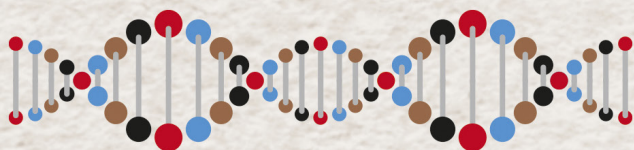


JOHANNES KRAUSE

THOMAS TRAPPE

H o m o
s a p i e n s
i j e g o
g e n y



OPOWIEŚĆ O NAS
I NASZYCH PRZODKACH



Copyright © by Ullstein Buchverlage GmbH, Berlin.

Published in 2019 by Propyläen Verlag

Tytuł oryginału:

Die Reise unserer Gene: Eine Geschichte über uns und unsere Vorfahren

All rights reserved

Wydawnictwo Bez Fikcji

Oświęcim 2020

Wszelkie Prawa Zastrzeżone

Redakcja:

Rafał Mazur

Korekta:

Artur Gajewski

Redakcja techniczna:

Mateusz Bartel

Projekt okładki:

Paulina Klimek

www.wydawnictwoniezwykle.pl

Numer ISBN: 978-83-8178-376-7

JOHANNES KRAUSE

THOMAS TRAPPE

HOMO SAPIENS I JEGO GENY

OPOWIEŚĆ O NAS I NASZYCH PRZODKACH

Tłumaczenie

Magdalena Kaczmarek

OŚWIĘCIM 2020

SPIS TREŚCI

| | |
|--|------------|
| WSTĘP | 7 |
| ROZDZIAŁ I PRACA, KTÓRA (CZASAMI) DAJE W KOŚĆ | 11 |
| ROZDZIAŁ II UPORCZYWI IMIGRANCI | 41 |
| ROZDZIAŁ III PRZYBYSZE TO NASZA PRZYSZŁOŚĆ | 67 |
| ROZDZIAŁ IV SPOŁECZEŃSTWA RÓWNOLEGŁE | 93 |
| ROZDZIAŁ V SAMODZIELNI MŁODZI FACECI | 109 |
| ROZDZIAŁ VI EUROPEJCZYCY ZNAJDUJĄ JĘZYK (W GĘBIE) | 135 |
| ROZDZIAŁ VII STRUKTURY PATRIARCHALNE | 153 |
| ROZDZIAŁ VIII KTO PRZENOSI DŻUMĘ? | 169 |
| ROZDZIAŁ IX NOWY ŚWIAT, NOWE EPIDEMIE | 201 |
| ZAKOŃCZENIE KONIEC CZARNO-BIAŁEGO SPOJRZENIA NA ŚWIAT | 225 |
| BIBLIOGRAFIA | 253 |
| PODZIĘKOWANIA | 271 |
| ŹRÓDŁA ILUSTRACJI | 273 |

WSTĘP

Czegoś takiego Europa jeszcze nie przeżyła. Płynący przez Bałkany w głąb kontynentu potok migrantów sprowadził na nią prawdziwy – tutaj to słowo doskonale pasuje – przełom. Od tamtej pory już nic nie było takie jak dawniej. Do Europy przybyły tłumy licznych rodzin o rolniczych korzeniach, mając przed oczami jeden konkretny cel: zajęcie nowych terenów. Dotychczasowi mieszkańcy nie mieli z nimi szans. Najpierw się wycofali, a potem zniknęła dawna europejska kultura. Ludzie, którzy od tej pory zajmowali Europę, całkowicie różnili się od tych, których wyparli – tak właśnie wygląda wymiana ludności.

Chociaż od przybycia tamtej tak dynamicznej fali migracyjnej minęło już 8000 lat, dopiero od niedawna wiemy więcej na jej temat. Zbrojni w rewolucyjną technologię, zmieliliśmy pradawne kości na pył i wydestylowaliśmy z ich DNA historie, które opowiadamy w niniejszej książce. Młoda gałąź nauki – archeogenetyka – wykorzystuje opracowane przez medycynę metody do rozszyfrowania starego, liczącego sobie niekiedy nawet setki tysięcy materiału genetycznego. Gałąź ta jest jeszcze relatywnie nowa, ale już zdobyta do tej pory dzięki niej wiedza jest niewyobrażalna. W ludzkich kościach z dalekiej przeszłości rozpoznajemy nie tylko genetyczne profile zmarłych, ale także drogi, jakimi ich geny trafiły do Europy, czyli kiedy i skąd ci ludzie tutaj przywędrowali. Przybycie Anatolijczyków przed 8000 lat to tylko jedna z wielu wędrówek ludów w historii naszego kontynentu. Archeogenetyka pokazuje, że ludzie o „czysto” europejskich korzeniach nie istnieją – i najprawdopodobniej nigdy nie istnieli. Wszyscy mamy migracyjne pochodzenie, o którym opowiadają nasze geny.

