



**prof. dr hab.  
Paweł Golik**

Genetyk i biolog ewolucyjny, profesor na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego. Wcześniej pracował w Center for Molecular Medicine w Emory University w stanie Georgia w USA oraz w Centre de Génétique Moléculaire CNRS w Gif-sur-Yvette we Francji. Zajmuje się badaniami mechanizmów działania genów, a także projektami z pogranicza genetyki i teorii ewolucji. We współpracy z Wydziałem „Artes Liberales” UW uczestniczy też w projektach łączących biologię z humanistyką i sztuką. Popularyzator nauki, przewodniczący Rady Upowszechniania Nauki PAN.  
[p.golik@uw.edu.pl](mailto:p.golik@uw.edu.pl)

# WĘDRÓWKI ZAPISANE W NASZYM DNA

W przeszłości ludzie prowadzili koczowniczy tryb życia, przemieszczali się w poszukiwaniu pożywienia, zasiedlając kolejne kontynenty.



GAYLEEN FROESE/SHUTTERSTOCK.COM

Goryl – nasz bliski krewny z rodziny człowiekowatych

## Paweł Golik

Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski  
Instytut Biochemii i Biofizyki  
Polska Akademia Nauk w Warszawie

**O**d zarania dziejów człowiek zadawał sobie pytania dotyczące jego przeszłości. By zrozumieć, kim jesteśmy, musimy przecież wiedzieć, skąd pochodzimy i jakie były nasze dawne losy. W najogólniejszej skali odpowiedź dał w połowie XIX wieku Karol Darwin – nasz gatunek powstał tak jak każdy inny na wspólnym drzewie życia na Ziemi – w wyniku ewolucji biologicznej. Późniejsze, wciąż trwające badania paleontologiczne dają dosyć dobry wgląd w to, jak wyglądały kolejne etapy ewolucji linii homininów, która około siedmiu milionów lat temu oddzieliła się od tej, która poprowadziła do naszych najbliższych wciąż żyjących krewnych – szympansov, a której jedynym obecnie przedstawicielem jest nasz gatunek, zwany dumnie (i może nieco na wyrost) człowiekiem rozumnym – *Homo sapiens*. Czasy nam najbliższe to domena historyków. Prehistoria – najczęściej rozumiana jako okres od pojawienia się pierwszych przedstawicieli rodzaju *Homo* do wynalezienia pisma – z jednej strony od dawna nas fascynuje, a z drugiej zazdrośnie strzeże swoich tajemnic.

Do niedawna jedynym źródłem wiedzy o najdawniejszej przeszłości człowieka było badanie szczątków kopalnych, a także pozostawianych przez ludzi artefaktów, takich jak narzędzia, a później też grobowce czy dzieła sztuki. To dzięki takim badaniom wiemy, że ewolucyjna historia homininów rozpoczęła się przed milionami lat w Afryce, a pierwsze gatunki należące do rodzaju *Homo*, jak *H. habilis* – człowiek zręczny – powstały około 2,5 mln lat temu. Z kolei nasz gatunek pojawił się na scenie stosunkowo (przynajmniej w ewolucyjnej skali czasu) niedawno, około 300 tys. lat temu.

Na długo przed pojawieniem się *H. sapiens*, już około dwóch milionów lat temu, przedstawiciele naszego rodzaju, jak *H. habilis* czy nieco późniejszy *H. erectus*, rozpoczęli eksplorację terenów położonych poza Afryką, docierając do Azji (na Kaukaz oraz tereny dzisiejszych Chin i Indonezji) i Europy. Począwszy od mniej więcej 400 tys. lat temu, Europę i zachodnią część Azji aż po góry Altaju zamieszkiwali neandertalczycy – gatunek bardzo do nas podobny, który zniknął ze sceny już po pojawieniu się na naszym kontynencie człowieka, około 40 tys. lat temu. Badanie szczątków kopalnych nie dawało jednoznacznej odpowiedzi na pytanie o relacje naszego gatunku i tych pierwszych praludzkich wędrowców. Czy byli



