

Romportl, Simeon

Genealogický strom : (příspěvek k metodologii evoluční jazykovědy)

Sborník prací Filozofické fakulty brněnské univerzity. A, Řada jazykovědná. 1997, vol. 46, iss. A45, pp. [5]-17

ISBN 80-210-1606-X

ISSN 0231-7567

Stable URL (handle): <https://hdl.handle.net/11222.digilib/100166>

Access Date: 29. 11. 2024

Version: 20220831

Terms of use: Digital Library of the Faculty of Arts, Masaryk University provides access to digitized documents strictly for personal use, unless otherwise specified.

SIMEON ROMPORTL

GENEALOGICKÝ STROM (Příspěvek k metodologii evoluční jazykovědy)

Jediným dědictvím po evoluční jazykovědě, subdisciplině, která měla prvenství i před evoluční biologii (srov. Romportl, 1994a, 9–16; 1994b), zůstává dnes jazykovědná genealogie. Genealogie je nesporně jádrem jakékoli evoluční nauky, sama však evoluční nauku ještě nekonstituuje. Na druhé straně se sama nemůže rozvíjet jinak než v širokém kontextu evolucionistickém. Z toho důvodu i genealogie v jazykovědě přetrvává přibližně v takové podobě, jaká např. v biologii dostačovala jen do doby Haeckelovy (srov. Schleicher, 1863, příloha; 1866, 9). Tak se jazykověda, jež se od evolucionistických snah distancovala prvně v rovině programově teoretické (Romportl, 1994a, 43–64; 1994b; 1994c), dostala vůči evoluční sféře také do izolace metodologické.

Po celou dobu svého trvání používá genealogie, ať je pododvětvím kterékoli disciplíny, jako základního vyjadřovacího prostředku stromového grafu. Ten je dodnes schopen velice věrně odrážet úroveň genealogického a evolučního myšlení v té či oné disciplíně. Tento článek, který má být příspěvkem ke snaze o rekonstituování evoluční jazykovědy, chce systematicky zhodnotit vyjadřovací možnosti genealogických grafů v porovnání se spektrem genealogických aspektů relevantních pro evoluční jazykovědu. Bylo by velice násilné, kdyby tak mělo být činěno bez přihlídnutí k podobným korelacím v oboru, jenž v tomto ohledu postoupil nejdále, totiž v oboru biologie, když pojem a aparát genealogického stromu je instrumentem charakteru obecně metodologického.

Celé bohatství biologických druhů dovede biologie interpretovat jako jediný strom života. Na rozdíl od biosféry nejeví se nám však sféra jazyka, glotoféra, jako produkt větvení jediného kmene. Kterákoli genealogická systematika zahrnující jazyky je tak pozitivně srovnatelná se stromem života jen v rámci daném příslušnou jazykovou rodinou. Podobnost genealogického stromu jazykové rodiny a stromu života není podobností d v o u stromů, nýbrž podobností (zpravidla košaté) větve a stromu. Vstup do genealogického stromu jazykové rodiny není tedy – na rozdíl od vstupu do stromu života – momentem žádné světodějně transformace. Důvodem, pro který neumísťujeme předchůdce prajazyků jazykových

rodin před začátek stromových grafů těchto rodin, není předpoklad polygenese – tato otázka není v jazykovědě nijak rozhodnuta. Důvodem je zde ta prostá skutečnost, že neumíme předchůdce prajazyků rekonstruovat podobnými metodami, jakými jsme rekonstruovali prajazyky, tj. metodami opírajícími se o údaje dané jazykovědou historicko-srovnávací. Srovnávání jazykově typologická, která jediná mohou v retrospektivním pohledu na metodu historicko-srovnávací navazovat, nemají pak v tradici vyjadřovat se formou genealogického grafu – ke své škodě, protože řada jiných disciplín (např. také archeologie) i pro typologii s úspěchem využívá genealogických grafů statistického charakteru (srov. níže pasáž o klasifikaci fenetické).

Genealogické stromy historicko-srovnávací jazykovědy se dají srovnávat s recentnějšími větvemi stromu života, které jsou spojeny s řešením temat zcela aktuálních, jako je nejširší problematika procesu konstituování druhů (speciace) a jiné otázky povýtce mikroevoluční (zatímco problémovým pozadím taxonů archaických jsou spíše otázky evolučních zákonů a jejich případné variability, vývojových determinant a tradičně také otázky organogenese a problémy kvalifikace vývoje). Proto se vyznačují poměrně velkou konkrétností, která je kvalifikuje k tomu, aby se jejich pomocí řešily i jiné otázky než taxonomické, ovšem za předpokladu, že budou údaje zakódované v genealogickém stromu asociovány s adekvátní ontologickou vizí předmětu. Především nesmíme pouštět ze zřetele způsob existence systému v dimensi času, ale zrovna tak musíme mít neustále před očima jeho celkovou architekturu včetně její funkčnosti. Musíme si být vědomi toho, že vývojovým změnám může být podroben kterýkoli prvek této architektury stejně jako kterýkoli její podsystém, ale i kterákoli jejich funkce, i charakter integrity celého systému. Různé vývojové události pak mohou zásadně měnit nejen prvky, ale s nimi i jejich vzájemné vztahy, podsystémy, jichž jsou dané prvky součástmi, i vztahy mezi podsystémy, resp. mezi prvky jedněch podsystémů a podsystémy jinými i charakter integrity celého systému, ale podobné účinky mohou mít i změny v charakteru samotných vztahů. Registrace uvedených faktorů aspoň prozatím nemůže být jiná než selektivní – vzhledem k velké rozsáhlosti –, ale zde je terén pro uplatnění nezastupitelné intuice badatelova subjektu, na němž se zhodnotí všechny jeho badatelské přednosti, zvláště zkušenost.

