



Mitochondrium to znajdujące się w komórce organellum, wyodrębnione z cytoplazmy, z własnym DNA, różnym od reszty DNA jądrowego. Mitochondria dziedziczymy od matki.

## Nasi wymarli przodkowie

Carl Sagan (1934–1996), amerykański astronom i popularyzator nauki, wymyślił kosmiczny kalendarz, w którym całą historię Wszechświata zawarł w jednym roku kalendarzowym, startując 1 stycznia. W takiej skali średni czas życia człowieka to 0,14 sekundy. Początek życia na Ziemi przypada 25 września, wynalezienie seksu przez drobnoustroje 1 listopada, pierwsi ludzie pojawiają się 31 grudnia o 22:30, narodziny Chrystusa następują o 23:59:56. Kalendarz ten plastycznie i wyraziście uzmysławia skalę, w której dyskutujemy o Wszechświecie (tym od pierwszego BUM!) i o ludzkim wkładzie do tej kosmicznej historii. Chciałabym się przyjrzeć bliżej ludziom neandertalskim (wyginęli o godz. 23:58), ponieważ są to najstarsi ludzie, których DNA możemy poznać i skomentować. DNA to molekularna pamięć o przodkach. Dawniej są już tylko martwe skamieniałości.

Badania genów pozwalają na określenie, kiedy żył „wspólny przodek”. Od czasu, gdy mieliśmy wspólnego przodka z szympanсами (6 mln lat temu), ewoluowaliśmy i one, i my. Nie jesteśmy identyczni z tamtym *Homo*, a dzisiejszy szympanś z tamtym. Czy neandertalczykowie byli bezpośrednimi naszymi przodkami? I czemu wyginęli na dwie minuty przed końcem „roku” Sagana?

W 2008 roku szwedzki naukowiec, Svante Pääbo, wraz z międzynarodowym zespołem opublikował sekwencję mitochondrialnego DNA z próbki wyekstrahowanej z kości neandertalczyka sprzed 38 tys. lat. Ten DNA tak się różnił od poznanych mtDNA człowieka współczesnego, że wskazywał na odrębność tej linii ewolucyjnej. Odpowiednia analiza wskazywała też na to, że wspólnego przodka mieliśmy (co potwierdzały dane paleontologiczne) około 500 tys. lat wcześniej (około 20 minut w kalendarzu Sagana).

Pääbo kontynuował oznaczenia neandertalskiego jądrowego DNA i już w 2010 roku opublikował pełną wersję DNA genomowego, uzyskanego z kości trzech różnych osobników, z różnych lokalizacji europejskich. Gazety cytowały ciekawostki: mieli oni gen nadający jasną barwę skóry, rudą barwę włosów, grupę krwi 0, gen FOXP2 związany z mową. Neandertalski genom miał więcej wspólnych sekwencji z genomami współczesnych ludzi z Europy i Azji niż ludzi z Afryki. Zapewne nasi europejscy przodkowie krzyżowali się ze spotykanymi dopiero po wyjściu z Afryki przedstawicielami populacji neandertalskich, a ślad po tych zdarzeniach widać dziś z zachowania w naszym genomie 4% genów pochodzenia neandertalskiego.

Dane genetyczne zmusiły ludzi współczesnych do rewizji i ponownej dokładnej analizy paleontologicznych śladów, które zostały po neandertalczykach. Zauważono, że mieli mózgi większe od naszych, a płaty czołowe porównywalne. Że ośrodek mowy mieli tej samej wielkości co my. Że niekoniecznie mieszkali w jaskiniach, są ślady po ich drewnianych budowlach. Narzędzia wykonywali precyzyjnie, z dużą biegłością. Wytwarzali odzież, symboliczne przedmioty, uprawiali kult zmarłych i opiekowali się chorymi i rannymi. Nasze genomy świadczą o tym, że pomyślnie się krzyżowaliśmy. Biologia świadczy, że hybrydowe potomstwo może lepiej znosić trudne warunki środowiska. Z krzyżowania się ludzie „współcześni”, nadchodzący z ciepłego klimatu, odnieśli korzyści przystosowawcze nadawane przez geny miejscowych plemion. Po neandertalczykach obok koloru skóry odziedziczyliśmy grupę genów systemu immunologicznego, które, niestety, także zwiększają obecną podatność na choroby typu autoimmunoagresji.

Dlaczego jednak wyginęli neandertalczykowie, nie wiemy, możemy jedynie snuć przypuszczenia. Być może gorzej znieśli epokę zlodowacenia 48 tys. lat temu. Być może żyli w zbyt małych oddzielonych terytorialnie grupach, które „rozmyły” się w kontakcie genetycznym z dużymi populacjami najeźdźców. Nie wybiliśmy ich, jak dotychczas sądzono, jedynie wchłonęliśmy.

„Zniknęli jako odrębna, wyraźnie rozpoznawalna populacja, żyją jako integralny element naszego dziedzictwa.”

Magdalena FIKUS

Polecam lekturę F. Ryan, „Tajemniczy świat genomu ludzkiego” Wyd. Prószyński i S-ka, 2017.