Gdy w 2014 roku udowodniliśmy fakt przybycia Anatolijczyków w epoce kamienia do Europy, nie przypuszczaliśmy, jak bardzo adekwatne odniesienie do aktualnej sytuacji na naszym kontynencie znajdzie ten temat niewiele później. Latem 2015 w kierunku centralnej Europy ponownie popłynęła przez Bałkany fala migracyjna, która zaniepokoiła wiele europejskich państw, i której skutki polityczne będą trudne do przewidzenia jeszcze przez długi czas. Zasadniczo niegroźne hasło „Damy radę” podzieliło społeczeństwo na dwa obozy, częściowo nie do pogodzenia¹. Dziś zdanie to jest wykorzystywane przez przeciwników migracji głównie jako jego własna karykatura, mająca wyrazić coś dokładnie odwrotnego. Masowa imigracja jest przedstawiana jako zjawisko, które nas przerasta i którego w żadnym wypadku nie należy bezwarunkowo akceptować. Także debaty dotyczące Światowego Paktu w sprawie Migracji pokazały, z jak kontrowersyjnym tematem mamy do czynienia. W Niemczech rozgorzały postulaty odrzucenia tej umowy, a wiele krajów zaprzestało wspierania projektu, gdyż jakoby Pakt nie ograniczał migracji, a wręcz im sprzyjał. Są to spory natury politycznej, w których archeogenetyka nie powinna przyjmować roli arbitra – czego zresztą nie chce czynić. Może jednak pomóc w lepszym uporządkowaniu pewnych spraw oraz w zrozumieniu, czym tak naprawdę jest Europa: tocząca się od tysiącleci historią postępu, który nie byłby możliwy bez migracji i mobilności ludzi.

Pomysł napisania niniejszej książki zrodził się w wyniku obserwacji przykrych konsekwencji „lata uchodźców” w 2015 roku. Archeogenetyka może dorzucić swoje trzy grosze do wielu debat społecznych prowadzonych do tamtego czasu – przecież pozostawienie jej wiedzy w pyłe zmielonych kości byłoby zmarnowaniem wysiłku, jaki włożyli w dokonanie odkryć na-

¹ Autor cytuje tu wypowiedź kanclerz Niemiec Angeli Merkel (w oryginale brzmiącą „Wir schaffen das”) z okresu kryzysu migracyjnego w Europie w 2015 roku. Wyrażała ona przekonanie, że Niemcy są w stanie podolać przyjęciu nawet bardzo dużej liczby imigrantów (przyp. tłum.).

ukowcy. To, czym będziemy zajmowali się na kolejnych stronach, są wielkie fale migracyjne, przetaczające się przez Europę od pradawnych czasów, a także te, które zaczęły się tutaj i stworzyły zachodni świat. Zajmiemy się między innymi odwieczną trasą przez Bałkany i występującymi od niepamiętnych czasów konfliktami na tle migracyjnym. Wyjaśnimy, dlaczego pierwsi Europejczycy byli ciemnoskórzy. A także, dlaczego na podstawie analizy genomu można wprawdzie umiejscowić na mapie poszczególnych Europejczyków, ale jednocześnie nie można wyznaczyć genetycznych granic państw czy narodowości. Napniemy łuk historii od czasu epoki lodowej, w której rozpoczęła się genetyczna podróż Europejczyków, aż po dziś dzień, kiedy to jesteśmy blisko wzięcia naszej ewolucji we własne ręce. Należy podkreślić, że książka ta ma nie tylko na celu wskazanie politycznych kontrowersji, ale także zebranie wyników badań archeogenetyki na temat historii Europy po raz pierwszy w jednej niemieckojęzycznej pracy.

Nowe wyniki badań nie są przydatne w zerojedynkowych debatach. Bez wątplenia przybysze wywarli wpływ na Europę, nie pozostawia także wątpliwości fakt, że związane z nimi zmiany przyniosły wiele cierpienia, chociażby myśliwym i zbieraczom, którzy zostali wyparci przez anatolijskich rolników. Historia migracji to także sięgająca aż do epoki kamienia historia śmiertelnych chorób, jak choćby dżumy. Dość prawdopodobne jest, że to migracja zbudowała ciągnący się przez całą Europę pas startowy dla śmierci – ale i utarowała drogę tym, których potomkowie zainicjowali epokę brązu. Jesteśmy świadomi, że książka ta dostarczy argumentów osobom otwartym na migrację, jak również i tym, którzy chcieliby wyznaczyć jej wyraźne granice. Mamy tylko nadzieję, że po jej lekturze nikt już nie będzie utrzymywał, że mobilność nie jest czymś leżącym w ludzkiej naturze. Autorzy chcieliby natomiast najbardziej, by Czytelnicy i Czytelniczki zbliżyli się do ich punktu widzenia, czyli do prze-

konania, że funkcjonujące od tysiącleci społeczeństwo globalne także w przyszłości będzie stanowiło klucz do postępu, również – i przede wszystkim – dla Europy.

Nad niniejszą książką pracowało dwóch autorów. Johannes Krause, który od kolejnego rozdziału przyjmie rolę narratora pierwszoosobowego, należy (z racji jego skromności słowa te pisze drugi autor) do najbardziej uznanych specjalistów w zakresie archeogenetyki na świecie i jest dyrektorem Instytutu Nauk o Historii Ludzkości im. Maxa Plancka w Jenie. Współautorowi Thomasowi Trappe przypadło w udziale nie tylko spisanie zgromadzonej przez Krausego wiedzy i stworzenie z niej zwięzłego opowiadania, ale także umieszczenie jej we współczesnych ramach i osadzenie w aktualnych debatach politycznych. W ubiegłych latach Trappe jako dziennikarz wielokrotnie współpracował już z profesorem Krausem, a ponadto zajmował się tematyką nacjonalizmu i współczesną spuścizną ideologii volkizmu. Podczas wielu rozmów obu autorów zrodziła się wola umieszczenia naukowych rozważań i współczesnych debat na łamach jednej książki.

