

Ks. KAZIMIERZ KŁOSKOWSKI

ZAGADNIENIE EWOLUCJI CZŁOWIEKA. WSPÓLCZESNE KONCEPCJE ANTROPOGENEZY

I. WSTĘP

Problematyka antropogenezy, jak żadna inna, wciąż wzbudza kontrowersje i wywołuje najrozmaitsze emocje. Jednoznaczna rekonstrukcja bowiem przebiegu procesów ewolucyjnych, czyli stopniowej zmiany struktury genetycznej gatunku prowadzącej do przekształcenia się *Homo sapiens sapiens*, jest niezwykle trudna do przewidzenia. Albowiem dane wykopaliskowe, badania podobieństw anatomicznych, biochemicznych, psychicznych między szympansem, gorylem, orangutanem a człowiekiem budzą wiele wątpliwości. W ostatnich latach duże nadzieje wiąże się z badaniami DNA, tj. zlokalizowaniem genów kodujących różne cechy fenotypowe. Chodzi o „wychycenie” sprzężeń genetycznych, tj. odległości pomiędzy markerami (znany i zlokalizowany gen) w danym chromosomie. Gdy bada się sprzężenia genetyczne (czyli występowanie dwóch genów w jednym chromosomie w stosunkowo niewielkiej odległości od siebie) oraz z czym jest sprzężony dany gen, wówczas chodzi o określenie, z którym markerem ten gen występuje w danym chromosomie. Przyjmuje się, że odległość jednych markerów od drugich wynosi około 100 000 zasad nukleotydowych. Właśnie takie punkty odniesienia pozwalają antropologom na przesledzenie genów w rodowodach. Inaczej mówiąc, wskazują na charakter pokrewieństwa różnych biologicznych organizmów. Co więcej, analizując tworzone mapy genetyczne oraz zmiany w genach, próbuje się uzyskać odpowiedzi na pytania: gdzie i kiedy pojawili się pierwsi reprezentanci człowieka współczesnego.

II. KONCEPCJA „CZARNEJ” PRAMATKI EWY

Informacja genetyczna zawarta jest w DNA (kwasie dezoksyrybonukleinowym). U człowieka około 99% DNA znajduje się w jądrze komórkowym, a pozostałe 1% w mitochondriach. Mitochondria to są jedyne znane organella komórkowe u zwierząt, które posiadają własne DNA. I właśnie to DNA mitochondrialne jest odpowiedzialne za tzw. dziedziczenie pozajądrowe (cytoplazmatyczne, pozachromosomowe)¹. Wiadomo, że głównym składnikiem chromosomów jest DNA jądrowe. W komórkach człowieka jest 46 chromosomów; jest to tzw. liczba diploidalna, czyli podwójna, chromosomy występują bowiem parami. W każdej parze jeden chromosom pochodzi od ojca, drugi zaś od matki. Tak więc na diploidalny zestaw chromosomów składają się dwa garnitury haploidalne. Oczywiście jest to, że w każdym pokoleniu następuje „przemieszanie się” informacji genetycznej. Każdy bowiem człowiek ma po 1/2 informacji genetycznej od matki i ojca, po 1/4 od dziadków, po 1/8 od pradziadków itd. Konsekwentnie im dalej sięgamy w przeszłość, tym mniejsza liczba genów pochodzi od naszych przodków. Natomiast mitochondrialne DNA jest cząsteczką kulistą, przypominającą jeden gen. W rzeczywistości składa się z 37 genów. Nadto koliste DNA mitochondrialne zachowuje się jak haploidalne DNA i nie zachodzi w nim żadna wymiana informacji genetycznej na drodze rekombinacji, inaczej mówiąc – nie zachodzi żadna wymiana odcinków DNA! Cała różnorod-

¹ U roślin mamy do czynienia z plastydami, które mają własne DNA.

ność odcinków tegoż DNA powstaje w wyniku mutacji, a dokładniej mówiąc – na drodze substytucji jednych nukleotydów przez inne. Trzeba także podkreślić, że mitochondria są organellami quasiautomatycznymi. Otóż większą część informacji genetycznej pobierają z jądra komórkowego, tzn. większość białek mitochondrialnych tworzy się na matrycy genów jądrowych. Niemniej jednak sześć białek jest kodowanych przez DNA mitochondrialne.

