

Univerzita Palackého v Olomouci

Filozofická fakulta

Katedra bohemistiky

SÉMOTICKÉ KONCEPTY V GRAMATIKÁCH DNA

SEMIOTIC CONCEPTS OF DNA GRAMATICS

Bakalářská diplomová práce

Kristýna Bajerová

Společenské vědy se zaměřením na vzdělávání a Česká filologie

Vedoucí práce: Mgr. Dan Faltýnek, Ph.D.

Olomouc 2013

Olomouc 2013

Univerzita Palackého v Olomouci

Filozofická fakulta

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem diplomovou práci na téma: „Sémiotické koncepty v gramatikách DNA" vypracovala samostatně pod odborným dohledem vedoucího diplomové práce a uvedla jsem všechny použité podklady a literaturu.

V Olomouci dne

Poděkování

Tímto bych chtěla poděkovat zejména Mgr. Danu Faltýnkovi, Ph.D. za vysoce ceněné rady a odborné vedení při psaní této práce. Děkuji také Andrei Jašíčkové za její postřehy při korektuře práce. Dále bych ráda poděkovala rodičům za morální i finanční podporu při studiu.

Obsah

OBSAH	4
1. ÚVOD.....	5
2. NUKLEOVÉ BÁZE, TRANSKRIPCE	8
3. KONCEPT DVOJÍ ARTIKULACE	12
4. LINEARITA	16
5. ARBITRÁRNOST	20
6. BÁZE – FONÉM	25
7. FONÉM.....	27
8. MORSEOVA ABECEDA	28
9. VÝRAZ A OBSAH U DALŠÍCH AUTORŮ.....	32
10. DALŠÍ ANALOGIE	37
11. SHRUTÍ	41
LITERATURA	46
ANOTACE	49
SUMMARY	50

1. Úvod

1.1. Roman Jakobson

V této práci představím analogie jazykových jednotek a struktury DNA tak, jak je formuloval Roman Jakobson. Analogizování struktury jazyka a struktury DNA je dnes značně rozšířené téma a texty Romana Jakobsona představují pro tento diskurz počátek. Chci ukázat, do jaké míry je tato analogie udržitelná a jak korektně vypovídá o sémiotickém charakteru DNA. Vědecké studie dnes formulují tezi, že živé je sémiotické¹ a tuto myšlenku z pozice uznávaného lingvisty potvrdil biologům a deklamoval široké veřejnosti původně Roman Jakobson. Dnes dynamicky se rozvíjející oblast biosémiotiky se tak jeví být alespoň z malé části dědictvím pražského strukturalismu. V této oblasti se u nás nenabízí téměř žádná historická reflexe² ani současné hodnocení vztahu struktury živého a struktury DNA paralelně formulované právě k Jakobsonovým analogiím. Tato práce proto přináší přehledný rozbor Jakobsonových textů a kontext současné biosémiotiky, snaží se být vstřícným uvedením do problematiky a na základě formulace základních sémiotických konceptů a ilustrativního popisu proteosyntézy zkouší rozhodnout o validitě Jakobsonových kroků směrem z lingvistiky či sémiotiky do molekulární biologie.

V polovině dvacátých let dvacátého století založila skupina lingvistů tzv. Pražský lingvistický kroužek. Mezi jeho zakladatele patřil také Roman Osipovič Jakobson, který na jedné z prvních schůzek přednesl svůj výklad o hláskosloví (viz Vachek, 1999, s. 49). Jakobson se stal jedním z nejsilnějších hlasů funkčního programu Pražské školy,³ zapojil se do sporů o jazykovou kulturu (jeho stať ve sborníku Spisovná čeština a jazyková kultura (viz Havránek – Weingart, 1932)), jeho studie věnované českým literárním osobnostem z něj činí významného představitele

¹ Explicitně to nese v názvu následující text předního představitele dnešní biosémiotiky, respektive kódové biologie: *Life is Semiosis, Cosmos and History* (viz Barbieri, 2008).

² Problematickým příkladem je např. Daneš, 2002, s. 29–35.

³ Teze Pražského lingvistického kroužku (viz Vachek, 1970).

reflexe dějin české literatury. Jakobson se narodil 1896 v Rusku a zemřel roku 1982 v USA, kde založil v duchu pražského strukturalismu tzv. harvardskou školu (viz Černý, 1998, s. 148, 162). Jakobson je považován za nejvlivnějšího lingvistu století a počítá se mezi klasiky sémiotiky. Rozsah, v jakém přistupoval Roman Jakobson k vědám o jazyce, byl značně extenzivní. Tuto extrémní produktivitu dokazuje přes tisíc titulů (viz Nöth, 1995, s. 74). Věnoval se širokému záběru lingvistických disciplín, především oblasti fonologie (např. teorie binárních opozic), morfologie (např. teorie příznakovosti), a to v rámci lingvistické metodologie klíčových hledisek – synchronního i diachronního. Běžně se pohyboval v lingvistických přesazích, generálně i historicky v sémiotice (viz Eco, 1997, s. 9–34), interdisciplinárně ve směru přírodních věd v afaziologii a teorii dětského jazyka (viz Jakobson, 1995), ale také ve versologii a dějinách literatury (viz Jakobson, 1995). Jakobson se také dlouhodobě snažil o formulaci komunikačního modelu pro lingvistické užití, na což lingvistika dodnes navazuje, stejně tak to platí pro teorii jazykových univerzálií a jazykovou typologii. Jeho přístup k teorii jazyka převzaly mnohé rodící se disciplíny, např. kulturní antropologie (což v níže uvedeném rozhovoru uvádí C. Levi-Strauss). Pozornost Jakobson věnoval také vztahu lingvistiky a biologie. V molekulárně genetickém programu si všiml určitých analogií mezi jazykem a genetickým kódem (viz Jakobson 1973; 1971, s. 286–687), a právě tomu se tato práce věnuje podrobně dále.

1.2. Historicko-kulturní kontext

V šedesátých letech dvacátého století významné posuny v molekulárně biologickém výzkumu zapříčinily změnu diskurzu vědy, co se týče konceptuálního pojetí, technologie i výkladu. Také způsobily změny v zájmu vědy i veřejnosti o genetiku. A explicitně a entuziasticky na tuto situaci reaguje mediální debata čtyř vědců – Philippe L'Héritiera, François Jacoba, antropologa Claude Lévi-Strausse a lingvisty Romana Jakobsona – kteří představují dynamicky se rozvíjející vědu o genové podstatě organismu a o instrumentáriu buněčného

nakládání s ní. Text této diskuse je výchozím bodem mého představení celé problematiky.

Molekulární genetika ukazuje, že metabolismus organismu (a funkce buňky vůbec) je zaručen instrukcí, která je obsažena v genu. Současná molekulární genetika začíná po šedesáti letech v plné šíři vysvětlovat, jak to exekuce genové instrukce zajišťuje a jak spolu souvisí změna genetické báze a vývoj organismu. Evoluční výklad svou pozornost obrací na genetickou mutaci, která vede ke změnám projevovaným v selekčním tlaku, v soutěži fenotypů v přirozeném výběru (Darwinově mechanismu evoluce), kde je fenotyp vázaný na svou genetickou informaci.

Rozvoj molekulární genetiky je tedy v době rozhovoru v roce 1968 značně intenzivní, zasahuje do výkladu nejzásadnějších konceptů lidského poznání. Molekulární genetika podléhá autoreflexi a zároveň i interpretaci z jiných věd a všechna zjištění poukazují na to, že ve svém výkladu je unášena analogií s jazykem. Molekulární genetici hovoří o DNA a proteosyntéze jako o jazykových jevech – tato metafora má čistě praktický význam, podkládá novou terminologii. Odborné molekulárně genetické texty používají metaforické koncepty jako jsou písmeno, překlad, přepis, kód atd., a jazyková metafora DNA se postupem času stává výkladovou normou diskurzu.

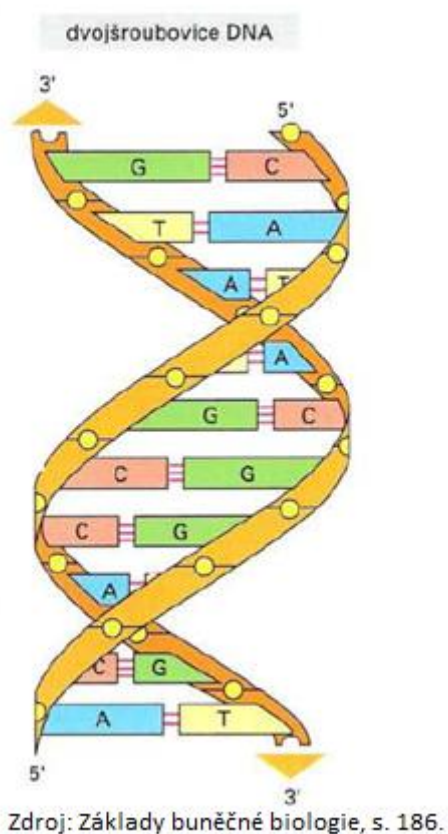
A právě tato analogie s jazykem, která již má pevné postavení v pracovních analogiích molekulární genetiky, se v debatě čtyř vědců stává předmětem rozhovoru (Grygar, 1969, s 130–152), který má jasně ukázat, jak skutečně se to se vztahem jazyka a DNA má.

2. Nukleové báze, transkripce

Nyní přestřu biologickou problematiku, se kterou zde pracuji. Představím DNA a jednotlivé kroky v proteosynté (ačkoliv je nutné počítat se zjednodušením). Následně na to naváži výkladem paralel mezi jazykovým systémem a genetickým jazykem tak, jak je Jakobson nastínil v rozhovoru (Grygar, 1969, s 130–152) a budu je dále rozvádět.

2.1. DNA

Obrázek 1 DNA⁴



⁴ Na obrázku 1 nosič deoxyribonukleová kyselina (DNA) v její přirozené podobě dvoušroubovice a její stavební podjednotky – báze. Rozpoznání dvouvláknové struktury se odehrálo v roce 1953. Po navržení a sestavení strukturního modelu DNA Watsonem a Crickem utichly pochyby o schopnosti DNA kódovat genetickou informaci (Alberts et al., 2005, s. 185.)

DNA (deoxyribonukleové kyselina) na sobě nese báze: guanin (G), cytosin (C), thymin (T) a adenin (A). Nukleotid je souhrnným názvem pro jednu z bází (adenin, thymin, cytosin, guanin), které se vážou společně se sacharidem a fosfátem na kostru. Kostra DNA je tvořena nukleotidy, které jsou spojeny kovalentními vazbami mezi sacharidy a fosfáty. Cukr-fosfátové kostry se navzájem obtáčí kolem sebe a tím tvoří zmíněnou dvoušroubovici. Dále lze na obrázku 1 vidět vzájemné dvojné a trojné vazby mezi bázemi. Tato vaznost se nazývá komplementarita bází a má zásadní význam pro kopírování DNA.

2.2. Transkripce

Při transkripci se přepisují nukleové sekvence dvoušroubovicové DNA do nukleových sekvencí jedno řetězovité RNA. Děje se to rozpletením dvoušroubovice RNA-polymerázou, vzniklé volné rameno je templátem ke vzniku RNA (ribonukleová kyselina), která je okamžitě uvolněna pro transport do cytoplasmy.⁵

Rameno RNA je odlišné tím, že místo báze thyminu se váže k adeninu uracil; je jedno-řetězcové a dokáže se sbalit do shluku. Na tomto řetězci RNA jsou báze, které jsou adaptorem následně čteny po trojicích (proto triplety) a jsou přisuzovány aminokyselinám, a ty poté svou sekvencí určují tvar a funkci proteinu. Proteiny jsou makromolekuly, které provádějí většinu buněčných funkcí. Slouží například jako stavební základ pro buněčné struktury; mohou fungovat jako enzymy (katalyzovat buněčné chemické reakce); regulují genovou expresi; zajišťují buněčný pohyb a vzájemnou komunikaci (Alberts et al., 2005, s. 130–231).

