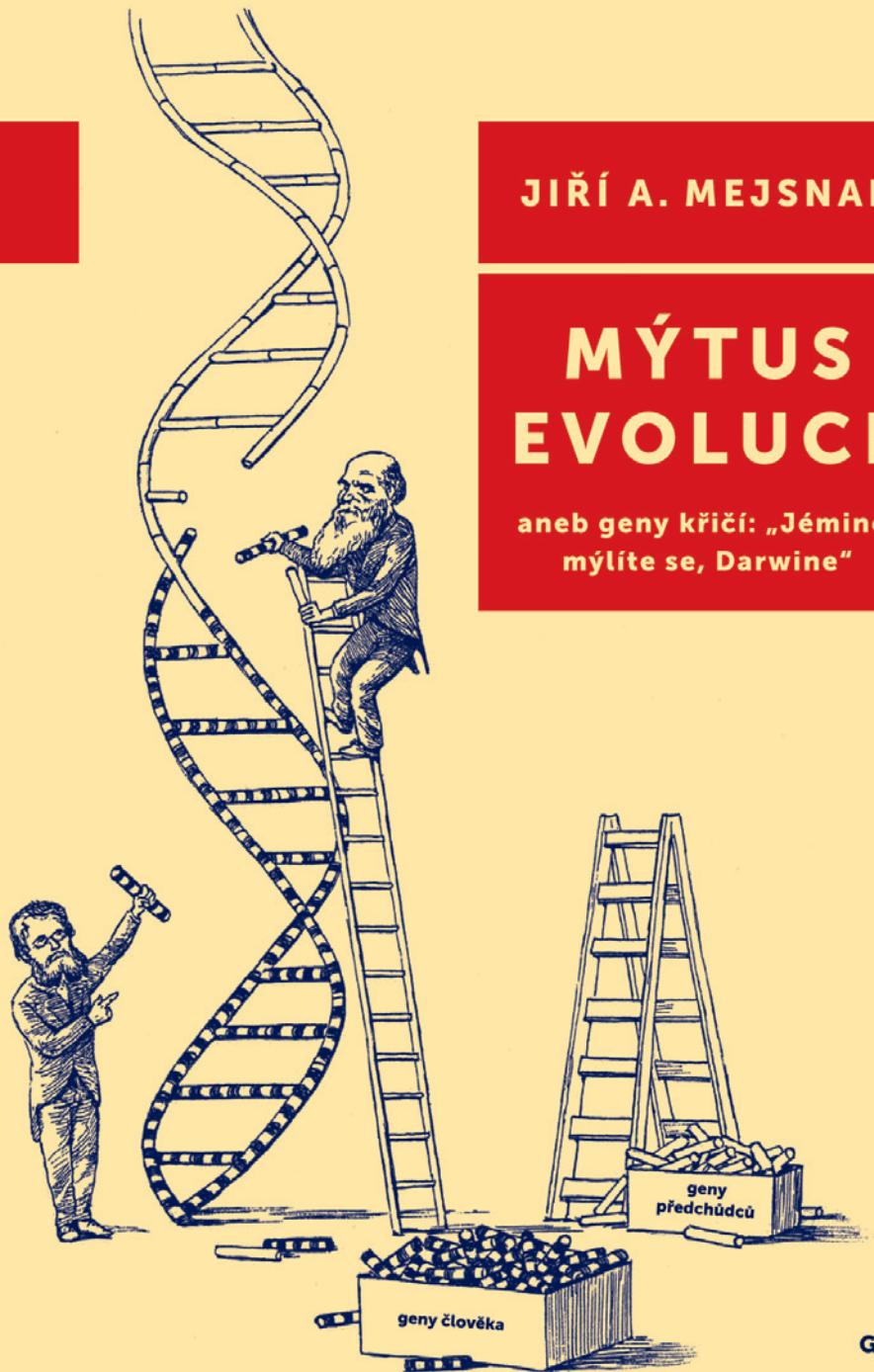


JIŘÍ A. MEJSNAR

MÝTUS EVOLUCE

aneb geny křičí: „Jémine,
mýlíte se, Darwine“



GALÉN

Upozornění

Všechna práva vyhrazena.

Žádná část této tištěné či elektronické knihy nesmí být reprodukována a šířena v papírové, elektronické či jiné podobě bez předchozího písemného souhlasu nakladatele.

