka sedí v obývacím pokoji a už po desáté listuje kalendářem. Zatímco kandidátů na jméno pro holčičku je zatím víc, jedno je už teď jasné. Ve 4 letech, možná raději už ve 3, možná raději hned, jak se vůbec naučí chodit, začne navštěvovat základní uměleckou školu a trénovat balet. Je třeba začít brzy a nic nepromeškat. V 11 letech nastoupí na baletní konzervatoř, nejlépe v Praze. Z Prahy je to už pak jen kousek do nejlepších divadel Paříže, Londýna, Berlína nebo New Yorku. A tam už to nebude nic menšího než místo první sólistky baletu. Když ne já, tak ona. Ona musí.

Rozehrejme nyní i druhý příběh. Na první pohled spokojený pár.

Dobrý den, dovolali jste se do ordinace genového inženýrství. U telefonu sestra. Jak Vám mohu pomoci?

Žena je v očekávání. Bude to holčička. Jaká to radost. Všichni už se těší. Nastávající maminka sedí v obývacím pokoji a už po desáté listuje kalendářem. Zatímco kandidátů na jméno pro holčičku je zatím víc, jedno je už teď jasné. V rodině je zaznamenáno mnoho úmrtí na nádorová onemocnění. Nebylo možné otálet a na nic čekat. Mutace v genu *CDKN2A* zodpovídá za výskyt dědičných melanomů, mutace *BRCA1* zase za vznik karcinomu prsu. Toho všeho bude ušetřena. Když ne já, tak ona. Ona musí.

No a nyní se nabízí otázka: mohou si rodiče hrát na osud? Od léčby určitých nemocí v embryonálním stádiu člověka jsme nesmírně blízko právě k záměrnému modifikování genů odpovědných za morfologii a fyziologii člověka.

Kde ta pomyslná hranice tedy vlastně leží? Vždyť první maminka si *jen* přála svoji *dokonalou* holčičku, která dokáže to, co jí se nikdy nepovedlo. Dívka se tak v podstatě narodila už s baletními špičkovkami na nohou. Měla být vysoká, štíhlá, pohybově nadaná. Dřív, než se narodila, měla určenou budoucnost. Neetické, nemorální?

Druhá maminka měla přání poněkud skromnější a pro svoji holčičku chtěla pouze zdraví. Zde již o neetičnosti mluvit snad nelze, a přitom princip je stejný v obou situacích.

Jediné možné východisko je tedy nejspíš opravdu individuální posuzování jednotlivých případů, tedy kdy jde skutečně ještě o terapeutické využití metody genového inženýrství. Od vylepšování lidí prostě dát ruce pryč. I když, řekněme si to upřímně. Za peníze je možné provést mnoho věcí tak říkajíc *na černo*.

Jedním ze základních problémů, které by mohly vytanout, pokud by tyto příběhy nezůstaly pouze sci-fi, by mohla být jistá změna ve společnosti, vyvolaná rozdíly mezi modifikovanými a nemodifikovanými lidmi. Dle mého názoru nebude genové vylepšování nikdy pro každého. Část společnosti jej zřejmě z etického hlediska zásadně odmítne, nebo na něj nebude mít peníze. Budou ale určitě takoví, kteří po možnosti dokonalého potomka skočí a takovéto děti se dostanou na úplně jinou úroveň. Budou prostě nadanější, inteligentnější, pohlednější a ve výsledku úspěšnější. Úkoly budou zvládat rychleji a lépe než ti s *nezměněnou* genovou výbavou.

Svým dětem pak zase předají svou vylepšenou DNA a tato vylepšení se budou akumulovat z generace na generaci, načež i společenské rozdíly se budou rozrůstat. V naprosto extrémním případě by mohlo dojít například k úplnému zákazu sňatků mezi vylepšenými a nevylepšenými lidmi. Dál už si to snad ani nechci domýšlet.

Vědci zatím navrhuji založení nového mezinárodního orgánu, který by spadl pod Světovou zdravotnickou organizaci. Ten by měl tvořit platformu pro mezinárodní a

otevřenou diskuzi o benefitech a hrozbách genetických editací lidských gamet a embryí.

V nemocničním pokoji se maminka se slzami šťastí v očích usmívá na svoji teprve pár hodin starou holčičku a šeptá jí: *Ty budeš nejlepší.*

V druhém nemocničním pokoji se maminka se slzami šťastí v očích usmívá na svoji teprve pár hodin starou holčičku a šeptá jí: *Ty budeš zdravá.*

Literatura

Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, Hauer M, Doudna JA, Charpentier E (2012) A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science* 337(6096): 816–821.

