

HISTORIA WYCZYTANA Z DNA

Dzięki badaniom kopalnego ludzkiego DNA możemy lepiej poznać ewolucję naszego gatunku, a także historię powstania państw i narodów, mówi **prof. dr hab. Marek Figlerowicz** z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu.

Analizowane szczątki
z Mauzoleum Piastów
Śląskich w Legnicy



ARTUR DĘBSKI

Co to jest archeogenomika?

Jest to całkiem nowy interdyscyplinarny kierunek w nauce, który stara się połączyć badania archeologiczne i historyczne z badaniami genetycznymi i genomicznymi. Za przyczynienie się do powstania tej nowej dyscypliny szwedzki ewolucjonista i genetyk Svante Pääbo został w 2022 roku wyróżniony Nagrodą Nobla.

W 2014 roku, kiedy zaczynaliśmy realizować projekt „Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych”, było znanych zaledwie kilka lub kilkanaście kopalnych genomów ludzkich lub istot z nami spokrewnionych, jak neandertalczyk czy denisowianie. Projekt rozpoczął się mniej więcej w tym samym czasie co rewolucja związana z archeogenomiką. Była ona owocem dwóch przełomów technologicznych: po pierwsze, powstały nowoczesne metody sekwencjonowania DNA, które stosunkowo tanio i szybko pozwalają poznać cały genom człowieka, a więc kompletną informację genetyczną obecną w każdej naszej komórce. W jej skład wchodzi tzw. genom jądrowy, czyli liniowy DNA o długości około 3 mld par zasad, oraz genom mitochondrialny, czyli kolisty DNA o długości 16 tys. par zasad. Po drugie, powstały metody, dzięki którym możemy z kopalnych szczątków izolować kwas deoksyrybonukleinowy.

Jak możemy w wykorzystać ten nowy trend w nauce?

O ile archeologia i historia to dziedziny wiedzy, w ramach których staramy się dowiedzieć czegoś o człowieku, badając wytwory jego cywilizacji, o tyle archeogenomika pozwala poznać historię biologiczną jednostek i populacji dzięki analizie informacji zapisanych w DNA. Okazuje się, że mogą one wiele powiedzieć. Nie tylko o tym, jakie jest nasze pochodzenie, kto był naszym przodkiem, lecz także o sprawach niespodziewanych czy nieoczywistych, takich jak relacje społeczne, w tym brak równości między kobietami a mężczyznami czy poszczególnymi grupami ludzi, oraz o wpływie tych relacji na kształtowanie się struktury genetycznej populacji. Archeogenomika jest zatem nowym kierunkiem badań, w którym analizy genomiczne wykorzystuje się do lepszego poznania i zrozumienia historii człowieka.

Co w tym jest niezwykłego? Takie badania dostarczają twardych dowodów, jak naprawdę było, nie są oparte jedynie na spekulacjach i domniemaniach o tym, jak mogło być. Jestem przekonany, że historia, której uczymy się w szkole, to w znacznej mierze tzw. wyobrażona rzeczywistość, będąca bardzo uproszczoną i upiękkszöną wizją przeszłości, której często daleko do prawdy. Oczywiście badania archeogenomiczne nie odpowiedzą na wszystkie nurtujące nas pytania, pozwalają jednak zweryfikować teorie dotyczące tego, skąd przybyliśmy, kim byli i jak wyglądali nasi

przodkowie. Co więcej, archeogenomika może powiedzieć wiele na temat relacji społecznych dominujących w badanych populacjach czy grupach, w jakim stopniu były one oparte na nierówności, czy panował w nich system patriarchalny, czy matriarchalny itp.

Ale jak z próbki pod mikroskopem wyczytać nierówność?

W książce *Genetyczna historia nierówności* autorstwa Carlesa Laluezy Foxa podano wiele przykładów ukazujących, jak można tego dokonać. Jeden z nich dotyczy Ameryki. Okazuje się, że w wyniku jej kolonizacji nieliczna grupa przybyszów z Hiszpanii tak zdominowała niektóre rejony Meksyku, że obecnie nie ma tam praktycznie żadnych natywnych linii męskich. Zostały one niemal w całości zastąpione przez linie Europejczyków. Pokazuje to stopień ich dominacji. Świadczy, że dzieci spłodzone przez miejscowych nie miały szans na przeżycie lub że takich w ogóle ich nie było. Kobiety zostały potraktowane jak maszyny do prokreacji potomków najeźdźców. Dynamika zmian w genomach pokazuje to wyraźnie. Kobiety wnoszą do genomu chromosom X, a mężczyźni X lub Y. Tak więc zdecydowanie mniejsza dynamika zmian w obrębie chromosomu Y niż w obrębie chromosomu X świadczy, że ciągle ci sami mężczyźni mieli dzieci, a ich matkami było wiele różnych kobiet.