Neoprávněné užití této knihy bude trestně stíháno.

Galén

Na Bělidle 34, 150 00 Praha 5

www.galen.cz

© Galén, 2013

JIŘÍ A. MEJSNAR

MÝTUS EVOLUCE

EDICE MAKROPULOS

JIŘÍ A. MEJSNAR

**MÝTUS
EVOLUCE**

**aneb geny křičí: „Jémine,
mýlíte se, Darwine“**

Všechna práva vyhrazena.

Tato publikace ani žádná její část nesmí být reprodukovány, uchovávány v rešeršním systému nebo přenášeny jakýmkoli způsobem (včetně mechanického, elektronického, fotografického či jiného záznamu) bez písemného souhlasu majitelů autorských práv.

© Jiří A. Mejsnar, 2013

Illustrations © Jan Turek, 2013

© Galén, 2013

ISBN 978-80-7262-988-6 (PDF)

ISBN 978-80-7262-989-3 (PDF pro čtečky)

PŘEDMLUVA

Lidstvo po celé planetě oslavovalo rok 2000 jako jednou za tisíc let opakující se příchod nového století a nového tisíciletí. Slavnostní ohňostroj uspořádaný na plošině v Gíze nad trojicí slavných pyramid připomínal pětitisícileté bolestivé i velkolepé lidské dějiny Středomoří, kolébky euro-americké kultury. Fotografie ohňostroje nad pyramidami, symbolizujícího naši pokleslou i osvětlenou minulost a naději pro budoucnost, obletěly jako poselství svět.

Nadcházející rok 2000 byl také svědkem jiné pozoruhodné skutečnosti. Poprvé v lidských dějinách vstoupil člověk do nového století znaje svůj vlastní genom, nutno říci se všemi souvislostmi tohoto revolučního úspěchu. V roce 1988 Kongres Spojených států schválil patnáctiletý projekt zmapování lidského genomu. Soustředěné, mezinárodně koordinované úsilí zaměřené k řešení započalo formálně v říjnu 1990 a bylo úspěšně dokončeno v průběhu deseti let. Překvapivě brzy, hlavně díky výkonnosti soukromého sektoru, mohli americký prezident Bill Clinton a britský premiér Tony Blair v červnu 2000 světu oznámit, že bylo dovršeno mapování lidského genomu. Jedná se pravděpodobně o nejctížádostivější vědecký úkol, do kterého se lidé pustili za celou dobu své existence.

Nicméně tento obrovský historický úspěch sám o sobě nás nepřiblížil k *objasnění původu života, původu druhu a původu člověka*. Náš současný přístup k těmto třem obecným problémům musí být založen na objevech dosažených v molekulární biologii a genetice v druhé polovině dvacátého století, které nakonec umožnily i úspěšné přečtení genomu. Náš zájem o původ člověka musí vycházet právě z experimentálních výsledků vedoucích k těmto objevům.

Čtenář se může oprávněně ptát, proč je mu předkládána další kniha o tomto tématu, když už během uplynulých dvou set let bylo publikováno tolik knih o původu života, druhu a člověka. Jedním z důvodů je skutečnost, že autoři těchto publikací se velkým dílem opírali o čistě spekulativní úvahy, bez nezbytných vědeckých prostředků k řešení takových problémů. Teprve

pokroky v kosmologii, molekulární biologii a genetice poskytují údaje umožňující nám např. vypočítat stáří vesmíru a Země, dobu, kdy žila biblická Eva, nebo oprávněně odmítnout úvahy o tom, že neandertálci a primáti byli naši předkové. Čtenáři, ať jsou jakékoliv odbornosti či zaměření, se zájmem o tyto otázky by měli mít možnost zamyslet se nad významnými poznatky přírodních věd, týkajícími se problému.

Další důvod pro tuto knihu souvisí s biologickou evolucí a jejími možnostmi. Je minimálně zarážející, kolik lidí včetně biologů ještě na počátku třetího tisíciletí věří v mechanismus „přírodního výběru“.