Pro navázání na rozhovor Jakobsona a ostatních je nyní potřeba zaměřit se na báze, které Jakobson popisuje jako nenesoucí význam. Tyto báze se již nacházejí na RNA, která je v procesu proteosyntézy výsledkem transkripce DNA. DNA nese informaci, která je dána sekvencí (pořadím) nukleotidů v řetězci (Alberts et al., 2005, s. 130–231).

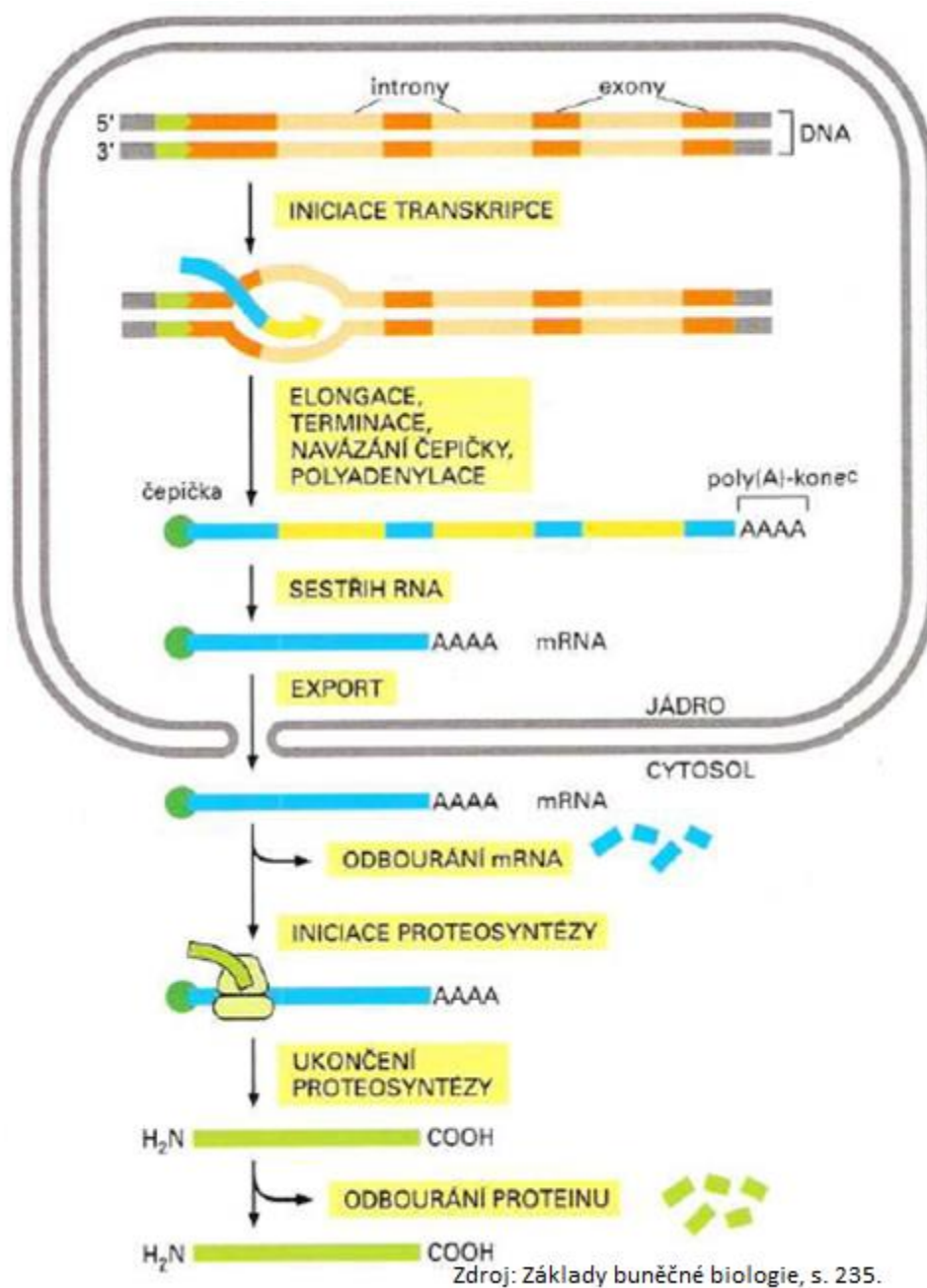
⁵ Při popisu struktury DNA a proteosyntézy implicitně pracuji s eukaryotní buňkou.

A právě na základě bází a jejich schopnosti se organizovat do vyšších jednotek se nám otevírá první analogie prostřednictvím konceptu dvojí artikulace.

2.3. Translace

Ještě než zavedeme koncept dvojí artikulace, je třeba si zavést druhou část proteosyntézy, a to translaci. Translací mám na mysli přechod od RNA k proteinu. Máme různé druhy RNA: transferovou RNA (tRNA), mediátorovou RNA (mRNA) a ribozomální RNA (rRNA) atd. Informace obsažené v mRNA jsou čteny po trojicích nukleotidů a její funkcí je přenos genetické informace na ribozom. Nedochozí však k přenosu z jednoho nukleotidu na jednu aminokyselinu. Nýbrž zde přichází na řadu adaptor, tedy tRNA. Tyto molekuly tRNA přiřazují aminokyseliny ke kodonům v mRNA. Jelikož je tRNA dlouhá asi 80 nukleotidů, vyznačuje se tím, že dokáže vytvořit dvoušroubovicovou strukturu (podobně jako DNA). Vytvoří se formace, která má dvě nezbytné oblasti nespárovaných nukleotidů. Jedna se nazývá antikodon, který je komplementární k tripletové kombinaci v mRNA a druhá oblast na sobě nese konec molekuly, na který je navázána aminokyselina specifická pro danou tRNA. Rozpoznání kodonu antikodonom tRNA funguje na principu komplementarity bází. K rychlé a přesné translaci je třeba ribozomu. Ribozom odpovídá za nasednutí tRNA na kodony mRNA a za vznik peptidové vazby mezi aminokyselinou a polypeptidovým řetězcem. Obecně zahajuje syntézu proteinu. Ribozom pohybující se podél mRNA překládá nukleotidovou sekvenci do aminokyselinové za použití tRNA. Z důvodů funkce, kterou tRNA zastává v procesu translace, se pak o ní hovoří jako o adaptoru, tedy chemické sloučenině či fyzikálnímu objektu, který svou strukturou zprostředkovává interakci dvou jiných sloučenin či objektů, které přímou interakci neprojevují (Alberts et al., 2005, s. 220–230).

Obrázek 2 Proteosyntéza⁶



⁶ Na schématu proteosyntézy vidíme nejprve DNA, ze které se transkripcí odloučí RNA. Před opuštěním jádra musí být nejdříve různými způsoby upravena a zbavena nekódujících částí. Ve formě mRNA putuje ven z jádra, kde nastává vlastní proteosyntéza. Barevně odlišené úseky znamenají triplety, které Jakobson paralelizuje se slovy.

3. Koncept dvojí artikulace

3.1. Rozhovor Žít a mluvit

Jakobsonova motivace v hledání a nacházení analogií mezi jazykem a DNA spočívala v tom, jak moc se biologická terminologie nechala inspirovat terminologií lingvistickou. Rozhodl se zjistit, zdali tyto metafory neznamenaají něco mnohem hlubšího. Jakobson si všímá podobnosti ve způsobu architektury jazyka a genomu.

Tuto architektonickou podobnost, na kterou upozorňuje, lze zkratkovitě vystihnout konceptem dvojí artikulace a jazykových plánů. Celá struktura jazyka či textu i DNA je složena z malého počtu opakujících se jednotek, které svým kombinováním dají vzniknout velmi vysokému počtu spojení, která představují další hierarchicky ustavené jednotky. Jednotkami druhé artikulace jsou hlásky, substančně variantní manifestace výrazové formy druhé artikulace, fonémů, ze kterých se skládají slova. Mají distinktivní funkci, rozlišují významy slov, ale samy o sobě význam nenesou. Až při kombinaci hlásek se vytváří slova. Jednotkami první artikulace v jazyce jsou například slova. A tato vlastnost jazyka se zdá se být univerzální všech přirozených jazyků (Martinet, 1960).

Na straně DNA jsou báze abecedou, výčtem hlásek. Jakobson o této abecedě píše následující a tím zavádí fonologický plán DNA jako jazyka:

„Existují podřízené jednotky, jak říkají také genetické, a tyto podřízené jednotky nefungují samy o sobě, nehrají autonomní roli. Existuje abeceda – jak rovněž říkají genetické – těchto podřízených jednotek a jejich různé kombinace jsou již využívány jednotkami, které mají značně větší autonomii a vládou svými vlastními funkcemi.“ (Grygar, 1969, s. 139)

Při popisu bází v biologii, molekulární genetice či biosémiotice se v praxi užívá písemného označení bází: A, T, C, G (adenin, thymin, cytosin, guanin). Toto označení neznamenaá jen výhodný pracovní přístup, je také výrazem analogie bází

s jednotkami druhé artikulace. Je to jedna ze signifikantních projevů metaforizace DNA jako jazyka (Raible, 2001, s. 103–123). Kombinace bází jsou používány při výstavbě jednotkami vyššími (triplety), které už mají svou vlastní funkci. Triplet, využívající abecedu o čtyřech položkách, mohou kombinovat 64 různých uspořádání tří bází. Tyto kombinace, jak říká Jakobson, mají rozlišovací úlohu (Grygar, 1969, s. 139).

Na straně genetického „jazyka“ to jsou triplety, které zastupují onu první artikulaci (v přirozených jazycích slova) a jednotlivé báze jsou analogony jednotek druhé artikulace (v přirozených jazycích hlásky). Vykazují stejnou hierarchii a stejný princip, kdy z jednotek nižšího řádu a jejich kombinováním vznikají celky vyššího řádu.

Dalším společným principem je nízký počet jednotek druhé artikulace, které umožňují mnohem vyšší kvantitu jednotek první artikulace. Na straně jazyka je to 39 fonémů pro současnou češtinu (Krčmová, 1984, s. 45). Tyto fonémy, lišící se minimálně jednou distinktivní vlastností, tvoří dále morfémy, slova a věty, jejichž počet je vysoký, ne-li nekonečný. Zde nám vzniká jistý nepoměr, jelikož báze jsou pouze čtyři (adenin, thymin a cytosin, guanin) a jejich kombinace dokážou tvořit 64 možností pro distinkce translačního procesu. Třibázový čtecí rámec procesu translace předpokládá 64 možných tripletů a v tzv. genetickém kódu jsou všechny tyto možnosti využity, každé trojkombinaci je při proteosyntéze přidělována konkrétní aminokyselina.

Takto je Jakobsonem stanovena jazykovost DNA, a to na základě konceptu dvojí artikulace. Sám tento konkrétní termín však neužívá.

3.2. Dvojí artikulace v další tvorbě Jakobsona

Další text, který podrobuji analýze, je *Linguistics in Relation to Other Sciences* (viz Jakobson, 1971, s. 680–687). V něm Roman Jakobson téma analogií jazyka a genu dále rozvíjí a právě těchto pár řádků přináší jasnější formulace k analogičnosti jazykových plánů a struktury DNA, vlastností jazykových jednotek a vlastností jednotek proteosyntézy. Tento text je memorandem pro UNESCO, má právě tuto

společenskou úlohu, a jako součást Jakobsonova vědeckého díla se objevuje sekundárně.⁷ Jakobson se zde snaží vztáhnout k sobě všechny dostupné sémiotické výklady DNA a vytvořit tak komplexní popis její znakové povahy. Jakkoliv je zmíněná stručnost s možnou celistvostí či komplexností pohledu na věc nejspíše v rozporu, stává se text silným uvedením do postupného větvení analogií hierarchie obou jevů – následování v podobě textu G. Katze je domů dokladem (viz Katz, 2008, s. 57–73; věnuji se tomu v bodu 10.5).