THILO PARG / WIKIMEDIA COMMONS, LIZENZ. CC BY-SA 3.0

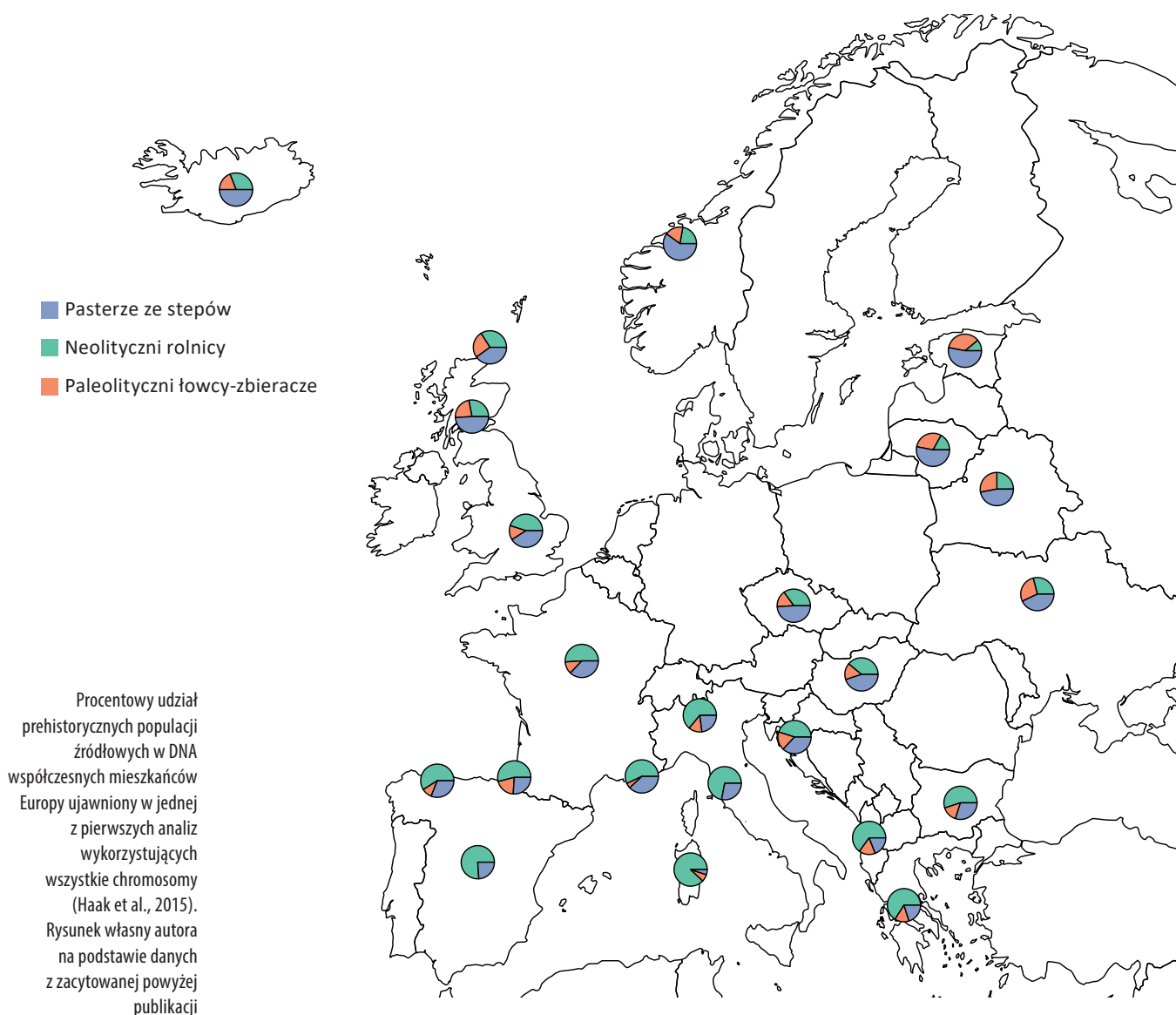
oni naszymi bezpośrednimi przodkami, ewoluującymi w stronę człowieka współczesnego na rozległym, obszarze obejmującym nie tylko Afrykę?