Do analogicznych wniosków prowadzą również inne badania. W rezultacie słuszny wydaje się pogląd, że kobiety są źródłem większej zmienności genetycz-



prof. dr hab. Marek Figlerowicz

Specjalista w dziedzinie biologii molekularnej. Członek korespondent PAN i PAU. Profesor i dyrektor Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN, gdzie kieruje także Zakładem Biologii Molekularnej i Systemowej. Do 2020 roku profesor zwyczajny w Instytucie Informatyki Politechniki Poznańskiej. Kierownik projektu „Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych”.
marek.figlerowicz
@ibch.poznan.pl

Oczywiście badania archeogenomiczne nie odpowiedzą na wszystkie nurtujące nas pytania, pozwalają jednak zweryfikować teorie dotyczące tego, skąd przybyliśmy, kim byli i jak wyglądali nasi przodkowie.

nej niż mężczyźni. Podobne zjawisko zaobserwowaliśmy w naszych badaniach populacji, które zamieszkały tereny współczesnej Polski 1 tys. i 2 tys. lat temu. Stwierdziliśmy, że w całym pierwszym tysiącleciu naszej ery utrzymywały się na tym obszarze praktycznie te same linie żeńskie. To znaczy, że kobiety były zawsze lokalne, a jeżeli pojawiali się imigranci, to byli nimi mężczyźni.

Jak w praktyce wygląda współpraca naukowców różnych dyscyplin?

Już sam nasz instytut jest bardzo interdyscyplinarny. Prowadzimy w nim badania z chemii, biologii i informatyki. Stąd, rozmawiając wewnątrz instytutu, często

posługujemy się różnymi językami. Być może mamy dzięki temu wypracowane metody porozumiewania się z ludźmi, którzy stosują inne podejścia badawcze lub reprezentują inny sposób myślenia. Poza tym osobście interesuję się filozofią, która jest swoistym odzwierciedleniem naszej historii oraz łączy w sobie nauki ścisłe i humanistyczne. Filozofia stara się stworzyć spójny obraz rozpoznanej przez nas rzeczywistości, jest więc uosobieniem interdyscyplinarności i kluczem do zrozumienia otaczającego nas świata.

Wielka zatem szkoda, że filozofia jest prawie nieobecna w naszym codziennym życiu. Gdybyśmy potrafili przekonać ludzi do takiego nieco szerszego spojrzenia na świat, na pewno dostrzegliby, że nie należy on tylko do nas, że żyją na nim inni ludzie, zwierzęta i rośliny, że istnieją różne sposoby dotarcia do prawdy. Nie ulega wątpliwości, że taki świat byłby o wiele lepszy. Nikt nie uważałby, że jego prawa i racje są nadrzędne. Niestety, przez długi czas jedną z cech filozofii europejskiej było założenie, że istnieje jedna obiektywna prawda. Staraliśmy się ją zgłębić, tworząc dogmaty, które mają tę wadę, że są zwykle niesprawdzone. Innym sposobem dotarcia do prawdy stała się nauka.

Jakie zmiany do podręczników szkolnych mają szansę wprowadzić państwa badania?

Przez wiele lat badaliśmy w naszych laboratoriach genomy ludzkie, zwierzęce, roślinne czy wirusowe jedynie po to, by rozwiązywać konkretne problemy

biologiczne. Uzyskiwane wyniki publikowaliśmy zwykle na łamach specjalistycznych czasopism międzynarodowych, które są praktycznie niedostępne dla ogółu społeczeństwa. Zależało mi na tym, żeby zmienić ten stan rzeczy i zrealizować badania, które będą miały bezpośrednie przełożenie na nasze życie. Mniej więcej w tym samym czasie zrozumiałem, jak wielki potencjał niesie z sobą połączenie genomiki z historią i archeologią. Może ono przyczynić się do lepszego poznania i zrozumienia przeszłości szczególnie w sytuacjach, gdy nasze wyobrażenia na jej temat bazują na bardzo wątych przesłankach. Ze stanem takim mamy do czynienia w przypadku procesów prowadzących do powstania państwa Piastów. Nie ma bowiem żadnych dokumentów pisanych mówiących o tamtych czasach. Rzekomo znane fakty o protoplaście dynastii Piastów, Kołodzieju, o porozrzucanych osadach w wielkich puszczech są tak naprawdę powielanymi od lat niczym niepopartymi wyobrażeniami.

Dodatkowo od mniej więcej 200 lat trwa dyskusja na temat pochodzenia Słowian na terenach współczesnej Polski. Jej początki zazębiają się z czasami rozbiorów, które dodatkowo ją wzmogły. Pierwsza z hipotez, tzw. allochtoniczna, mówi, że 2 tys. lat temu mieszkali tu Germanie, ale wyemigrowali w czasie wielkiej wędrówki ludów, w wyniku czego powstała tzw. pustka osadnicza. Następnie około VI wieku n.e. wypełnili ją przybyli ze wschodu Słowianie. Druga hipoteza za-

Analiza antropologiczna
badanych szczątków



MAŁGORZATA MARCINKOWSKA-SWOJAK

kłada, że Słowianie mieszkali tu od kilku tysięcy lat. Mamy nadzieję, że badanie genomów pozwoli nam ostatecznie rozwiązać tę zagadkę.