V *Linguistics in Relation to Other Sciences* se ale koncept dvojí artikulace významně změnil. Jestli jsme předtím uvažovali, že báze jsou fonémy a jsou jednotkami druhé artikulace, tak teď jsme nuceni uvažovat pod vlivem Jakobsonového výkladu, že aminokyseliny mají distinktivní rysy druhé artikulace. Předně však potřebujeme zavést gen a větu.

3.2.1. Gen a věta

Nosičem genetické informace je deoxyribonukleová kyselina (DNA), (viz obrázek 1 DNA). Gen je zde konkrétní informace, je jednotkou genetické informace, podle níž se vytváří fenotyp. Gen také bývá charakterizován jako funkční část DNA. Jedním z jeho úkolů je při dělení buňky vytvářet své vlastní kopie, které se přenáší do dalších generací. Dalším funkčním rysem jsou jeho úseky, nazvané exony, které jsou přepisovány do mRNA a jsou zásadní pro proteosyntézu. Veškerou genetickou informaci uloženou v DNA nazýváme genom. Gen je tedy souhrnné označení pro úsek polynukleotidového řetězce, který obsahuje genetickou informaci pro strukturu polypeptidu jako translačního produktu nebo informaci pro strukturu RNA. Je to část genomu (Alberts et al., 2005, s. 220–230).

⁷ Ve formě citací či ve výstavbě argumentace neodpovídá základním standardům vědeckého textu. Jakkoliv byl Jakobson ve výstavbě odborného textu značně individualistický (podobně je postaven např. jeho text *Hledání povahy jazyka* (Markoš, 2010, s. 143–158), není možné podobu memoranda pro UNESCO hodnotit jako odborný, nejedná se o vědecký text).

Věta je zde chápána jako celek, skládající se z jednotek nižších, slov, čtena je ustáleným směrem. Je Jakobsonem analogizovaná s genem. Jsou dávány na stejnou úroveň; Jakobson uvádí, že informace je vepsaná do genu pomocí jednoduchých prvků, které se opakují a permutují po milionech podél vlákna, stejně tak jako ve větě je smysl v textu vyjadřován distribucí symbolů a znaků písma, které jsou řazeny a permutovány ve větách (Grygar, 1969, s. 139). Symbolem je zde myšlen konvenční, lidmi dohodnutý vztah mezi označujícím a označovaným. Pomocí symbolů pojmenováváme svět kolem nás. Znak písma zde uvádí Jakobson pravděpodobně proto, že jazyk je nejenom mluvený, ale i zachytitelný písmem, což jsou znaky vzniklé dohodou mezi lidmi a jsou zástupnými výrazovými prostředky pro mluvenou řeč.

Nyní chci rozebrat, jak zde věta zapadá do problematiky dvojí artikulace. Když Jakobson píše, že smysl (respektive význam) věty je nesen distribucí symbolů řazených za sebou, myslí se tím, že věta je jednotkou první artikulace. Což je samozřejmě pravda, když budeme považovat za jednotky druhé artikulace slovo. Lze vidět, že jsme se v hierarchii jazyka posunuli o úroveň výše. Tímto posunem je třeba ale udělat stejný krok i na úrovni DNA- za jednotky první artikulace již nebudou považovány triplety, ale geny, které kódují proteiny, a za jednotky druhé artikulace budeme dosazovat řetězce aminokyselin. Struktury aminokyselin, které stále význam nenesou, jsou spojovány v polypeptidické 3D útvary a vytváří se protein.

Výše rozebraná dvojí artikulace poukazuje na upřímné nadšení a přímočarost Jakobsonova myšlení, co se týká jazyka v DNA. Rozpornost nejen na straně dvojí artikulace se ukazuje jako hlavní a kritický bod následného rozebírání dalších částí Jakobsonových textů, které se týkají DNA.

4. Linearita

V Kurzu obecné lingvistiky se linearita jako jedna z vlastností znaku definuje jako povaha označujícího, která se realizuje skrze prostor a čas a jeho rozsah (linie) je měřitelný. Akustické znaky mají k dispozici pouze linii časovou, a proto se jejich prvky představují jeden po druhém a tvoří řetěz (Saussure, 1996, s. 100).

Právě tato syntaktická povaha jazyka byla Jakobsonem analogizována se stringem DNA. To, že za sebou produkujeme zvuky v čase a prostoru, by mohlo připomínat to, jak se za sebou vyskytují báze v DNA. Jakobson píše, že právě linearita charakterizuje jazyk i translaci nukleové informace do peptidické zprávy (Jakobson, 1971, s. 680).

V běžně uznávaném pojetí linearity, jakožto jedné ze základních vlastností jazykového znaku, vedle arbitrárnosti a hierarchičnosti (je tím myšleno závazné pokládání jednotlivých prvků za sebou v prostoru a čase) z čehož vyplývá, že v témž okamžiku nemohou stát dva jazykové znaky vedle sebe, ale jen jeden za druhým (Černý, 1996, s. 142). Znaky lze uchopovat pouze za sebou, nelze znakově realizovat dva jednotlivé znaky naráz (např. auto a pes zároveň). Znakový systém funguje tak, že jeden znak stojí proti celému jazykovému systému znaků, sám sebe vymezuje proti postavení dalších znaků, neboli ostatního ho diferencují. To, že vůbec existuje nějaká linearita, je způsobeno korelací mezi výrazem a obsahem světa kolem nás. My, jakožto komunikátoři, jsme tím, kdo vytváří onu korelaci výrazu a obsahu. Konvencí vytváříme pravidla kódu.

Mým předpokladem je, že Jakobson pracoval s pojmem linearity tak, že se fonémy, resp. jejich zvukové realizace, odehrávají za sebou v čase a prostoru, stejně jako se báze za sebou řadí v DNA. I když v 50. letech rozpracoval teorii binárních distinktivních rysů, neuvažuje nad znakem jako o korelaci výrazu a obsahu. Jakobson ví, že jednotlivé fóny jsou charakterizovány množinou zvukových vlastností, které neprobíhají za sebou, ale třeba zároveň, či nepravidelně posloupně, atp. a přesto linearitu používá k vyjádření časové

a prostorové skládání jednotek jazyka za sebe. Věta, která vypadá, že by mohla reprezentovat lineárnost (čteme zleva doprava, slova skládáme do mozaiky věty v určitém směru a podle určitého pravidla). Tato analogie však nefunguje, když si uvědomíme, že předmětem naší myšlenkové mapy je významová distinkce a znakem zde chápeme slovo. Tato problematika se týká aktuálního větného členění (viz Mathesius, 1947, s. 234–242), které nemá funkci gramatického pravidla. Proto nemůže vytvářet korelaci mezi výrazem a obsahem. Syntaktické varianty mají v češtině úlohu pouze v rámci funkční větné perspektivy, projevují se jako výpovědi s jiným aktuálním členěním. V češtině se význam věty nemění prohozením jednotlivých slov ve větě (viz např.: *Tomáš dnes odjel lyžovat do hor // Do hor dnes odjel lyžovat Tomáš // Dnes odjel Tomáš lyžovat do hor*). Věta jako znak by fungovala například v anglickém jazyce, kde je závazný slovosled, kdy záměnou pořadí slov dochází ke změně významu věty. Slovosled v anglickém jazyce nedovoluje takovou variantnost. Oproti tomu nemá čeština podobně silně kódovanou pozici slova ve větě, to, sémioticky řečeno, znamená, že nezakládá pozice slova ve větě znakovou funkci.

Lineárnost je, jak bylo výše ustanoveno, závaznou podmínkou jazyka. Není to jen záležitost jazyka artikulovaného, primárně auditivního, ale i všech podob jazykové komunikace. Na podpoření této argumentace uvádím znakový jazyk, který své jednotky uspořádává tak, že sice má dvě výrazové sady (například gesto a mimika), ale koreluje si k tomu obsah, tím pádem je linearita znaku zachována. I zvukový aparát nám umožňuje produkovat naráz hlasivkový a nosový tón, explozi, atd., tudíž využíváme několik sad výrazu a k tomu si korelujeme obsahovou sadu.

Když všechno naistalujeme vedle sekvence bází, zjišťujeme, že linearita jakožto argument pro znakovost, nemůže fungovat na úrovni DNA, jelikož zde není nikdo takový, kdo by spojil výraz a obsah na základě dohody. Jakobson tudíž zaměnil termín linearity za sekvencialitu, a DNA proto nemůže být sémiózou. Nyní rozeberu problematiku týkající se sekvence a vhodnost užívání tohoto termínu.

Jak říká Jakobson, báze jakožto jednoduché prvky se opakují a permutují po milionech kolem vlákna. Rozvedu to dále, dále: báze na RNA jsou čteny vždy po trojici, vždy od určeného začátku, jejich význam je vždy následkem jejich sekvence. Toto organizování v prostoru by se mohlo zaměňovat s linearitou. Všimněme si, že trojrozměrná struktura proteinu je dána pořadím aminokyselin (viz Alberts et al., 2005, s. 134). Každý typ proteinu má jedinečné pořadí aminokyselin. Je známo mnoho tisíc různých druhů proteinů, přičemž každý z nich má svou zvláštní aminokyselinovou sekvenci. Sekvencí je zde tedy myšleno jen pořadí aminokyselin. Když provedeme záměnu bází ve stringu, ve výsledku se vytvoří naprosto odlišný protein, jelikož jeho tvar je dán sekvencí aminokyselin, ty se formují dle sekvence tripletů a triplety dle sekvencí komplementárních bází v DNA. Proto se domnívám, že je v DNA linearita sekvencí. Linearita je doménou znaku a sekvence DNA, a tudíž nelze tyto pojmy zaměňovat.

Nyní se vrátím k problematice toho, že v proteosyntéze není korelace mezi výrazem a obsahem, a proto by se neměla používat analogie linearity. Oba systémy, lingvistický a genetický, se musí vyrovnávat se stejným problémem, a to, že konstruují mnohorozměrné z lineárního. Zde však končí veškerá podobnost tohoto problému, jelikož v genetickém systému není nic, co by korespondovalo s autonomními rolemi mluvčího a posluchače (viz Raible, 2001, s. 113).

Používání metafor „čtení“ a „kódování“ navádí k tomu, že se zde odehrává jakási komunikace. Otázka zní, zdali se opravdu odehrává. Komunikace vyžaduje role mluvčího a adresáta, aby mohla být předána informace. A v DNA to funguje následovně: jedna reakce spustí druhou (transkripce translaci), a ta má za následek reakci třetí (přiřazení aminokyselině příslušný protein), která již něco znamená. Protein je zde tím finálním nositelem významu, jelikož právě on jako jediný z procesu proteosyntézy je tím, kdo dokáže něco změnit, vykonat, podnítit. Je nositelem významu. Takže než vznikne „význam“ (tedy protein), musí se stát mnoho operací a proměn v rámci fyzicky odlišných materiálů (báze-aminokyseliny-proteiny). Výsledkem transkripce a translace je cosi materiálního a hmatatelného, zjevného. A v rámci buňky jsou proteiny čteny vždy stejně. Když čteme, je výsledkem tohoto procesu cosi vysoce nemateriálního, prchavého, je to

možné interpretovat různými způsoby podle toho, kdo čte (viz Raible, 2001, s. 113).

Kdyby tato syntéza proteinů byla tradičně chápanou komunikací, jak to připomíná metafora „čtení“ a „kódování“, mohlo by zde docházet k rizikové chybovosti způsobující například chybné generování proteinů. Aby se tomuto předešlo, nemůže být proteosyntéza komunikací, jednoduše zde nikdo nemluví a neposlouchá. Jelikož se jedná o čistou chemii, je zajištěna rychlá a efektivní výroba proteinu v případě potřeby či nouze.