Z právě uvedených důvodů musíme vývojovou linii druhu, nebo jazyka, resp. skupiny jazyků, nebo jakékoli jiné skupiny homogenních objektů vyznačujících se organickým vývojem považovat za linii komplexní, zahrnující zpravidla velký počet vývojových linií jemnějších, z nichž mnohé jsou orientací, tj. směrem, směřováním svého vývoje, ale i jeho dalekosáhlostí, na sobě navzájem závislé. U schemat zjednodušených, používajících pro každý taxon linii jedinou, máme pochopitelně co činit s velkým z o b e c n ě n í m celého vyvíjejícího se systému. K o m p l e x n í vývojovou linii biologického druhu, nebo jazyka atd. bychom však nejspíše mohli přirovnat k objemnému kabelu: Pod válcovitým povrchem kabelu se ukrývá množství jemných vláken, z nichž každé má svou totožnost, ať se ho dotkneme v kterémkoli úseku jeho délky. Toto přirovnání nicméně nelze vést příliš daleko: v kabelu probíhají všechna vlákna rovnoběžně,

kdežto v průběhu vývoje homogenních skupin biologických, homogenních jazyků atd. se jednotlivé dílčí proudy všelijak odchyľují, větví, kříží a prolétají – asi jako jemná zakončení kořenů (přičemž však nepřekračují určité meze pokud jde o vzdálenost o d o s y vyvíjejícího se systému). Jen prozatím můžeme od této okolnosti odhlédnout.

Kabel se také může větvit jako celek, a to tak, že se jeho vlákna v určitém místě rozdvojí a pokračují všechna jednak směrem a, jednak směrem b. Uvádíme to jako příměr pro divergentní vývoj taxonů: Jejich vývojové linie se v průběhu věků také často mnohokrát větví. Chtě nechtě se při svých přirovnáních dotýkáme úporného problému interferencí při reflexi větvení (a vůbec směřování) vláken u v n i t ě systému na jedné straně a větvení (i směřování) c e l ý c h s y s t ě m ů na straně druhé. Vnitřní větvení systémů (kromě toho, že je konkrétně logicky i výskytem blízké větvení vnějšimu) je mj. jednou ze skutečností, ke kterým větvení vnější přirovnáváme et vice versa: Jednotlivá vlákna vnitřního systému jsou nadána diskretností (byť jen omezenou) a v mezích systému se mohou různě vychyľovat atd. Podobně diskretní a ohebný je i c e l ý systém ve vnějším pomyslném prostoru systémů. (Na izolaci vymezující vnitřní prostor vyvíjejícího se systému chtělo ukázat už naše přirovnání k průběhu kabelu.)

Soustava poznatků shromažďovaných s hlediska zájmu vedeného pořádajícím principem rodokmenového stromu, sama tímto principem formovaná, není jedinou doménou evolucionistického bádání. Evoluční dynamika se sleduje a vyhodnocuje nejen v prostoru pomyslném, ale i reálném. Také v tomto směru se snahy biologie a jazykovědy v přemnohém shodují. Biologii přivedly právě dlouhodobé všestranné výzkumy biogeografické k pronikavým úspěchům jak teoretickým, tak praktickým. Jazykověda zde asi nedocenila své možnosti, nicméně mají i j e j í poznatky na tomto poli značnou cenu. Vlnová teorie Johanne Schmidta vysvětľuje veškerý jazykový vývoj jako šíření inovací z jejich teritoriálních ohnisek a jejich vzájemné prolínání. Dovede zachytit územní šíření nových skutečností, což genealogickým stromem vystihnout nelze. Na druhé straně nedovede kartografické zobrazení jazykových poměrů zachytit k o m p l e x n í vývojovou historii a k o n t i n u i t u znázornovaných jazykových skutečností. Proto se o rodokmenové a vlnové teorii říká, že jsou komplementární, tzn. neslučitelné, leč navzájem se doplňující. Stojí ještě za zmínku, že také v biologii jsou poznatky biogeografické s poznatky genealogickými komplementární.

K dokreslení představ obsažených ve vlnové teorii může posloužit jeden ze způsobů, jakým byly její představy dále rozvíjeny: Neolingvisté – kteří se ke Schmidtovu učení hlásili – došli tak daleko, že popírali existenci jazyků jako vyhraněných taxonomických jednotek, s poukazem na to, že se jazyková identita mění v podstatě jen neznatelně od isoglosy k isoglose a že se isoglosy neustále kříží (viděno v kartografickém průmětu). Chyba neolingvistů spočívala v tom, že tento aspekt aplikovali mj. i na areál celé jazykové rodiny nebo jejích velkých částí. Ve skutečnosti však právě areálem celé s k u p i n y jazyků příbuzných probíhají nejen isoglosy jednotlivé, nýbrž také s v a z k y mnoha

isoglos (viděno opět v kartografickém průmětu), a ty opravdu vyznačují subareály jednotlivých příbuzných sice, leč s a m o s t a t n ý c h jazyků. Tyto svazky isoglos svědčí o tom, že se na nich zastavovaly četné vlny vycházející z nitra jednotlivých subareálů. Taková mnohočetná zastavení na jedné a téže linii nemohla být náhodná – musela být způsobena nějakou vnější překážkou.

V genealogickém grafu bychom vlastně měli skutečný moment derivace situovat ještě před vychýlení detailových linií, a to jako začátek rozdvojení o s y původního systému. Obě osy vzniklé rozdvojením by si pak samy kolem sebe organisovaly pomyslný prostor pro detailové linie („vlákna“), které by se rozdujovaly zároveň s nimi, aniž by se třeba ještě diferencovaly. Tím by se však zobrazení zase přiblížilo podobě větvičího se kabelu, protože teoreticky nemusí rozdvojení vzniklé nějakou novou hranicí znamenat zároveň (současně) kvalitativní diferenciaci detailových linií. Jenže podobně jako biologické systémy jsou i systémy jazykové vystaveny neustálému náporu změn, přinejmenším změn nahodilých. Ty se pak reálným existenčním prostorem jazyka šíří nanejdříve po jeho hranici, takže prakticky dochází k diferenciaci brzy po vzniku bariéry.