### Najmłodsza emigracja

Nowe sposoby udzielenia odpowiedzi na pytania o naszą prehistorię, wykraczające poza badania szczątków kopalnych, pojawiły się stosunkowo niedawno. Na przełomie lat 70. i 80. XX. wieku genetycy opracowali metody odczytywania sekwencji, czyli kolejności nukleotydów („liter”) w łańcuchach DNA. Miało to przełomowe znaczenie nie tylko dla poznania mechanizmów funkcjonowania komórek i organizmów, lecz także dla badań ewolucji. W najogólniejszym zarysie ewolucja polega na dziedziczonych z pokolenia na pokolenie zmianach w sekwencji DNA, które podlegają określonym prawom i mogą być nawet modelowane matematycznie. Porównując DNA współczesnych organizmów – czy to należących do tego samego gatunku, czy do odległych gałęzi drzewa życia – można odtwarzać relacje ewolucyjnego pokrewieństwa między nimi. Nie jest to zresztą idea całkowicie nowa i przynależna jedynie biologii – już w XIX wieku językoznawcy, badając współczesne języki, w podobny sposób odtwarzali ich historię, a nawet brzmienie dawno zapomnianych języków-przodków. Można nawet powiedzieć, że w biologii zadanie jest nieco prostsze, gdyż prawa rządzące ewolucją DNA są bardziej logiczne i regularne.

Już pod koniec lat 80. pojawiły się zatem pierwsze prace, w których porównano DNA ludzi zamieszkujących obecnie różne rejony świata, by na tej podstawie odtworzyć prehistorię naszego gatunku. W tych pionierskich badaniach wykorzystano pewien szczególny fragment naszego genomu – DNA mitochondrialne (mtDNA). W odróżnieniu od chromosomów znajdujących się w jądrze komórki, dziedziczonych

Kość palca człowieka z Denisowej Jaskini. Genom tych krewnych człowieka współczesnego i neandertalczyka poznano w 2012 roku



od obojga rodziców, mtDNA zwierząt, w tym człowieka, jest przekazywane potomstwu wyłącznie przez matkę. Ta cecha bardzo ułatwia analizy ewolucyjne – nie musimy uwzględniać tego, że kolejne pokolenia otrzymują chromosomy „wymieszane” przez proces rekombinacji od różnych przodków każdego z rodziców – widzimy tylko zmiany zachodzące w ciągłej linii matczynej.

Wyniki pierwszych analiz mtDNA ludzi współczesnych potwierdziły to, co przypuszczano na podstawie badań szczątków kopalnych, że ewolucja naszego gatunku rozpoczęła się w Afryce. Tam znalazł się korzeń drzewa ewolucyjnego mtDNA człowieka, a wszystkie sekwencje mtDNA ludzi spoza Afryki stanowią tylko jedno z odgałęzień jednego z trzech głównych afrykańskich konarów tego drzewa. Jednak kolejny płynący z tej analizy wniosek był już niespodzianką. Uwzględniając tempo, w którym gromadzą się zmiany w sekwencjach mtDNA, obliczono, że przodkowie

wszystkich zamieszkujących całą naszą planetę ludzi zamieszkowali jako stosunkowo niewielka populacja Afrykę jeszcze około 200 tys. lat temu i należeli już bez wątpienia do naszego gatunku. Wcześniejsi przedstawiciele homininów, tacy jak *H. erectus* czy neandertalczyk, którzy znacznie wcześniej opuścili Afrykę i eksplorowali rozległe tereny Eurazji, nie mogli zatem być naszymi przodkami. Stanowili wcześniejsze odgałęzienia drzewa pokrewieństw, a nasi przodkowie po stosunkowo niedawnym wyjściu z Afryki wyparli ich i ostatecznie zastąpili. Nie jesteśmy potomkami tych pierwszych fal migracji, tylko tej ostatniej, która zaczęła się niecałe 100 tys. lat temu.

## Znikające DNA

Koncepcja ta zyskała pod sam koniec XX wieku dodatkowe wsparcie. Oprócz mtDNA do analiz dołączono kolejny fragment naszego genomu, który jest przeka-



PROCY/SHUTTERSTOCK.COM

zywany w prostej linii tylko przez jednego z rodziców – chromosom Y. Linie dziedzicznych z ojca na syna chromosomów Y z całego świata również zbiegają się w Afryce niecałe 200 tys. lat temu. Ponadto rozwój technik izolacji, amplifikacji i analizy DNA pozwolił na podjęcie prób badania sekwencji zachowanych w szczątkach kopalnych. Wczesne badania kopalnego DNA (aDNA, z ang. *ancient DNA*) pod koniec lat 90. umieściły europejskich neandertalczyków na gałęzi drzewa życia równoległej do *H. sapiens*, dalej od współczesnych mieszkańców Europy niż gałęzie afrykańskie, co zdawało się potwierdzać, że nie byli oni przodkami człowieka współczesnego, tylko wypartą przez niego boczną gałęzią.