Ważne w tym miejscu jest przypomnienie, że w procesie zapłodnienia bierze udział komórka jajowa oraz plemnik. Komórka jajowa jest duża, ma bowiem prawie 0,1 mm średnicy i zawiera jądro z haploidalnym garniturem chromosomów (u człowieka $n = 23$). Posiada też olbrzymią cytoplazmę z mitochondriami i wszystkimi innymi organellami oraz materiały zapasowe dla zarodka. Natomiast plemnik jest małeńki (należy do najmniejszych komórek organizmu) i właściwie wnosi do zygoty wyłącznie chromosomy. I właśnie dzięki tej różnicy w zawartości cytoplazmy u wszystkich organizmów, w których komórka jajowa jest większa niż plemnik, dziedziczenie DNA mitochondrialnego odbywa się tylko w linii żeńskiej, matczynej. Mówiąc obrazowo, od każdego z 8 pradziadków otrzymujemy 1/8 genów jądrowych. Natomiast całe DNA mitochondrialne pochodzi od jednej osoby, np. tylko od jednej z 4 prababek. I właśnie na tej podstawie można prześledzić linie DNA mitochondrialnego wstecz. Albowiem każdy z ludzi ma tylko jednego przodka żeńskiego, który przekazał mu DNA mitochondrialne aż od początku swojego istnienia. Dzięki temu stosunkowo łatwo ocenić zmienność DNA mitochondrialnego niż DNA jądrowego. Wynika to z tego (na co wcześniej już wskazałem), że w DNA jądrowym zachodzą procesy mutacji i rekombinacji, przemieszczanie się genów ojcowskich i matczynych, zaś w DNA mitochondrialnym występuje wyłącznie proces mutacji. Mutacja zaś pojawia się z pewną stałą częstością w jednostce czasu. I porównując z sobą DNA mitochondrialne różnych ludzi, można stwierdzić, iloma substytucjami one się różnią. Z kolei ten wynik pozwala wyliczyć, kiedy porównywane osoby miały wspólnego przodka.

A. Wilson i jego współpracownicy przeprowadzili badania mitochondrialnego DNA kobiet zamieszkałych w różnych lokalizacjach geograficznych². Okazało się, że owe DNA były stosunkowo mało zróżnicowane, a więc wykazują ogromną zbieżność w swej strukturze. A ponieważ stosunkowo łatwo obliczyć, z jaką szybkością pojawiają się mutacje, wskazano, że źródłem tegoż jest jedna kobieta, mitochondrialna Ewa, żyjąca w Afryce około 200 tys. lat temu. Nadto badania wykazały, że genetyczne zróżnicowanie wśród afrykańskich kobiet jest znacznie wyższe niż u kobiet z innych części świata. Stąd wnioskuje się, że kolebką ludzkości musiała być Afryka, a pramatka Ewa była czarna-skóra.

III. KONCEPCJA PRAOJCA ADAMA

Wiadomo, że chromosom Y dziedziczy się wyłącznie w linii męskiej; na 46 chromosomów aż 44 to autosomy. Chromosomy występują w parach. Przy czym chromosomy homologiczne tworzy jeden od matki, drugi od ojca i ich charakterystyczną cechą jest to, że wymieniają między sobą materiał genetyczny. Istnieje jednak 1 para (23) chromosomów, którą określa się mianem heterochromosomy albo chromosomy płci; u kobiet są dwa jednakowe chromosomy XX, a u mężczyzn XY. W tym miejscu należy mocno podkreślić, że Y (u mężczyzn) jest częściowo homologiczny z X, a częściowo nie jest. Innymi słowy, istnieje pewien odcinek chromosomu Y, który wymienia materiał genetyczny z chromosomem X (ten odcinek chromosomu Y zachowuje się jak chromosomy autosomalne, których jest większość), ale istnieje też taki odcinek chromosomu Y, który z nim nie koniuguje, czyli jest niezmienny i nazywa się go niehomologicznym odcinkiem

² A. C. Wilson, R. L. Cann, *Afrykański rodowód ludzkości*, „Świat Nauki” (1992) 6, s. 27 i 24; R. Dawkins, *Rzeka genów*, Warszawa 1995, s. 75-80.

chromosomu Y. I właśnie R. L. Dorit, H. Akashi, W. Gilbert podjęli próbę zsekwencjonowania nukleotydów DNA jednego małego fragmentu, który znajdował się na wspomnianym niehomologicznym odcinku chromosomu Y, w genie (intronie – nie koduje białka) ZFY³. W tym celu przebadali 38 mężczyzn z różnych części świata. Gen ZFY składa się z 729 par nukleotydów i jest prawdopodobnie odpowiedzialny za rozwój jąder. Okazało się, że badany fragment DNA jest identyczny u wszystkich mężczyzn. Wyjaśnieniem tego faktu może być wskazanie na wspólnego przodka, który pojawił się około 280 tys. lat temu.