Znáznorňujeme-li tedy v genealogickém grafu areální diferenciaci jako současnou diferenciaci kvalitativní (strukturní), může to být jen malá nepřesnost v relativní chronologii, kterou lze někdy z důvodů ryze praktických připustit. Podmínkou ovšem musí být d i s j u n k t n o s t nově vzniklých areálů. Takováto zevšeobecněná reprezentace stává v pozadí zobecněných linií ve zjednodušených grafech, v nichž jedinou linií vystihujeme osudy celých systémů. Jestliže však disjunktnost areálů mezi podmínkami reprezentativnosti schemat nefiguruje, máme co činit se systémy kontinuálně integrálními, u nichž se zobrazování vývoje musí řídit jinými pravidly. O nich bude řeč níže.

Přirovnání ke kabelu dává pochopit, že úplný model evoluujícího systému musí být trojrozměrný, a to cylindrický. Hlavní souřadnicí je o s a rotačního válce, symbolisující identitu a integritu systému trvajícího v nějakém daném prostoru a čase. Průběh osy přitom reprezentuje průběh času. Plášť rotačního válce vymezuje p o m y s l n ý prostor, v němž probíhají jednotlivé detailové linie evoluujícího systému a jež nesmějí opustit, nemá-li schema reprezentovat r o z d v o j e n í celého systému. V m e z í c h válce se mohou detailové linie všelijak vychylovat a větvit, čímž se v systému uskutečňují změny vnitřní. K v a l i t a nitrosystémových změn bude ve schematu reprezentována postupnou změnou úhlové orientace paprsku, jakožto druhé systémové souřadnice, i n t e n s i t a pak změnou d é l k y paprsku, jakožto souřadnice třetí. Prakticky to znamená, že křivka současné změny kvalitativní a intenzitní bude úsekem prostorové spirály, neboť bude probíhat pláštěm rotačního kužele.

Takovéto trojrozměrné modely se vyplatí vytvářet spíše v představě než v grafické realisaci, v každém případě by však měly být východiskem abstraktních vizí evoluujících objektů. Od nich by se měly odvíjet různé účelové grafy zjednodušené. Pro potřeby notace vztahů taxonomických doporučujeme výše zmiňované grafy zjednodušené, kopírující vlastně o s u systému trojrozměrného. Potřebné obsažnosti by se u nich mohlo dosáhnout připojením algebraického komentáře. Jednoduchých grafů doplňovaných zpravidla různými operačními

symboly používá také jeden směr taxonomie biologické (viz níže pasáž o kladistice). Technika representování descendenčních vztahů genealogickými stromy v biologii představuje dnes – lze říci – samostatnou subdisciplínu. Ta může mít nemalý význam i pro jazykovědu, neboť hraničí s teorií grafů. Proto k problematice descendenčních grafů v biologii přihlédneme.

Stanovení genealogických vztahů je v biologii podkladem pro rozhodování taxonomická. Není však jednoty v definování kritérií. Starší klasifikace, nazývaná genealogickou, se vyznačovala predilekcí pro faktory výrazné a nedostačným zřetelem k odlišnostem jejich ontologického statutu. Poněkud mladší klasifikace evoluční zdůrazňovala – často příliš spekulativně – vývojovou kontinuitu a imanentnost vývojových procesů (resp. jejich determinant). Poprvé se v ní objevuje konfrontace vývojového potenciálu (potenciálu variability) taxonů a míry jeho realizace. Důraz se klade na *t e o r e t i c k o u* podloženost klasifikačních kritérií (Dobzhansky, 1951; Huxley, 1940; Mayr, 1969). Na požadavek teoretické podloženosti kritérií odpovídá taxonomie *g e n e t i c k á* v tom smyslu, že kritérii mají být genové struktury. Tento požadavek není prost problémů, proto genetická taxonomie nezřídka genotypy definuje toliko funkčně. Je-li hlavní přínos taxonomické teorie evoluční v objasnění všech stránek speciace (Mayr, 1970), pak taxonomie genetická dokázala vytvořit grandiosní model evoluce všeho živého na základě konfrontace myšlenky evolučního potenciálu živých struktur s genetickým inventářem známých taxonů biosféry (Ohno, 1970).

Z kritického konstatování, že výše uvedené taxonomie většinou nejsou induktivní, vzešla tzv. taxonomie fenetická, která je důsledně zbavena všech prvků spekulativních. Opírá se o kvantitativní analýsu diferencí mezi srovnávanými taxony (odtud alternativní název t. numerická nebo statistická), vesměs recentními. Dendrogramy, které buduje, jsou jen záměrně voleným způsobem vyjadřování zmíněných vztahů kvantitativních. Nemají funkci pořadající, nýbrž navádějící. Poskytují toliko podklady metodě ověřování hypotéz (Camin – Sokal, 1965; Sokal, 1973; Sokal – Rohlf, 1970; Sokal – Sneath, 1963). Z obavy před apriorismem se však z klasifikačních kritérií vylučují i prokázané atributy teoretické.