Pro shrnutí zopakuji, že přiřazení aminokyseliny probíhá na základě chemické vaznosti mezi bázemi. V procesu proteosyntézy se aminokyseliny spojí díky tomu, kdo zde „čte“. Toho můžeme nazvat adaptorem (viz Barbieri, 2006, s. 82), jelikož přiřadí jedné entitě (bázím) entitu druhou (aminokyselinu). Takže na jednu stranu zde není mluvčí ani adresát, respektive ne v rámci mnou rozebírané části života, ale je zde adaptor, kódovač, třetí entita, která nás může podnítit k tomu, abychom uvažovali o DNA jako o jazyce. Tato třetí entita totiž má tu vlastnost, kterou v sémiotice nazýváme arbitrárností.

5. Arbitrárnost

5.1. Linguistics in Relation to Other Sciences

Kapitola Linguistics in Relation to Other Sciences je součástí knihy *Selected Writings II.*, kde se Jakobson zabývá fonologií, versologií, slavistikou, postavením lingvistiky mezi vědami, jejím interdisciplinárním průnikem a mimo jiné její spojitostí s biologií.

Zde Jakobson konkrétněji formuluje analogie mezi jazykem a DNA. Píše, že máme čtyřpísmenový jazyk, který je zapsán v nukleové kyselině. A začíná paralelizovat slovo s kodonem, kdy báze, které po třech tvoří kodon, jsou písmeny abecedy genetického kódu. Slovník genetického kódu obsahuje podle Jakobsona 64 slov, tedy tripletů (čtyři báze, které jsou funkční po třech). Upozorňuje na to, že jen 61 z nich nese individuální význam, jelikož tři zbylé jsou určeny pro ukončení a počátek genetické zprávy.

Po tomto uvedení již zpřesňuje, že báze se porovnávají s fonémy (nikoliv s písmeny), které jsou arbitrární konvencí. Této paralele, arbitrárnosti, se Jakobson zde věnuje spíše na okraj, avšak je záhodno ji zavést, jelikož se jedná o základní princip znakovosti.

5.2. Pojetí arbitrárnosti

Jakobson v mnou komentovaných dílech na arbitrárnost poukazuje, avšak nerozebírá ji. Víme, že se emancipoval za motivovanost znaku. Jeho poukázání se týká různých podob abeced (například pro francouzštinu a čínštinu), které jsou dle Jakobsona výsledkem arbitrární konvence.

Vymezením znaku nyní zavedu arbitrárnost. Jazykový znak sjednocuje pojem a akustický obraz, které později de Saussure nahradí pojmy označující a označované (viz Saussure, 1996, s. 97). Kód se vyznačuje vlastností, která tyto dva nezávislé světy propojuje. De Saussure tuto vlastnost nazval arbitrárnost

a definuje ji jako jednu ze dvou prvořadých vlastností jazykového znaku. Nazývá ji svazkem sjednocujícím označované a označující (viz Saussure, 1996, s. 98).

Nabízí se protiargument onomatopoií, kde je výrazová podoba motivována nápodobou skutečnosti. Nicméně všechna onomatopoeia jsou konstruována na základě fonologického systému daného jazyka, což je řadí mezi znaky, tudíž je třeba jim přisuzovat i vlastnost arbitrárnosti. Je to z toho důvodu, že pro nápodobu mohou volit jen z akustických vlastností kódovaných fonologickým systémem jazyka. Kořínek ukazuje, že u onomatopoií se jedná o nestandardní užití fonologického systému (viz 1934). V sémiotické argumentaci však zůstává arbitrárnost i v tomto pojetí nedotčena – výrazové části znaku vybírají ze skutečnosti, z *Umweltu*, jen omezené množství substance, která jen arbitrárně napodobuje obsah, jehož extenze je z hlediska substance větší, výrazem nedosažitelná.

Další příklady nearbitrárnosti uvádí Roman Jakobson ve své stati Hledání podstaty jazyka (viz Markoš, 2010, s. 143–158). Za zmínku stojí především koncept diagramatičnosti. Diagramatičnost u Jakobsona znamená, že označující napodobuje relaci označovaného. Například u grafů, syntaktických řad (přišel, viděl, zvítězil atd.). Všechny koncepty nearbitrárnosti, které Jakobson uvádí, jsou však relativně fatálním nepochopením konceptu arbitrárnosti – tu je nutno vnímat jako nemožnost motivovat označující jen a pouze označovaným – takový případ nabízí pouze ostenzivní sémióza, všechny ostatní musejí disponovat ekonomizovaným setem výrazu, který si vyžádá arbitrárnost, následně dvojí artikulaci atd., jak to popisují v práci výše i níže.

Zásadní otázka zde vyvstává, kde se arbitrárnost, jakožto podmínka znakovosti, nachází v DNA. Projdeme krok za krokem části proteosyntézy, dokud nenarazíme na proces, který vykazuje spojení dvou rozdílných entit, obdobně jako u jazykového znaku je spojeno označované a označující.

DNA, jako dvoušroubovice je tvořena chemickými vazbami bází. Báze se k sobě vážou pro udržení stability pomocí vodíkových můstků. Zde nic jako arbitrárnost nenacházíme, tato struktura umožňuje zachování dědičnosti (viz Alberts et al., 2005, s. 188). U transkripce je lineární sekvence DNA rozpoznávána katalyzátorem polymerázou RNA. Každý krok vyžaduje jednotlivý proces poznávání, zde jsou jednotlivé báze na RNA vytvářeny pomocí komplementarity bází, tudíž zde opět nedochází k jevu arbitrárnosti. Arbitrárnost se objevuje až u translace. Při translaci se musí odehrát dva nezávislé poznávací procesy a je potřeba speciálních molekul, které zajistí spojení mezi kodony a aminokyselinami dle pravidel genetického kódu. Bez kódu by se spojily nevhodné aminokyseliny s kodony a ztratila by své biologická specifičnost (viz Barbieri, 2005, s. 107–134). Právě tyto molekuly jsou nazývány adaptory, a v jazyce biologů jsou nazývány tRNA. Organický kód vzniká právě zde, kde se spojují dva strukturou odlišné a to nezbytně žádá molekulární struktury, které se chovají jako adaptory, které vykonávají dva nezávislé poznávací procesy (viz Barbieri, 2005, s. 107–134). A tento adaptorový princip by se nám jevil jako arbitrární přiřazení, stejně jako to vidíme u hlásek a slov, stejně jako u jednotek složených s jednotek druhé artikulace.

Otázka nyní nastává, co je výrazem a obsahem? Odpověď na tuto otázku nám Jakobson nikdy neposkytne. V rámci biosémiotiky se nám odpověď na tuto otázku předkládá v podání jednotlivých biosémiotiků pokaždé jinak. Biosémiotika ještě nemá vymezenou metodologii, respektive nemá sjednocený předmět zkoumání.

Uvedu rozpornost u Jiho: písmeno uvádí jako paralelu ke čtyřem nukleotidům nebo 20 aminokyselin. Lexikon slov je pro Jiho paralelou k strukturním genům nebo polypeptidům. Gramatika jazyka je Jiim přirovnávána k zákonům chemie a fyziky (viz Ji, 1999, s. 412), což je rozporné, když budeme argumentovat sémioticky, fyzikální struktury nemohou být bez identifikace arbitrárnosti a linearit, o nichž píše výše, pojmány jako znaky. Ve fyzikálních strukturách nikdo nekomunikuje, a tudíž nekóduje. Korelaci musí někdo udělat. Tento Jiho systém se řídí jen zákony fyziky. (Celou dobu se bavíme o materiálním světě.

Ač mikroskopické báze – stále fyzické, hmotné, fyzikální – a na druhé straně abstraktní jednotka foném, který vymezuje funkci zvukovou. Materiální svět je 3D, svět fonému je abstraktní). Proto to není komunikace ani znaková korelace.

Dále Ji pokračuje, že fonetika je v jazyce buněk struktura molekuly a nakonec podtrhuje určením první artikulace, kterou přirovná v buňce k organizaci genové exprese v prostoru a čase. Druhou artikulaci analogizuje k organizaci nukleotidů do genů (či aminokyselinám, které se organizují do proteinů). Co je funkcí proteinu, to se zde nepíše, chybí zde argument pro arbitrárnost. Není žádný adaptor („strojek“), který by spojil výraz (gen) a jeho obsah (funkci), (viz Ji, 1999, s 412).

Na místě je také uvést exkurz do biosémiotiky Marcella Barbieriho, který ve svém pojetí kódu uvádí tři základní znaky kódu: kód představuje pravidla vztahu; dává význam informaci; jsou to kolektivní pravidla, která jsou na individuálních znacích nezávislá, jsou dána společenskými pravidly. Dle Barbieriho je genetický kód konvencí, protože má veškeré znaky kódu, o kterých píše výše. A protože se jedná o kód mezi organickými procesy, nazývá je organické kódy (viz 2006, s. 82).

Konvence mezi částmi kódu kvalifikuje, dle Barbieriho, organický (genetický) kód mezi sémiotické systémy, které se vyznačují tím, že jsou tvořeny ze dvou nezávislých částí, které jsou spojeny konvenčním pravidly kódu.

Další z vlastností sémiotického systému, dle Barbieriho, je to, že je tvořen čtyřmi různými (distinktivními) entitami: znaky, významy, kódy a kódovači (codemakers). Dále Barbieri pokračuje, že zde nikdy nejsou znaky, významy ani kódy jen tak samy o sobě. Je tu vždy nějaký „agent“, který je produkuje. Následně se Barbieri pokouší prokázat, že znaky, kódy a významy se nacházejí také v buňce, tudíž že je buňka sémiotickým systémem. Kódem je genetický kód a kódovač je agentem semiózy.

Rozlišuje mezi kódy u transkripce a translace. Transkripční kódy nazývá přírodními kódy, jelikož je vztah mezi sekvencemi založen čistě na přímých fyzických interakcích a ne na základě kódu. U translace je nazývá konvenčními

znaky, jelikož se to týká dvou propastně odlišných typů molekulárních procesů. Kód vidí tam, kde kodon koresponduje s aminokyselinou. Píše, že aminokyselina je organickým významem kodonu.

Dále upozorňuje na rozdíly mezi kopírováním a kódováním (respektive transkripcí a translací). Kopírovací mechanismus produkuje přesné kopie a kódování nastavuje vztahy, které předtím nemusely nutně existovat. Dalším rozdílem je to, že kopírování funguje na individuálních molekulách a kódování zahrnuje kolektivní soubor pravidel. A za poslední zmiňuje to, že každý mechanismus předpokládá a vyžaduje jinou entitu: kopírování genu mění lineární sekvenci, tj. informaci genu; a zato kódování, resp. změna v kódovacím pravidle, mění význam tohoto pravidla. Nastavuje tedy distinkci mezi informací a významem (viz Barbieri, 2008).

Barbieri dochází k závěru, že proteosyntéza je sémiotický proces, protože je založen na kódech a znacích (dále se věnuji problematice výrazu a obsahu v kapitole 10).

6. Báze – foném

Analogie báze – foném je v *Linguistics in Relation to Other Sciences* rozváděna podrobněji. Myšlenka bází představujících fonémy byla Jakobsonem navržena takto:

Vztahy mezi fonémy, které se nazývají binární opozice, lze převést i na vztahy mezi „písmeny“ jednotlivých bází genetického kódu. Adenin (A), guanin (G), cytosin (C) a thymin (T). Pyrimidiny (T, C) a puriny (A, G) spolu vytvářejí opozici. Tyto báze, dále tvořící nukleotidy, společně vytvářejí dvoušroubovici DNA dle komplementarity bází. To znamená, že se adenin spojí vodíkovými můstky pouze s thyminem a cytosin pouze s guaninem (viz Jakobson, 1971, s. 680).