Je altruismus v našich genech?

Eliška Šranková

V teple domova pod dekou a s šálkem čaje se člověk může v klidu zamýšlet nad evolucí jako nad krutým thrillerem o nemilosrdné přírodě, vzájemné rivalitě a neustálých bojích. Dříve nebo později mu ale jistě vyvstane na mysl otázka, jak se tedy mohl ocitnout tady, pod dekou, v bezpečí a ve společnosti své milované rodiny, se kterou sdílí kromě chleba a střechy nad hlavou také radosti a strasti životem přinášené? Jak to, že geny, které nás programují jako “nástroje jejich přežití” povolily tuto možnost navzájem si pomáhat, konat dobré skutky, být členem lidské společnosti? Odpověď je jednoduchá – je to zkrátka pro gen přínosné, jelikož naděje na přežití nositele, a tím pádem i naděje na udržení a rozšíření genu v genofondu, je v takové společnosti vyšší. Pokud ale člověk jedná s podprahovým záměrem tak, aby přežil a předal své geny dalším generacím, tedy vždy pro svůj vlastní prospěch, existuje vůbec něco jako nezištné, ryze altruistické chování?

Tuto otázku, která ve mně vyvstala po přečtení knihy od britského evolučního biologa Richarda Dawkinse, Sobecký gen, bych se ve své závěrečné eseji chtěla alespoň pokusit sama pro sebe vyřešit. Richard Dawkins je mým oblíbeným autorem, a přestože kniha svým názvem ve člověku nevyvolává dobré pocity, je to jedna z nejinspirativnějších knih o přírodních vědách, kterou jsem kdy četla, pomohla mi pochopit principy evoluce a najít odpověď i na další důležité otázky.

Altruismus, tedy jednání, při kterém jedinec koná ve prospěch jiného jedince na svůj úkor, je běžně pozorován v přírodě, a to v mnoha podobách. Jedním z nejčastějších typů altruismu je altruismus mezi příbuznými jedinci. Toto jednání dává logiku i z pohledu sobeckého genu – příbuzní jedinci sdílí část své genetické informace, proto není překvapivé, že takové jednání je pro gen (tedy pro jedince) přínosné.

Může ale být nějaká motivace pro gen (tedy jedince) udržovat vztah s někým, s kým není zpřízněný, tedy dle evoluční teorie s přirozeným sokem? A opět se mi zdá, že může. Je to právě vzájemná výpomoc, která z takového jednání vyplyne, která je pro nás výhodná. Je to ono typické “já pomůžu tobě, ty pomůžeš mně”. Tento jiný typ “altruismu” se někdy nazývá reciproký altruismus (z pohledu definice altruismu se toto slovní spojení jeví téměř jako protichůdné).

Nezištným jednáním tedy zřejmě není ani jeden ze dvou zmíněných typů. Pokračuji tedy v hledání a pro další pátrání se přesunu do známého prostředí lidské společnosti. Lidská společnost je totiž unikátní v tom, že do ní patří obrovský počet jedinců, kteří nejsou prakticky nijak příbuzní, dokonce se ani neznají, a přesto mezi nimi panuje určitá sounáležitost.

Yuval Noah Harari ve své knize Sapiens: Stručné dějiny lidstva vysvětluje tuto unikátnost na rozdílech mezi lidskými a zvířecími společenstvy. Pokud opice uvidí lva, dokáže před ním ostatní opice varovat specifickým vokálním signálem – je schopna se skupinou komunikovat. Nedokáže ale, na rozdíl od člověka, svým opičím kolegům sdělit, že ráno za řekou viděla lva a proto jim hrozí nebezpečí. Dokázat mezi sebou účinně komunikovat je zásadní pro lidské přežití a vlastnost, která toto lidem

zprostředkovala, je abstraktní myšlení, kterým se od ostatních zvířat odlišujeme. Abstraktní myšlení a účinná komunikace umožnila lidem nejenom varovat se navzájem před lvem, ale například ho i ve větší skupině porazit, být tedy úspěšnější v boji, kooperovat, zachránit si životy. Mimo to ale schopnost komunikace odstartovala společenský život, lidé byli schopni si povídat s ostatními o životě, dokonce o abstraktních pojmech, vyprávět si příběhy, tvořit mýty. Mýty a příběhy jsou podle slov Y. N. Harariho to, co spojilo velké počty vzájemně nepříbuzných lidí dohromady a dalo vzniknout lidské společnosti, která je naprosto klíčová pro přežití každého jedince v ní.