Všeobecné povědomí je neustále posilováno masovými sdělovacími prostředky a různými veřejnými aktivitami, jako byl např. Beagle Project (postavení kopie lodi tohoto jména, na které se plavil Darwin kolem světa), vyražení 24karátové zlaté mince na ostrově Tristan da Cunha k oslavě dvoustého výročí Darwinova narození a oslavující „jednoho z největších vědců, kteří kdy žili“, nebo založení nového amerického časopisu *Evolution, Education and Outreach*, který „má napomáhat výuce evoluční teorie“. Takové aktivity mají málo co společného s vědou.

Kromě metod k rozluštění lidského genomu shromáždila molekulární biologie během posledních šedesáti let experimentální výsledky prokazující překvapivě velkou stabilitu tak složité struktury, jakou je jeden gen. Tato stabilita svou podstatou rozhodně nenahrává náhodným změnám genu. Intenzivní výzkum na tomto poli poskytl určitý počet dnes laboratorně používaných, ale velmi komplikovaných technik, které umožňují molekulární manipulaci s DNA, vedoucí k záměrné změně v genu. Je to právě tato komplikovanost, která vylučuje náhodnou realizaci takových změn v přírodě.

V knize jsou vybrány některé skutečnosti, jež jsou těžko sluchitelné s hypotézou o spojitě biologické evoluci, založené na přírodním výběru nahodilých změn, a které tak ukazují, že představa „o původu druhů přírodním výběrem“ není geniální teorií, ale špatnou hypotézou.

Kniha je zamýšlena pro širokou, a tedy velkým dílem laickou veřejnost. Vysvětlení některých poznatků se ale nemůže vyhnout alespoň některým z velkého množství odborných termínů. Ty jsou v textu tištěny *kurzívou*. Přes soustavnou snahu vyhnout se terminologii nesrozumitelné i odborníkům jiných zaměření jsou některé termíny, zejména používané v molekulární biologii

a genetice tištěny při jejich prvním výskytu v kapitole **tučnou kurzívou**. Význam třiatřiceti slov uvedených tučnou kurzívou je vysvětlen v příloženém Slovníčku. Některé složitější skutečnosti či tvrzení jsou přiblíženy ve čtyřech Dodatcích.

ČLOVĚK V PŘIROZENÉ KLASIFIKACI

...ve které bude řeč o tom, že vědecké utřídění druhů, včetně člověka, je pouhým empirismem „na zkoušku“, který nemá nic společného s nějakou objektivně existující zákonitostí objevenou v přírodě

Kráčejíce přírodou, obdarováni klidnou procházkou a všímavostí jsme na každém kroku ohromeni mnohotvárností forem zvířat a rostlin. Bez přehánění stejný zázrak nás uchvátí, vyzbrojíme-li se mikroskopem a prohlédneme si třeba složitou bizarní strukturu „šípu lásky“ hlemýždě nebo když pronikneme do mnohotvárného světa mikroorganismů. Bude pro nás pak samozřejmé, že ty miliony rozmanitých živých organismů kolem nás musejí být nějak logicky uspořádány – podle nějakých předem vytčených znaků – a zařazeny do přehledných skupin, obsahujících skupinky menší. Takové roztrídění nám pomůže orientovat se mezi rozmanitými formami života a přikročit k jejich studiu.

Jako analogii si představme, že jsme vystaveni stejnému problému, když potřebujeme nějak přehledně uspořádat svoji knihovnu. Podle obsahu knih musíme vybrat znaky či hesla, podle kterých knihy uspořádáme. Výsledkem mohou být např. poličky obsahující knížky o historii, poličky s přírodovědnými knihami, poličky s knihami o umění atd.

Utřídění mnohotvárných forem života je obtížnější úkol než uspořádat knihy v knihovně. Jednak je živých forem daleko více než počet svazků i v největších knihovnách, a dále pak systematická biologie vyžaduje pečlivě

a dlouhodobé studium charakteristických znaků, které pak biologům umožní roztrždit je do logických skupin příhodných velikostí. Taková aktivita, takové utřídění se nazývá *klasifikace*. Klasifikační systém používaný biology v současnosti má svůj původ v osmáctém století a postupně se stal nepostradatelným pro odborníky po celém světě. Nejen odborníci, ale i laičtí zájemci mohou díky systematickému uspořádání lehce najít potřebnou informaci o daném zvířeti či květině nebo si po celém světě vyměňovat informace o nových nálezech.