Jakobson určil, že báze představují hlásky, potažmo fonémy, ze kterých se jejich kombinací stávají jednotky vyšší, píše:

„All interrelations of phonemes are decomposable into several binary oppositions of the further indissociable distinctive features. In an analogous way, two binary oppositions underlie four „letters“ of nucleic code.“ (viz Jakobson, 1971, s. 679).

Zde dává do paralely vztahy mezi fonémy rozložitelné na binární opozice a dvě binární opozice, které tvoří základ vztahu mezi bázemi. Znamená to tedy, že fonémy považuje za nukleové báze, které stojí vždy v opozici k jiné bázi (adenin stojí vždy proti thyminu). Tato opozice v DNA je Jakobsonem nazvána binární opozicí. V molekulární biologii se tato vlastnost bází nazývá komplementaritou bází.

Jeho vysvětlení by dále pokračovalo tak, že pokud fonémy představují báze, dají se instalovat do komutačního testu. Komutační testem (viz Hjelmslev, 1972) se zde myslí to, že si najdeme slovo, které záměnou svého fonému změní význam. Za příklad si můžeme vzít prealveolární *t* , *d*. Oba konsonanty jsou orální okluzivy a explozivy, liší se však svou znělostí (neznělé *t* a znělé *d*). Když se

zamění ve slově *den* první konsonant za *t*, změní se celý význam slova. Ze substantiva, které označuje část dne, kdy je světlo, se změnil význam na demonstrativní pronomen *ten*. Což znamená, že tyto dva konsonanty jsou fonémy.

Vypadá to, že právě komplementarita bází by mohla značit, že i báze jsou fonémy. Že například thymin a adenin stojí proti sobě stejně, tak jako stojí proti sobě konsonanty *t*, *d*. Zde by představovaly binární opozice tím, že se nacházejí v DNA proti sobě, jsou svými protějšky (viz obrázek 1 DNA).

Když naistalujeme báze do komutačního testu (stejně, jako jsme instalovali *t*, *d*), využijeme zde triplet, který Jakobson označil jako analogii slovu. Střídají se čtyři báze v tripletu, kde každá kombinace tripletu kóduje jinou aminokyselinu. Změnil se báze, potažmo triplet, změní se i aminokyselina (viz obrázek 3 Aminokyseliny).

Vypadá to, že by pro Jakobsona znamenala aminokyselina význam. Když bude „fonémem“ triplet, jeho záměnou za jiný triplet se změní i aminokyselina (význam), kterou kóduje. Příkladem by mohl být triplet AAC, který kóduje aminokyselinu asparagin, přičemž AAA již znamená jinou aminokyselinu, a to lysin (viz Alberts et al., 2005, s. 224).

Proč by měla být, dle Jakobsona, významem aminokyselina? K tomuto lze dospět roztříděním si jednotek první a druhé artikulace. Jednotky druhého řádu (v jazyce fonémy) tvoří jednotky prvního, které poté nesou význam (morfy, slova). Tudiž jestli, dle Jakobsona, jsou báze jednotkami druhé artikulace, tak triplet, jako představitel první artikulace, musí nést význam, což by byla aminokyselina.

Otázka zní, zdali se mohou opravdu pyrimidiny a puriny a jejich vztah nazývat binární opozicí.

7. Foném

Právě zde se Jakobson nechal touto analogií unést. Omyl nastal v tu chvíli, kdy Jakobson spojil analogie, které spolu nemají nic společného. Foném bývá v lingvistice definován jako „zvukový prostředek sloužící k odlišení morfémů, slov a tvarů slov téhož jazyka s různým významem (lexikálním, gramatickým)“ (viz Krčmová, 1984, s. 45). Nebo také „jako foném hodnotíme v jazyce takový zvukový segment, který je v daném jazyce tak závazný, že pouhá jeho záměna stačí k tomu, aby se změnila znaková jednotka.“ (viz Palková, 1994, s. 118). Ve zkratce: foném jako jednotka druhé artikulace význam nenesou, kombinací ale tvoří slova, které již význam nesou. Změní-li se foném, změní se i význam.

Tudíž Jakobson přehlédl, že distinktivní rys, jakožto klíčová vlastnost fonému, se v komplementaritě bází nenachází. Komplementarita bází má zde jinou úlohu. Protilehlost bází DNA je dána fyzikální konstrukcí a má zajistit stabilitu DNA. Tudíž tato protilehlost nemá nic společného s fonémy a binární opozicí.

Informaci, o kterou se nám jedná, nese jedno rameno DNA, potažmo RNA, a s tím se tady vůbec nepočítá. Distinkce ve funkci organismu se tedy mohou zakládat jen na proměnách konkrétního řetězce a ty až můžeme instalovat do komutačního testu. Provedeme to tak, že informaci zaměníme za význam (funkci), distinktivní rysy a znakové jednotky.

Další podstatnou věcí je to, že aminokyseliny, respektive jejich významný počet, kódují protein. Změní-li se jedna sekvence aminokyseliny, funkce proteinu pravděpodobně zůstane stejná. Bylo by potřeba změnit mnoho aminokyselin, aby se změnil i protein, který je zde tím významem. Jako jediný má funkci v organismu, jako jediný znamená něco více. Aby došlo ke změně významu, do komutačního testu bychom měli nainstalovat celé trojkombinace tripletů, které zde představují distinktivní rysy, které hledal Jakobson a které jsou přisuzovány aminokyselinám, a ty určují charakter proteinu.

8. Morseova abeceda

Takže báze opravdu význam nenesou, jak poznamenal Jakobson v televizním vysílání. Jenže také nejsou ani fonémy. Protilehlost bází DNA je dána její fyzikální konstrukcí, jež má jasnou funkci v její stabilitě. Tudíž to není funkce sémiotická ani jazyková, ale čistě evolučně stabilní.

Jakobson píše, že jestli je možné, že jsou písmena pouhými náhradami fonémického vzorce jazyka a Morseova abeceda je jen sekundární náhradou za písmena, je proto možné říct, že podjednotky genetického kódu by měly být porovnávány přímo s fonémy (viz Jakobson, 1971, s. 679). To, jak se písmena abecedy překládají do morseovky, či do jakéhokoliv jiného systému symbolů, je jen přechod z jedné soustavy označujícího do druhé. Označované se nemění, význam zůstává stejný. (Pes; .--././.../; kde označované má stále čtyři nohy a umí štěkat). Je invertibilní a reversibilní.

Geny a proteiny nejsou ekvivalenty, existují jako naprosto odlišné fyzikální objekty (viz Barbieri, 2008, s. 12). Nic jako morseovka se nakonec v buňce neděje, reversibilita jednoduše není fyzicky možná. To, co zde Jakobson popisuje, můžeme nazvat s-kódy (viz Eco, 2004, s. 51–54). Jakožto s-kód může, a ze sémiotického hlediska jediné musí, být vnímána transkripce. Výše jsem popsala její proces. Oba stringy, jak string DNA, respektive jeho rameno, tak string RNA, do nějž je rameno DNA „přepisováno“, transkribováno, RNA-polymerázou, je možné vnímat jakožto s-kódové texty. Instrukce na nich zapsané, pokud ji vnímáme jakožto určující templát v procesu tvorby proteinu, je pozměněna v systému zápisu. Mění se prvky, z nichž se skládají jednotlivé řetězce, uracil nahrazuje thymin. Proces transkripce jsme nazvali fyzikální interakcí, a i když se jedná o fyzikálně kontextově vázanou interakci, pro její sémiotický status stále postrádáme adaptor, který by zaručil ustavení znakové funkce.

Umberto Eco definuje kódy jako takové systémy, které s s-kódem pojí obsahovou sadu. Toto spojení je v sémiotice definováno na základě arbitrárního vztahu obsahu a výrazu, tedy dané jejich sepětím adaptorem. S-kódy Eco dále definuje jako systémy, které mohou existovat nezávisle na jakémkoliv označování, či cíli komunikace. Jsou to takové systémy, které jsou schopny přenášet všechny nebo jen některé z prvků jiného takového systému, který do určité míry odpovídá prvnímu systému a naopak. Tvoří jen jednu rovinu korelativní funkce zvané „kód“ (viz Eco, 2004, s. 49). Obsah je v této práci pojímán jakožto protein, a to proto, že protein je struktura, která v chování organismu představuje prostředek jeho exekuce, protein je fyzikální podstata behaviorální reakce, a tak také interakce organismu s vnějším prostředím.

S-kódy proto mohou být termínem a konceptem, který v proteosyntéze popíše změny nejrozličnějších stringů (DNA, RNA, proteinu), pokud jejich změna či funkce nezávisí na zprostředkování adaptorem. Jak různě může být ale adaptorová funkce pojímána, a to různě široce, ukazuje při svém hledání a klasifikaci kódů Marcello Barbieri (viz Barbieri, 2006, 83-97).

Zajímavou podobnost mezi genem a jazykem si Jakobson našel v synonymii. Tento průnik lingvistického termínu do biologie si našel cestu skrze triplety. Jelikož je aminokyselin pouhých 21 a tripletů 64, některé aminokyseliny jsou kódovány více triplety. Není zde poměr jedna ku jedné (viz obrázek 3 Aminokyseliny). Tato analogie by pravděpodobně měla pro Jakobsona představovat lexikální rovinu jazyka.

Genetikové, jak píše Jakobson, synonymní triplety detekovali díky porovnání originální zprávy a peptidického překladu a zjistili, že zde existují „synonymní kodony.“ (viz Jakobson, 1971, s. 680). Dále Jakobson píše, že komunikativní funkcí slovních synonym je snaha se vyhnout částečné homonymii. Místo pro analogii zde povstává v redundanci, kdy jazyk vytváří synonyma, aby se zabránilo záměně homonym (uvádí příklad synonyma *adjust* pro *adapt*, které by se mohlo snadno zaměnit s částečným homonymem *adopt*). Ona redundance v kódování aminokyselin by mohla mít stejné důvody.

Této otázce se věnuje Raible, který poznamenává, že se synonymie opravdu na genetické úrovni vyskytuje (jak již bylo popsáno výše, pro připomenutí: způsobeno 64 možnými triplety čtyř písmen, které korespondují s pouhými 20 aminokyselinami). V systému jazyka je však pravá synonymie vzácností. Častější je polysémie a dokonce i homonymie: počet nutných znaků je natolik vysoká, že v rámci ekonomie mají znaky tendenci obsahovat více významů. Potom tedy přirozené jazyky spoléhají na kontext či syntaktické upořádání věty (viz Raible, 2001, s. 113).

⁸ Na obrázku znázorněno, jaké tripletty kódují jaké aminokyseliny. Můžeme si všimnout, že více tripletů může vázat jednu aminokyselinu. Triplet AUG je iniciačním tripletem, začíná u něj translace; UAA, UAG, UGA jsou stop kodony, končí u nich proteosyntéza.

Zdroj: Základy buněčné biologie, s. 224.

9. Výraz a obsah u dalších autorů

V této kapitole schematicky uvedu pojetí výrazu a obsahu u jednotlivých autorů biosémiotických textů.

Francis Crick

Biolog, kterému vdčíme za formulování a vymezení Dogmatu molekulární biologie, a který společně s Watsonem získal Nobelovu cenu za objevení DNA, píše v prvních studiích zabývajících se genetikou, že „a gene is a certain length of a molecule of nucleic acid. We believe that the genetic message is expressed by the sequence of the four different bases. (...) In nucleic acid you have four symbols and the exact order of these symbols we believe carries the genetic message. (...) The function of a gene is to instruct the cell how to make a particular polypeptide chain of a particular protein.“ (viz Crick, 1962, s. 5). Pro Cricka by se výrazem stala DNA či RNA a obsahem by byla aminokyselina či protein.