IV. ZASTRZEŻENIA I WĄTPLIWOŚCI

Obie wyżej omówione hipotezy antropogenezy wskazują, że współczesny gatunek człowieka pojawił się około 200 – 300 tys. lat temu. Jednak dane paleontologiczne z Azji, Afryki i Europy wskazują na znacznie wcześniejszy moment antropogenezy. Nadto bardzo uzasadnione jest twierdzenie, że przodek człowieka pojawił się w Afryce po powstaniu wielkiego rowu afrykańskiego. Prawdopodobnie oddzielił się od szympansa, z którym miał wspólnego przodka około 8 mln. lat temu. Następnie pojawiły się *Australopithecus*, następnie *Homo habilis* i wreszcie około 1,5 mln. lat temu *Homo erectus*. Ów *Homo erectus* około 1 mln. lat temu dokonał migracji, zajmując wszystkie kontynenty starego świata. I właśnie tutaj pojawia się podstawowa trudność. Albowiem z hipotezy afrykańskiej Ewy oraz praojca Adama wynika, że około 300 – 200 tys. lat temu nastąpiła druga migracja już *Homo sapiens sapiens*, człowieka „wypierającego” wszystkich żyjących wcześniej ludzi (*Homo erectus*). Ale nie ma w pełni uzasadnionych dowodów, że *Homo erectus* został wytępiony przez *Homo sapiens sapiens*, którego przodkiem jest afrykańska Ewa i praojciec Adam. Możliwa do przyjęcia jest także hipoteza, że wzajemnie się krzyżowali. A ponieważ geny, które dziś badamy, budując wspomniane hipotezy, okazały się korzystniejsze, mogły zastąpić te, które posiadały *Homo erectus*. Niemniej jednak, aby to sfalsyfikować, należy przeprowadzić jeszcze wiele badań innych (pozostałych) sekwencji genomowych w różnych chromosomach⁴.

Nadto budzą się wątpliwości co do tego, by mogło pojawić się różnicowanie rasowe w tak krótkim czasie.

1. Uwagi krytyczne na temat koncepcji „czarnej” Ewy

Hipoteza afrykańskiej Ewy wskazuje po pierwsze, że gatunek współczesnego człowieka mógł powstać w jednym miejscu, tj. w Afryce; po drugie, że antropogeneza mogła zajść około 200 tys. lat temu, a więc stosunkowo niedawno; po trzecie, że gatunek *Homo sapiens sapiens* pochodzi od jednej matki.

Wydaje się, że ta hipoteza jest nieprzekonująca. Przede wszystkim stwierdzenie, że *Homo sapiens sapiens* pochodzi od czarnej Ewy, jest jednostronne. Można jedynie przyjąć, że mitochondrialne DNA współczesnego człowieka pochodzi od zmutowanej pramatki. Szereg bowiem innych cech zostało przekazanych od innych naszych przodków, którzy żyli w tym samym czasie co „czarna” Ewa, jak i wcześniej. Poza tym zastrzeżenia dotyczą samego datowania. Otóż owe 200 tys. lat oparte jest na obliczeniach substytucji jednych nukleotydów przez inne, czyli różnicy pomiędzy hipotetycznym DNA wyjściowym a różnicowaniem DNA mitochondrialnego obecnie żyjących ludzi. Co więcej, te 200 tys. lat obliczone na podstawie stałej częstotliwości powstawania mutacji w określonym czasie może w rzeczywistości oznaczać i 1 mln. lat, gdyż mogło ist-

³ R. L. Dorit, H. Akashi, W. Gilbert, *Absence of polymorphism at the ZFY locus on the human Y chromosome*, „Science” 268 (26 May 1995) s. 1183-1184.

⁴ S. Paabo, *The Y chromosome and the origin of all of us (men)*, „Science” 268 (26 May 1995), s. 1141.

nieć szereg mutacji, które wyginęły i nie zostawiły śladu, tzn. mutacji mogło być znacznie więcej⁵.

