



To zależy

Mój dobry znajomy, fizyk, mówi: „Ja w twoje biologiczne sprawy nie zagłębiam się, bo tam wszystko jest zbyt zagmatwane”. Faktycznie, proste historie w biologii są już za nami. Wielcy świata mieli albo niebywale szczęście, albo na tyle duże ego, żeby głosić swoje prawdy bez cienia wątpliwości. Albo i to, i to. Teraz od badaczy wciąż słyszymy „to zależy”, czego, niestety, wiele osób nie lubi.

Mendlowi, na przykład, dopisywało szczęście. Trafił do klasztoru, który miał własne zaplecze edukacyjne i ogród eksperymentalny, a przełożeni wspierali jego zainteresowania. Zadbali o wykształcenie matematyczne i przyrodnicze naukowca, a później pozwolili mu przez długie lata prowadzić badania, dzięki czemu przebadał tysiące roślin grochu. Krzyżował je, liczył, porównywał. Nie znał pojęcia genu, nic nie wiedział ani o DNA, ani o chromosomach. Opisał matematyczne prawidłowości dziedziczenia, zanim poznano ich fizyczne podłoże. Miał szczęście, bo cechy, które badał u grochu, były łatwe do opisanie (m.in. kolor kwiatów) i są dziedziczone w prosty sposób.

Mendel sformułował fundamentalne dla rozwoju genetyki prawa na podstawie ponad dziesięciu lat eksperymentów. Musiał mieć do tego osobowość. Cierpliwość, sumienność, skłonność do refleksji i umiejętność znoszenia życia zakonnego. Była w nim jednak także ciekawość świata, która dała mu motywację do wyjścia poza mury klasztoru, aby ogłosić swoje prawa.

Dziś to właśnie osobowość staje się tematem badań genetycznych. Sytuacja jest bardziej złożona od dziedziczenia koloru kwiatów grochu: tysiące wariantów DNA, z których każdy może mieć niewielki wkład, plus środowisko i błąd wpisany w metodykę. Do tego samo definiowanie, czym osobowość jest i – tocząca się od lat dyskusja – od czego zależy. Przeciąganie liny ze skrajnych pozycji: od hipotezy „białej karty”, którą dzięki odpowiedniemu wychowaniu i środowisku zapisuje się w dowolny sposób, do badań pokazujących, że rozdzielone od siebie identyczne bliźniaki mają wspólne cechy mimo życia w innych warunkach.

Natura czy wychowanie? W „Nature” z sierpnia 2026 roku znajdujemy pracę, której autorzy tłumaczą, że dyskusję należy porzucić, bo osobowość kształtują i geny, i środowisko. Ten układ jest tak złożony, że odpowiedzi, jak i na ile, można szukać dopiero teraz, dzięki rosnącej liczbie danych i wsparciu zaawansowanych metod ich analizy. Im więcej jednak wiadomo, tym bardziej o dostępnych informacjach należy mówić ostrożnie. Bo, oczywiście, to zależy. . .

Pracę „Robust inference and correlates from genetic associations with personality” opublikowało konsorcjum Revived Genomics of Personality (ReGPC), grupa naukowców, którzy od około 2010 roku łączą siły i zasoby, aby rozgryźć, co sprawia, że jesteśmy sobą. Cechy osobowości opisują stabilne i nawykowe różnice w sposobie myślenia, odczuwania i działania ludzi. Konsorcjum w badaniach posłużyło się teorią Wielkiej

Piątki (The Big Five). Według niej osobowość można opisać w pięciu wymiarach, niezależnie od płci, pochodzenia etnicznego i wieku. Są to:

- ekstrawersja (mierzy się tu m.in., jak jesteśmy towarzyscy, asertywni i pełni energii);
- ugodowość (empatia, szacunek i zaufanie, które pokładamy w innych);
- sumienność (opisująca zorganizowanie, produktywność w realizacji zamierzeń i odpowiedzialność);
- neurotyczność (mierząca poziom lęku, skłonność do depresji i stabilność emocjonalną);
- otwartość na doświadczenia (która wynika z wyobraźni, ciekawości świata, wrażliwości na sztukę i naturę).

Model Wielkiej Piątki nie jest „jedyną słuszną” metodą opisywania cech osobowości. Tu każdy z elementów mierzy się gradientowo, co jest bliższe naturalnej zmienności żywych organizmów niż podział na typy, używany w innych teoriach. Analizowano 46 badań, w których przeprowadzono ten sam standardowy kwestionariusz Wielkiej Piątki do określenia osobowości. Osoby wypełniające test oddawały także z wnętrza jamy ustnej wymaz, z którego wyizolowano DNA i poddano analizie. W ten sposób uzyskano wyniki dla ponad miliona osób. Osoby, których genom był analizowany, wypełniały jednocześnie ankietę, badającą ich osobowość.

