

## Analýza starobylé DNA

Starobylou DNA (ancient DNA, paleoDNA, aDNA) nelze jednoznačně definovat, zvláště problematická je tato otázka v případě aDNA člověka. Podle volné definice jde o deoxyribonukleovou kyselinu z historicky zajímavých pozůstatků rostliny, zvířete nebo člověka, ve které se předpokládají rozkladné změny vlivem času. Pochází z biologických vzorků vyskytujících se v archeologických vykopávkách, mumiích, muzejních exponátech, trvale zmrzlé půdě – permafrostu – nebo věčném ledu. Pokud byly tyto vzorky v minulosti archivovány, tak nikoli za účelem genetické analýzy, protože v té době nebyl význam DNA jako nositelky dědičnosti doceňován. Možnost analyzovat aDNA otevřívá již po 25 let archeologii nové přístupy, jako je molekulární archeologie a molekulární antropologie.

Abychom si ozřejmili současné možnosti analýzy aDNA, připomeňme si nejprve stručně chemickou strukturu DNA, která kóduje a buňkám zadává jejich životní program a tím předurčuje vývoj a vlastnosti organismu. Chemicky je to makromolekula tvořená dvěma řetězci, kde se v různých kombinacích vyskytují čtyři nukleotidy: purinový adenin (A) a guanin (G) a pyrimidinový thymín (T) a cytozin (C). Ve specifickém pořadí nukleotidů je zakódována dědičná informace. Stabilita DNA je vyšší než v případě proteinů nebo tuků a díky tomu analýza aDNA z historických nalezišť již umožnila:

- ověřit hypotézy o makroevoluci a mikroevoluci rostlin (Burger 2000), hub (Hibbett 1997), živočichů (např. Cai 2009) i člověka (např. Behar 2008) na genetické úrovni;
- řešit otázky původu domácích zvířat (Bollongino 2008);
- sledovat prehistorické migrace obyvatel způsobené klimatickými i kulturně-historickými faktory (např. Keinan 2008);
- nahlédnout do organizace lidské společnosti v dávné minulosti (např. Ayala 1995);

- zhodnotit složení lidské stravy v dávné minulosti pomocí analýzy paleostolice (Poinar a kol. 2001);
- sledovat systém pohřbívání v dávné minulosti určením pohlaví, identifikací jednotlivých osob, popřípadě určením příbuzenských vztahů (např. Albrecht 2004);
- zjistit choroby u vymřelých populací (např. Bianucci 2008).

Výčet analýz aDNA je dlouhý, proto připojujeme jen některé ukázky dokončených zkoumání, které mohou přinést obraz o šíři hypotéz testovaných pomocí aDNA (viz tab. 1 na str. 4).

### Co se na aDNA vyšetřuje?

Variabilita v pořadí nukleotidů v DNA (polymorfismy) mezi rostlinnými a živočišnými druhy a jedinci uvnitř jednotlivých druhů umožňuje určit druh, zařadit ho do fylogenetického stromu a jednoznačně identifikovat každé individuum. Podívejme se, kde se v DNA nacházejí polymorfni oblasti.

Genom člověka je tvořen veškerým genetickým materiálem chromozomů ulo-

žených v jádře buňky. Jaderná DNA se vyskytuje v každé nepohlavní buňce ve dvou sadách chromozomů (jedna sada je zděděna po matce, druhá po otci). Každý gen tak může mít u jednoho člověka dvakrát stejnou formu – alelu (osoba je homozygotní pro daný lokus) anebo dvě rozdílné alely (osoba je heterozygotní pro daný lokus). Vlastní genom mají ale také mitochondrie, jež se nacházejí mimo jádro v cytoplazmě buňky. Mitochondriální (mt)DNA je v každé mitochondrii v mnoha kopiích, ale dědí se pouze po mateřské linii. Navíc má kružnicovou formu a chybějí jí některé mechanismy k opravě DNA.