Jak jsme si řekli, klasifikační systém pomáhá veřejnosti v poučení a orientaci a pro odborníky je nepostradatelný. Pouze ale v tomto smyslu můžeme hovořit o *vědecké klasifikaci*. Zavedený systém nemá nic společného s nějakým vědeckým poznáním spočívajícím v odhalení nějaké objektivní zákonitosti, podle které příroda funguje, jako je tomu např. v systému vyjádřeném periodickou tabulkou chemických prvků. Hovoříme-li takto o vědecké klasifikaci, nemusí být momentálně důležité, jestli zákonitostmi v přírodě máme na mysli přírodní zákony, tj. matematicky nerozporné logické struktury potvrzené pokusy, nebo tím myslíme zkušenostmi shromážděné pozorovatelné znaky či vzorce chování, opakovaně se vyskytující, a tím obecně považované za skutečnost. V kontextu to znamená, že organismy samy o sobě nezapadají do dané skupiny, již jste nějak vyčlenili a pojmenovali podle charakteristických znaků. Do skupiny pro zařazení živočichů, rostlin nebo mikroorganismů. Tyto systematické skupiny nemohou existovat nezávisle na přijaté klasifikační konvenci.

Jestliže jste vybrali charakteristické znaky pro třídění dobře, výsledný klasifikační systém bude všeobecně přijímán, protože vyhovuje současným potřebám. Nicméně jestliže se najde někdo, kdo bude ještě šikovnější ve výběru znaků, biologové se rozhodnou upřednostnit nově nalezené charakteristiky a během doby se ukáže, že je pro jejich studie praktičtější, nový systém bude přijat i přesto, že jeho třídění do skupin je od předešlého značně rozdílné. Vráťme-li se k analogii s naší knihovnou a k problému jak organizovat knižky, můžeme v novém uspořádání zjistit, že poličky s tematikou historie zmizely, protože knihy o historii objevů jsou nyní v poličkách věnovaných objevům, knihy o králích, císařích a jejich válkách se dostaly do poliček věnovaných politice. Zavedením nového – ve své podstatě opět libovolného – uspořádání si ale musíte být vědomi jistého nepohodlí. Nepohodlí způsobeného vaším

přátelům, návštěvníkům knihovny, kteří se v ní původně sami dobře orientovali. Váš nový systém může být v budoucnosti lépe funkční, ale vaši přátelé mohou být v knihovně bez vaší pomoci zcela dezorientováni.

Vraťme se ale zpět k *přirozené klasifikaci*. Asi víte, že každý organismus má dnes odborné latinské jméno, sestávající ze dvou částí. První jméno vyznačuje *rod*, druhé *druh*. Pokud jde o velikost obou skupin pojmenovaných těmito jmény, pak druhy jsou nejmenšími skupinami spadajícími do nejbližší vyšší skupiny klasifikačního systému, kterou je rod. Např. odborné jméno pro člověka je *Homo sapiens*.

Představte si nyní, že budete chtít najít, podle jaké logiky zařadíte člověka do přirozené klasifikace, tzn. jaké jsou nejvhodnější lidské znaky, které odlišují člověka od ostatních tvorů. Lidská kostra má lebku, páteř a končetiny. Nicméně ryby, krokodýlové, ptáci, lišky, prasata – všichni mají také tyto znaky, a přesto se od člověka značně liší. Takže musíte vybrat nějaké další znaky. Lidské novorozeně saje mateřské mléko. Tento znak (vlastnost) poslouží k zařazení člověka do *třídy* savců. Vybrali jste dobře, protože zařazením do této třídy vyloučíte ryby, obojživelníky, plazy a ptáky. Ve třídě savců ale potřebujeme zvolit další znaky, abychom vyloučili tvory jako lišky a prasata z rodu člověka. Zatímco lišky a prasata se na první pohled od člověka značně liší, opice, a zejména bezocasé jako gorily, šimpanzi, orangutani a gibboni, jsou nám velice podobné. Takže by bylo možné je vydělit s člověkem do společné skupiny. Můžete chtít zdůraznit, že v této skupině budou savci s funkčně nejdokonalejší centrální nervovou soustavou umožňující složité vzorce chování, jejich očníce jsou v lebce orientovány čelně, děloha má jisté specifické znaky, první z pěti prstů na přední končetině se může postavit proti zbylým čtyřem... Tím jste logicky vyloučili lišky a prasata a zavedli *řád* primátů, společnou skupinu pro člověka a opice. Takový postup vyžaduje precizní práci, důvěrnou znalost tříděných organismů a vede k celkem logickému přirozenému klasifikačnímu systému, umožňujícímu zoologům vzájemnou orientaci a porozumění.