Zacniemy od krótkiej przechadzki przez podstawy archeogenetyki. Oraz od kości palca, która wywarła niebagatelny wpływ na karierę naukową Krausego. Co absolutnie zaskakujące, to ona przedstawiła nam nową formę człowieka – i pośrednio świadczy o powinowactwie wczesnych Europejczyków z neandertalczykami.

ROZDZIAŁ I

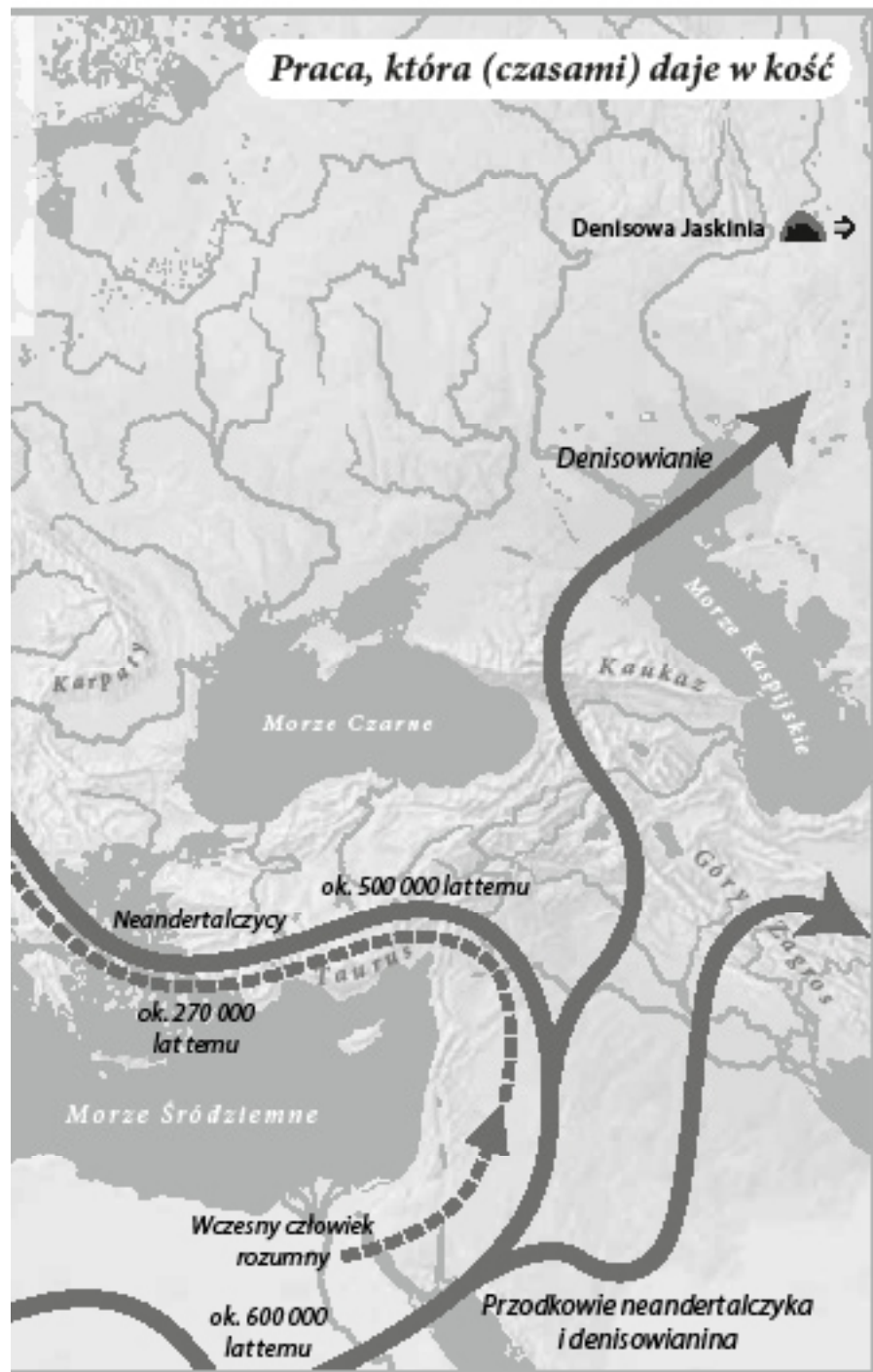
Praca, która (czasami) daje w kość

Syberyjski palec wskazuje nam nowego pracźłowieka.

Genetycy podekscytowani jak poszukiwacze złota – mają cudowne maszyny. Adam i Ewa wcale nie byli parą. Neandertalczyk okazuje się iluzją. Jak ogłupia Park Jurajski? Tak, wszyscy jesteśmy spokrewnieni z Karolem Wielkim.



Praca, która (czasami) daje w kość



Kość na biurku

Opuszką, którą pewnego zimowego poranka 2009 roku zastałem na swoim biurku, była tylko smętną resztką całego palca. Brakowało paznokcia, podobnie jak skóry – została się jedynie końcówka paliczka, nie większa od pestki czereśni. Jak później odkryłem, należała do pięcio-, może siedmioletniej dziewczynki. Opuszką palca przybyła z bardzo daleka, bo aż z Nowosybirsk, w zwykłej kopercie bąbelkowej, jaką można kupić na każdej poczcie. Nie wszyscy ucieszyliby się na widok ludzkich szczątków z Rosji na stole, i to jeszcze przed poranną kawą. Ale ja tak!