Dzięki obejmującym coraz większe grupy ludzi badaniom mtDNA i chromosomu Y na przełomie XX i XXI wieku stworzono mapy odtwarzające szlaki prehistorycznych wędrówek przedstawicieli *H. sapiens*, pokazujące m.in., że już około 50 tys. lat temu, przemieszczając się wzdłuż wybrzeży Azji, dotarli oni do dzisiejszej Australii, a członkowie tzw. bazalnej populacji Eurazji migrowali na zachód do Europy (gdzie dotarli około 45 tys. lat temu), a na wschód na tereny Azji, by z Syberii przez Cieśninę Beringa (wówczas możliwą do przejścia lądem) kilkanaście tysięcy lat temu dotrzeć do obu Ameryk. Pojawiły się nawet prywatne firmy, oferujące na podstawie badania mtDNA i chromosomu Y przypisanie klienta do jednej z głównych linii ludzkiej prehistorii.

Analizy te miały jednak poważny problem. To, co czyniło je tak łatwymi – wykorzystanie fragmentów genomu dziedzicznych w prostej linii tylko od jednego z rodziców – stanowiło też ich ograniczenie. Jeżeli wyobrazimy sobie współczesną rodzinę, dzieci w niej odziedziczyły mtDNA przez matkę od jej matki (babki ze strony matki). Właściciele chromosomu Y przez ojca odziedziczyli go po jego ojcu. Już w pokoleniu dziadków mamy zatem dwie osoby, po których genetyczny ślad zaginął: babkę ze strony ojca i dziadka ze strony matki – ich mtDNA i chromosom Y do pokolenia wnuków nie mogły dotrzeć. Im dalej

w przeszłość, tym więcej historii zanika. Narzędzia pozwalające na rozwiązanie tego problemu pojawiły się w repertuarze nauki stosunkowo niedawno.

## Bogactwo danych

Pierwsza dekada XXI wieku przyniosła nowe, znacznie wydajniejsze metody odczytywania sekwencji DNA, zwane sekwencjonowaniem nowej generacji (NGS, ang. – *next generation sequencing*). Dzięki nim w krótkim czasie przeszliśmy od wielkiego projektu poznania pierwszego genomu człowieka (zakończonego w latach 2000–2001) do zbadania tysiąca kompletnych genomów ludzi z różnych stron świata w 2015 roku. Od 2022 roku dysponujemy już tysiącem kompletnych sekwencji genomowych mieszkańców Polski, a w Wiel-

Badania z wykorzystaniem całych genomów, zwłaszcza kopalnych, przyniosły też nieoczekiwany zwrot w historii naszych relacji z neandertalczykami.

kiej Brytanii i w USA powstają bazy danych zawierające kompletny zapis DNA setek tysięcy osób. Ten gwałtowny rozwój genomiki człowieka nie tylko zrewolucjonizował nauki biomedyczne, lecz także wywarł ogromny wpływ na badania prehistorii i ewolucji.

Ostatnie dwie dekady to także ogromny rozwój badań nad kopalnym DNA. Dzięki połączeniu sekwencjonowania nowej generacji, udoskonalonych do granic możliwości metod izolacji DNA oraz nowych

Rekonstrukcja wyglądu *Homo habilis*, Muzeum Rama 9 w Bangkoku



AKKHARAT JARUSILAWONG/SHUTTERSTOCK.COM

metod komputerowej analizy sekwencji, wykorzystujących rosnącą moc obliczeniową współczesnych komputerów możliwe stało się poznawanie genomów pochodzących z czasów prehistorycznych. Dobrze zachowane w arktycznej zmarzlinie szczątki pozwoliły na odczytanie kompletnej sekwencji DNA mamutów sprzed ponad miliona lat. Oczywiście tak dawno temu ludzi na dalekiej północy nie było, a afrykański klimat nie sprzyja zachowaniu się DNA. Do prehistorii człowieka i jego krewnych możemy sięgnąć głównie na podstawie szczątków zachowanych w Eurazji. Między 2006 a 2010 rokiem kierowany przez Svante Pääbo zespół z Lipska odtworzył prawie kompletną sekwencję genomu neandertalczyka sprzed kilkudziesięciu tysięcy lat, a najstarsze poznane kompletne DNA naszego gatunku liczą około 45 tys. lat.