Z kritiky genealogických grafů vzešla také tzv. kladistika (název z řeckého klados = větev – kladistika znamená tedy doslova nauka o větvení). U kladistů převažuje zájem o vývojové proměny *p r v k ů* v rámci vývoje taxonů. Rozlišují mezi tzv. prvky plesiomorfními, tzn. primitivnějšími (archaičtějšími), a prvky apomorfními, tzn. od nich odvozenými na základě proměny, nicméně udržujícími s nimi kontinuitu. Pojem plesiomorfní prvek (nebo charakter) není totožný s pojmem prvku archetypického – je to pojem relativní, volený vždy vzhledem k určitému konkrétnímu prvku apomorfnímu. Skupiny definované nějakým společným apomorfním předchůdcem nazývají kladisté skupinami synapomorfními. Synapomorfní skupiny se zvětšují tou měrou, jakou objevujeme primitivnější apomorfní symboly (Hennig, 1966). Kladogramy umožňují rychlou mnohostrannou orientaci v homogenních skupinách, jakož i operativní účelová přetřídování.

Odhlédneme-li od rozdílů v *a s p e k t e c h* klasifikace, budou se první tři taxonomické systémy shodovat v tom, že toliko graficky zachycují hierarchické vztahy v určitém hotovém konkrétně logickém systému. Podstatná část badatelských řešení však vychází z těch faktorů mimo genealogický strom, jimiž se zmíněné taxonomické koncepce liší. Čtvrtý, fenetický systém klasifikuje skutečnosti hned ve fázi metodologického přibližování. Jeho prostřednictvím se fakta teprve v systém uvádějí, byť šlo o systém prozatímní. Pátá, kladistická koncepce je universální. Kladogramy si ze všech genealogických grafů činí největší nároky na obsažnost. Maximální, v ideálním případě absolutní obsažnost supluje teorii a zároveň nabízí vhledy metodologické, a to v jakémkoli směru. Z údajů explicitně obsažených v něm samém je (ideální) kladogram schopen být nástrojem svého rozvíjení – procedurou od recentnějšího k primitivnějšímu při vyčerpávajícím zhodnocení každého nového kroku. Obě poslední koncepce jsou faktorově analytické – první v extensi, druhá v intensi. První však zůstává záležitostí čistě taxonomickou, kdežto druhá, substituující, nebo spíše absorbující celou určitou vizi oboru, je schopna organisovat řešení teoretických otázek – vlastně na tuto roli pretenduje. Badatel má však volnost zavést do kladogramu tolik informací, kolik považuje za adekvátní.

Z kladogramů, stejně jako z trojrozměrných modelů, lze také abstrahovat grafy v podobě jediné linie. Autor této studie se pokusil sestavit jeden typ zjednodušeného grafu s algebraickým komentářem (viz výše s. 8–9), který vlastně parafrázuje trojrozměrný model a zároveň sleduje podobné cíle jako kladogramy a vyznačuje se podobnými vlastnostmi. Svůj návrh publikuje na jiném místě (Romportl, 1997), avšak v tomto příspěvku by rád ukázal na možnosti jeho využití netaxonomického, resp. na využití detailových linií z něho vyvozených, které můžeme rovněž považovat za izolované detailové linie trojrozměrného modelu. Domnívá se totiž, že by podobný aparát měl být obligátní součástí podkladů pro činnost v oboru jazykové kultury.

Mezi dvojrozměrná schemata účelová, jimiž se chceme zabývat, patří na prvním místě schemata elementárních změn nitrosystémových. Ty budeme znamenávat vždy jen v rozsahu příslušné jednotky relativní chronologie, tj. v intervalu proměny jednoho detailu v úseku mezi počátečním okamžikem (bodem) a koncovým okamžikem (bodem) proměny. Každou událost budeme ovšem chápat jako minimální úsek na detailových liniích dlouhodobých. Samotnou jednotkovou změnu budeme vyjadřovat úsečkou spojující bod počátku proměny (výchozí bod proměny), ležící na myšlené linii okamžikového řezu počátku proměny, s bodem konce (cílem) proměny, ležícím na myšlené linii okamžikového řezu cíle proměny. Proměnu hlásky v jinou hlásku např. znázorníme na detailové linii původní hlásky odkloněnou úsečkou. Bude-li zapotřebí explicitně vyjádřit, že v daném časovém intervalu nedošlo u nějakého prvku k žádné změně, bude spojnice mezi výchozím symbolem a symbolem cílovým vertikální. Pokud to bude možné, budeme zobrazovat vždy jen jednu událost jednoho prvku, tak aby schema obsahovalo pokud možno jen jedinou detailovou linii, samozřejmě jen v úseku mezi bodem počátečního okamžiku (dole) a bodem koncového okamžiku (nahore) proměny. Ústupky, které mimochodem budou

muset být činěny často, budou vedeny tímto zřetelem, a tudíž minimalisovány, a to podle explicitně stanovených zásad: Nebude-li se nějaký prvek měnit v jiný ve všech situacích, nýbrž jen v některých, ponecháme vedle odkloněné větve (větve mutační) také větev vertikální (větve konservační), přičemž budou obě větve vycházet z jednoho a téhož výchozího bodu (srov. sch. A 2). Bude-li se prvek v rámci intervalu měnit několikerým způsobem, znázorníme to několika liniemi odklánějícími se v různých úhlech jednoho a téhož kvadrantu, přičemž budou všechny vycházet ze stejného výchozího bodu (srov. sch. B 1). Takovýmto procesům budeme říkat diferencované. (Stupeň odklonu zde bude irelevantní - ten by měl smysl jen ve schematu úplném, které zobrazuje všechny relace.)