Být součástí společnosti tedy rozhodně není altruistická záležitost, jsme na sobě navzájem závislí a vznik lidské společnosti je opět v souladu se sobeckým genem. Y. N. Harari ve své knize také píše, že kognitivní revoluce byl okamžik, kdy se historie stala nezávislou, odpojila se od biologie. Osobně si ale myslím, že to tak není, alespoň ne úplně, protože v každém z nás biologie zůstává a na našem chování se projevuje prostřednictvím podprahových mechanismů, tudíž ani historie společnosti jako celku nemůže být zcela odproštěna od biologie a našich pudů, jelikož naše činy, které utváří historii, jsou jí stále ovlivněny.

Tímto se asi dostávám do slepé uličky, protože pokud je podprahové jednání řízeno našimi "sobeckými geny", z každého z našich činů by měl vyplývat alespoň částečně osobní profit. A zdá se, že pokud budeme chtít, vždy ho v našem jednání najdeme. Napadají mě různé situace z naší společnosti, které jsou vnímány jako altruistické – příspěvky na charitu, pomoc slepci na přechodu, vynález léku proti nějakému onemocnění... Všechny se zdají být nezištné, ale "pachatelé" zároveň zprostředkovávají začlenění do společnosti, uznání, v třetím případě pravděpodobně i peněžní profit. A společnost je pro nás nepostradatelná, nezbytná pro přežití.

Altruismus tedy pravděpodobně vznikl proto, abychom si zvýšili naději na přežití, což je mírně v rozporu s altruismem jako takovým a ryzí nezištné chování je možná vskutku klišé. Jak tak nad tím přemýšlím, možná to ale není tak depresivní, jak se zdá.

Soužití s ostatními nás učí snažit se činit tak, aby věci v našem zájmu byly přinejlepším v zájmu i ostatních lidí. Nevím, jestli se dá zjistit, jaký je primární záměr našeho jednání, jestli je to skutečně ten, že někomu pomůžeme, nebo nás přemáhá genetická informace a spíš prahne po vlastním profitu... Možná to ani není konstruktivní debata, protože se to zkrátka nedozvíme. Nicméně důležité a pozitivní je to, že určitá forma altruismu existuje a je podporována naší kulturou a lidskou společností, protože nás pojí dohromady.

Pokud je podmínkou přežití altruismus, i když by se nejednalo o zcela nezištné jednání, je to vlastně dobrá zpráva. A mám si snad vyčítat, že z činnosti prospěšné pro ostatní mám prospěch i já? Vždyť jenom nabídnutí pomocné ruky by mělo udělat radost tomu, kdo ji nabízí. Díky tomu, že nám naše geny umožnily žít ve společnosti, se altruismu všichni učíme. Je výhodný pro ostatní, ale i pro nás. Otázka, jestli člověk je od přírody sobecký přestává dávat smysl, protože ze sobeckosti plyne pomoc ostatním a možná i naopak. Kultura a společné hodnoty nám pomohou být tou nejlepší verzí sama sebe a být prospěšný i pro ostatní, nejenom pro sebe.

Jeho čas opravdu přišel: Johann Gregor Mendel

Zora Strejčková

Nový díl naší oblíbené rubriky Osobnosti minulosti je tady, a s jakou parádou! Pracovníci Katedry postexistenčních styků tentokrát spojili síly s Oddělením genetiky a molekulární biologie, aby do moderního světa mohl na jeden den zavítat jedinečný Johann Gregor Mendel. Podstoupil opravdu nabitý program, ve kterém pochopitelně ze zákona nesměla chybět poměrně dlouhá informativní přednáška o dění v oboru a také obecné školení o životě v roce 2024. Následovala návštěva Starobrněnského kláštera včetně muzea s expozicí a také prohlídka moderních laboratoří molekulární biologie a genetiky v UKB MUNI. Před svým návratem si ale i tak pan Mendel našel čas pro krátký rozhovor, který si nyní můžete vychutnat...