Hipotezę „czarnej” Ewy krytykują uczeni przeprowadzający badania genetyczne genów, tzw. genów zgodności tkankowej (major histocompatibility complex)⁶, które – jak się okazuje – występują nie tylko u człowieka, ale i u szympansa, i u innych małp. Co więcej, odkryto ogromne ich zróżnicowanie, jedne są bardzo podobne do siebie, inne zaś nie. W konsekwencji można przyjąć, że one powstały jeszcze przed procesem oddzielenia się człowieka od szympansa. Gdyby miała się ta ogromna różnorodność genów zgodności tkankowej skumulować w jednej pierwszej kobiecie, to ta różnorodność nie przetrwałaby do dziś. A to, że jest ona bardzo duża, wskazuje, że związana jest z dużą liczbą ludzi. Populacja ludzka nie spadła poniżej krytycznej wielkości, jaką jest około 100 tys. osobników.

Ponadto gdyby zaszedł rzeczywiście proces wyparcia przez *Homo sapiens sapiens* – pierwszy przedstawiciel to właśnie „czarna” Ewa – człowieka poprzedniego, czyli *Homo erectus*, wówczas musiałoby zostać to udokumentowane choćby w szczątkowych śladach paleontologicznych, w budowie układu kostnego, czy też zachowanych narzędziach. Nie mamy jednak takich dowodów.

2. Próba oceny koncepcji praojca Adama

Koncepcja niehomologicznego odcinka chromosomu Y w genie ZFY wskazuje na to, że człowiek pochodzi z małej jakiejś populacji. Badany fragment jest podobny u wszystkich zbadanych mężczyzn (38). Jaka jest tego przyczyna? Po pierwsze, że ma charakter bardzo konserwatywny, niezmienny. Po prostu mechanizm selekcji spełniał rolę strażnika, by nie zaszły jakiegokolwiek zmiany. Ale zbadano ten odcinek u małp człekokształtnych i stwierdzono, że różni się znacznie od człowieka. Stąd można wyciągnąć wnioski, że ów fragment DNA nie jest aż tak „konserwowany” przez selekcję, czyli nie jest przez selekcję chroniony. Gdyby bowiem był „konserwowany” przez selekcję, musiałby być podobny u szympansa, goryla, orangutana i u człowieka. Zachodzi więc różnica między gatunkami, nie ma zaś różnic wewnątrzgatunkowych⁷.

Po drugie⁸ omawiany gen ZFY może w pewnych okresach ewolucji był bardzo korzystny i dlatego rozprzestrzenił się w całej populacji czy gatunku. Ale i tutaj budzą się zastrzeżenia z próbą odpowiedzi na pytanie: dlaczego ten gen (intron) miałby być tak bardzo selekcyjnie wartościowy?

Po trzecie⁹, pojawienie się identycznych sekwencji par nuklotydów w genie ZFY małp człekokształtnych jest przypadkowe. Gdyby bowiem zbadano nie 38 mężczyzn, ale tysiąc lub jeszcze więcej, być może zakwestionowanoby ową identyczność. Jednak na podstawie wykorzystania skomplikowanych metod matematycznych twórcy tej koncepcji wyliczyli, jakie jest prawdopodobieństwo identyczności genów wielu mężczyzn. Doszli do wniosku, że jednakowość tych odcinków genu ZFY wyjaśnia przyjęcie założenia, że wszyscy mężczyźni pochodzą od przodka, który mniej więcej żył około 270 tys. lat temu. Nie wskazuje się jednak miejsca zamieszkania. Narzuca się tutaj niemal matematycznie pewna zbieżność czasowa z mitochondrialną koncepcją pochodzenia człowieka.

⁵ A. C. Wilson, R. L. Cann, dz. cyt., s. 26-27.

⁶ J. Klein, N. Takahata, F. J. Ayala, *Polimorfizm MHC a pochodzenie człowieka*, „Świat Nauki” (1994) 2, s. 46-51.

⁷ R. L. Dorit, H. Akashi, W. Gilbert, dz. cyt., s. 1183.

⁸ S. Paabo, dz. cyt., s. 1142.

⁹ Tamże.