Nebude-li při jednotkové proměně docházet ke vzniku prvku, který v jazyce do té doby neexistoval, povedeme současně s odkloněnou linií prvku mutujícího vertikální linii toho prvku, který se mutací toliko rozhojní (na úkor prvku mutujícího) co do počtu výskytů (srov. sch. A 3). Nazvěme takovou linii linií přidruženou. Podobně si budeme počínat v těch nepočetných případech, kdy nový prvek vzniká s o u č a s n ě ze dvou prvků jiných, aniž existoval do té doby. Takovýmto procesům budeme říkat polygenní. Místo přidružené linie uvedeme zde druhou (odkloněnou) linii mutační, tak aby se obě mutační linie scházely ve stejném cílovém bodě, a to v mezích jednoho a téhož kvadrantu (srov. sch. C 1). Základní podmínkou (representativnosti) jakéhokoli schematu musí ovšem být rovnost (tj. stejný rozsah) distribuce součtu prvků ve výchozí horizontále s distribucí součtu prvků v horizontále cílové.

Nejelementárnějším diachronním schematem proměny je schema spontánní změny inovační. Každou spontánní změnu můžeme charakterisovat formulí $\forall A : A \Rightarrow B$, která však nepostačí k tomu, abychom příslušné schema vytvořili. Tato formule říká pouze, že provedením změny vymizí z jazyka výchozí prvek, neříká však, zda zároveň vznikne prvek zcela nový (změna inovační), nebo zda se jen rozšíří výskyt nějakého prvku, který už v jazyce existuje (změna redistribuční). Změna inovační má formuli $\forall B : B \Leftarrow A$, ta však rovněž nepostačí k sestrojení schematu, protože neříká, zda B, které je celojazykovým novem, vzniklo z každého A, nebo jen z některých A. K sestrojení každého schematu musíme totiž znát jak perspektivu všech výchozích prvků schematu, tak retrospektivu všech jeho prvků cílových. Aby mohlo platit ono výše zmíněné nejjednodušší schema o podobě jediné odkloněné úsečky (představující mutační linii), musí být splněny tyto podmínky: $\forall A : A \Rightarrow B, \forall B : B \Leftarrow A$ (srov. sch. A 1).

Alternativou změny spontánní je změna kombinatorická. Pro ni platí $E A : A \Rightarrow B$, což však opět nevypovídá nic o tom, zda $\forall B : B \Leftarrow A$, nebo $E B : B \Leftarrow A$. Pouhé schema „vertikála a odkloněná linie vybíhající společně z bodu A“ by neznázorňovalo všechny případy kombinatorických změn, nýbrž zase jen takové, kdy mutační linie vycházející z A generuje (spolu s A) zcela nový prvek, tedy $E A : A \Rightarrow B, \forall B : B \Leftarrow A$ (sch. A 2). Pokud by platilo (za jinak stejných podmínek) $E B : B \Leftarrow A$, musí být k bodu B vedena linie ještě jedna (nebo několik), symbolisující druhý zdroj (ostatní zdroje) současného výskytu B, nejspíše B, zřídka také prvek jiný, třeba P ($E B : B \Leftarrow B$ vyžaduje linii přidruženou, $E B : B \Leftarrow P$ ještě jednu linii mutační). Prvému případu odpovídá schema A 4,

druhému sch. C 5, zaměníme-li v něm C za B a B za P. Změna redistribuční (A 3) i změna polygenní (C 1) se samozřejmě může spojovat nejen se změnou kombinatorickou (právě uvedené případy) nebo také se změnou spontánní diferencovanosti ($\forall A : A \Rightarrow B \vee P$, $\forall B : B \Leftarrow A$, $\forall C : C \Rightarrow P$, $\forall P : P \Leftarrow A \vee C$), nýbrž také se změnou spontánní prostou (oba případy vystihuje vzorec $\forall A : A \Rightarrow C$, $\forall B : B \Rightarrow C$, $E C : C \Leftarrow A \vee B$ – srov. sch. C 2).

Abychom posoudili vliv elementárních změn na funkčnost jazyka, rozdělíme je jednak na základě protikladů kontradiktorických, jednak na základě protikladů polárních: Kontradiktorickým protikladem změny spontánní prosté je změna kombinatorická nebo spontánní změna diferencovaná, kontradiktorickým protikladem změny inovační je pak změna redistribuční nebo polygenní. Kontrérním protikladem změny spontánní je změna inovační, změny kombinatorické změna redistribuční a spontánní změny diferencované změna polygenní. První kontrérní dvojice představuje změny v existenci (zánik – vznik), další dvě kontrérní dvojice představují toliko změny kvantitativní (úbytek – přírůstek). Za základní musíme považovat změnu spontánní a změnu inovační, jakožto změny s účinkem absolutním. Změny k nim komplementární (kontradiktorické) jejich účinek relativisují. To má tyto praktické důsledky: změny kombinatorické a diferencované změny spontánní (souhrnně změny monogenní) diferencují paradigmata, změny redistribuční a polygenní vytvářejí homonymie (což je opak diferenciací). Tyto kusé charakteristiky jsou adekvátními indikátory účinku jednotlivých procesů, žádná z nich však není sama dostačující definicí kterékoli změny. K té je zapotřebí spojení kterékoli charakteristiky z první řady kontrérních protikladů s kteroukoli charakteristikou z druhé řady kontrérních protikladů. Jinak bychom nesplnili podmínku identického součtu distribucí na vstupu a na výstupu. K účelovému vyhodnocení účinku procesů musí ovšem být redistribuční rozsah definován jemněji, vždy adekvátně hledisku a v rámci adekvátnosti dostatečně přesně a dostatečně podrobně – nikoli snad kasuisticky, ale v přiměřeně obsažených kategoriích.