Sedíme v Café Mendel přímo před expozicí Gregor Mendel v areálu kláštera na Mendlově náměstí, které bylo nedávno zrekonstruováno a kam také přibyla i nová socha připomínající Vaše objevy. Obklopují nás, namátkou, plakáty propagující Mendel Lectures, knihu Gregorova kuchařka, Festival Mendel a také zde visí Vaše velká podobizna. Vaše jméno nenesou pouze místa a instituce v Brně, připomeňme třeba Mendelovu univerzitu, ale také například hora v Kalifornii. Jak se na to kouká, je to šok?

Dobrý den, samozřejmě. Plně si to zatím ale nedokáži připustit, potřeboval bych mnohem více času.

To je zajisté pochopitelné. Také Vám náleží přívlastek "otec genetiky". Vy jste ve své době ale pojem genetik nemohl znát, byl poprvé použit až v roce 1905 panem Batesonem. Jak byste tuto vědní disciplínu nazval Vy?



Pan Mendel po prohlídce expozice (obrázek vytvořen AI)

Já jsem tehdy neuvažoval o mé práci jako o jakémsi začátku něčeho tak komplexního. Pokud ale musím odpovědět, pravděpodobně bych tehdy zvolil *vererbungswissenschaft*. S pojmem genetik jsem ale spokojený. No a že jsou na světě takoví lidé, kteří mou práci respektují natolik, že mi přisoudili takovéto přízvisko (*usmívá se*)... vážím si toho. Za mých časů se mi takových ohlasů nikterak mnoho nedostávalo.

Je pravda, že mezinárodní uznání se dostavilo poněkud se zpožděním. Ale pokud máme správné informace, vy jste nadčasovosti svých objevů věřil, prý jste svému příteli Gustavu Niesslovi řekl: „Můj čas přijde.“ A on opravdu přišel.

Ano, je možné, že jsem mu to takto řekl. V určitých obdobích své vědecké činnosti jsem tomu velice věřil. Ale člověk se toho samozřejmě nesmí tak držet. Pozitivních reakcí, respektive jakýchkoli reakcí, v té době opravdu mnoho nebylo. Až po zhruba 20 letech, pokud si správně pamatuji z dnešní přednášky, především pánové Correns a Bejksón, že? Jmenoval se tak?

Ano, skoro, přesněji Bateson.

Prý sem dokonce přijel, úctyhodné, ale moc toho najít ani nemohl... ach ty naše daňové spory, nebyla to šťastná situace.

Pojďme se teď vrátit na začátek. Vy pocházíte z Hynčic, ze Slezska, potažmo z východní Moravy, z německy hovořící rodiny. Brno si Vás ale tak trochu přivlastňuje. Nevadí Vám to?

Přecejen v Brně se doopravdy odehrálo to nejdůležitější, tudíž necítím žádnou zášť. Navíc, pokud, jak jste říkala, se na mou rodinu a rodnou vísku nezapomnělo, ba dokonce se na ni objevuje i otázka ve zkoušce z genetiky, nemám si na co stěžovat. Jak jsem řekl již kdysi, jsem Moravan hovořící německy.

Vy jste za svůj život prošel několika školami, studoval a pracoval jste pod vedením a vlivem několika zajímavých osobností. Do jaké míry Vás utvářeli a inspirovali právě tito lidé?

Míním, že tito lidé sehráli v mém životě velkou roli. Určitě jsem byl velice zvědavé dítě, to byl základ. Takovým prvním impulzem k tomu, abych využil svého potenciálu, byl ale náš pan farář v Hynčicích, pan Schreiber. Šlechtil rostliny, často vzácné, dokonce nás ve škole učil přírodopis. Přesvědčil mého otce, aby mne nechal studovat. Jsem mu za to velice vděčný. I do Brna mi později posílal rostliny z vlastního sadu.

K Vaším velkým objevům však nepopíratelně přispělo i několik náhod, nebo pohnutek osudu, chcete-li. Zkoušky učitelské způsobilosti jste nesložil, biskup Vám zakázal chovat myši, ostatním mnichům vadily Vaše (prý agresivní) včely... tak jste se dostal k pokusům s hrachem? Mimochodem, i u něj jste měl šťastnou ruku při výběru sledovaných znaků.

Ano. K výsledkům není třeba jen talent a píle, ale především také štěstí. Člověk to tak nemusí vnímat od začátku. Ty pokažené zkoušky mě stály notnou dávku sebedůvěry a kuráže, ale zpětně si uvědomuji, že všechno vlastně vedlo k něčemu konstruktivnímu. A co se týče myší... no, upřímně musím říci, že jsem velice rád, že si lidé spojují mé jméno s hrachem.