V. REFLEKSJE EPISTEMOLOGICZNO-METODYCZNE I ONTOLOGICZNE.
WNIOSKI

Przy analizie przedstawionych koncepcji niemal automatycznie narzuca się pytanie, czy ewolucją człowieka rządzą te same prawa co ewolucją innych gatunków? Jak sądzę, warto byłoby podjąć próbę refleksji nad tym, co wiemy na temat ewolucji człowieka w świetle praw rządzących ewolucją biologiczną w ogóle. I tutaj pojawiają się ogromne trudności, albowiem według praw rządzących ewolucją, tzn. *Homo erectus*, *Homo neandertalensis*, *Homo habilis*, *Homo sapiens* jako gatunki powinny być izolowane rozrodczo od innych. I tak się dzieje. Nowy gatunek najpierw powstaje wskutek izolacji geograficznej. Wytwarzają się bariery reprodukcyjne i potem nawet jak mieszają się z sobą na tym samym terenie, to mogą się krzyżować. Tymczasem omawiane koncepcje pochodzenia człowieka prowadzą do postawienia pytania, czy nie następowało krzyżowanie. Jeśli tak, to wówczas trudno byłoby wytłumaczyć ogromną zmienność rasową człowieka. Istnieje przecież wiele ras, kiedy one zdążyły powstać? Z punktu widzenia procedury ewolucji jest to zaskakujące. Co więcej, może to prowadzić do wniosku, że te gatunki nie były prawdziwymi gatunkami, a tylko odmianami, rasami. Być może one w wyniku krzyżowania dały początek różnym rasom (nazwijmy rasogenezie). Początek powstania tych ras – w konsekwencji – był wcześniejszy niż powstanie gatunku człowieka rozumnego jako takiego. Już bowiem geny zostały wniesione przez te inne gatunki, które w tym wypadku byłyby podgatunkami. Okazuje się więc, że powstały rasy i te rasy się zmieniły, tj. krzyżowały. Z mitochondrialnych badań DNA i genu ZFY wynika jednak, że powstał gatunek i rozprzestrzenił się, zastąpił wszystkie inne. Niestety, stwierdzenie to nie jest zgodne z danymi paleontologicznymi. Gdyby człowiek wywędrował 1 mln. lat temu i gdyby to był jeden wielki gatunek i ten gatunek się przystosował do różnych środowisk, to wówczas rasy mogłyby się spokojnie rozwijać (czarna, żółta, biała). A jeżeli wędrował od 200 do 300 tys. lat, to wytrzebił inne gatunki czy rasy i w konsekwencji współczesne rasy miały zbyt mało czasu, by się pojawić.

Zaprezentowane koncepcje u podstaw wszystkich dzisiejszych ludzi wskazują na istnienie jednego praczłowieka.

Przyjmując dane genetyczne potwierdzające to twierdzenie, można jednak wątpić, czy dane te są wystarczające do rozwiązania problemu antropogenezy na drodze samych mechanizmów ewolucji. Precyzyjniej, czy nastąpiło w antropogenezie wyłącznie mechaniczne przekazywanie wyposażenia genetycznego od wspólnego przodka do *Homo sapiens sapiens* (od jednej kobiety pramatki, czy też od jednego mężczyzny praojca). Wydaje się, że rozwiązanie tej kwestii w płaszczyźnie antropologicznej może dać teistyczna interpretacja teorii ewolucji, która zakłada, że u podstaw pojawienia się każdego bytu leży Boży plan rozwoju życia poprzez wszystkie etapy ewolucji. Chodzi tutaj o tzw. pośrednie działanie stwórczego Boga poprzez siły tkwiące w materii.

Człowieka nie stanowi wyłącznie jego wyposażenie genetyczne, także jego psychizm duchowy. Dla filozofa przyrody Kosmos (i Biokosmos) przedstawia się jako nieustanny proces. Dlatego też w planie metafizycznym jest uzasadnione odwoływanie się do aktu stwórczego Pierwszej Przyczyny, niezbędnego do pojawienia się psychizmu jak i do naturalnej sprawczości bytów, tj. praprzodków człowieka, ich wyposażenia genetycznego w procesie antropogenezy. Człowiek bowiem jawi się jako nowa jakość organiczna w stosunku do swoich przodków, a więc inaczej mówiąc, jako nowa ontologiczna forma istnienia, bytu, wymagająca adekwatnej przyczyny. Co więcej, powyższe wskazuje, że kto przyjmuje takie ewolucyjne pochodzenie człowieka, musi (co do ciała) przyjąć jako rodziców formę Prymata, być może jest nią „czarna” Ewa, bądź praojciec z genem ZFY znajdującym się na homologicznym chromosomie Y¹⁰.

¹⁰ Sz. W. Ślaga, *Życie – ewolucja*, w: M. Heller, M. Lubanski, Sz. W. Ślaga, *Zagadnienia filozoficzne współczesnej nauki*, Warszawa 1992, s. 381