Polymorfismy můžeme rozdělit na sekvenční a délkové. Sekvenční polymorfismus představuje záměna jednotlivých nukleotidů (SNP – Single Nucleotide Polymorphism, bodový polymorfismus). Délkový polymorfismus vzniká při inzerci nebo deleci jednoho nebo více nukleotidů nebo jde o rozdíl v počtu tandemových opakování nukleotidové sekvence – jednotky repetice – za sebou (VNTR – Variable Number of Tandem Repeats). Jediným v současné době používaným délkovým polymorfismem jsou mikrosatelity (STR – Short Tandem Repeats, krátké tandemové repetice o jednotce dvou až 6 bází), které mají vysokou informativní hodnotu a technika je dostatečně validována díky použití ve forenzních laboratořích. Volbu vyšetřovaného polymorfismu ale ovlivňují také další faktory, např. kolik polymorfismů můžeme vyšetřit současně, jak dlouhý úsek DNA musí být neporušený, abychom byli schopni analýzu provést apod.

### Jak se aDNA vyšetřuje?

Proces analýzy historické aDNA je podobný jako u novodobé DNA. Nejprve se vzorek zbaví povrchové kontaminující novodobé DNA, aDNA se ze vzorku uvolní a oddělí od bílkovin, cukrů, tuků, metabolitů a nečistot, potom se analýzy polymorfismů. Základem většiny genotypizačních metod je molekulární „kopírka“ zvaná polymerázová řetězová reakce (PCR, Polymerase Chain Reaction). PCR umožňuje namnožení určitého úseku DNA *in vitro* cyklickým opakováním tří kroků: denaturace (rozrušení vodíkových vazeb spojujících oba nukleotidové řetězce a vytvoření jednovláknové DNA), nasedání primerů (startérů amplifikace) na specifická místa DNA a prodloužení primerů enzymem polymerázou (princip reakce najdete např. na <http://www.maxanim.com/genetics/PCR/PCR.htm>; viz také Živa 2007, 4: 184–185).

Délkové polymorfismy se nejčastěji rozlišují pomocí různé pohyblivosti fragmentů DNA o rozdílné délce v elektrickém poli při kapilární elektroforéze (výsledkem je zjištěný počet variantního opakování repe-



1

**Tab. 1:** Příklady výsledků dosavadních analýz starobylé DNA (aDNA). Mitochondriální DNA (mtDNA), nerekombinující část chromozomu Y (Y-DNA – dědí se výhradně po paternální linii, tedy z otce na syna), autozomální DNA (jaderná DNA mimo pohlavní chromozomy)