Je známo, že jste se zabýval do hloubky hned několika obory. Včelařství, meteorologie, později i bankovníctví, měl jste také mnoho funkcí a povinností v různých spolcích a organizacích. Pomáhala Vám i Vaše všestrannost?

Všestrannost zcela určitě, ale oněch povinností bylo v některých obdobích až příliš. Co se týče studia mých oblíbených oblastí, omezující byl opravdu čas, ale zajímalo mě zkrátka všechno. Ve výsledku mi to umožnilo využívat poznatky z vícero světů, propojovat je. Střídání zájmů mi také dodávalo potřebný nadhled.

I přes pozdější uznání se ale našli i takoví vědci, kteří Vaše objevy zpochybňovali. Například v roce 1936 představil anglický statistik Fisher tzv. Mendlův paradox, totiž že Vaše data jsou až příliš přesná. Vyslovil podezření, že jste výsledky svých pokusů ovlivňoval.

O žádném svém prohřešku nevím, svědomí mám čisté. I když, pokud se nepletu, později tuto teorii vyvrátili, je dobře, že se vědecká komunita navzájem kontroluje a své výsledky zpochybňuje. Do mých dat mohla zasáhnout i nějaká nevědomá chyba.

Ted' otázka na záležitost, která vyvolala poměrně velké kontroverze. Jak už víte, v roce 2022 byla provedena exhumace Vašeho těla za účelem osekvenování Vašeho genomu. Jaká byla Vaše reakce, když jste se takovou novinu dozvěděl a nemohl s tím nic dělat?

Asi nikomu z nás se nelíbí představa našeho tlejícího těla, vytrhnutého po tolika letech z věčného odpočinku, stanuvšího pod pomyslným drobnohledem. Pro mne jako pro duchovního by to bylo nepřípustné. Ale jakožto zapálený vědec mám jisté pochopení pro tento čin. Navíc, teď tu sedíme právě díky tomu, že jste provedli jakousi "exhumaci duše", tak jaký je mezi tím rozdíl?

No, něco na tom bude. Mimochodem, práci v moderní biologické laboratoři jste měl dnes možnost si vyzkoušet sám. Bavilo Vás to?

Ano, ano, opravdu fascinující. Především Váš moderní mikroskop mne zcela nadchnul! Ale provádění vědy v našich časech také mělo něco do sebe. Takovou opravdovou práci rukama, trpělivost. Neměnil bych.

Do dalšího čísla plánujeme rozhovor s Leošem Janáčkem, který Vám mimochodem hrál na pohřbu. Je něco, co byste mu rád vzkázal?

Cože? Mladý pan Leoš, zpěvák sboru, student mého spolužáka a přítele Pavla Křížkovského?

Ano, ano. Protože pan Křížkovský měl v té době vážné zdravotní potíže, na smutečním obřadu pan Janáček dokonce dirigoval. Později se stal celosvětově uznávaným skladatelem.

No tak to je neuvěřitelné, že jsem měl tu čest. Chtěl bych mu vyřídít poděkování a gratulace. Myslíte, že byste mi mohli některou z jeho skladeb nějakým způsobem zreprodukovat?

Přání předem splněno, v dnešní době to není vůbec problém. No ale protože se nám bohužel krátí čas, mám ještě poslední otázku. Chutná Vám hrášek?

A víte, že si už jaksi nemohu vzpomenout?

Nevadí, aspoň nějaké to tajemství zůstane neodhaleno. Mockrát děkujeme za rozhovor.

Také děkuji. I za příjemně strávený den, za který mohu opět vděčit pokrokům vědy... třeba zase někdy na viděnou, až přijdete na to, jak mne tu udržet o něco déle – rád bych se pak dozvěděl více o té rakovině, o které byla na přednášce řeč. Prý jste se od dob nádorové chirurgie trochu posunuli, ale léčit ji stále neumíte, že...? No, každopádně s tímto i každým jiným bádáním všem přeji mnoho a mnoho štěstí! S Pánem Bohem.

Poděkování patří také kolegům z Ústavu českého jazyka, kteří svou pomocí zajistili dokonalé porozumění a hladký průběh rozhovoru.



Pan Mendel si užívá moderní laboratoře UKB MUNI (obrázek vytvořen pomocí AI)

Autoři esejí jsou studenty kurzu “Příběh vědy: gen”, který na Přírodovědecké fakultě MU v Brně vede prof. J. Šmarda.