Bogactwo współczesnych i kopalnych sekwencji całego genomu człowieka pozwoliło na spojrzenie w naszą prehistorię z precyzją znacznie przekraczającą to, na co pozwalały analizy ograniczające się do mtDNA i chromosomu Y. Ogromną rolę obok poznawania

sekwencji DNA odegrało też opracowanie nowych metod matematycznej analizy podobieństw i różnic między nimi, uwzględniających to, że fragmenty pochodzące od obojga rodziców każdej osoby są tasowane przed przekazaniem genów kolejnym pokoleniom. Przełom, który metody te przyniosły badaniom ludzkiej prehistorii, najlepiej prześledzić na przykładzie najlepiej jak dotąd poznanych pradziejów Europy.

## Kolonizacja Europy

Człowiek dotarł na nasz kontynent około 45 tys. lat temu, napotyając na miejscu i po drodze żyjących poza Afryką od setek tysięcy lat neandertalczyków. Pierwsi ludzie z Europy byli wędrownymi łowcami-zbieraczami należącymi do różnych kultur paleolitu. Losy tych zachodnich łowców-zbieraczy (WHG, ang. *western hunter-gatherer*) na naszym kontynencie były skomplikowane – ostatnie maksimum zlodowacenia wymusiło odwrót do cieplejszych rejonów południa kontynentu, a następnie ponowną kolonizację. Kolejnym znaczącym wydarzeniem w dziejach Europy było pojawienie się rolnictwa, które do naszej części świata zaczęło docierać z Bliskiego Wschodu (tzw. Żyźnego Półksiężycu) około 9 tys. lat temu. Wreszcie, ponad 5 tys. lat temu, na przełomie epoki kamienia i brązu, do Europy dotarli mieszkańcy położonego na pograniczu Europy Wschodniej i Azji Stepu Pontyjskiego, wraz z którymi pojawiły się języki z grupy indoeuropejskiej.

Badania wykorzystujące tylko mtDNA i chromosom Y sugerowały, że pochodzenia ogromnej większości mieszkańców Europy należy szukać właśnie w tej ostatniej, stepowej migracji indoeuropejskiej, a jedynych pozostałości wcześniejszych grup można się doszukiwać ewentualnie wśród Basków. Obraz ten jednak zmienił się, gdy w 2015 roku pojawiły się pierwsze prace, które do odtworzenia prehistorii Europy wykorzystywały kompletne genomy setek ludzi współczesnych, a także kopalne DNA ze szkieletów z epok kamienia i brązu. Okazało się, że kolejne fale migracji mieszały się z wcześniejszymi, a DNA współczesnych Europejczyków zawiera ślady wszystkich tych grup! Obecnie wiemy, że gdy w Europie pojawili się pierwsi neolityczni rolnicy (EEF, ang. *early European farmers*) i napotkali wcześniejszych łowców-zbieraczy z grupy WHG, z początku żyli osobno obok siebie, ale po upływie setek lat zaczęli się mieszać między sobą. Gdy w epoce brązu pojawili się stepowi pasterze, oni też nie zastąpili całkowicie wcześniejszych mieszkańców, tylko się z nimi wymieszali. A i oni sami też byli rezultatem wymieszania wielu wcześniejszych populacji – łowców-zbieraczy ze wschodu Europy, Azji i Kaukazu, z domieszkami z Bliskiego Wschodu (dzisiejszy Iran), a także z Syberii. W naszym DNA nosimy do dziś ślady wszystkich tych wędrowców i wielokrotnego mieszania się (fachowo zwanego admiksją)

Czaszki przedstawicieli *Homo* razem z *H. antecessor*, jednego z pierwszych przodków człowieka, którego ślady zostały odkryte w Europie



*Homo neanderthalis*



*Homo antecessor*



*Homo sapiens*



*Homo erectus*



Rekonstrukcja wyglądu  
*Homo erectus*,  
Muzeum Historii Naturalnej  
w Wiedniu

różnych grup. Procentowy udział różnych składników tej mieszanki może być inny zależnie od tego, z jakiej części kontynentu ktoś pochodzi, różnice te jednak nie pokazują wyraźnych granic, lecz układają się w gradienty odzwierciedlające główne kierunki pradawnych migracji.