Prawie dziesięć lat wcześniej, w 2000 roku, w czasie konferencji prasowej w Białym Domu ówczesny amerykański prezydent Bill Clinton ogłosił – po dziesięciu latach pracy i zainwestowaniu miliardów dolarów w Projekt poznania ludzkiego genomu (Human Genome Project, HGP) – że rozszyfrowanie ludzkiego genomu stało się faktem. DNA miało wówczas swoje pięć minut w mediach. Niemiecka gazeta codzienna *Frankfurter Allgemeine Zeitung* wycofała stały felieton, by zrobić miejsce dla sekwencji ludzkiego genomu, nieskończonego rzędu zasad azotowych A, T, C i G. Wielu ludzi uświadomiło sobie wtedy, jak bardzo genetyka wkrótce zyska na znaczeniu. Wciąż panowało przekonanie, że DNA można przeczytać niczym plan budowy organizmu.

W 2009 roku nauka była już bardzo blisko tego celu. Odbywałem w tym czasie staż podoktorski w Instytucie Antropologii Ewolucyjnej im. Maxa Plancka w Lipsku, znanym również pod obrazowym skrótami MPI-EVA. Już wówczas Instytut stanowił dobre miejsce dla naukowców i naukowczyń, którzy przy pomocy wysoko wydajnej techniki chcieli sekwencjonować DNA ze starych kości. Możliwości te poprzedzone były wieloletnimi wysiłkami włożonymi w badania genetyczne. To one pozwoliły na to, by choć odrobinę opisać historię powstania ludzkości na podstawie znalezionej na moim biurku kostki. Syberyjskie zna-

leżisko przedstawiało bowiem liczące sobie 70 000 lat szczątki dziewczynki, będącej dotychczas nieznaną formą pracźłowika. Zdradziło to nam kilka miligramów kostnego pyłu, oczywiście przy pomocy niezwykle skomplikowanego sekwenatora DNA. Jeszcze kilka lat wcześniej z technicznego punktu widzenia było w ogóle niewyobrażalne, by na podstawie jedynie maleńkiej opuszki palca stwierdzić, do kogo należała. Fragment kostki powiedział nam zresztą o wiele więcej. Dowiedzieliśmy się także, co łączyło tę dziewczynkę z nami, żyjącymi obecnie ludźmi – i co nas od siebie różniło.

Bilion dziennie

DNA jako plan budowy organizmu żywego jest znane już od ponad stu lat. Po ogromie pracy włożonym przez Rosalind Franklin, w 1953 roku James Watson i Francis Crick odkryli jego strukturę, za co zresztą dziewięć lat później obaj zostali uhonorowani Nagrodą Nobla w dziedzinie medycyny (Franklin wówczas już nie żyła – zmarła młodo, w wieku zaledwie 37 lat). Od tej pory to medycyna napędzała badania nad DNA i zainicjowała Projekt poznania ludzkiego genomu.

Kamieniem milowym w kierunku odszyfrowania DNA, czyli jego odczytania, było opracowanie w latach osiemdziesiątych ubiegłego wieku reakcji łańcuchowej polimerazy¹. Metoda ta stanowi jedną z podstaw działania dzisiejszych sekwenatorów, odczytujących kolejność zasad azotowych wewnątrz cząsteczki DNA. Od przełomu tysiącleci nastąpił dalszy błyskawiczny rozwój tego typu urządzeń. Każdy, kto przypomina sobie stare dobre komputery Commodore 64 i korzysta dzisiaj ze smartfona,

¹ W trakcie reakcji łańcuchowej polimerazy imitowany jest proces, który zachodzi w organizmie miliony razy dziennie: duplikacja genomu podczas powstawania nowych komórek ciała. W probówce stosuje się podobne enzymy do tych, które biorą udział w procesie w ludzkim ciele. W ciągu kilku godzin dzięki ciągłym podwojeniom z jednej cząsteczki DNA można uzyskać miliardy takich cząsteczek.

jest sobie w stanie wyobrazić, jak ogromny postęp techniczny nastąpił także w dziedzinie genetyki.

Kilka liczb pomoże zrozumieć, w jakich wymiarach się poruszamy w kwestii odszyfrowania DNA: ludzki genom składa się z 3,3 miliarda zasad². W 2003 roku, kiedy to zakończono projekt, na odszyfrowanie informacji genetycznej człowieka wciąż potrzebowano ponad dziesięciu lat³. Dziś w naszym laboratorium rozszyfrowujemy bilion par zasad azotowych dziennie. Na przestrzeni ostatnich dwunastu lat przepustowość maszyn zwiększyła się setki milionów razy, dzięki czemu obecnie w ciągu jednego dnia przy pomocy jednego jedyne go sekwenatora potrafimy odkodować 300 ludzkich genomów. Bajeczny wynik. Bardzo możliwe, że za dziesięć lat na całym świecie rozszyfrowywanie genomów zwykłych ludzi stanie się chlebem powszednim – przy czym do tej pory zazwyczaj nie docenialiśmy szybkości postępu. Analizy sekwencji DNA są coraz szybsze i tańsze, dzięki czemu stają się coraz bardziej dostępne dla wszystkich. Obecnie badanie genomu kosztuje mniej niż szczegółowe badanie krwi, więc łatwo sobie wyobrazić, że rozszyfrowanie genomu noworodka wkrótce stanie się rutyną dla świeżo upieczonych rodziców. Sekwencjonowanie DNA daje ogrom możliwości chociażby w zakresie wczesnego rozpoznawania predyspozycji genetycznych do określonych chorób – i ten potencjał cały czas będzie rósł⁴.

