

Autor: Harold Stowe

Všichni jsme se asi už setkali s v současnosti dosti módním názorem, že rasa je spíše poněkud podezřelá sociologická kategorie, než platný biologický koncept. Důsledky tohoto postoje jsou nasnadě: rasové dělení představuje určitý druh předsudku, který rozhodně nemůže ospravedlnit přání jedné rasy zachovat svou existenci a nahrazení jedné skupiny jinou neznamena genetickou ztrátu. V praxi pak prý běloši v Evropě ani v Americe nemají dobrý důvod vzpěčovat se svému nahrazení, protože *de facto* jsme nahrazováni zase jen sebou samými.



Potomek východoevropských židovských imigrantů do Spojených států měl nepochybně jen ty nejryzejší úmysly.

Tato teze však je už od pohledu nesprávná. Rasy se v průběhu generací samy od sebe nemění - dánskému páru se nemůže narodit bantuské o dítě o nic snáz, než bantuskému páru dánské - a odlišnosti mezi rasami jsou natolik zásadní a neměnné, že neuniknou ani vnímání dvouletého dítěte. Vědci plně uznávají a pracují s podstatně méně fyzicky výraznými biologickými odlišnostmi mezi živočišnými poddruhy - např. gorila nížinná a gorila horská - než jsou ty mezi příslušníky různých lidských ras.

Hlavním motivem k prosazování přístupu v tak ostrém rozporu se zdravým rozumem samozřejmě je „antirasistická“ ideologie. Existuje ale i biologický fakt, o nějž „popírači“ rasy často opírají svou argumentaci. Mám pochopitelně na mysli hojně citované výzkumy harvardského Richarda C. Lewontina, že uvnitř lidských rasových skupin najdeme podstatně víc genetické variace (asi 85 % celku) než mezi nimi navzájem (15 %). To je pravda, která vědce skutečně překvapila. Zjištění profesora Lewontina však jsou od té doby opakovaně zcela absurdně dezinterpretována. Někteří dokonce zacházejí až k tvrzením, že větší genetická variace uvnitř lidských skupin než mezi nimi znamená, že běloši mají geneticky blíže k černochům než ostatním bělochům.

V tomto článku se pokusím vysvětlit, co Lewontinova zjištění skutečně znamenají a jak bychom je měli správně chápat. Pro snazší porozumění zjednoduším některé základní zásady populační genetiky a při ilustraci některých klíčových bodů si pomohu nutně ne zcela

dokonalými analogiemi. Čtenářům prahnoucím po odbornějším nástinu problematiky však mohu jen doporučit jak plné znění studií zmíněných v tomto článku, tak takřka nekonečné bohatství na webu dostupné a náležitě náročné literatury. Následující souhrn by však k základnímu pochopení měl plně postačovat.

V první řadě si vyjasněme, co označuje pojem „genetická variace“. Geny se skládají z DNA, a ta pak ze čtyř chemických látek zvaných nukleotidy: adenin, cytosin, guanin a thymin, jež se zkracují jako A, C, G, T). Tyto nukleotidy jsou uspořádány do kombinací (např. ACGTCGATGATGCA), které tvoří sekvence DNA. DNA je kód, kde buňky uchovávají informace nezbytné k vytváření základních chemických komponentů lidského (nebo jakéhokoliv jiného organismu) těla. Prostřednictvím poměrně složitého řetězu událostí dochází nejprve k „přepisu“ informace z těchto sekvencí do mezičlánku zvaného RNA a následně „překlada“ do proteinů, základních stavebních prvků života. Část sekvencí DNA zodpovídá za proces překlada i to, co se následně děje s RNA. Jednotlivé sekvence DNA se specifickými funkcemi se nazývají geny, celá sada DNA sekvencí organismu pak genom.

Značná část lidského genomu se označuje jako „nefunkční“ v tom smyslu, že tyto sekvence DNA nejsou zodpovědné za uspořádání proteinů ani není zjevná jejich jakákoliv regulační funkce. Novější studie však naznačují, že některé sekvence, dříve považované za nefunkční, mohou mít jistou regulační úlohu. Vědci však mají eminentní zájem i o ty sekvence DNA, které skutečně jsou neutrální a nefunkční. Tyto sekvence se totiž v některých případech zajímavým způsobem odlišují mezi jednotlivci i skupinami a genetici populací je proto studují, aby se dozvěděli o dědičných vztazích. Proto budu nadále geny a genetickou variací označovat všechny typy DNA sekvencí, jež mohou být zdrojem genetické variace. Čím a jak se tyto sekvence odlišují?