Czyli szukają państwo autentycznego słowiańskiego DNA?

Wyniki naszych badań wskazują, że pojęcie „Słowianie” jest raczej kategorią kulturową. Sądzymy, że grupę tę tworzyły populacje o różnym pochodzeniu genetycznym. Pokazaliśmy, że ludzie, którzy mieszkali na terenie współczesnej Polski zarówno 2 tys., jak i 1 tys. lat temu, pod względem genetycznym byli podobni do współczesnych im mieszkańców północnej Europy zamieszkujących tereny obecnych Niemiec, Danii, Szwecji. Można zatem powiedzieć, że dużo więcej mieliśmy wspólnego z zachodem i północą dzisiejszej Europy niż z populacjami zamieszkującymi tereny obecnej Rosji czy Ukrainy. Do żyjących na wschodzie Sarmatów było nam równie daleko jak do Hiszpanów. Skąd zatem pomysł, że Polacy mają wspólne podłoże genetyczne z Chorwatami czy Serbami? Jeżeli popatrzymy na nasz wygląd, czyli fenotyp, widzimy, że jesteśmy inni. Wydaje się, że kultura, z którą się utożsamiamy, kazała nam stworzyć wspólne korzenie.

W naszej pracy wykazaliśmy, że wszystkie elementy genetyczne potrzebne do powstania społeczeństwa państwa Piastów znalazły się na obszarze współczesnej Polski mniej więcej w IV wieku n.e. Obserwacje te pokrywają się z wynikami pracy lingwistów. Ich zdaniem w tym samym czasie, tj. około IV wieku n.e., w Europie Środkowo-Wschodniej zaczęły kształtować się poszczególne języki słowiańskie, w tym polski, rosyjski, czeski. Oznacza to, że ludzie, którzy dotychczas wiedli bardziej koczowniczy tryb życia, zaczęli wytwarzać lokalne kultury, które stawały się nieco stabilniejsze i zaczęły nabierać własnego charakteru.

Jak wygląda historia całego naszego gatunku?

Nie jest dobrze, że nauki humanistyczne od wielu lat są rozwijane w pewnym oderwaniu od historii biologicznej człowieka. *Homo sapiens* powstał mniej więcej 300 tys. lat temu. Następnie funkcjonował jako łowca-zbieracz przez mniej więcej 290 tys. lat. Czyli znana nam cywilizacja oparta na rolnictwie i ośrodkach miejskich to raptem ostatnie 10 tys. lat. Niestety, często w naszych rozważaniach na temat kondycji człowieka bazujemy tylko na tym ostatnim okresie, a pierwsze 290 tys. lat naszego rozwoju ignorujemy. Obecnie na szczęście możemy już odczytywać zapisane w genach informacje dotyczące naszej dalekiej przeszłości. Dopiero kiedy zdołamy połączyć je z obserwacjami archeologów i historyków, będziemy mieli szansę poznać człowieka jako istotę myślącą. Natura w toku ewolucji wytwarza ciągle nowe cechy i je weryfikuje. W pewnym momencie powstał człowiek obdarzony inteligencją, która jest taką nową testowaną teraz cechą. Mam poważne wątpliwości, czy przejdzie-



MAŁGORZATA MARCINKOWSKA-SWOJAK

my tę próbę. Każdy gatunek ma swój początek i koniec. Jakaś cecha może dać chwilową przewagę, ale musi zniknąć, jeżeli w dłuższej perspektywie nie przynosi korzyści dla całej Ziemi. Nam często się wydaje, że nasza cywilizacja jest niezwykle stara i wszystko, co wytworzyliśmy w jej ramach, zostało już porządnie sprawdzone. Zapominamy, że poszczególne gatunki biologiczne rozwijają się przez setki tysięcy, miliony lat. 10 tys. lat istnienia znanej nam cywilizacji to jedynie mgnienie, czas błędzenia, testowania dalekich od optymalnych rozwiązań. Najlepiej świadczy o tym fakt, że wszystko, co dotąd stworzyliśmy, było oparte na nierówności, niesprawiedliwości, wykorzystywaniu innych ludzi. Nie dojrzeliliśmy jeszcze do tego, żeby na skalę masową wykorzystać naszą inteligencję w sposób twórczy i pozytywny.

ROZMAWIAŁA DR JUSTYNA ORŁOWSKA

Laboratorium Kopalnego DNA

Chcesz wiedzieć więcej?

Laluzza Fox C., *Genetyczna historia nierówności*, 2022.

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

Stolarek I. et al., *Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE*, „Genome Biology” 2023, vol. 24, doi: 10.1186/s13059-023-03013-9