



Mayské město Coba osídlovalo v 7. století nejméně 50 000 obyvatel a zastavěná plocha zabírala 80 km². Nejvyšší pyramida Nohoch Mul se vypíná do výšky 42 metrů. Foto Jan Plesník

bez organizačních a procesních otázek celkem 34 bodů.

I přes uvedenou rozplizlost postupovala vyjednáváním v proslulém mexickém letovisku sjednující myšlenka, v angličtině označovaná souslovím *mainstreaming biodiversity*. Pro jeho překlad nemáme v češtině jednoslovný výraz. Nejedná se totiž o nic jiného než o začleňování problematiky biodiverzity do myšlenkových rámců, strategií, koncepcí, programů, projektů i každodenní činnosti resortů (kupř. zemědělství) a sektorů, jako je lesní hospodářství, a to nejrůznějšími způsoby. To by ale nestačilo. Mainstreaming znamená také oprávněný důraz na skutečnou, nikoli formální spolupráci příslušných institucí. Nejdále v kooperaci resortů a sektorů v péči o životní prostředí postoupilo Norsko, zatímco řada zemí, postkomunistické nevyjímaje, se dodnes potýká s tradičním resortním bariérismem. Právě žádoucí integraci ochrany biologické rozmanitosti a udržitelného využívání jejích složek do aktivit pěti resortů a sektorů se věnovali účastníci jednání na nejvyšší úrovni (viz **Box 1**).

Geny v době digitální

Třetí cíl CBD, zabezpečit rovnoprávné a spravedlivé rozdělování přínosů vyplývajících z využívání genetických zdrojů včetně odpovídajícího přístupu k nim a předávání a výměny příslušných technologií při zohlednění všech práv na tyto zdroje a technologie

(ABS), je značně vzdálen tradiční ochraně přírody a krajiny. O ekonomické důležitosti ABS nejlépe vypovídá skutečnost, že 40 % světového hospodářství je založeno na přímém a nepřímém využití genetických zdrojů (SCBD 2014).

Ze široké problematiky využívání genetických zdrojů v Cancúnu dominovala až do nedávna přehlížená otázka. Jednoduše řečeno, konkrétní gen, tedy funkční jednotka dědičnosti, je tvořen přesným pořadím nukleotidů, vyjádřených velkými písmeny, v dědičné hmotě, většinou v kyselině deoxyribonukleové (DNA). Právě pořadí (sekvence) bází představuje princip zakódování genetické informace, a proto je v centru zájmu nejen biologů. Otázkou zůstává, zda bychom měli také informace o pořadí nukleových bází v DNA v digitální podobě považovat za genetický zdroj. Připomeňme, že CBD pokládá za genetický materiál jakýkoli materiál rostlinného, živočišného, mikrobiálního nebo jiného původu, který obsahuje funkční geny. Genetickým zdrojem potom rozumíme genetický materiál skutečné nebo potenciální hodnoty, a to včetně produktů soudobých biotechnologických postupů.

Zejména rozvojové státy zdůrazňovaly, že moderní biotechnologie dokážou sestavit podle digitální informace o pořadí nukleotidů příslušný gen, respektive genetický ma-

teriál, mající široké komerční využití, a proto by se na ni měl vztahovat již zmiňovaný Nagojský protokol: každý uživatel digitální informace by musel mít souhlas státu, odkud daný genetický materiál pochází. Naopak EU, Kanada, Austrálie nebo Indie upozorňovaly, že obdobnou digitální informaci využívá mj. metoda číselného kódu, umožňující určovat druhy podle DNA získané ze vzorku tkáně a nacházející široké uplatnění ve vědě



Kondor havranovitý (*Coragyps atratus*) představoval v mayské kultuře symbol smrti. Foto Jan Plesník



Nosáli rodu *Nasua* se v Latinské Americe vyskytují i v lidských sídlech. Foto Jan Plesník

Box 2: Genetika a čárový kód – jak to jde dohromady?