Případ	Testováno	Výsledek
Mikrobi	Celý genom	Zjištěno zastoupení mikrobiálních populací ve 1 300 let starých lidských paleofekálních vzorcích z Mexika; v permafrostu byly objeveny spory s neporušenou DNA, naznačující možnost oživení paleomikrobů.
Rostliny	mtDNA	Nejstarší dochovaná eukaryotní DNA patří rostlinám (a hmyzu) z Grónska, starým 400 tisíc let; byla úspěšně vypěstována palma datlovník pravý ( <i>Phoenix dactylifera</i> ) z Mrtvého moře stará tisíce let.
Zvířata	mtDNA	Počátek výzkumu aDNA: potvrzena přítomnost aDNA ve 150 let starém vysušeném svalu kvagy ( <i>Equus quagga</i> ) – vyhynulého druhu zebry; analyzovatelná DNA byla nalezena ve středověkém vzorku exoskeletu pilouse černého ( <i>Sitophilus granarius</i> ); z populačně genetického hlediska měl tukotuko <i>Ctenomys sociabilis</i> již vyhynout, protože diverzita v jeho populaci je nepatrná. Tito hlodavci však ve zdraví přežívají po tisíce let díky složité struktuře sociálního chování; podařilo se přečíst 30 milionů bází, tj. 1 % mamutiho genomu; analýza aDNA pomohla rozluštit populační dynamiku bizonů ( <i>Bison bison</i> ) v Severní Americe za posledních 130 tisíc let, zahrnující historii jejich migrace, kolonizaci a zánik (bizoni migrovali do Severní Ameriky z Asie přes Beringovu úžinu před asi 136 tisíci lety).
Neandertálci	mtDNA	U kromaňonců z italských jeskyní byla nalezena shoda s profilem mtDNA moderních lidí bez stopy neandertálské DNA, takže se nejspíš neandertálci s předky moderních lidí nekřížili. U pěti neandertálců byla zjištěna sekvence kompletní mtDNA.
Lidská příjmení	Y-DNA	Potvrzena ústní tradice, že většina Kohnů/Cohenů/Koganů/Rapaportů jsou Cohenimové pocházející z jediného praotce, možná Mojžíšova bratra Árona. Bryan Sykes (2000) vyloučil ve svém rodu 1,3 % právoplatných otců z biologického otcovství, což koriguje směrem dolů některé nadsazené odhady nonpaternit v laické literatuře.
Lidské kmeny a izolované populace	Y-DNA, autozomální DNA, mtDNA	Úspěšná haplotypizace vůdce vyhynulého kmene Beothuků Nonosabasuta (měl haploskupinu Q); zjištěna společenská struktura dánské vesnice Tírup; nové (aDNA) důkazy pro seldžuckou hypotézu původu Gagauzů – turecky mluvících Bulharů; potvrzeno, že Baskové nebyli v historii tak izolovanou populací, za jakou se jejich extrémní nacionalisté považují; potvrzeno, že africký černošský kmen Lemba má arabské kořeny; kořeny melungů prokázány v Evropě a subsaharské oblasti Afriky; křížáci po sobě zanechali genetické dědictví v Libanonu, jak se dalo očekávat z dobovatelského chování; byly vystopovány genetické znaky Féničanů ve Středozeří; Etruskové pocházejí nejspíše z východní části Středozeří; ženy na Islandu mají nejspíše galský původ, zatímco muži skandinávský.
Znamé osobnosti	Y-DNA, autozomální DNA, mtDNA	Získány z DNA důkazy ve prospěch hypotézy otcovství třetího amerického prezidenta Thomase Jeffersona u posledního dítěte otrokyně Sally Hamings; vyvráceno, že by pozůstatky nalezené ve sloupu u oltáře patřily Estrid, údajné matce posledního vikingského krále Svena II. Estridsena; potvrzena důslednost komunistů při brutálním vyvraždění dynastie Romanovců v r. 1918; identifikovány pozůstatky Marie Antoinetty a Ludvíka XVI.; identifikovány pozůstatky německého nacistického lékaře – anděla smrti Josefa Mengeleho; identifikovány ostatky básníka Francesca Petrarce (DNA z žebra poraněného od kopnutí oslem); určen syrský, možná řecký původ kostí připisovaných svatému Lukášovi; nalezen vikingský mtDNA haplotyp I u Dánů z doby železné; haplotyp muže v Cheddaru (9 000 let staré pozůstatky) se shodoval s haplotypem místního žijícího učitele; u kosterních pozůstatků ledového muže Ötziho z 3 000 let př. n. l. byla zjištěna haploskupina K; profilováním sibiřské Ledové panny se zjistilo, že kočovníci kmene Pazyryk (5. stol. př. n. l.) jsou předkové dnešních obyvatel Altaje; v současné době nosí asi 16 milionů mužů chromozom Y po Čingischánovi; potvrzeno bratrství mezi dvěma ze 6 osob v hrobu z bavorského Ergoldingu pozdního merowigského období; nepotvrzena autenticita lebky svaté Birgitty a její dcery Katariny ve švédské Vadsteně.

tic). Data o polymorfismech se zasazují do fylogenetického rámce pomocí nástrojů bioinformatiky.

### Jsou nějaká přirozená omezení?

Nepřítelem analýzy starobylé DNA je degradace DNA, kontaminace cizorodou DNA a přítomnost inhibitorů molekulárně-genetických metod.