² Te informacje genetyczne człowiek dziedziczy w 23 chromosomach pochodzących od matki i w takiej samej liczbie chromosomów pochodzących od ojca. To, czy ojciec przekaze dziecku chromosom X i czy Y, rozstrzyga, jakiej płci ono będzie.

³ Rozszyfrowanie ludzkiego genomu było wówczas jak podział olbrzymiego tortu na ponad tysiąc laboratoriów. Laboratoria te stały się prawdziwymi fabrykami z dziesiątkami sekwenatorów kosztujących miliony dolarów. Każde z nich przez całe lata nieprzerwanego maratonu obliczeniowego sekwencjonowało miliony zasad azotowych, a na koniec wszystkie wyniki zostały połączone w jedną ogromną całość.

⁴ Co paradoksalne, nowa wiedza może jeszcze bardziej nawarstwiać dawne wątpliwości. Rodzice wkrótce po narodzinach dziecka dostaną pisemną informację na temat ryzyka, jakie będą towarzyszyły mu przez całe życie. Dla niektórych ta wiedza będzie zbyt przytłaczająca, już chociażby dlatego, że na dane z sekwenatora należy patrzeć przez pryzmat prawdopodobieństwa ich wystąpienia.



Johannes Krause pobiera próbkę DNA z kości ramiennej neandertalczyka – pracźłowieka pochodzącego z leżącej w Niemczech doliny Neandertal.



Największym zagrożeniem przy analizie DNA jest zanieczyszczenie materiału. By mu zapobiec, próbki kości pobiera się w odzieży ochronnej i w warunkach próżniowych.

Podczas gdy medycyna rozszyfrowuje genomy żyjących ludzi w celu lepszego rozumienia chorób i opracowywania nowych preparatów i metod leczenia, archeogenetycy wykorzystują techniki opracowane pod kątem żywego człowieka do analizy znalezisk archeologicznych: kości, zębów czy próbek gleby, aby na podstawie znalezionej w nich DNA wyciągać wnioski na temat pochodzenia ludzi zmarłych przed wieloma wiekami. To otwiera przed archeologią szereg nowych możliwości. Inaczej niż do tej pory, dziedzina ta nie jest już skazana wyłącznie na teorie i interpretacje, lecz może wreszcie na podstawie analizy genetycznej potwierdzić wędrówki ludów z nieprawdopodobną dotychczas precyzją.

Rozszyfrowanie starych próbek DNA ma dla archeologów porównywalnie ważne znaczenie jak inna rewolucja technologiczna, a mianowicie określanie wieku znalezisk archeologicznych metodą datowania radiowęglowego, którego wdrożenie w latach pięćdziesiątych ubiegłego wieku przyniosło całkowicie nową jakość wyników. Dzięki tej metodzie po raz pierwszy można było w pewny sposób datować ludzkie szczątki, nawet jeśli oczywiście nie była to dokładność co do jednego roku. Archeogenetyka umożliwia „czytanie z fragmentów szkieletu” i odnajdywanie relacji, o których nie wiedzieli nawet ci, do których te kości należały. Ludzkie resztki, niektóre zagrzebane w ziemi przez wiele dziesiątek tysięcy lat, stały się w ten sposób cennymi posłańcami z przeszłości. Tkwią w nich zapisane historie naszych przodków, które przedstawiliśmy w niniejszej książce – niektóre w ogóle po raz pierwszy.

Mutacja motorem postępu

Młoda gałąź nauki, jaką jest archeogenetyka, może nam pomóc w odnalezieniu odpowiedzi na niektóre z najstarszych i najbardziej podstawowych pytań dotyczących historii ludzkości: co

Datowanie radiowęglowe

Od XIX wieku archeolodzy badają kości i artefakty – naczynia, broń, ozdoby – i starają się na tej podstawie stwierdzić, jak żyli nasi przodkowie i kiedy rozprzestrzenili się po świecie. Bardzo długo archeologia działała na zasadzie sudoku: z połączenia wielu znalezisk, we współgraniu z innymi poszlakami powoli opracowywano całościowy obraz. Gdy więc przykładowo znajdowano wytworzoną w konkretny sposób misę ceramiczną obok ludzkiego szkieletu, a inną misę takiego samego typu obok innego szkieletu, dochodzono do wniosku, że są to członkowie jednej kultury, żyjący w jednej epoce. Z innych znalezisk w pobliżu, na przykład inskrypcji czy narzędzi, próbowano poukładać poszczególne epoki we właściwej kolejności. Aż do połowy XX wieku przyporządkowanie czasowe prawie zawsze opierało się w dużej mierze na szacunkach, a przy szkieletach bez jakichkolwiek dodatków nawet i to nie było możliwe. Sytuacja zmieniła się dopiero wraz z nadejściem metody węgla radioaktywnego (datowania radiowęglowego), bez której nowoczesna archeologia nie miałaby szans na istnienie. Opracowana w 1946 roku metoda wykorzystująca izotop węgla ^{14}C opiera się na stałej fizycznej jako wartości służącej do pomiaru: na rozpadzie węgla radioaktywnego, czyli substancji, która znajduje się w artefaktach archeologicznych pochodzenia organicznego i działa jak coś w rodzaju wbudowanego zegara. Metoda bazuje na procesach rozpadu węgla, elementu budulcowego organizmów żywych. W wyniku fotosyntezy wnika on do roślin, na drodze łańcucha pokarmowego trafia do organizmów ludzi i zwierząt, po czym częściowo znowu jest oddawany do atmosfery. Tam promienie słoneczne przekształcają go w niestabilne izotopy radioaktywne – ^{13}C i ^{14}C . Oprócz tych niestabilnych izotopów