**Zdroj: písemné zkoušky z genetiky, PŘF UK, Praha, 2021/2022 a 2022/2023
doc. RNDr. Dana Holá, Ph.D., Katedra genetiky a mikrobiologie, PŘF UK, Praha**

Jednou z vlastností modelového organismu musí být snadná manipulace – aby organismus nebyl moc těžký.

Exon je část nukleové kyseliny, která se projevuje (translatuje), intron je část nukleové kyseliny, která se vystřihuje a neprojevuje – jako video návod na Youtube (exon) s reklamou (intron) (pozn. zkoušející: velmi hezké přirovnání!)

Genetický kód je odolný – při běžných podmínkách v organismu nedochází k jeho degradaci.

Barrovo tělísko slouží jako výživa pro vyvíjející se embryo.

Mezi bodové mutace patří sublimace.

Vliv heteroplazmie na fenotyp spočívá ve změně počtu orgánů.

Chromokinesiny, jak už napovídá jméno, jsou chromozómy pohybující se pomalu a na krátkou vzdálenost.

Posledním krokem přípravy cytogenetického preparátu je příprava kardiogramu.
(pozn. redaktora: v případě, že je preparace chromozómů neúspěšná u velmi vzácného materiálu, kardiogram vsutku může být potřeba)

Členové výboru

RNDr. Pavel Lízal, Ph.D.

předseda

Ústav experimentální biologie, PřF MU

Kotlářská 2, 611 37 Brno

lizal@sci.muni.cz

prof. RNDr. Eva Čellárová, DrSc.

Katedra genetiky, PrF UPJŠ

Mánesova 23

041 54 Košice – Staré Mesto

eva.cellarova@upjs.sk

doc. RNDr. Dana Holá, Ph.D.

tajemnice za ČR

Katedra genetiky a mikrobiologie, PřF

UK, Praha

Viničná 5, 128 43 Praha 2

danahola@natur.cuni.cz

prof. RNDr. Aleš Knoll, Ph.D.

hospodář za ČR

správce webových stránek GSGM

Ústav morfologie, fyziologie a genetiky

zvířat,

AF MENDELU v Brně

Zemědělská 1, 613 00 Brno

knoll@mendelu.cz

Mgr. Jiří Pergner, Ph.D.

Katedra biologie a ekologie, PřF,

Ostravská univerzita

Chittussiho 10, 710 00 Ostrava

jiri.pergner@osu.cz

Mgr. Alexandr Sember, Ph.D.

hlavní redaktor IL

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV

ČR, v.v.i.

Rumburská 89, 277 21 Liběchov

semler@iapg.cas.cz

doc. Mgr. Miroslava Slaninová, Ph.D.

hospodářka a tajemnice za SK

Katedra genetiky, PriF UK

Mlynská dolina B I, 842 15 Bratislava

slaninova@fns.uniba.sk

prof. MUDr. Ondřej Šeda, Ph.D.

místopředseda

Ústav biologie a lékařské genetiky, 1. LF

UK

Albertov 4, 128 01 Praha 2

ondrej.seda@lf1.cuni.cz

doc. RNDr. Andrea Ševčovičová, PhD.

Katedra genetiky PriF UK

Mlynská dolina B I, 842 15 Bratislava

andrea.sevcovicova@uniba.sk

prof. RNDr. Ľubomír Tomáška, DrSc.,

místopředseda

Katedra genetiky, PriF UK

Mlynská dolina B I, 842 15 Bratislava

tomaska@fns.uniba.sk

prof. Ing. Tomáš Urban, Ph.D.

správce webových stránek GSGM

Ústav morfologie, fyziologie a genetiky

zvířat,

AF MENDELU v Brně

Zemědělská 1, 613 00 Brno

urban@mendelu.cz

Revizoři účtů

RNDr. Tomáš Mašek, PhD.

Katedra genetiky a mikrobiologie, PřF

UK

Viničná 5, 128 44 Praha 2

masek@natur.cuni.cz

Mgr. Katarína Procházková, PhD.

Katedra genetiky PriF UK

Mlynská dolina B I, 842 15 Bratislava

katarina.prochazkova@uniba.sk

Aktuální seznam členů výboru je uveden na webu GSGM.



Genetická společnost Gregora Mendela z.s.

je sdružení profesionálních genetiků a zájemců o tento obor. Cílem GSGM je rozvíjet spolupráci v rámci oboru i mimo něj, přilákat nové zájemce a informovat širokou veřejnost o nejnovějších poznatcích o genetice.