Již výše jsme se setkali se skutečností, že podmínka rovnosti distribucí vyžaduje někdy schemata složitější. Musíme uvážit, že u diferencovaných schemat spontánních (sch. B 1–4) i kombinatorických (sch. B 5–8) se mohou obě mutační linie lišit charakterem prvků výsledných – jedna linie může být inovační, druhá redistribuční, srov. sch. B 6, B 7 (nebo mohou být obě linie inovační, srov. B 5, nebo obě redistribuční, srov. B 8). Stejně tak se u změn polygenních – ať inovačních, nebo redistribučních – mohou obě mutační linie lišit charakterem prvků výchozích – jedna linie může být spontánní, druhá kombinatorická, srov. sch. C 3–6 (nebo obě spontánní, srov. C 1, C 2, nebo obě kombinatorické, srov. C 7, C 8). Získáme potom následující kombinace, které provějme se schematy řady B a C:

$$\begin{array}{lll}
 \forall A : A \Rightarrow B \vee C, & \forall B : B \Leftarrow A, & \forall C : C \Leftarrow A \\
 \forall A : A \Rightarrow B \vee C, & \forall B : B \Leftarrow A, & E C : C \Leftarrow A \\
 \forall A : A \Rightarrow B \vee C, & E B : B \Leftarrow A, & \forall C : C \Leftarrow A \\
 \forall A : A \Rightarrow B \vee C, & E B : B \Leftarrow A, & E C : C \Leftarrow A
 \end{array}$$

$E A : A \Rightarrow B \vee C,$	$\forall B : B \Leftarrow A,$	$\forall C : C \Leftarrow A$
$E A : A \Rightarrow B \vee C,$	$\forall B : B \Leftarrow A,$	$E C : C \Leftarrow A$
$E A : A \Rightarrow B \vee C,$	$E B : B \Leftarrow A,$	$\forall C : C \Leftarrow A$
$E A : A \Rightarrow B \vee C,$	$E B : B \Leftarrow A,$	$E C : C \Leftarrow A$
$\forall A : A \Rightarrow C,$	$\forall B : B \Rightarrow C,$	$\forall C : C \Leftarrow A \vee B$
$\forall A : A \Rightarrow C,$	$\forall B : B \Rightarrow C,$	$E C : C \Leftarrow A \vee B$
$\forall A : A \Rightarrow C,$	$E B : B \Rightarrow C,$	$\forall C : C \Leftarrow A \vee B$
$\forall A : A \Rightarrow C,$	$E B : B \Rightarrow C,$	$E C : C \Leftarrow A \vee B$
$E A : A \Rightarrow C,$	$\forall B : B \Rightarrow C,$	$\forall C : C \Leftarrow A \vee B$
$E A : A \Rightarrow C,$	$\forall B : B \Rightarrow C,$	$E C : C \Leftarrow A \vee B$
$E A : A \Rightarrow C,$	$E B : B \Rightarrow C,$	$\forall C : C \Leftarrow A \vee B$
$E A : A \Rightarrow C,$	$E B : B \Rightarrow C,$	$E C : C \Leftarrow A \vee B$

Také diferencovaná změna spontánní (sch. B 1–4) – stejně jako prostá – působí vymizení výchozího prvku ze systému a diferencovaná změna inovační působí vznik nových prvků (sch. B 1, B 5), resp. nového prvku (sch. B 2, B 3, B 6, B 7). I polygenese spontánní působí zánik výchozích prvků (sch. C 1, C 2), resp. výchozího prvku (sch. C 3–6), a kombinatorická působí diferenciaci paradigmat, ovšem v rámci složitějších změn (srov. C 3–8). Při komplexnějších procesech bude samozřejmě prognosa složitější. (Poznámka: Na rozdíl od formulí algebraických bychom některá schemata mohli sloučit (ztotožnit), pokud bychom u nich netrvali na pořadí prvků.)

Teoreticky mohou komplikace ještě vzrůstat: Jestliže např. ve formulích sudých v pořadí platí navíc také $E C : C \Leftarrow X$, musíme kvůli principu rovnosti distribucí zahrnout do schematu všechny budoucí osudy prvku X symetricky s tím, že jsme k prvku C museli určit všechny jeho osudy předešlé (obojí samozřejmě jen v rámci daného intervalu), tedy také jeho původ z X . Teoreticky by se tedy i zobrazení elementární vývojové spojitosti mohlo vzhledem k podmínce rovnosti distribucí rozrůst do veliké šíře, prakticky však není taková obava na místě, protože se zobrazování spřahují vždy jen v rozmezí krátkého časového intervalu, vyměřeného tak, aby zahrnoval toliko ústřední singulární událost, na kterou je orientován. Pokud nějaký přilehlý proces interval takto vyměřený přesahuje, nezobrazuje se nám jako proces, nýbrž jako doprovodný stav (viz změny kombinatorické a redistribuční), tedy vertikálou.

Někdy má smysl zobrazit několik intervalů kaskádovitě v jejich časové návaznosti. Takové zobrazení nazýváme komplexním. Často však není třeba v komplexním zobrazení reflektovat jednotlivé intervaly. Potom od dílčích (singulárních) procesů odhlédneme a rozšíříme interval tak, že bude vymezen toliko prvním a posledním časovým řezem, a na komplexní proces budeme pohlížet jen jako na singulární proces diferencovaný (resp. snad i polygenní?). Respektování jednotlivých intervalů může mít smysl zvláště tehdy, jestliže jazykový systém měl čas vyvodit z nich nějaké systémové implikace. O stupňové výsledky změn fonetických, zvláště také o mechanismus jejich vzniku, mívá však někdy zájem historická fonetika. Ke kaskádovitému zobrazení mohou někdy nabádat i poměry distribuční.