Marcello Barbieri

Barbieri vidí organický kód ve spojení nukleových kyselin a proteinů. „Tisíciletou představou, že jsou kódy výlučně procesy kultury, náhle otřásl objev genetického kódu z roku 1961, jenž prokázal, že i v přírodě existuje konvence, která vystavěla most mezi dvěma nezávislými světy, v tomto případě mezi světy nukleových kyselin a proteinů.“ (viz Barbieri, 2006, s. 84). Výrazem pro něj bude DNA/ RNA a obsahem aminokyselina či protein. Dále pracuje s pojmem adaptor, který definuje jako speciální molekuly katalyzátoru (ribozomu), které jsou schopny uskutečnit dva nezávislé rozpoznávací procesy při každém kroku translace (viz Barbieri, 2006, s. 85).

Edward N. Trifonov

Trifonov počítá s tím, že existuje podobnost mezi lidskými a genetickými texty. Tudíž gen považuje za text o dvaceti písmenech, podobnost mezi lidským a genetickým textem zakládá na lineární struktuře. Přichází s problematikou překrývajících se kódů. To pro Trifonova znamená, že ve stringu DNA vidí instrukci pro množství akcí v živém tvaru, od transkripčních vztahů, přes funkci stringu jako ramene RNA představující např. instrument sestřihu, přes funkční část proteinu, které string odpovídá. Trifonov se také zabývá lingvistickou, či spíše matematickou analýzou komplexity stringu přirozeného textu a textů genetických. To jej vede k závěrům ve vztahu k agresivním repetitívům v DNA, termostabilitě bází atd., o evoluci genetického kódu, postupném vzniku tripletů či ustavení jejich vztahu k aminokyselinám (viz Popov, O. – Segal, D. M. – Trifonov, 1996, s. 65–66).

Nukleové sekvence pojímá jako jazyk a navrhuje název pro tento jazyk: Gnomic (z řeckého gnome), přičemž ho dále užívá místo termínu nukleové sekvence. Jazyk Gnomic je určen pro komunikaci mezi biologickými makromolekulami. Trifonov píše: „All major processes of gene expression-DNA replication, DNA-to-RNA transcription, RNA-to-protein translation, RNA-to-DNA reverse transcription-involve multiple specific interactions between DNA and proteins, between RNA and proteins, and between proteins and proteins, as well RNA-DNA and RNA-RNA interactions at both inter- and intramolecular levels.“ (viz Trifonov, 1988, s. 508). Pro Trifonova je dle výše citovaného výrazem jakýkoliv string DNA, RNA, proteinu.

Trifonov dále uvádí, že primární nukleové sekvence nesou zároveň mnoho odlišných tříd kódů. Stejná sekvence může být zapojena do mnoha interakcí odlišné povahy (zde odkazuje na překrývání kódů). Stejná sekvence může být zapojena do „(a) DNA-protein interaction, (b) RNA-protein and/ or RNA-RNA interactions following DNA transcription, and (c) the interactions of the translated protein with its substrates or cofactors“ (viz Trifonov, 1988, s. 510). Tímto je zavedena obsahová rovina znaku. Výrazem pro Trifonova je jakýkoliv

string DNA, RNA a proteinu, všechny možné jejich funkce a obsahem je interagující konkrétní string DNA, RNA a proteinu. (Např.: když budeme za výraz pokládat RNA, tak obsahem bude protein.)

Toto pojetí je značně problematické, když se obsah rovná stringu, není to semióza. Uvedené příklady výrazu a obsahu u Trifonova značí s-kódy, které jsem rozebírala v kapitole výše. Trifonovovi tedy chybí obsah, tedy strukturace Umwelту zajišťující pro organismus možnost intencionálního jednání. Obsahová sada se jakožto string nedá jasně vztáhnout k jednání organismu a string bez explikace jeho funkce v organismu jakožto obsah nemůže v popisu sémiózy stát. Nemůžeme tedy tvrdit, že existuje genetický jazyk tak, jak to nastínil Trifonov, lze však říci, že Trifonov předkládá precizní analýzy struktury výrazové sady a srovnává je s analýzami výrazu v přirozených jazycích.

Sungchul Ji

Sungchul Ji pracuje s myšlenkou, že existuje jazyk v buňce. Tento jazyk nazývá Cellese a definuje jej jako „self-organizing system of molecules, some of which encode, act as signs for, or trigger, gene-directed cell processes“ (viz Ji, 1999, s. 411).

O rozporném pojetí u Jiho jsem již napsala výše, nyní jen shrnu jeho nakládání s problematikou výrazu a obsahu. Jako význam (respektive obsah) uvádí, v paralele s jazykovým významem slov a vět, takto: „Semantics: Gene-directed cell processes driven by conformons and intracellular dissipative structures“ (viz Ji, 1999, s. 412). Což znamená, že obsahem je vše, co se děje v buňce – tedy genově řízené metabolické procesy. Výrazem těchto procesů je string DNA, protein, o kterých píše jako o „4 Nucleotides (or 20 amino acids); structural genes (or polypeptides)“ (viz Ji, 1999, s. 412), kde polypeptidy kódují protein.

Jiho pojetí oproti Trifonovovu dokáže sémioticky lépe vystihnout obsahovou sadu, chápe ji jako činnost metabolitů, respektive stringů různé funkce, v celku organismu. Toto pojetí je bližší popisu behaviorální aktivity, než je představa obsahu jako prostého stringu. Problematickým zůstává výše zmiňovaný vztah výrazu a obsahu, který je zajištěn fyzikálními zákony, což je pro založení sémiózy

nedostačující pro nepřítomnost jejích univerzálií, jako je arbitrárnost, dvojí artikulace či lineární charakter znakového procesu.

Anton Markoš

U Antona Markoše dochází v určování výrazu a obsahu k určitému posunu ve srovnání s výše uvedenými představiteli biosémiotiky. Markoš chápe význam jako způsob čtení stringu a z něj vyvozenou reakci organismu ve vnějším prostředí. Markoš vidí v obsahu proměnnou hodnotu nevyplývající jen a pouze z DNA. Pro využití zápisu DNA je třeba živý stav, který v generacích a v životním cyklu organismu sjednává způsoby čtení („architektura buňky je propojena s mezibuněčnou hmotou“ (viz Markoš, 2003, s. 262)). Druh je u Markoše definován nikoliv podobností DNA templátu, ale způsobem, jakým živý tvar tento templát užívá. Tomu odpovídají kvantitativní charakteristiky DNA rozličných druhů, jejichž fenotyp se značně liší, ale genom je shodný z naprosté většiny (cca 99 procent). Fenotyp se tak jeví být závislý na udržované schopnosti živého tvaru interpretovat, užívat či číst dědičnou informaci, je to exekuce jeho instrukce na základě opětovného výkladu této instrukce. Každý nový jedinec získává od svých předků s instrukcí dědičné informace i prostředí jeho čtení – potomci si od svých předků přenášejí živý stav, evolučně se nedá říct, že by se živý stav někdy ocitl v mrtvé fázi, buňky rozšiřují své živé prostředí do svých potomků a toto živé prostředí je interpretační potenciál, druh od druhu proměněný, ale základní pro využití dědičné informace. Protein je chápán, jako slovo: „Ptát bychom se měli spíše po samotném staviteli, pro něhož je genom pouhým slovníkem pro řeč, v níž je recept napsán. Proteiny – „slova“ této řeči – vstupují do složitých syntaktických a sémantických vztahů – buněčných „promluv“. Buňka v tomto pojetí je vlastně zhmotněnou mluvou.“ (viz Markoš, 2003, s. 278).

Výraz je u Markoše podobně jako obsah extenzivnější, nejedná se jako u předchozích představitelů o čisté stringy. Je-li obsahem způsob čtení, výklad informace genomu, je pro Markoše výrazem jakýkoliv interakční faktor, který napomáhá, respektive libovolně se spolupodílí, na docílení funkce v živém tvaru a jeho behaviorální reakce, tedy onoho čtení. Výrazem jsou proto všechny

faktory sestřihu, které u jednotlivých druhů a tělních částí do mRNA přiřazují různé stringy. Výrazem je také chromatinová struktura, na základě jejího stavu je umožněna exprese určitého genu, její inaktivita (negativní poloha/prostorové ustavení) z hlediska této funkce zamezuje objevení se takto funkčního proteinu. Výrazem jsou pak rozhodně také chaperonové funkce proteinů (proteiny byly konatelem i v chromatinovém příkladu), které způsobují to, že se při konformaci proteinu docílí takové jeho struktury, která má požadovanou funkci – z hlediska toho, že konformace proteinu může zaujímat mnohé (spočetně nekonečné) podoby, jsou chaperony určující výrazovou složkou dosažení jejich funkce. Takových příkladů ve svých textech Markoš uvádí více a jasně ukazují, že se autor snaží jak obsahovou tak výrazovou složku formulovat jednoznačně nereduktivně.

10. Další analogie

Pro uvedení Jakobsonových myšlenkových postupů, uvádím zde i další analogie, které již nejsou natolik závažné jako arbitrárnost, fonémovost a linearita v kapitolách výše, avšak poukazují na to, jakým směrem Jakobson uvažoval.

10.1. Analogie tripletovosti a počtu hlásek ve slabice

Analogie, která se zdá být Jakobsonovi nápadná, je také podobnost mezi kořenem slova a tripletem. Píše, že je velmi zvláštní, že ve velkém počtu jazyků je onen „triplet“ kořenem (Grygar, 1969, s. 139). Myslí tím, že se kořen slova skládá v některých jazycích nejčastěji ze tří fonémů. Otázka by měla znít, proč zrovna počet tří bází se stal oním klíčovým momentem pro translaci, potažmo proč je v mnoha jazycích nejčastějším počtem fonémů v kořeni slova tři. Nabízí se odpověď – ekonomičnost, chcete-li praktičnost. S omezeným počtem fonémů v jazyce by byl počet slov s kořenem o jednom fonému příliš nízký, o dvou fonémových kořenech platí to samé, tři a čtyř fonémové kořeny již nabízí vysoký počet variant. Slabika o třech fonémech představuje ekonomickou strukturu obsahující prvek zajišťující zaznění hlasu, podmínku fonace slabiky, a na něj navázané další morfologicky či slovně distinktivní hlásky. To samé by se dalo říci i o počtu bází v tripletu. Počet tří bází v tripletu je ustanoven čistě ekonomizací (počtem dvou bází v kodonu by vznikl malý počet možností jak kódovat aminokyselinu, přesněji řečeno 2^4 možných kombinací, kdyby vznikly kodony o čtyřech bázích, možností by naopak bylo nevyužitelné množství (4^4) kombinací. Opět se dávají do paralely dva odlišné jevy, které vznikly nezávisle na sobě.

10.2. Analogie syntaktického plánu

Dostává se k dalším jazykovým plánům. Syntaktický plán Jakobson přibližuje posluchačstvu jako rozdělení delších celků (textu) na celky podřízené. Tuto hierarchii vytváříme například skrze čárky. Syntax se stává aluzí na fenomén v genetice, kdy je gen ohraničen začátkem a koncem speciálními kodony.

Pokračuje sdělením, že kombinace nízkého počtu jednotek umožňuje sdělení o velké délce a udivující proměnlivosti jazyka. Což je analogií stavu, kdy se dvě osoby nepodobají, jako se nepodobají dvě realizované výpovědi.