Na druhé straně ale máme stejné vybrané znaky pro klasifikační skupiny – a je třeba zdůraznit, že nic víc než tyto libovolně zvolené ukazatele – můžeme s nimi naložit velice odlišným způsobem. Než tak učiníme, upřesněme si ještě, co myslíme „charakteristickými znaky“. Těmi mohou být nejen strukturální podobnosti popisované srovnávací anatomii, ale i funkční podobnosti,

odhalené srovnávací fyziologií, biochemií, srovnávací imunologií a dalšími obory. Abychom si vzájemně rozuměli, pojďme hovořit jen o strukturálních znacích jako příkladech. Momentálně nemusí být ani podstatné, zda uvažované strukturální znaky byly shromážděny na rozlišovací úrovni srovnávací anatomie, nebo na molekulové úrovni molekulární biologie. Po tomto upřesnění můžeme pokračovat. Savci mají čtyři končetiny jako krokodýlové a obě skupiny, savci a krokodýlové, mají čtyřkomorové srdce (na rozdíl od tříkomorového u většiny plazů). Tyto a další podobné údaje mohou posloužit pro hypotézu, že savci mají společného čtyřnohého předka, který ale není předkem krokodýlů (podle některých znaků). Nicméně předek savců a předek krokodýlů mají pomyslného společného čtyřnohého předka s typickými znaky v nějakém pomyslném čase v minulosti. Použitím stejné logiky lze postupovat dále v argumentaci, že vinné kvasinky nemají končetiny, ale jejich jednobuněčné tělo má jádro, stejně jako savci, krokodýlové a ostatní mnohobuněčné organismy. Dále pak musíme pokračovat hypotetickou úvahou o společných předcích kvasinek, krokodýlů a savců. Přidáním bakterií (buněk nemajících jádro) v této deduktivní metodě lze nakonec dospět ke společnému předku všech dnes žijících organismů.

Na tomto místě si musíme uvědomit skutečnost základního významu, totiž že biologové mají obecně dvě cesty, jak nakládat s údaji shromážděnými pozorováním podobných organismů při jejich uspořádání do vhodně vydělených systematických skupin. První cesta, podobně jako pečlivá práce knihovníka, vede k *taxonomické klasifikaci*. Na druhé cestě musejí ještě přidat ke stejným pozorovaným znakům **fiktivní čas**. Potom mohou tvrdit, že organismy uspořádané do daných skupin získaly charakteristické znaky od hypotetického předka, žijícího v minulosti. Tento předek zavalil sérii plynulých změn, způsobených mlhavými okolnostmi, předávaných z generace na generaci a vedoucích nakonec k charakteristickým znakům, podle kterých jsou dnešní druhy zařazeny do taxonomických skupin. Tento způsob uvažování se nazývá **biologická evoluce**. Jak vidíte, biologická evoluce je chápána jako spojitý proces, ve kterém vznikají nové druhy výsledkem malých, kumulujících se změn původně existujících druhů v průběhu času.

Po přečtení této kapitoly asi nebudete překvapeni, že během posledních padesáti let systematictí zoologové podstatně přerovnali *přirozený klasifi-*

kační systém, včetně *kmenů*, představujících nejvyšší klasifikační stupeň. Biologové, kteří nejsou systematickými zoology, již se před padesáti lety dobře orientovali v systému, jsou nyní v situaci návštěvníků vaší nově uspořádané knihovny; svou orientaci musejí bez vaší pomoci vzdát. Proč zde věnujeme pozornost změněné přirozené klasifikaci? Tyto řádky by měly pomoci k porozumění podstaty současného taxonomického lešení, do něhož byl zabudován člověk. Zejména tehdy, je-li lešení použito v souvislosti s biologickou evolucí. Navíc bychom neměli přehlédnout zvláštní typ iterace, která je logickým základem evoluční hypotézy, kdy empiricky vybrané znaky, tj. charakteristiky nějaké dané taxonomické skupiny, poskytují důkaz pro evoluci, a jak se evolucionisté dovídají více a více o evoluci, nacházejí nové znaky, jež je vedou k novému uspořádání organismů v přebudovaných taxonomických skupinách.