## Splątana historia

Ostatnie lata przynoszą coraz to nowe badania, analizujące prehistorię różnych części świata. Szczegóły się różnią, ale ogólny obraz wszędzie jest podobny. Na wszystkich kontynentach dochodziło do kolejnych fal migracji, których efektem było mieszanie się różnych populacji. Do niedawna można było przeczytać, że rdzenni mieszkańcy pustyni południa Afryki są przykładem „czystej” i pozbawionej późniejszych domieszek populacji, genetycznie niezmiennej od początków naszego gatunku. Badania z ostatnich kilku lat, dzięki którym po raz pierwszy zaczęto poznawać ogromną różnorodność mieszkańców Afryki, wykazały jednak, że i w tamtej części świata jej mieszkańcy noszą w sobie ślady pradawnych wędrówek i mieszania się różnych grup.

Badania z wykorzystaniem całych genomów, zwłaszcza kopalnych, przyniosły też nieoczekiwany zwrot w historii naszych relacji z neandertalczykami. To, że nasze linie rozeszły się, na długo zanim *H. sapiens* zaczął opuszczać Afrykę, zasadniczo się potwierdziło. Okazało się jednak, że nasi przodkowie po wyjściu z Afryki napotkali neandertalczyków, z którymi zaczęli się krzyżować (krzyżówki między tak bliskimi

sobie gatunkami nie są w zoologii niczym niezwykłym). Do dziś nosimy w sobie ślady tych krzyżówek – od dwóch do nawet czterech procent DNA mieszkańców Eurazji pochodzi od neandertalczyków (w genomach mieszkańców Afryki takie ślady też są, jest ich jednak o wiele mniej). Z kolei w Azji ludzie krzyżowali się także z kolejnym, o wiele słabiej poznanym gatunkiem, którego szczątki odkryto w górach Ałtaju i nazwano człowiekiem z Denisowej Jaskini. Denisowanie i neandertalczyki też między sobą się krzyżowali, czego ślady odkrywamy w DNA izolowanym z liczących niemal 100 tys. lat szkieletów. Trwające wciąż intensywne badania starają się odpowiedzieć na pytanie, czy pamiątki po tych krzyżówkach w naszym DNA są tylko ewolucyjną ciekawostką, czy też mogą mieć wpływ na nasze zdrowie. Nie na próżno pionier archeogenetyki – Svante Pääbo – został uhonorowany w 2022 roku Nagrodą Nobla w dziedzinie medycyny i fizjologii.

Wykorzystywanie analiz genomowych do badania prehistorii, czyli archeogenetyka – jest wciąż dziedziną bardzo młodą i szybko się rozwijającą. Jest też dziedziną interdyscyplinarną. DNA to tylko część historii, pozostałe części muszą dopowiedzieć badania archeologiczne i antropologiczne. Z pewnością czeka nas w tej dziedzinie jeszcze wiele niespodzianek. Wiemy jednak już, że wędrówki towarzyszyły naszemu gatunkowi od początków jego istnienia i ukształtowały to, kim jesteśmy – odkrywcami i eksploratorami, otwartymi na nowych przybyszy. Nie można podzielić nas na zamknięte grupy, w genach nosimy splątanie historii łączących mieszkańców różnych stron świata. ■

Chcesz wiedzieć  
więcej?

Haak W. et al., *Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe*, „Nature” 2015, vol. 522.

Pääbo S., *Neandertalczyk. W poszukiwaniu zaginionych genomów*, 2015.

Reich D., *Kim jesteśmy, skąd przyszliśmy*, 2019.

Rutherford A., *Krótką historią wszystkich ludzi, którzy kiedykolwiek żyli*, 2017.