rośliny pochłaniają głównie izotop ^{12}C , czyli pierwotny stabilny wariant węgla, którego nie zmieniają promienie słoneczne. Z biegiem tysiącleci niestabilne izotopy ^{13}C i ^{14}C rozpadają się, dążąc do powrotu do stabilnej formy ^{12}C . To stała fizyczna, a zatem zachodzi cały czas w tym samym tempie, zawsze i niezależnie od jakichkolwiek wpływów zewnętrznych. Ta stałość przydaje się właśnie w metodzie datowania radiowęglowego. Na wielu stanowiskach archeologicznych znajduje się bowiem obiekty zawierające węgiel – bardzo często kości lub spalone drewno. Ze stosunku zawartości stabilnych izotopów węgla do zawartości izotopów niestabilnych można obliczyć, do kiedy materiał kostny lub drzewny pochłaniał izotopy niestabilne, a zatem jak dawno temu żyły dane organizmy. Od lat sześćdziesiątych metoda datowania radiowęglowego jest standardową metodą postępowania w archeologii. Dziś dysponujemy milionami obiektów archeologicznych datowanych w ten sposób. Dla archeogenetyki te dane także są niezbędne. Wprawdzie DNA kości otwiera okno pozwalające na zajrzenie do ich przeszłości – ale bez wiedzy, kiedy to okno się otworzyło, płynące z nich informacje byłyby o wiele mniej warte.

sprawia, że jesteśmy ludźmi? Skąd pochodzimy? I jak staliśmy się tymi, kim jesteśmy obecnie?

Jednym z najważniejszych pionierów na tym obszarze jest Svante Pääbo, od 1999 roku dyrektor Instytutu Antropologii Ewolucyjnej im. Maxa Plancka w Lipsku. To on, z wykształcenia lekarz, wyekstrahował w 1984 roku w czasie studiów doktorskich na szwedzkim Uniwersytecie w Uppsali – mniej czy bardziej potajemnie, nocą w laboratorium – DNA z egipskiej mumii. To był początek jego wielkiej kariery naukowej. W 2003 roku zaprosił mnie „na pokład” w charakterze swego dyplomanta. Gdy dwa lata później stanęliśmy przed wyborem tematu mojej pra-

cy doktorskiej, zaproponował mi, bym wspólnie z jego zespołem wziął udział w rozszyfrowaniu genomu neandertalczyka. To było istne szaleństwo: przy ówczesnym stanie techniki takie przedsięwzięcie wymagałoby dziesięcioleci, tym bardziej że musieliśmy zmielić wiele kilogramów cennych neandertalskich kości. Jednak postanowiłem zaufać Pääbo i jego umiejętności realnej oceny naszych możliwości. Przyjąłem wyzwanie. I to była dobra decyzja. Dzięki oszałamiająco szybkiemu rozwojowi techniki sekwencjonowania skończyliśmy pracę trzy lata później, i wcale nie dała nam ona tak bardzo w kość.

Właśnie w tym czasie trafił do mnie kawałek palca z Ałtaju. Kości takie jak ta to dla archeogenetyki nośnik danych, z których można wydobyć bardzo wiele informacji. Czy pracłowiek, do którego należała, był naszym bezpośrednim przodkiem, czy może raczej jego linia wymarła? Czym różnią się jego geny od naszych? W ten sposób genomy praludzi stają się szablonem, do którego przykładamy nasze współczesne DNA. Jako naukowców interesują nas te miejsca, w których szablon przestaje pasować. To te pozycje, w których nasze DNA uległo zmianie, zmutowało. Nawet jeśli u wielu słowo to wywołuje negatywne skojarzenia, to właśnie mutacje były motorem ewolucji i przyczyną tego, że dziś człowiek i szympanś obserwują się przez płot w ogrodzie zoologicznym. Dla archeogenetyki mutacje to punkty zwrotne w historii ludzkości.

W czasie, jakiego potrzebujesz, by przeczytać ten rozdział, twoje DNA ulegnie chemicznym przemianom w milionach komórek twojego ciała, ustawicznie ulegając uszkodzeniom i wciąż się odnawiając: na skórze, w jelitach, po prostu wszędzie. Gdy w tych procesach coś pójdzie nie tak, mówimy o mutacjach. Dochodzi do nich bardzo często, co w obliczu bardzo wysokiej częstotliwości zachodzenia procesów odnowy komórek nie jest zaskoczeniem. Z reguły takie mutacje są natychmiast naprawiane przez organizm, jednakże ten mechanizm nie zawsze działa.

Gdy mutacje wystąpią w komórce rozrodczej, a więc w plemniku lub komórce jajowej, mogą zostać przekazane jako cecha dziedziczna następnemu pokoleniu. Tutaj wkracza do akcji pewna funkcja ochronna organizmu, która powoduje, że komórki rozrodcze obciążone mutacjami powodującymi ciężkie choroby zazwyczaj obumierają. W przypadku mniej ważkich mutacji tak się jednak nie musi zdarzyć i w pewnych okolicznościach taka zmiana genetyczna zostanie przekazana potomstwu⁵.