#### ● Degradace DNA

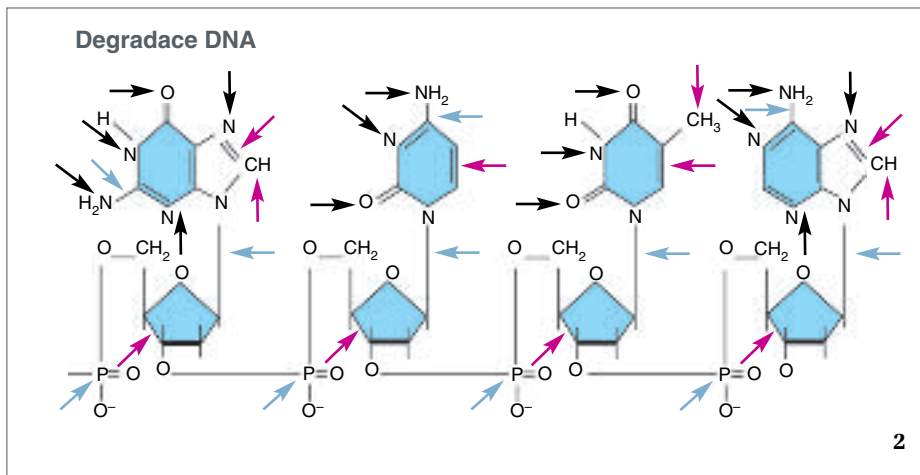
Zdrojem aDNA může být jakýkoli biologický vzorek (kost, zub, vlas, chlup, nehet, stolice, snad i zadřená kůže na historických předmětech). Je však souhrou šťastných okolností, pokud se aDNA nachází v analyzovatelném stavu.

Kromě spontánní degradace je DNA substrátem enzymů bakterií a plísní a podléhá i fyzikálnímu poškození. Enzymatickou degradaci DNA způsobují nukleázy, které štěpí nukleové kyseliny buď od konce (exo-

nukleázy, nebo také DNázy) nebo uvnitř sekvence (endonukleázy, např. restriktázy). DNA se rozkládá také při vyšší teplotě, kdy dochází k denaturaci, zániku vodíkových můstků (nejdřív se rozpojí dvojná vazba A–T, pak trojná C–G) a k narušení sendvičového uspořádání bází. Molekula tak postupně ztrácí svůj přirozený tvar. Ultrafialové záření poškozuje DNA tvorbou kyslíkových radikálů (oxidativní poškození) a fotoadických produktů. Fotoadice nastává především u sousedících pyrimidinů (zejména thyminů) a vzniklé dimery mají za následek zlomy nebo bodové mutace DNA.

Množství DNA očekávané z 1 g starobylého kostního materiálu dosahuje jen 1 ng, což je o několik řádů méně než v případě čerstvých vzorků. Jak se degradace projeví v průběhu analýzy? Podle toho, jakou metodu použijeme. Při měření množství DNA pomocí několika kvantitativních PCR o různě

dlouhé délce množené sekvence lze pozorovat zdánlivě více DNA, pokud se měří na kratších sekvencích. Při analýze křivky tání se nekontrolovatelně posune teplota tání a změní tvar křivky. Při analýze mikrosatelitů se na elektroforetickém chromatogramu (elektroforeogramu, elektroferogramu) objeví typický pokles výšky signálu se vzrůstající délkou amplikonu. Vysušení pozůstatků (mumifikací, popř. suchým proudícím vzduchem), konstantní nízká teplota (permafrost, ledovce), mírné zásadité pH, snížená aktivita mikroorganismů a vhodná ochrana vzorků před působením nepříznivých fyzikálních a chemických vlivů v období mezi vykopáním archeologického vzorku a spuštěním genetické analýzy zvyšuje pravděpodobnost úspěšné analýzy starobylé DNA. Při odhadu, zda je kostní materiál vhodný k analýze aDNA, sledujeme celkový stav tělesných



pozůstatků (neporušený povrch), stupeň mikrobiální a plísňové degradace (odhadujeme podle velikosti póru v kostech, nadějně jsou póry do průměru 50 μm), hloubku uložení v zemi, druh, pH a vlhkost okolní zeminy a v neposlední řadě také teplotu zeminy a její změny v delším časovém intervalu. Všechna tato pozorování nám však poskytnou pouze orientační údaje, rozhodující je kvalitativní a kvantitativní zhodnocení aDNA získané ze vzorku.