Existují rozdíly mezi jednotlivci a rozdíly mezi rasami a etnickými skupinami (kmény). Tyto odlišnosti někdy mívají zásadní vliv na funkci či fyzickou formu (fenotyp), jindy nikoliv. Jednotlivci se od sebe vlivem odlišné DNA liší v mnoha ohledech: výškou, zbarvením pleti, inteligencí či povahou. (Někdy tyto vlastnosti v různé míře ovšem formuje také prostředí.) Příčinou těchto rozdílů jsou odlišné informace, uložené v DNA. Varianty téhož genu tak jinými slovy mohou u různých lidí mít různé projevy.

Další odlišnostmi mezi lidmi nalezneme u tzv. neutrálních (nefunkčních) genových sekvencí, ty se však neprojevují fyzicky ani jiným viditelným způsobem. Sourozenci si tak mohou být velice podobní ve všech pozorovatelných ohledech, protože mají podobné ony části DNA, zodpovědné za na první pohled patrné odlišnosti. I přesto se však neutrální části jejich DNA mohou výrazně lišit – tyto odlišnosti se však neprojevují fenotypicky („tělesně“). Genetické variace mohou mít zanedbatelný, ale také naprosto zásadní účinek, v závislosti na tom, u jakých genů se vyskytují. V klíčových částech genomu se však i ty nejjemnější variace mohou stát vysoce ničivými. Některé neduhy jako cystická fibróza, srpkovitá anémie nebo nedostatek proteinu $\alpha 1$ -antitrypsin jsou tak zapříčiněny nepatrnými anomáliemi genové sekvence v určitých klíčových bodech.

Některé genetické variace (tzv. „*population-specific*“) se skutečně objevují jen u určitých

skupin, zatímco u jiných se s nimi v podstatě nesetkáme, mnohem běžnější však bývají spíš rozdíly v četnosti. Jistá varianta genu se tak u jedné skupiny vyskytuje častěji než u jiné. V některých případech existuje mnoho variant genetické sekvence, někdy jsou ovšem možné pouze dvě. Tak má například určitý gen tři varianty. V populaci A se genetické varianty 1, 2 a 3 vyskytují s četností 30 %, 40 % a 30 %, u populace B to je 20 %, 60 % a 20 % a v populaci C 70 %, 25 % a 5 %.

Někteří lidé jsou překvapení, když se dozvědí, že většina lidského genomu není uspořádána podle rasového či etnického vzorce. Většina genetické variace je „nahodilá“ v tom smyslu, že odlišné varianty různých genů se u příslušníků různých skupin objevují se stejnou četností a pravděpodobností. Tak tomu je zejména u oněch částí genetické struktury, které jsou podle našich znalostí neutrální a nemají žádný účinek na organismus. Kompletní souhrn všech těchto genetických odlišností uvnitř lidského druhu se pak rovná celkové lidské genetické variaci.

Tuto celkovou genetickou variaci můžeme pak rozdělit na rozdíly v genetické frekvenci mezi příslušníky jedné skupiny a rozdíly v genetické frekvenci pozorované u odlišných skupin. Část genetické variace zahrnující nahodilé odlišnosti mezi jednotlivci téže rasy značně převyšuje podíl variací souvisejících s rasou. Jak jsem uvedl výše, tento podíl lze vyčíslit zhruba 85:15, takže asi 85 % genetické variace mezi lidmi téže rasy je obdobně nahodilé i při srovnávání s lidmi odlišných ras. Navzdory vší variaci tak nenajdeme žádné genetické vzorce, které by jasně ukazovaly, zda je člověk Pygmej, Eskymák nebo Evropan.

V tomto se tedy profesor Lewontin nemýlí:

Uvnitř každé rasové skupiny nalezneme více náhodných variací sekvence DNA než takových variací, které by zapadaly do nějakého rasového vzorce. Lze tedy popravdě říci, že se v rámci jedné rasy vyskytuje větší genetická variace než mezi nimi. **Antirasisté však tuto skutečnost překrucují, když tvrdí, že jednotlivci z různých rasových skupin jsou (nebo mohou být) podobnější příslušníkům jiných ras, než lidem své vlastní rasové skupiny.**

Protože 85 % variace lidského genomu nemá rasový „vzorec“, je to skutečně přinejmenším teoreticky možné. Ryze náhodné variace v těchto oblastech by mohly vést k tomu, že by si dva lidé různé rasy byli podobnější než příslušníci téže rasy. Ve zbylých 15 % – tedy v genetických variacích, kde se rasové odlišnosti vyskytují stabilně – by se od sebe však nelišili o nic méně než typičtí dva jiní zástupci odlišných ras. Teoreticky tak můžeme najít Číňana, který by se velkou částí své DNA nelišil od Francouze, kvůli tomu by si však ještě nebyli nijak zvlášť podobní. Tento Asiat by totiž například neměl ve své genetické výbavě varianty zodpovědné za světlé oči, vlasy nebo bělošské rysy v obličeji.