STÁŘÍ ČLOVĚKA

...ve které se dočtete o tom, že člověk se objevil na Zemi před 150 000 až 200 000 lety. To znamená, že člověk žije na naší planetě relativně krátkou dobu, představující pouhých 6000 až 8000 generací

Člověk, jak ho dnes vidíme, čítající více než šest miliard (na počátku 21. století), nebo více jak sedm miliard (v době vydání této knížky), žije na naší krásné planetě Zemi po dobu 150 000 až 200 000 let. V genetice počítáme dobu jedné generace 25 let. Když tedy pro počítání generací člověka vycházíme z uvedené doby jeho existence, dostáváme relativně malý počet 6000 až 8000 generací. Jak to můžeme tvrdit, jak můžeme měřit takovou veličinu, jako je stáří lidstva?

V dnešní době jsme se dopracovali k tomuto důležitému tvrzení díky velickému úsilí a namáhavé práci na poli molekulární a buněčné biologie, genetiky, paleoantropologie, archeologie a paleontologie. Odhad stáří člověka nakonec vyplynul z výběru komplementárních dat poskytnutých těmito obory, která byla složena do výsledné skládanky.

Pro studium právě takové otázky se ukázala jako mimořádně výhodná mitochondriální DNA (mtDNA), obsažena v kruhovém chromosomu mitochondrií. Mitochondrie jsou organely v eukaryotních buňkách (majících buněčné jádro), kde mají klíčovou roli v buněčné energetice. Pro svoji funkci obsahují vnitřní prostor vyplněný kapalinou (mitochondriální matrix), v níž plavou

enzymy řídící *cyklus kyseliny citronové* (zvaný též Krebsův cyklus, což je cyklický řetězec chemických reakcí, ve kterém molekuly metabolitů získané z potravy uvolňují elektrony). Tento prostor je ohraničen vnitřní membránou. Ve vnitřní membráně je zabudován složitý komplex enzymů nazývaný *dýchací řetězec* (který využívá energii elektronů uvolněných v matrix; elektrony padají stupňovitou kaskádou řetězce a jejich energie se využívá k přesunu protonů na vnější stranu vnitřní membrány) a dále je tam zabudován proteinový komplex pro tzv. *oxidativní fosforylaci* (proces, v němž se – na účet energie „vyzdvížených“ protonů – syntetizují molekuly ATP, sloužící jako univerzální zásobárna energie v živých buňkách). Současné detailní vědomosti o mitochondriální energetice můžete nalézt v kterékoliv moderní učebnici biochemie nebo fyziologie.

V souvislosti se stářím lidstva si ještě uveďme, že lidské buňky mají řádově stovky mitochondrií, přičemž každá z nich obsahuje kruhovou dvouřetězcovou molekulu mtDNA, tvořící základ mitochondriálního **chromosomu**. Molekula mtDNA (viz Dodatek 1) představuje lidský mitochondriální **genom**. Molekula sestává z 16 569 báзовých párů a obsahuje 37 **genů**.⁽¹⁾

Molekulární biologie, zaměřená na mitochondriální chromosom, poskytuje rozhodující zdroj kvantitativní informace o stáří člověka. Molekula mtDNA nabízí pro takové studium několik výhod. Zřejmě hlavní výhodou je skutečnost, že na rozdíl od jaderných genů (na chromosomech přítomných v buněčném jádře), děděných od obou rodičů (a v důsledku toho se jejich dvojitá sada míchá v každé generaci), se mtDNA dědí pouze v mateřské linii. Ženy se v důsledku toho chovají jako haploidní, což znamená, že rodičovský pár může na potomka přenášet pouze mateřskou mtDNA (na rozdíl od čtyř rodičovských haploidních sad jaderných genů, ze kterých se náhodně kombinují ty, jež jsou přenášeny do diploidních potomků), která se tak může změnit v následující generaci potomků pouze **mutacemi**.