Přestože se paleogenetici snažili nalézt pomocný fyzikální nebo molekulární marker, který by ocenil kvalitu aDNA před samotným vyšetřením (měření racemizace aminokyselin, degradace tuků apod.), ukazuje se, že variabilita jednotlivých archeologických nalezišť je pro nalezení obecné zákonitosti příliš velká. Většinou má smysl pouštět se do analýzy zubů a kostí se zachovalou hutnou zevní částí – kompaktní, ale někdy může přinést zajímavé výsledky i analýza zmrzlých vlasů (Rasmussen 2010) a jiné zdánlivě beznadějně vzorky. Pokud se vzorek jeví jako vhodný k analýze, provede se izolace DNA a její kvantifikace.

● **Kontaminace – znehodnocení vzorku**

Kontaminací se rozumí jakýkoli nechtěný přenos DNA do vzorku – u starobylé DNA jde především o přenos moderní DNA do vzorku s aDNA. Mnohé počáteční publikace o úspěšné analýze aDNA (např. Cano 1993, DeSalle 1992) musely být později opraveny, protože šlo o falešný nálezný zdroj kontaminace patří např.:

- kontaminace novodobou DNA na povrchu vzorku (např. kosti, zubu) způsobená nevhodnou prvotní manipulací s vykopávkou
- přenos DNA mezi vzorky během práce v laboratoři
- kontaminované reagenty a nástroje použité během extrakce DNA a následné amplifikace
- kontaminace namnoženým úsekem DNA (amplikonem) z předchozí reakce PCR.

● **Přítomnost inhibitorů PCR**

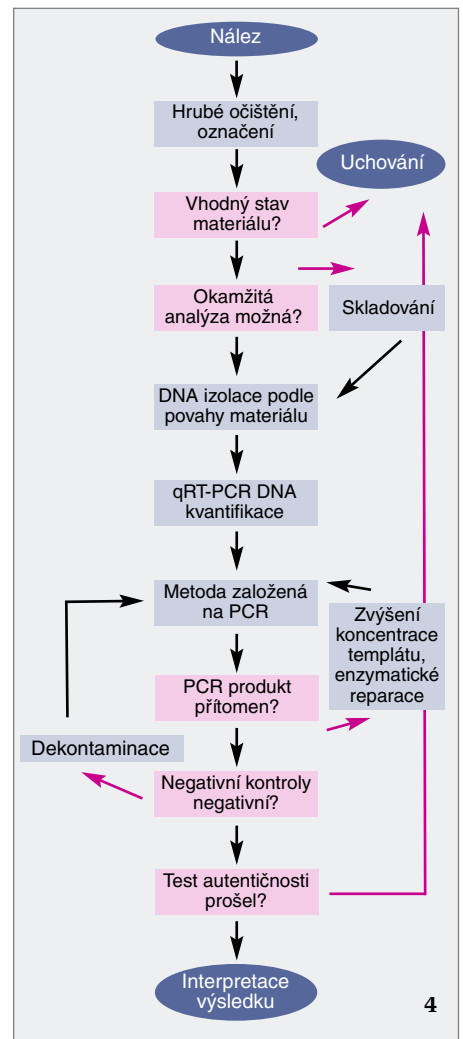
Inhibitory PCR jsou chemické látky, které snižují účinnost reakce nebo ji úplně znemožňují. Vyskytují se ve vzorku samotném (vápenaté ionty, kolagen, fosfát v kosti) nebo do něj pronikají z okolního prostředí (humínové kyseliny, polysacharidy, těžké kovy, fenolické látky). Některé inhibitory PCR lze odstranit extrakčně-purifikačními technikami (např. agaróza s nízkou teplotou tání, promývání v hydroxidu sodném),



jiné analýzy ukončí. Mezi inhibitory PCR patří i Maillardovy produkty (sloučeniny vzniklé reakcí aminokyselin s cukry, způsobující hnědnutí cukru podobné karamelizaci), které působí i jako mezimolekulární zábrany amplifikace DNA.