10.3. Analogie proměnlivosti

Další analogií se stává tvrzení, že omezený počet prvků umožňuje sdělení o velké délce a proměnlivosti, tudíž žádná reálná promluva nikdy nebude stejná. To je klasický přístup k parole, jakožto k užití jazykového systému s nesystémovými jevy predikce a kontextu promluvy. Také v genetice limitovaný počet prvků ve výsledku vytváří jedince, který je naprosto originální (Grygar, 1969, s. 139). Vlastně je tedy do paralely položena distinkce langue - parole, (rozdíl jazykového systému a jeho užití v konkrétní promluvě, jejíž rysy oproti zákonité skladbě jazykového systému musejí projevoval náhodné rysy), a distinkce genotypu a fenotypu. Jako jazyky jsou v biologii vydělovány druhy a mají, stejně jako národní či přirozené jazyky, své promluvy – jedinečné exempláře v jednotlivých živočiších, kteří ale disponují společnými, avšak individuálně rozrůzněnými znaky ve smyslu biologické klasifikace.

Obdobně také Jakobson tvrdí, že kombinace nízkého počtu jednotek umožňuje sdělení o velké délce a udivující proměnlivosti jazyka. To je analogií stavu, kdy se dvě osoby nepodobají, jako se nepodobají dvě realizované výpovědi.

10.4. Analogie členění výpovědi

Další analogie, která zaujala Jakobsona, se týká členění výpovědi. V jazyce, na syntaktické úrovni, dlouhé jednotky mohou se rozlišovat na jednotky podřazené a nadřazené, a to používáním interpunkce. Dále je tato delší jednotka, čili věta, ohraničená (někde začíná a někde končí). Upozorňuje na to, že i genetik hovoří o interpunkci a poukazuje na ukončenost genetické informace (také někde začíná a někde končí). Své tvrzení dále podporuje argumentem, že existují kodony, které v DNA signalizují začátek a konec. Jsou molekulárními biologií metaforicky nazývány tečky a čárky (viz Jakobson, 1971, s. 680). Linearita, jak se zavedlo výše, se tedy stává analogií verbálního a genetického jazyka a zde je dovedena

do větších detailů. Striktní posloupnost, ať už hlásek ve slově, či relativní (pro češtinu) posloupnost slov ve větě, a na straně druhé, jak píše Jakobson, pořadí bází při čtení nukleové zprávy do peptidického jazyka během translace. Je totiž zásadní, kde se začnou stringy bází číst, jelikož jednotlivé triplety od sebe nejsou nijak odděleny. Dále upozorňuje na to, že se vyskytují speciální signály, které indikují počátek a konec operonů a určují limity mezi cistrony uvnitř operonu (Jakobson, 1971, s. 679).

Nabízí se spíše paralela, jestli by nebylo vhodnější analogizovat spíše prozódii jazyka s pořadím bází při translaci. Jestli přijmu to, že genetický kód, respektive uspořádání bází, vytváří proměnlivost, a proto na světě neexistují dva naprosto totožní jedinci a stejně tak jako neexistují dvě stejné realizované promluvy. Bylo by lepší použít termíny popisující zvukové vlastnosti jazyka. Interpunkce se týká psaného projevu. Suprasegmentální jevy by mohly onu analogii doplnit.

Z hlediska soudržnosti Jakobsonova výkladu na tomto místě vyvstává problém. Kodony jsou charakterizovány jako suprasegmentální prostředky. Ty ale v jazyce z hlediska fonologického popisu charakterizujeme jako fonémové, respektive mající distinktivní funkci, nepředstavující znaky. Jakobson je ve svém výkladu kodony chápe od počátku jako slova, na této jejich znakové identifikaci závisí hierarchická podobnost jazyka a DNA. Je proto na místě explicitně poznamenat, že i na malé ploše výkladu se Jakobsonovy analogie setkávají ve vzájemné nekorespondenci. Pravděpodobně to ukazuje na Jakobsonův postup v hledání analogie jazyka a DNA, kdy se Jakobson oddal všem možným podobnostem, veden terminologií molekulární biologie, nedokázal však při tom udržet bezrozpornost komplexu vlastního výkladu.

10.5. Jazyk jako dědictví

Dalším bodem v této podkapitole, kde se vyskytují zajímavé analogie, se dostávám k jazyku jako dědictví (viz Grygar, 1971, s. 140). Dle Jakobsona dostává jazyk na časové ose funkci odkazu, instrukce z minulosti směřující do budoucnosti. Genetika (resp. molekulární dědičnost) u zvířat je kladena na první místo v hierarchii. U člověka hraje roli jeho schopnost naučit se jazyku (slovní

dědičnost) a označuje jazyk jako vrozený (molekulární dědičnost). V tomto spatřuje vysvětlení stejného architektonického principu. Jazyk byl, podle Jakobsona, modelován na principech molekulární genetiky (viz Grygar, 1969, 130–152).

Tuto tematiku dále rozvíjí Gregory Katz. Ve svém článku vychází i z Jakobsona, shrnuje charakteristiky, které pojí lidské a biochemické jazyky dohromady, a to jsou: *struktura*, kde nejsou jednotlivé jednotky uspořádány náhodně, juxtapozice ukazuje na vztahy mezi jednotkami; *hierarchie*, která se vyznačuje tím, že zde jsou strukturní úrovně ve strukturách samých; *flexibilita* ve smyslu transformačním, je zde možnost vyjádřit stejný význam více způsoby; a *rekurzivita*, tedy že se stejná pravidla mohou objevovat na různých úrovních hierarchie. Věnuje analogiím, které předestřel Jakobson, a to konkrétně korespondencí mezi nukleotidem a písmenem, kodonem a slovem, genem a větou; linearitou ve verbálním i genetickém kódu a interpunkcí. Dále se věnuje evoluci jazyků a genetického kódu. Všímá si podobnosti mezi přirozenými jazyky a genetickým kódem, jelikož to jsou jediné dva systémy vůbec, které vykazují dvojí artikulaci. Předkládá další názory na tuto „společnou“ evoluci a přiklání se k názoru, že existoval protojazyk, jazyk, ze kterého se vyvinuly všechny dnešní přirozené a biochemické jazyky (viz Katz, 2008, s. 57–73).

11. Shrnutí

V diplomové práci jsem se věnovala biosémiotickému konceptu Romana Jakobsona. Po uvedení do historicko-kulturního kontextu doby dvacátého století jsem předestřela základní biologické pojmy, vymezila jsem, co je DNA, nukleové báze, transkripce a translace. DNA (deoxyribonukleová kyselina) je dvoušroubovice a jejími stavebními jednotkami jsou nukleové báze. Tyto báze tvoří kostru DNA tak, že se vážou na základě chemických vlastností po dvojicích, v biologické terminologii se tomuto jevu říká komplementarita bází. Úkolem DNA je nést genetickou informaci nejen pro reprodukci organismů, ale i pro syntézu proteinů. Jedním ze zásadních procesů při proteosyntéze je transkripce. Při transkripci se přepisují nukleové báze z DNA do jednoho ramena RNA (ribonukleová kyselina), následně se tato RNA odpojí a přemístí se. Báze vyskytující se na RNA jsou již čteny adaptorem (transferová RNA) po třech bázích (tripletech) a jsou přisuzovány aminokyselinám. Počet aminokyselin je pouze dvacet jedna a svou sekvencí určují tvar a funkci proteinu. Tento přechod z RNA k proteinu se nazývá translace. Protein vzniká konkrétní konformací aminokyselin, které pomocí polypeptidických vazeb vytváří daný protein.

Rozvoj molekulární genetiky v sedmdesátých letech nachází inspiraci v analogiích s jazykem. Proteosyntéza je nazývána jazykovým jevem a tato metafora podkládá novou terminologii. Genetické texty používají metafory typu: písmeno, překlad, kód, a spousta dalších. Transkripce nám otevřela první analogii mezi genetickou a jazykem, které jsem se v této práci věnovala, a to dvojí artikulace. Celá struktura jazyka a DNA je složena z malého počtu opakujících se jednotek, které svým kombinováním dávají vzniknout velmi vysokému počtu spojení, které představují další hierarchicky ustavené jednotky. Dle Jakobsona jsou jednotkami druhé artikulace báze (v jazyce by to byly hlásky) a jednotkami první artikulace jsou zde myšleny triplety (v jazyce by to byla slova). Tím je Jakobsonem stanovena jazykovost DNA. V dalším článku se však koncept dvojí artikulace zásadně mění. Jakobsonův výklad se přináší přesnější formulace analogičnosti

jazykových plánů a struktury DNA. Tvrdí, že jednotkami druhé artikulace jsou řetězce aminokyselin, jelikož stále nenesou význam a vytváří jednotky první artikulace – protein, který význam nese. Setkáváme se s rozporností Jakobsonového výkladu a tato neucelenost se stává základem této práce.

Jakobson dále nalézá analogii mezi syntaxí jazyka a pořadím bází v DNA, a tvrdí, že právě linearita charakterizuje jazyk i translaci nukleové informace. Postupně tuto myšlenku vyvracím a dospívám k závěru, že pojetí linearity v jazyce je nedostatečné, že je třeba linearitu předefinovat jako korelaci mezi výrazem a obsahem znaku. Této korelace jsme však schopni pouze my, jakožto komunikátoři. Nedostačující pojetí linearity a neopatrné smýšlením o analogiích mezi jazykem a DNA způsobilo to, že Jakobson, dle mého názoru, pracoval s linearitou takto: hlásky se odehrávají za sebou v čase a prostoru stejně jako báze se za sebou řadí v DNA. Když tedy vyvrátíme linearitu jakožto souslednost hlásek a ustanovíme, že znak je vydělován na základě ostatních znaků, analogie Jakobsona se stává nesmyslnou a dospíváme k závěru, že linearita na úrovni DNA nemůže fungovat, jelikož se zde nevyskytuje komunikátor, který by spojil výraz s obsahem. Jakobson zaměnil linearitu se sekvencí bází či aminokyselin. Tato sekvence aminokyselin dává vzniknout určitému tvaru a funkci proteinu. Jak linearita u jazyka tak sekvencialitu v DNA se však vyrovnávají se stejným problémem a to, že konstruují z dvourozměrného mnohorozměrné. Zde však naše analogie končí. Proto je třeba rozlišovat mezi linearitou a sekvencialitou, jelikož se jedná o dvě odlišné části reality, které popisujeme. Linearita spadá do oblasti jazykového systému a sekvencialita je v tomto případě doménou DNA.

V další části se věnuji jedné ze základních vlastností znaku, a to arbitrárnosti. Zajímavé je, že se Jakobson arbitrárnosti věnuje pouze okrajově. Tuto paralelu je však záhodno rozebrat více, proto zavádím arbitrárnost jako nemotivovanost výrazu a obsahu, a snažím se zjistit, kde se arbitrárnost nachází v DNA. Nalézám jedinou možnou situaci, kdy výraz není motivován obsahem, a to proces translace RNA.

V translaci nastává situace, kdy je spojeno něco s něčím a navzájem to není motivováno: během translace se odehrávají dva nezávislé procesy a je potřeba speciálních molekul, které zajistí spojení mezi triplety a aminokyselinami. Tyto molekuly jsou nazývány adaptory, tRNA. Právě zde vzniká organický kód, dvě strukturou odlišné entity. A tento adaptorový princip se mi jeví jako arbitrární stejně tak, jako to shledávám u hlásek a slov.