Pro čtenáře, kteří nejsou biologi, může být také užitečné, uvedeme-li si základní rysy klasické práce, která byla publikována v prestižním časopise *Nature*. Autoři tohoto článku izolovali molekuly mtDNA ze zástupců sedmi zeměpisných populací: Afričanů, Asiatů, kavkazské populace, domorodců z Austrálie a Nové Guineje, jednoho amerického černocha a jednoho domorodce z Jihoafrické republiky; dohromady bylo v této studii vyšetřeno

rovnovážná populace 54
rudý obr 74
růstové faktory 61
rychlost mutační 54, 55, 87

Ř

řád 13
řetězec dýchací 18, 98–100

S

secese 27
Soumrak bohů 27
spermatogeneze 61
stáří sluneční soustavy 77
– vesmíru 9, 56, 87
– Země 9, 33, 77, 87
supernova 78

Š

šíp lásky 11

T

tabulka chemických prvků 12
targeting genový 52
techniky proužkovací
cytotenetické 58, 59

telomera 59
teorie kvantová 43, 72, 79, 91
transgenní zvíře 57
transkripce 46, 47, 63, 80, 81,
104
translace 46, 47, 63, 80, 81
transposon 81
trisomie 49, 50

V

variace 20, 39–42, 45, 48–51,
53–57, 63, 66, 73
velký třesk 74, 75
vzorec radiace specifický 82, 84

Z

zachování energie 44, 76
zákony termodynamiky 76
záření černého tělesa 72, 91
změny epigenetické 63, 64
znak 11–15, 25, 26, 33, 41, 42, 51,
61, 86, 88
zvíře transgenní 57

Ž

život umělý 81, 91

OBSAH

Předmluva.....	7
----------------	---

KAPITOLA I

Člověk v přirozené klasifikaci.....	11
-------------------------------------	----

KAPITOLA II

Stáří člověka	17
---------------------	----

KAPITOLA III

Kromaňonci a neandertálci	23
---------------------------------	----

KAPITOLA IV

Původ člověka	31
---------------------	----

KAPITOLA V

O původu druhů	39
Dekalog jako výzva Darwinově koncepci.....	43
De-1. Rozdíl mezi teorií a hypotézou	43
De-2. Mutace (variací) v rámci stejného druhu	45
De-3. Chromosomové aberace jako zdroj variace	48
De-4. Rekombinace a variace	50
De-5. Opravy mutace	51
De-6. Mutace v populaci.....	53
De-7. Dlouhý běh věků	55
De-8. Vsunutí genů	57
De-9. Mezidruhová homologie chromosomů	58
De-10. Epigenetická dědičnost variací	63

KAPITOLA VI

Myšlenka vedoucí k člověku	65
Na počátku bylo Slovo	65
Odvěká touha člověka létat.....	67
Probíhají fyzikálně-chemické a biologické procesy v přírodě spojitě, nebo nespojitě?.....	70
Myšlenka vedoucí ke vzniku člověka a její nespojitá materializace	72
Čtyři aspekty týkající se materializace myšlenky vedoucí ke vzniku člověka	77
Aspekt 1: První buňka	77
Aspekt 2: Kambrická exploze	84
Aspekt 3: <i>Hominidae</i> – bezčasé velké opice a člověk.....	85
Aspekt 4: Proč nemohl pravěký člověk lovit dinosaury místo mamutů ...	88
 Epilog.....	91
Slovníček.....	93
Citovaná literatura	96
 DODATEK 1	98
Mitochondriální (mt) DNA	98
DODATEK 2	102
Radiochemické datovací metody.....	102
Metoda radioaktivního uhlíku	102
Metoda radioaktivního draslíku	103
Uranová metoda	103
DODATEK 3	104
Struktura DNA a její základní funkce	104
DODATEK 4	106
Exkurze do „heterocyklické chemie“	106
 Životopis autora	109
Rejstřík.....	113

JIRÍ A. MEJSNAR

MÝTUS EVOLUCE

**aneb geny křičí: „Jémíne,
mýlíte se, Darwine“**

Vydalo nakladatelství Galén, Na Bělidle 34, 150 00 Praha 5

Editor nakladatelství Lubomír Houdek

Šéfredaktorka nakladatelství Soňa Dernerová

Odpovědný redaktor Radek Lunga

Redakční spolupráce Zuzana Hladíková

Ilustrace Jan Turek

Obrazová dokumentace z archivu autora

Sazba Petra Veverková

G 331021

První vydání v elektronické verzi

www.galen.cz