**Jak lze toto omezení překonat?**

Analýza aDNA je náročná forma molekulární genetické analýzy. Je vhodné se do ní pouštět až tehdy, pokud má laboratoř zavedeny základní molekulárně-genetické techniky (izolace DNA z kostí a zubů, PCR, elektroforéza) a zároveň má dostatečné prostory, umožňující oddělení jednotlivých kroků analýzy a prostorové ohraničení od míst, kde se pracuje s novodobou DNA. Vyplatí se přijmout a přesně dodržovat přísná pravidla, převzatá a mírně upravená z forenzních (kriminalistických) laboratoří. Důležité je si uvědomit, že už v prvních úkonech na archeologickém nalezišti mohou být způsobeny neodstranitelné chyby. Přes dodržení veškerých pravidel pořád hrozí nebezpečí, že se ve vzorku nenaleznou žádná aDNA nebo dojde ke kontaminaci novodobou DNA. Proto je potřeba autentičnost výsledku potvrdit. Zjednodušeně se dá říct, že musí být splněny nejméně dvě z následujících podmínek – fylogenetický nebo příbuzenský smysl, stav DNA odpovídající stáří vzorku (převaha krátkých fragmentů), reprodukovatelnost výsledků v rámci laboratoře a mezi laboratořemi, výskyt odpovídajících zvířecích kostí na nalezišti, potvrzení výsledku sekvenováním po klonování. Po-



2 Spontánní degradace DNA řetězce. DNA podléhá degradačním procesům, jako je hydrolýza, oxidace, neenzymatická metylace, tvorba mezimolekulárních křížových vazeb (Maillardovy produkty), působení volných kyslíkových radikálů, vyšší teploty a UV záření. Místa modifikovaná oxidativními (červené šipky), hydrolytickými (modré šipky) a metylačními (černé šipky) procesy, které mohou vést k jednořetězcovým zlomům, dvouřetězcovým zlomům, odstranění bází z řetězce (depurinace a depyrimidinace), deaminaci (odstranění aminoskupiny) nebo metylační (GC-AT) změně genetické informace nebo blokování posunu polymerázy po řetězci DNA během polymerázové řetězové reakce (PCR).

3 Veškeré kroky při analýze starobylé DNA je třeba provádět za přísných protikontaminačních podmínek. Místnost pro izolaci DNA z kosterního materiálu musí být oddělena od ostatních laboratorních prostor, kde se pracuje s novodobou DNA. Obr. z archivu redakce

4 Jedno ze schémat práce s aDNA. Znázorněny jsou vstupní a výstupní body (ovály), procesy (obdélníky) a rozhodovací body (červené obdélníky). Černé šipky znamenají postup při splnění podmínky, červené alternativní postup.

**Orig. autoři článku**

kud se potvrzuje výsledek celogenomové analýzy, je možné použít i další nástroje bioinformatiky, jako je např. identifikace ortologních sekvencí (které jsou výsledkem speciace na rozdíl od paralogních, které vznikají duplikací ancestrálního genu).

### Současné výsledky práce našich laboratoří a jaký může být další vývoj

Jak již bylo výše naznačeno, výzkum starobylé DNA nepatří mezi levné a jednoduché techniky se zaručeným výsledkem. Vyžaduje odbornou erudici, potřebné vybavení, zkušenosti a časové možnosti. Pro analýzu příbuznosti prvního stupně (rodič – dítě, sourozenci), druhého (např. strýc – neteř) a třetího (např. bratrančí 1. stupně) jsou dnes již komerčně dostupné soupravy pro PCR určené k profilování autozomálních mikrosatelitů s maximálně zkrácenou délkou amplifikovaného úseku (Drábek 2004), stejně jako upravené postupy pro extrakci DNA.