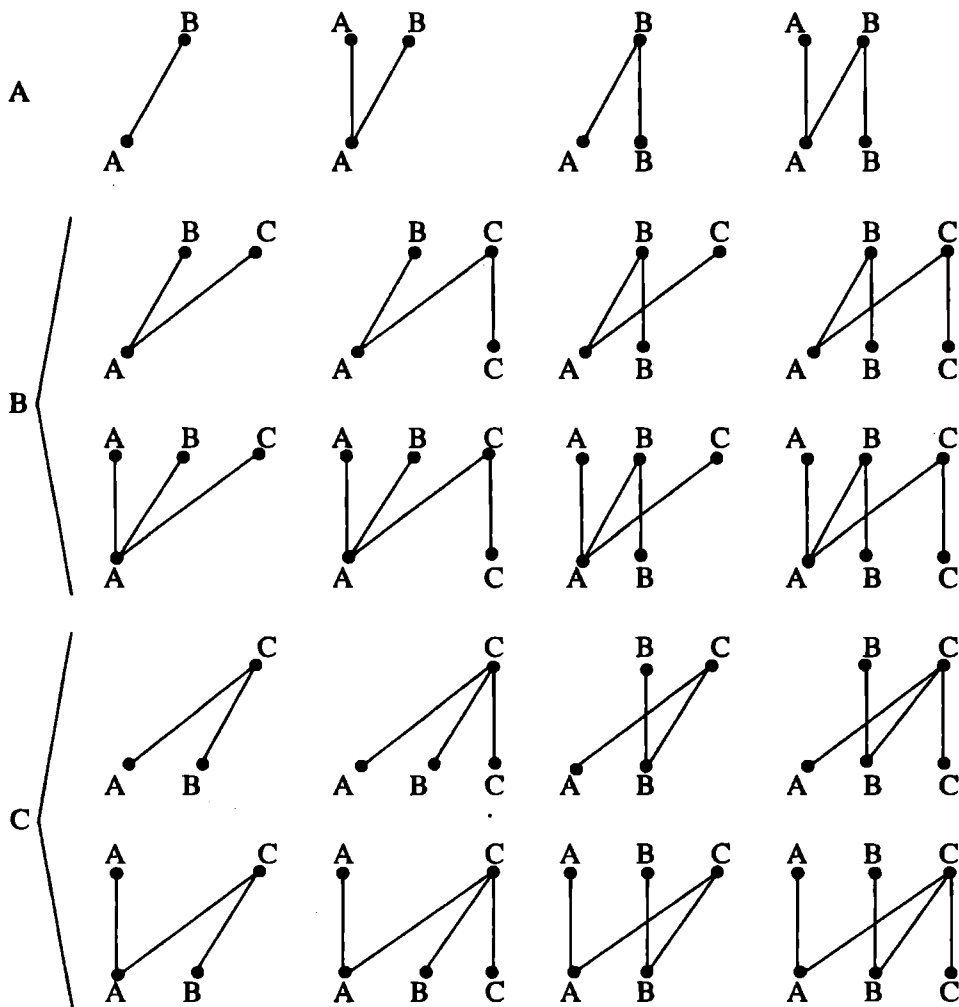
Systém algebraického nebo grafického representování časového průběhu detailových linií je schopen representovat nejen procesy přirozené, ale i umělé zásahy do jazyka. V takovém případě nám umožní bezprostřední predikci komplexního dopadu např. pravopisného normalizačního návrhu, pokud by měl návrh být realizován. Připomeňme jen nesčetné pravopisné diskuse, mj. i na thema posunu hranic mezi *i* a *y*. Algebraické a zvláště grafické zobrazení různých variant návrhů na takovou pravopisnou změnu ukáže spolehlivě, že by redistribuce písmen *i*, *y* způsobila deklinační schisma prakticky v celém rozsahu deklinace jmenné a zájmené, navíc pak také některé homonymie.

Systém, který jsme právě popsali, je schopen operovat i nad jinými universy, než jaké představuje sféra vnitřního systému jazyka, jehož prostor lze charakterisovat rozpětím mezi limitami vnitřní uniformity a maximální vnitřní pluriformity. V glotosféře je druhým takovým universem sféra daná rozpětím mezi limitami homomorfismu a maximálního polymorfismu formace reflektované jako základní jazykový taxon, tj. jako etnický jazyk. Také pro tuto sféru platí – tak jako pro všechny sféry použití výše popsaného systému – důsledky abstraktních mohutností, jimiž je tento descendenční systém nadán a jež vyplývají z jeho strukturace kontrénní a kontradiktorické (srov. s. 12): Zánik, vznik a změny kvantitativní se zde však týkají koexistence subspecifických modifikací jedné a téže jazykové skutečnosti, nikoli jejich alternativní existence v daných distribučních kategoriích. Alternativnost se zde vztahuje toliko na lokality (při schmidtovském pohledu na existenční prostor jazyka – při složitějších podmínkách bychom obdobu distribuční třídy museli definovat jinak). Také tato sféra je relevantní pro bádání v oboru jazykové kultury, avšak pojednání o ní by přesáhlo rámec tohoto příspěvku. Odkazujeme však čtenáře na publikaci Romportl, 1997. Navíc autor zhodnotil výsledky poměrně nedávných areálních změn (viděno v časové škále evolucionistické) a na ně navazujících normalizačních opatření obrozenců, rovněž pokud jde o poměr *i* : *y*, ve studii Romportl, 1995. Zde se chceme ještě závěrem zaměřit na problematiku obsahu uzlů v genealogických grafech.

Descendenční grafy mají být budovány tak, aby do nich mohly být zaváděny jak substance nadané inherentními kapacitami vývojové dynamiky, tak substance bez vlastního genetického potenciálu, jejichž identita se toliko odvíjí od vnitřního systému taxonomického individua (máme na mysli komponenty), navíc také obecné atributy a snad i jiné druhy indikátorů. Tím nikterak nemá být řečeno, že by descendenční graf, tak jako kterákoli vědecká představa, mohl být v kterékoli fázi svého budování považován za definitivní.