Dále se věnuji analogii bází a fonémů. Vztahy mezi fonémy (binární opozice) byly Jakobsonem analogizovány s komplementaritou bází. To znamená, že se s adeninem váže pouze s thymin, s cytosinem pouze guanin, a navzájem vytvářejí binární opozice. Jakobson tedy nastavil rovnítko mezi chemickou vazností bází a binárními opozicemi konsonantů v jazyce. Pokud by tomu byla pravda, můžeme vyvozovat, že po instalaci nukleových bází do komutačního testu se bude měnit význam (stejně tak, jako se v jazykovém komutačním testu mění význam, uváděla jsem příklad, kdy záměnou fonémů t, d se změní význam (ten vs. den)). Když do testu nainstalujeme triplet (jakožto foném) a zamění se jeho část (nukleová báze), změní se tedy ta informace, která říká, jaká aminokyselina se má navázat. Tím se dá vyvozovat, že Jakobson by určil za význam aminokyselinu (triplet AAC značí aminokyselinu Asparagin, triplet AAA však aminokyselinu Lysin). Zde, jak jsem již uvedla výše, se Jakobson dopustil další příliš nadšené paralely mezi jazykem a DNA. Jakobson propojil analogie, které spolu nemají nic společného. Vysvětlení spočívá v komplementaritě bází, ta má zajistit fyzikální stabilitu DNA a toto je zaručeno protilehlostí bází – komplementaritou. Distinktivní funkci bych hledala na rovině veškerých trojkombinací tripletů, které jsou přisuzovány aminokyselinám a ty určují charakter proteinu. Tyto triplety se již nacházejí na již „rozpleteném“ rameni DNA, potažmo RNA. Trojkombinace by se mohly nazývat „genetickými fonémy“, jelikož když se změní velký počet aminokyselin, které jsou těmito trojkombinacemi vybírány, změní i funkce a tvar proteinu. Tím jsem vyvrátila Jakobsonův výrok o tripletu jako slovu a určila, co by mohlo odpovídat distinktivní vlastnosti fonému. Protein se tak stává hledaným významem, má jako jediný určitou úlohu v organismu.

Také se věnuji s-kódům, které do analogie jazyka a genetiky vnesl Jakobson skrze Morseovu abecedu. V této problematice dospívám k tomu, že s-kód jakožto systém, který přenáší jednu obsahovou sadu do druhé, aniž by se změnil výraz, se zde vyskytuje částečně jako transkripce. V transkripci se přepisují řetězce bází v DNA do řetězců bází v RNA, stejně tak jako se abeceda přepisuje do Morseovy abecedy, ale zpětný proces v transkripci nenastává. Nic dalšího jako Morseova abeceda se již v buňce neděje, jelikož reversibilita a invertibilita, jakožto zásadní vlastnosti s-kódů/ Morseové abecedy, v buňce není fyzicky možná.

Tématem pro doplnění kontextu konceptů výrazu a obsahu, uvádím různá pojetí biosémiotiků. Marcello Barbieri zastává názor, že výrazem je DNA nebo RNA a obsahem se pro něj stává řetězec RNA či proteinu. Edward Trifonov shledává za výraz i obsah veškeré RNA, DNA či proteiny. Jeho pojetí je značně problematické, jelikož považuje obsah a výraz za řetězec DNA. Trifonovem uvedené příklady obsahu a výrazu považuji za s-kódy a proto jeho pojetí nepovažuji za sémiózu. Sungchul Ji pracuje s myšlenkou jazyka v buňce (Cellesse). Ji přirovnává písmeno ke čtyřem nukleotidům, lexikon slov je paralelizován s geny, gramatika je Jiim analogizována k zákonům chemie. Právě tato chemie se stává problematickou, jelikož fyzikální struktury nemohou být bez arbitrárnosti a linearity považovány za znaky. Ve výsledku ale Ji za výraz pokládá řetězec DNA nebo protein a obsahem se u Jiho myslí genově řízené procesy. Anton Markoš, český biosémiotik, zastává názor, že výrazem je string DNA a stav živého organismu, a věnuje se tematice čtení a interpretace zápisu v DNA. Obsahem je analogicky behaviorální reakce organismu, až projevení funkce proteinu v chování daného organismu.

V poslední kapitole se věnuji dalším analogiím, které Jakobson nastínil v rámci rozhovoru a v knize *Selected Writings II*. Týká se to analogie tripletovosti a kořene slova, kdy Jakobson přirovnal počet tří bází v tripletu s nejčastějším tří-fonémovým kořenem. Tuto paralelu vyvracím, jelikož počet tří bází v tripletu je ustanoven čistě ekonomizací (počtem dvou bází v kodonu by vznikl malý počet možností, kdyby vznikly kodony o čtyřech bázích, možností by naopak bylo nevyužitelné množství). Analogie syntaktického plánu jazyka a ohraničení genu se

týká kodonů, které v genu značí počátek a konec a týká se také používání čárek a teček ve větě. Věnuje se také paralelám v distinkci langue/ parole a genotyp/ fenotyp. Poukazuje rozdíl jazykového systému a jeho užití v konkrétní promluvě a druhy (živočichů), které se vykytují jako jedinečné exempláře v jednotlivých živočiších. Snaží se nacházet podobnosti ve členění výpovědi a genu, kdy paralelizuje dvě soby, které se nepodobají, jako se nepodobají ani dvě realizované promluvy. A nastiňuje problematiku jazyka modelovaného na principech molekulární genetiky.

Literatura

Primární:

JACOB, F., JAKOBSON, R., LÉVI-STRAUSS, C., L'HÉRITIER, P. (1969/1967):
Žít a mluvit. In: Grygar, M. (1969): Pařížské rozhovory o strukturalismu.
Praha: Svoboda, s. 130–152. (záznam diskuze)

JAKOBSON, R. (1971): *Selected Writings, Volume 2: Word and Language*;
Mouton: The Hague, s. 289-687.

Sekundární:

- 1) ALBERTS, B. et al. (2005): *Základy buněčné biologie*. Praha: Espero Publishing, s. 130–231. 80-902-9062-0.
- 2) BARBIERI, M. (2005): *Life is artifact-making*. *Journal of Biosemiotics*, Vol 1, s. 107–134.
- 3) BARBIERI, M. (2008): *Life is Semiosis. The biosemiotic view of Nature*. *Cosmos and History. The Journal of Natural and Social Philosophy*, Vol 4, No 1–2.
- 4) BARBIERI, M. (2006): *Organické kódy: úvod do sémantické biologie*. Vyd. 1. Praha: Academia, s. 82. 80-200-1403-9.
- 5) BARBIERI, M.: *Life is Semiosis, Cosmos and History: The Journal of Natural and Social Philosophy*, Vol 4, No 1-2, 2008.)
- 6) CRICK, F. (1962): *The Genetic Code*, s. 5.
- 7) ČERNÝ, J. (1996): *Dějiny lingvistiky*. 1. vyd. Olomouc: Votobia, s. 142. ISBN 80-858-8596-4.
- 8) DANEŠ, F. (2002): *Xenismy v současné češtině*. In: Hladká, Z. – Karlík, P. (eds.): *Čeština – univerzália a specifika*, 4. Praha: Nakladatelství Lidové noviny, s. 29–35.)
- 9) ECO, U. (c2000): *Mysl a smysl: sémiotický pohled na svět*. Překlad Jiří Fiala. Břeclav: Moraviapress, s. 9–183. ISBN 80-861-8136-7.

- 10) ECO, U. (2004): *Teorie sémiotiky*. Praha: Argo, s. 49–54. 80-854-2999-3.
- 11) HJELMSLEV, L. (1972): *O základech teorie jazyka*. Vyd. 1. Překlad František Čermák. Praha: Academia. 154 s.
- 12) HAVRÁNEK, B – WEINGART, M. (eds): *Spisovná čeština a jazyková kultura*. Praha, 1932
- 13) JAKOBSON, R.: *Hledání povahy řeči*. In: Markoš, A. (2010): *Jazyková metafora života*. Červený Kostelec: Pavel Mervart, s. 143–158.
- 14) JAKOBSON, R. (1971): *Selected Writings, Volume 2: Word and Language*; Mouton: The Hague, s. 289–333.
- 15) JAKOBSON, R. (1962): *Selected Writings, Volume 1: Phonological Studies*; Mouton: The Hague.
- 16) JAKOBSON, R. (1995): *Poetická funkce*. Jinočany: H&H.
- 17) JI, S. (1999): *The Linguistics of DNA: Words, Sentences, Grammar, Phonetics, and Semantics. Molecular Strategies in Biological Evolution. Annals of the New York Academy of Science, Volume 870, May 18, s. 411–417.*
- 18) KATZ, G. (2008): *The Hypothesis of a Genetic Protolanguage: an Epistemological Investigation*. Biosemiotics, 1, s. 57–73.
- 19) KOŘÍNEK, M., J. (1934): *Studie z oblasti onomatopoeie*. Praha: UK.
- 20) KRČMOVÁ, M. (1984): *Fonetika a fonologie českého jazyka*. 1. vyd. Praha: Státní pedagogické nakladatelství, s. 45.
- 21) MARKOŠ, A. (2003): *Tajemství hladiny: hermeneutika živého*. Vyd. 2. Praha: Dokořán, 350 p. 2ISBN 80-865-6967-5.
- 22) MARTINET, A. (1960): *Éléments de linguistique générale*, Paris: Armand Colin.
- 23) MATHESIUS V. (1947): *O tak zvaném aktuálním členění větném, Čeština a obecný jazykozpyt*, s. 234–242.
- 24) NÖTH, W. (1995): *Handbook of semiotics*. Bloomington: Indiana University Press. s. 74–76.
- 25) PALKOVÁ, Z. (1994): *Fonetika a fonologie češtiny s obecným úvodem do problematiky oboru*. 1. vyd. Praha: Univerzita Karlova, vyd. Karolinum, s. 118. ISBN 80-706-6843-1.

- 26) POPOV, O. – SEGAL, D. M. – TRIFONOV, E. N. (1996): *Linguistic complexity of protein sequences as compared to texts of human languages*. Biosystems. Volume 38, Issue 1, s. 65–74.
- 27) RAIBLE, W. (2001): *Linguistics and Genetics: Systematic parallels*. In: Haspelmath, M. – KÖNIG, E. – OESTERREICHER, W. – RAIBLE, W. (eds): *Language Typology and Language Universals. An International Handbook*. Berlin – New York: Walter de Gruyter. s. 103–123.
- 28) SAUSSURE, F. de, RIEDLINGER A. a DE MAURO T. (1996): *Kurs obecné lingvistiky*. Vyd. 2. Editor Albert Sechehaye, Charles Bally. Překlad František Čermák. Praha: Academia, s. 100. ISBN 80-200-0560-9.
- 29) TRIFONOV, E., N. (1988): *Codes of Nukleotide Sequences*. Mathematical Biosciences. Volume 90, Issues 1–2. s. 507–517.
- 30) VACHEK, J. (1999): *Prolegomena k dějinám pražské školy jazykovědné*. Jihlava, s. 49–52.
- 31) VACHEK, J. (1970): *U základů pražské jazykovědné školy*. Praha: Academia.

Anotace

Příjmení a jméno autora: Bajerová Kristýna

Název katedry a fakulty: Katedra bohemistiky, Filozofická fakulta

Název diplomové práce: Sémiotické koncepty v gramatikách DNA

Počet stran a znaků: 48 stran, 72 349 znaků

Počet příloh: 0

Počet titulů použité literatury: 33

Klíčová slova: biosémiotika, Jakobson, báze, triplet, znak, výraz, obsah, arbitrárnost, linearita, foném

Stručná charakteristika diplomové práce: V práci jsou představeny analogie jazykových jednotek a struktury DNA (analogie arbitrárnosti, linearity, fonémovosti ad.), které Jakobson představil v rozhovoru a v článku reflektujícího vztah lingvistiky a ostatních věd. Postupně jsou analogie rozebrány v kontextu biosémiotiky, je poukazováno na jejich neudržitelnost a je posuzována jejich validita směrem z lingvistiky (sémiotiky) do molekulární biologie.

Summary

The thesis presents the analogy of language units and the structure of DNA, which were introduced by Jakobson in a television interview and an article which is reflecting the relationship of linguistics and other sciences (analogy of arbitrariness, linearity, phonemes between linguistic and genetic systems). Analogies are discussed step by step in the context of biosemiotics, their unsustainability is pointed out and their validity is assessed in the direction of linguistics (semiotics) to molecular biology.