Z České republiky zde můžeme uvést zajímavé výsledky kolegů z Ústavu živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v. v. i., v Liběchově, kteří společně s kolegy z Polska a Velké Británie vyšetřili DNA izolovanou z muzejních preparátů a z čerstvých vzorků rekonstruovali historii postglaciálního šíření norníka rudého (*Myodes glareolus*, Wójcik a kol. 2010). Na katedře parazitologie Přírodovědecké fakulty UK v Praze zase uspěli s izolací DNA mikrosporidií na archivovaných sklíčkách barvených Giemso (Hyliš 2005) a v archeogenetické laboratoři společnosti Forenzní DNA servis analýzou historické DNA z kostí z hrobu ze 7. stol. v bavorském Ergoldingu získali ze 6 vzorků tři úplné a tři částečné profily DNA bojovníků a určili jejich příbuzenský vztah (Vaněk 2009).

Autorům tohoto článku se bohužel nepodařilo z nezištně poskytnutých vzorků

Odkazy na internetové stránky o aDNA v zahraničí
<a href="http://www.ancientdna.com/">http://www.ancientdna.com/</a>
<a href="http://en.wikipedia.org/wiki/Ancient_DNA">http://en.wikipedia.org/wiki/Ancient_DNA</a>
<a href="http://www.ddbj.nig.ac.jp/aDNA/index.html">http://www.ddbj.nig.ac.jp/aDNA/index.html</a>
<a href="http://www.adelaide.edu.au/acad/">http://www.adelaide.edu.au/acad/</a>
<a href="http://www.isogg.org/ancientdna.htm">http://www.isogg.org/ancientdna.htm</a>

Specializované laboratoře pro aDNA v České republice
Laboratoř archeogenetiky v Archeologickém ústavu AV ČR, v. v. i., v Praze
Laboratoř biologické a molekulární antropologie na Přírodovědecké fakultě Masarykovy univerzity v Brně
Forenzní DNA servis

kostí a révoých peciček z dále uvedených pracovišť získat analyzovatelné množství aDNA (poděkování patří Muzeu a galerii Orlických hor, Laboratoři archeobotaniky a paleoekologie Jihočeské univerzity v Českých Budějovicích, katedře archeologie Západočeské univerzity v Plzni, Západočeskému institutu pro ochranu a dokumentaci památek, o.p.s., Plzeň a Archeologickému centru Olomouc).

Metody sekvenční analýzy DNA (nová generace sekvenátorů) procházejí bouřlivým vývojem a není daleko doba, kdy bude možno analyzovat lidský genom nukleotid po nukleotidu za cenu nižší než průměrný plat. Již nyní bylo celogenomové sekvenování použito pro DNA člověka neandertálského (*Homo neanderthalensis*) a mamuta (*Mammuthus primigenius*), kdy se podařilo softwarově oddělit testovanou DNA od DNA bakterií (Blow 2008, Mackelprang 2008). Masivně paralelní sekvenování celých genomů poskytuje (většinou ve formě krátkých přečtených sekvencí) řádově větší množství dat než předchozí metody a klade velké nároky na počítačové zpracování.

Např. laboratoř jednoho z průkopníků práce s aDNA Svante Pääbo v Max Planckově Ústavu evoluční antropologie v Lipsku analyzovala vzorek kostí člověka neandertálského, který žil před 49 000 lety ve španělské jeskyni Sidrón (Burbano 2010). Podařilo se jim získat sekvenci 14 000 genů