Dnes bereme jako naprostou samozřejmost, že pokladní v supermarketu nehledá cenu zboží v paměti nebo na sáhodlouhém seznamu, ale okamžitě ji zjistí pomocí čárového kódu. Kombinace černých pruhů a světlých mezer určité šířky, kterou červeným světlem rozluští čtečka nebo skener, byla poprvé použita na známých žvýkačkách Wrigley v roce 1974.

Obdobu čárového kódu představuje metoda standardně využívající krátký úsek DNA a umožňující přiřadit jedince, z něhož vzorek pochází, ke konkrétnímu druhu (DNA barcoding, Herbert *et al.* 2003, Bik *et al.* 2012, Kress *et al.* 2015). Na rozdíl od jiných taxonomických metod má nespornou výhodu, že pro ni nepotřebujeme mít k dispozici celého jedince, ale stačí jeho část. Metoda poslouží nejen k popisu nových druhů včetně mořských, ale i při identifikaci druhů, které je obtížné rozeznat jen podle vnějších znaků (kryptických druhů neboli sibling species, Herbert *et al.* 2004). Čárový genetický kód se využívá také při snaze omezit nelegální lov živočichů a obchodování s nimi, určování invazních nepůvodních druhů či při výzkumu složení potravy predátorů (Joly *et al.* 2013). Potvrdilo se, že 84 % výrobků, oficiálně zhotovených z jinanu

dvoulaločného (*Ginkgo biloba*), ve skutečnosti pochází z jiných druhů. V londýnském obchodě s potravinami objevili vědci v zásilce sušených hub původem z Číny pomocí čárového kódu DNA tři pro vědu zcela nové druhy (IBOL 2015).

Pro analýzu čárového kódu lze využít i vzorky půdy, usazenin či mořské nebo sladké vody bez viditelné přítomnosti biologického materiálu – DNA se do prostředí mohla dostat kupříkladu vylučováním organismů či jejich rozkladem (Thomsen & Willerslev 2015). Soudobé metody molekulární genetiky umožňují určit ve vzorku současně více taxonů (Taberlet *et al.* 2012).

Popsaná metoda je mnohem rychlejší a vyžaduje menší znalosti než standardní taxonomické postupy (Ji *et al.* 2013). Cílem mezinárodního projektu IBOL, zahájeného v roce 2010, je vytvořit zdarma přístupnou internetovou srovnávací databanku sekvencí DNA z pěti milionů organismů, umožňujících určit půl milionu druhů: podařilo se jej splnit již v srpnu 2015 (IBOL 2017). Databáze shromažďující čárové kódy DNA prokaryotních organismů (bakterií a archea) čítají několik milionů sekvencí (Joly *et al.* l.c.).



Početnost krokodýla amerického (*Crocodylus acutus*) v Mexiku významně poklesla. Foto Jan Plesník



Poloostrov Yucatan pokrývá tropická vegetace. Foto Jan Plesník

a výzkumu a v ochraně přírody (viz **Box 2**). Nakonec převládl názor, že se otázka digitální sekvence týká nejen ABS, ale i ochrany biodiverzity a udržitelného využívání jejích složek. Problematice digitální informace o sekvenci genetického materiálu se proto bude věnovat i další zasedání konference smluvních stran CBD.

Zpátky k přírodě

Od roku 2010, kdy se doslova na poslední chvíli podařilo v japonské Nagoji sjednat zmiňovaný protokol o ABS, se na programu jednání CBD stále více prosazují otázky, související s překotným rozvojem moderních biotechnologií. Za všechny jmenujme alespoň syntetickou biologii, již zmíněnou digitální informaci o sekvencích genetických zdrojů nebo mutagenní řetězovou reakci (*gene drive*), umožňující, aby se gen vnesený uměle do genetické informace určitého jedince rychle šířil v populaci, takže v ní již po několika generacích nenajdeme jedince s genotypem bez uvedeného genu (Oye *et al.* 2014, Ledford 2015, 2016).

Nad otázkou, nakolik mohou soudobé postupy genového inženýrství a syntetické biologie ovlivnit biodiverzitu, pochopitelně nemůžeme lehkomyšlně mávnout rukou. Na druhou stranu bychom neměli odsouvat do pozadí svět, který jsme nevytvořili, ale bez něhož nemůžeme z přehršle důvodů existovat – přírodu.