Zmiany genetyczne prowadzące do posiadania większej liczby potomstwa rozprzestrzeniają się w populacjach szybciej, gdyż są częściej przekazywane. Uboższe owłosienie ludzi w porównaniu z małpami człekokształtnymi jest zapewne skutkiem wielu mutacji, w wyniku których zamiast włosów rozwinęły się gruczoły potowe. Dzięki temu nowemu systemowi chłodzącemu skąpo owłosiony praczłowiek mógł pokonywać biegiem dłuższe odcinki, lepiej polować i szybciej uciekać, w wyniku czego dłużej żył i miał lepsze szanse na rozród. Praludzie o cechach dziedzicznych skutkujących bogatszym owłosieniem mieli siłą rzeczy mniejsze szanse na przetrwanie – i wymarli. Większość mutacji nie jest jednak ukierunkowana i prowadzi donikąd: albo w żaden sposób nie wpływają na organizm, albo też mu szkodzą i zostają negatywnie wyselekcjonowane, czyli po prostu usunięte. Rzadkie wyjątki, w których zmiany okazały się korzystne dla przeżycia i rozrodu, są natomiast selekcjonowane pozytywnie. Takie mutacje rozprzestrzeniają się i sprzyjają rozwojowi gatunku. W ten sposób ewolucja staje się owocem współgrania przypadków w warunkach nieprzerwanego testu praktycznego.

⁵ Każdy człowiek dziedziczy od rodziców od 30 do 60 takich mutacji, większość od ojca, gdyż w nasieniu z racji ciągłej produkcji zachodzi ich więcej. W przypadku komórek jajowych sprawa wygląda inaczej – dziewczęta rodzą się z nimi i nie następuje ich odświeżanie.

Pozdrowienia od pracźlowieka

Rzut oka na materiał genetyczny starych kości to dla archeogenetyka podróż w wehikule czasu: na podstawie DNA naszych przodków żyjących przed wieloma tysiącami lat możemy dowiedzieć się, jakie mutacje przetrwały od tamtej pory do dziś, a jakie cechy zostały utracone. Takie też informacje mieliśmy nadzieję zdobyć, analizując paliczek z Rosji.

Anatolij Dieriewianko, jeden z najbardziej renomowanych archeologów w Rosji, znalazł liczącą sobie 70 000 lat kość w Denisowej Jaskini, czyli na wysokości zaledwie 700 m n.p.m. w górach Altaj. Góry są oddalone od Moskwy o ponad 3500 km na wschód, leżą w pobliżu granicy Rosji z Chinami, Mongolią i Kazachstanem – tym samym w sercu Azji. Denisowa Jaskinia to nie tylko ulubiony cel wycieczek, ale także od wielu lat kopalnia wiedzy dla naukowców, którzy raz po raz odkrywają tutaj szczątki oraz ogrom wytworzonych ludzką ręką przedmiotów z epoki kamienia. Dużym plusem Altaju jest panujący tam syberyjski klimat, który swoim zimnem doskonale konserwuje wszelkie znaleziska. Odkąd wybrałem się tam w 2010 roku ze Svante Pääbo i jeszcze kilkoma współpracownikami na spotkanie z Dieriewianko, wiem, że przy temperaturze 42 stopni Celsjusza poniżej zera na skórze tworzą się kryształki lodu.

W lipskim laboratorium altajski paliczek przeszedł standardowe procedury. Wywiercono w nim niewielki otworek, a pozyskany pył kostny trafił do specjalnej cieczy, pod wpływem której w końcu nastąpiło odizolowanie cząsteczek DNA. Nie przeprowadziliśmy zbyt wielu testów, gdyż do dyspozycji mieliśmy zaledwie dziesięć miligramów materiału – czyli tyle, ile waży okruc chleba. Wyszliśmy z założenia, że mamy do czynienia ze zwykłą kością człowieka rozumnego, być może neandertalczyka.



Denisowa Jaskinia w syberyjskich górach Altaj, w której znaleziono paliczek denisowiańskiej dziewczynki. W jaskini tej żyli wcześnie ludzie rozumni i neandertalczyki.

Tymczasem sekwenator nagle wyrzucił nam wyniki, które początkowo wywołały moją konsternację. DNA nie pasowało bowiem ani do człowieka rozumnego, ani do neandertalczyka. Na szybko zwołałem cały zespół, by zaprezentować mu te rewelacje. Zastanawiałem się, jaki błąd popełniłem. Wspólnie przeanalizowaliśmy dane. Raz, potem drugi, i jeszcze raz. Koniec końców stało się jasne, że wcale się nie pomyliłem. Gdy niedługo później zadzwoniłem do szefa, najpierw poprosiłem go, by usiadł.

– Posłuchaj, Svante, wydaje mi się, że znaleźliśmy *Homo erectus*.

Homo erectus to wspólny przodek człowieka rozumnego i neandertalczyka, którego DNA nie zostało dotychczas rozszyfrowane. Wtedy myślałem, że będziemy pierwszymi, którzy tego dokonają.

Co takiego zobaczyliśmy w DNA pozyskanym z tego paliczka? Różniło się ono od materiału genetycznego dzisiejszego człowieka w dwukrotnie większej liczbie pozycji niż DNA nean-

dertalczyka. To musiało oznaczać, że człowiek z Denisowej Jaskini i neandertalczyk musieli iść osobnymi ścieżkami ewolucji dłużej niż neandertalczyk i człowiek rozumny. Nasze ówczesne obliczenia wykazały, że przed około milionem lat z afrykańskiego gatunku *Homo erectus* rozwinęły się dwie linie. Z jednej powstał neandertalczyk i człowiek rozumny, z drugiej zaś, w Azji, denisowianin. Takie wnioski przekreśliły wiele z tego, co dotychczas uchodziło za pewnik w badaniach nad ewolucją – między innymi tezę, że przed 70 000 laty na naszej planecie nie istniały żadne inne formy praczłowieka poza wczesnym człowiekiem rozumnym i neandertalczykiem.