z genomu neandertálce (z celkového počtu asi 23 000 genů v lidském genomu), přestože ve vzorku bylo 99,8 % mikrobiální DNA. Když si představíme tři miliardy nukleotidů v lidském genomu, ani pověstná jehla v kupce sena není dostatečným přirovnáním k takovému úspěchu technologie. Aby tento výsledek nezůstal jen technickou kuriozitou, provedla skupina S. Pääbo analýzu vzorku 50 současných lidí stejným způsobem. Ze srovnání genomu člověka, šimpanze a neandertálce vyplynulo, že na 88 pozicích došlo k změně aminokyseliny a tyto změny byly u lidí fixovány od doby, kdy se *Homo sapiens* v evoluci od člověka neandertálského oddělil (tedy před 360 000 lety ± 80 000 let). Dvě z těchto 88 substitucí se nacházely v genu *FOXP2*, jenž se podílí na schopnosti používat k dorozumívání řeč. Tento výsledek naznačuje, že nás na poli aDNA mohou čekat další objevy, které změní náš současný pohled na minulost.

*Práce na projektu byly zčásti hrazeny z grantů MŠMT ME863 a BIOMEDREG CZ.1.05/2.1.00/01.0030.*

Právě vychází v Nakladatelství Academia

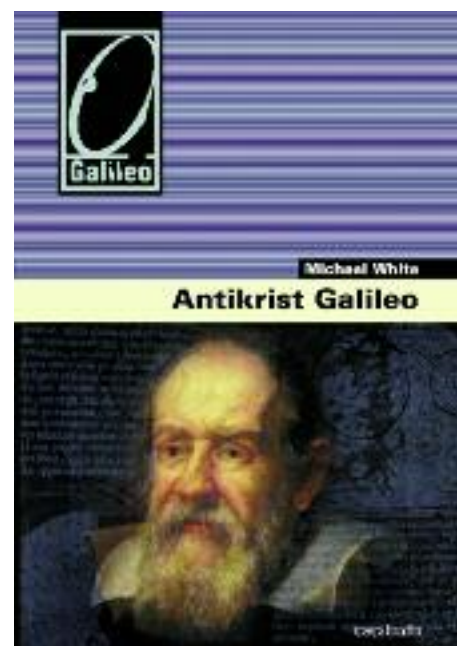
## Michael White: Antikrist Galileo

Michael White je znám mimo jiné jako autor řady biografických prací zabývajících se velkými postavami světové vědy, jakými jsou např. Isaac Newton, Charles Darwin, Albert Einstein nebo Stephen Hawking. Touto produkcí se tedy řadí k dnes populární kategorii tzv. science-writers, autorů popularizujících dějiny vědy. V české literatuře byl doposud k dispozici pouze jediný stručný původní životopis Galilea Galileiho z pera Josefa Smolky (Galileo Galilei – Legenda moderní vědy, Praha, Prometheus 2000). Whiteova kniha je tedy vítaným doplňkem česky psané literatury o tomto velkánovi raně novověké vědy.

Přínosem tohoto vydání jsou poprvé do češtiny přeložené rozsáhlé pasáže z inkvičních protokolů, které se zachovaly ve vatikánských archivech jako svědectví

o procesu vedeném Svatým oficiem proti Galileimu. Jejich jazykem je italština a latina. Čeští překladatelé Helena a Lubomír Synkovi se nespokojili s druhotným překladem dokumentů z angličtiny, které White začlenil do své knihy, ale vyhledali odborníky na danou tematiku. Čtenář tak dostává tyto prameny přeložené nezprostředkovaně, přímo z originálních jazyků. Mezi danými dokumenty je pozoruhodná především tzv. Inchoferova zpráva, kterou r. 1999 objevil ve Vatikánu profesor filozofie vědy z Navarrské univerzity v Pamploně Mariano Artigas a ve světě oprávněně vzbudila novou vlnu zájmu o galileoovskou problematiku.

Před českými čtenáři je nyní otevřena kniha o Galileiho životě v jejich rodném jazyce. Najdou v ní nejen zajímavý pohled na příběh tohoto význačného průkopníka



moderní vědy, ale i povzbuzení k dalšímu studiu jeho myšlenek.

Academia, Praha 2011, 344 str.  
Cena 355 Kč