Každý z výše uvedených faktorů je zatížen svou specifickou gnoseologickou problematikou: Substance nesoucí vývojový potenciál unikají přímému nazírání. Pojmem komponenta, součást zase a priori dáváme primát vnitřnímu systému, přičemž u něho může být subsumována i úloha formativní. V této souvislosti je třeba přihlídnout ještě k tomu, že přeceňovat skutečnost značné regulační iniciativy vnitřních celosystémových vazeb a procesů patří ke specifickým pokušením jazykovědy. Stejně tak nemůže být bezproblematickým kritériem vlastnost, a ještě méně jím může být kvantita, protože statut atributu, jde-li

o atribut primární, propůjčuje jakémukoli kriteriu universálnost. Něco jiného ovšem je, slouží-li určení z kategorie kvality jako prozatímní substitut za genealogickou substanci ještě neidentifikovanou. Při bádáních jazykových hrozí ještě nebezpečí, že jako nositel langue má i badatel sklon indikovat k v a l i t y jazykových p r v k ů funkčně. A přece jsou přemnohé z nich v evoluci utvářeny a modifikovány kausálními procesy vycházejícími z vlastních autonomních determinant samotných prvků (součástí), jež jsou jejich nositeli.



Jak vyplynulo také z přehledu problematiky genealogických grafů v oboru, který s nimi má největší zkušenost, představuje výběr i interpretace skutečností, jež mají být předmětem zobrazení v genealogickém stromu, složitý mnohoaspektuální gnoseologický problém. Ten částečně souvisí i s mírou kompetence, kterou descendenčnímu grafu chceme přisoudit, ale především je v bytostné spojitosti s vizí celého objeovovaného jsoucna a z ní vyplývajícím statutem jeho

postulovaných bazálních složek. Sféra této problematiky v jazykovědě se jen částečně kryje s problematikou biologickou, protože v jazyce nevystačíme toliko s vývojovými determinantami kauzálními (počítat s nimi ovšem musíme), jelikož se zde i při vývoji hojně uplatňují motivace finální. Schází sice faktor přírodního výběru, zato však má jazykověda svou specifickou problematiku metodologickou, danou mj. nutností introspekce. Jsou i některá oborová specifika daná módou.

LITERATURA

- CAMIN, J. H. – SOKAL, R. R.: A Method for Deducing Branching Sequences in Phylogeny. *Evolution*, 19, 1965, s. 311–326.
- DOBZHANSKY, Th.: *Genetics and the Origin of Species*. 3rd ed., Columbia University Press, New York 1951.
- ELDRIDGE, N. – CRACRAFT, J.: *Phylogenetic Patterns and Evolutionary Process: Method and Theory in Comparative Biology*. Columbia Univ. Press, New York 1980.
- HENNIG, W.: *Phylogenetic Systematics*. Univ. of Illinois Press, Urbana 1966.
- HENNIG, W.: "Cladistic Analysis, or Cladistic Classification?": A Reply to Ernst Mayr. *Syst. Zool.* 24, 1975, s. 244–256.
- HUXLEY, J. S.: *The New Systematics*. Clarendon Press, Oxford 1940.
- MAYR, E.: *Principles of Systematic Zoology*. McGraw–Hill, New York 1969.
- MAYR, E.: *Population, Species, and Evolution*. Belknap Press, Harvard Univ. Press, Cambridge, Mass. 1970.
- OHNO, S.: *Evolution by Gene Duplication*. Springer–Verlag, Berlin – Heidelberg – New York 1970. Český překlad M. Zelená: *Evoluce genovou duplikací*. Academia, Praha 1975.
- ROMPORTL, S.: O biologické povaze přirozeného jazyka. Albert, Boskovice 1994a.
- ROMPORTL, S.: Jazykovéčné idiosynkrasie a zděděná tabu v ontologii jazyka. (Nad odkazem Augusta Schleichera.) In: SPFFBU, A 42, 1994b, s. 7–14.
- ROMPORTL, S.: Schleicher a Whitney. LF 117, 1994c, č. 3–4, s. 248–266.
- ROMPORTL, S.: Reflexe jazykové speciei. (K filosofii spisovnosti.) In: SPFFBU, A 43, 1995, s. 21–29.
- ROMPORTL, S.: *Descendenční analýsa*. 1997 (v tisku).
- SCHLEICHER, A.: *Die Darwinsche Theorie und die Sprachwissenschaft*. Hermann Böhlau, Weimar 1863.
- SCHLEICHER, A.: *Compendium der vergleichenden Grammatik der indogermanischen Sprachen*. Weimar 1861–1862. Druhé ... vyd. Hermann Böhlau, Weimar 1866.
- SOKAL, R. R.: The Species Problem Reconsidered. *Syst. Zool.* 22, 1973, s. 360–374.
- SOKAL, R. R. – RHOLF, F. J.: The Intelligent Ignoramus, an Experiment in Numerical Taxonomy. *Taxon*, 19, 1970, s. 305–319.
- SOKAL, R. R. – SNEATH, H. A.: *Principles of Numerical Taxonomy*. W. H. Freeman, San Francisco 1963.

THE GENEALOGICAL TREE (A CONTRIBUTION TO THE METHODOLOGY OF EVOLUTIONARY LINGUISTICS)

The paper may be considered as reminiscence of the formerly advanced state of evolutionary linguistics. It refers to the progress in the methods of investigating the branching sequences in phylogeny in the science disciplines. After mentioning the genealogical, the evolutionary, the genetical, the phenetic, and the cladistic methods of approach to the matter the author puts forward a non-taxonomic system for noting successions of the inherent characters in different organic systems. Possible inference from indications obtained by the method proposed is pointed out.

Simeon Romportl
Katedra českého jazyka
Pedagogické fakulty MU
Poříčí 7
60300 Brno