Následující nedokonalá analogie sice nedokáže zachytit komplexitu lidské genetické variace ve skutečném světě, dobře a názorně však ukazuje význam objemově menších

strukturovaných dat ve srovnání s nahodilou variací většího rozsahu. Představme si skupinu sestávající ze stovky chlapců a stovky dívek. Každý z nich má stovku různobarevných kuliček. U prvních 85 kuliček se barvy u všech dětí liší zcela nahodile. Zbýlých 15 však mají chlapci vždy modrých, zatímco děvčata růžové. Děti jsou tak na základě pouhých 15 % kuliček rozděleny na dvě jasně vymezené skupiny, přestože zbývajících 85 % kuliček se barevně liší zcela bez ohledu na pohlaví. Jakkoliv tak máme co do činění s vyšší variabilitou uvnitř skupin než mezi nimi, pravidlo „modrá pro kluky“ a „růžová pro holky“ zcela jasně funguje. Stejně tak nelze ani říct, že kterýkoliv z hochů bude mít s vyšší pravděpodobností kuličky podobnější náhodně zvolenému děvčeti než chlapci.

Ve skutečnosti je to přesně naopak.

Na druhé straně je podobně jako u příkladu Číňana a Francouze teoreticky možné, že souhrou náhody bude prvních 85 kuliček některého z chlapců podobných souboru kuliček konkrétní dívky do té míry, že jeho kuličky budou barevně podobnější stovce tohoto děvčete, než všem ostatním hochům. Teoreticky by tato dvojice mohla mít všech 85 kuliček shodné barvy. Znamená to snad, že dvě širší skupiny neexistují? Nikoliv. Obě skupiny jsou jasně vymezeny neměnným rozdílem v barvě posledních 15 kuliček, zatímco prvních 85 je zbarvených náhodně. Je-li kritériem rozřazování dětí do skupin barva kuliček, neměli by chlapec i děvče skončit v téže skupině? Ne, protože tato podobnost byla jen výsledkem slepé náhody. Důležitým a smysluplným měřítkem odlišnosti dvou skupin zůstává odlišnost oněch 15 % kuliček.

Na genetickou variaci uvnitř a mezi rasami lze nahlížet vícero způsoby. Všichni lidé například sdílejí nesmírné množství vlastností. Všichni máme dvě ruce a dvě nohy, jedno srdce se čtyřmi komorami a žaludek. Všichni provádíme komplexní replikaci DNA i převod proteinů a naše mozky zpracovávají smyslové vjemy. V tomto ohledu jsou tedy odlišnosti mezi rasami minimální. Většinu genomu tvoří informace o stavbě částí těla společných všem lidem, a nemalá část zbytku je neaktivní. V případě genů zodpovídajících za stavbu orgánů a procesů společných všem lidem se vyskytují náhodné variace, které však zdá se nemají větší dopad na funkci třeba jater nebo žaludku. Tato část genomu se napříč lidskými populacemi liší víceméně náhodně, stejně jako ty části, které podle našich vědomostí nedělají nic. Jen relativně malá část genomu tak vytváří relativně malé rozdíly, jež od sebe odlišují rasy. Vzhledem k tomu, jak moc jsou si třeba Tibeťané a Maoři biologicky podobní, není třeba nijak velké části genomu, aby mezi nimi vytvořily relativně nevelké odlišnosti.

Totéž lze ovšem říci i o odlišnostech mezi lidským druhem a zvířaty. Asi 98 % šimpanzího genomu je nerozlišitelných od lidského a dokonce máme společných až 80 % genomu s myši. Jak se tato cifra 98 % slučuje s poměrem 85/15 genetické variace uvnitř skupiny a mezi nimi?

Ať už se od sebe lidé geneticky liší sebevíc, jsou to rozdíly vlastní našemu druhu; dvě procenta rozdílu mezi námi a šimpanzi představují malé oblasti, kde se naše genomy naprosto odlišují, což zodpovídá za výrazné rozdíly mezi oběma druhy.



*Druhou, závěrečnou část eseje naleznete **zde**.*

Článek H. Stowea *Genetics of Race* vyšel na stránkách *American Renaissance* 6. srpna 2017.