Wtedy jeszcze nie wiedzieliśmy, że te dane wyprowadziły nas w pole. Opowiedzieliśmy więc tę historię w pierwszej publikacji dotyczącej denisowian, która pojawiła się w marcu 2010 roku na łamach *Nature*, świętego Graala pośród magazynów specjalistycznych. Oczy całego świata skierowały się na mnie. Do dziś pamiętam, jak w naszym laboratorium stało kilka zespołów filmujących nas jednocześnie. Przez tydzień nieprzerwanie udzielałem telefonicznych wywiadów na temat odkrycia „denisowianina”, jak ochrzciliśmy naszego praczłowieka. Jednak już po kilku tygodniach zaczęliśmy żywić pierwsze wątpliwości, czy aby na pewno wszystkie informacje, które właśnie opublikowaliśmy, są prawdziwe – albo, lepiej to ujmując: czy należycie je zinterpretowaliśmy.

Trochę śmieci, trochę budowlanki

Gdy mówimy o genach człowieka, mając na myśli jego genom, z punktu widzenia nauki właściwie nie wyrażamy się poprawnie – bowiem tylko bardzo niewielką część z 3,3 miliardów par zasad azotowych naszego genomu stanowią

geny. Te dwa procenty są odpowiedzialne za kodowanie białek, stanowią plany dla okrągłych 30 bilionów komórek, „cegiełek” budujących nasze ciało¹. Człowiek ma łącznie około 19 000 genów, co jest liczbą zaskakująco niewielką. Ameba, czyli małeńki organizm jednokomórkowy, ma ich 30 000, a sosna zwyczajna – aż 50 000. Jednakże sama liczba genów wcale nie determinuje, na ile złożony jest dany organizm żywy, gdyż w przypadku organizmów dysponujących jądrami komórkowymi informacje z jednego genu mogą się łączyć z innymi, w wyniku czego powstają różne elementy budulcowe, a jeden gen wcale nie musi być przypisany do jednej konkretnej funkcji w organizmie. W przypadku prymitywnych istot żywych, przykładowo bakterii, z jednego genu zazwyczaj powstaje jeden rodzaj materiału budulcowego, który z reguły przejmuje tylko jedno zadanie. Można by więc powiedzieć, że geny człowieka, a także większości zwierząt, to bardzo niewielki zespół, który jednak doskonale się ze sobą dogaduje i świetnie współpracuje.

Połowa ludzkiego genomu, niczym znacznie za duży dysk twardy, jest pokryta śmieciami, czyli sekwencjami DNA, które nie spełniają żadnej widocznej funkcji. Oprócz genów istotną rolę odgrywają także przełączniki molekularne, stanowiące około 10% niezwykle złożonej struktury genomu. Przełączniki te są aktywowane i dezaktywowane przez czynniki transkrypcyjne, a ich zadaniem jest dopilnowanie, by każda część ciała wytwarzała właściwe białka – a zatem, by przykładowo

¹DNA jako plan życia istoty żywej opiera się na zasadzie translacji i transkrypcji. DNA jako nośnik danych jest odczytywane w jądrze komórkowym i transkrybowane do RNA. RNA transportuje informacje DNA z jądra komórkowego. Rybosomy, coś na kształt małych fabryk białek wewnątrz komórki, odczytują te informacje i na tej podstawie produkują białka. Rozstrzygająca dla produkcji białek jest kolejność zasad azotowych, które są odczytywane przez RNA z DNA w jądrze komórkowym.

opuszka palca nie uważała się za żołądek i nie produkowała kwasów. Zasadniczo bowiem wszystkie komórki człowieka otrzymują te same informacje, z których w następnej kolejności muszą odfiltrować te istotne dla siebie.

Dla archeogenetyki zjawisko bezużytecznych składników genomu jest na wagę złota, gdyż to tylko dzięki nim może działać tak zwany zegar genetyczny. Naukowcy mierzą mutacje w całym genomie i na tej podstawie stwierdzają, kiedy przykładowo dwie populacje oddzieliły się od siebie – a im dawniej miało to miejsce, tym więcej różnic widzimy w porównywanych DNA. Gdyby cały genom składał się tylko z genów, liczba różnic (mutacji) nie byłaby uzależniona od czasu, jaki upłynął od ich rozdzielenia, lecz od tego, jak bardzo różniły się środowiska, w jakich te populacje żyły. Tak więc współcześni Afrykańczycy wykazują mniej zmian w niektórych genach niż potomkowie ludzi, którzy Afrykę opuścili. Wynika to z tego, że geny emigrantów musiały się dostosować do nowych warunków zewnętrznych; w przypadku Afrykańczyków nie było to konieczne – a przynajmniej nie w aż takim stopniu. Mimo to w genomach dzisiejszych Afrykańczyków, poza wspomnianymi dwoma procentami genów, znajduje się tyle samo mutacji, co u wszystkich pozostałych ludzi na całym świecie. Dlaczego? W znacznej części genomu, tej, którą nazwaliśmy tutaj „śmietnikiem”, także zachodzą mutacje, podobnie jak w genach, jednak prawie nie dochodzi do ich selekcji – ani pozytywnej, ani negatywnej. Od czasów naszych ostatnich wspólnych przodków mutacje nagromadziły się w każdym z nas w takim samym stopniu. Zegar genetyczny działa więc zawsze – niezależnie od tego, jak bardzo zróżnicowały się zasadnicze geny dwóch porównywanych ze sobą populacji.