Dzięki danym zgromadzonym przez wiele lat wiemy, że jeśli porównuje się sekwencje DNA dwóch losowych osób, to są miejsca, tzw. pozycje, w których jest zmienność, tj. występują różne nukleotydy. Na przykład w pozycji o numerze rs1801253 w sekwencji GCTGTGCTCGTGCCTGTG u części ludzi jako 10. nukleotyd będzie występował A zamiast G: GCTGTGCTCATGCCTGTG. Takich miejsc w naszym genomie istnieje bardzo dużo, w przypadku opisywanej pracy analizowano ich około 10 milionów. Zjawisko nazywane jest polimorfizmem pojedynczych nukleotydów (ang. Single Nucleotide Polymorphism, inaczej SNP wymawiany przez genetyków „snip”).

Naukowcy z publikacji z *Nature* wykorzystali istnienie SNP w metodzie analizy GWAS, czyli *Genome-Wide Association Study*. Szukali współzależności między konkretnymi wariantami genetycznymi (właśnie snipami) a występowaniem danej cechy. GWAS nie identyfikuje bezpośrednio genów odpowiedzialnych za tę cechę. Identyfikuje regiony genomu, w których występuje statystycznie istotne powiązanie między snipem a zmiennością branej pod uwagę cechy.

GWAS opiera się na biologicznym zjawisku nierównowagi sprzężeń (linkage disequilibrium – LD). Oznacza to, że fragmenty DNA położone blisko siebie na chromosomie są dziedziczone razem, jako jeden blok (nie są rozdzielane przez meiotyczną rekombinację na przestrzeni pokoleń). Snipy są jedynie markerami, że dany rejon DNA jest związany z danym wariantem cechy (tzw. fenotypem). Jest to fundament badań nad chorobami wieloczynnikowymi oraz kierunkiem zmian w medycynie – chodzi o to, aby leczenie pacjentów było spersonalizowane.



Korzystałam z:

Schwaba T. i wsp. *Robust inference and correlates from genetic associations with personality*, Nature (2026).

Frequently Asked Questions for Robust inference and widespread genetic correlates from a large-scale genetic association study of human personality, ReGPC steering committee:
<https://osf.io/hgnsn/files/osfstorage/698e1853e15af5d402c72da8>.

W przypadku omawianego badania uzyskano (w sumie) 1260 niezależnych pozycji dla pięciu cech osobowości, z czego 824 było nowych, dotąd nieopisanych. W ten sposób otrzymano mapę interesujących regionów genomu, co jeszcze nie jest wskazaniem konkretnych genów odpowiedzialnych za daną cechę, a co za tym idzie nie oznacza to identyfikacji mechanizmu biologicznego u podłoża osobowości.

Teraz badacze będą myśleć nad tym, co sprawiło, że pojawiła się asocjacja. Sprawdzać sąsiedztwo, zapisane w tym rejonie geny, być może poziom ich aktywności, rodzaj komórek, w których są odczytywane, funkcje białek lub potencjalną regulację aktywności innych miejsc w genomie.

W pracy z *Nature* już znaleziono niektóre powiązania: z genami wpływającymi na działanie mózgu – na przykład FOXP2, które koduje białko regulacyjne związane z rozwojem określonych obwodów neuronalnych. Zaburzenia jego aktywności prowadzą do poważnych problemów z rozwojem mowy i języka. Inny gen to SEMA6D, który koduje białko uczestniczące w odnajdywaniu przez migrujące nowopowstałe neurony właściwych miejsc w mózgu i tworzenie połączeń z innymi komórkami. Inne miejsca powiązane były z genami, o których wiadomo, że są aktywne w neuronach kory mózgowej, a zarazem związane z molekularnym mechanizmem rytmu dobowego, dojrzewaniem neuronów i rozwojem połączeń między nimi.

Naukowcy – świadomi, że odbiór tych badań może być istotny społecznie – zadbali o to, by trudny artykuł naukowy uzupełnić tekstem, w którym odpowiadają na najczęstsze pytania dotyczące ich pracy. To rys czasów – za publikacją w prestiżowym piśmie naukowym stoją już nie tylko długie strony „suplementary data”, materiałów dodatkowych, bez których całkowite zrozumienie metod i wyników dla specjalisty jest niemożliwe. Treść i intencje tłumaczone są szerzej, aby były dostępne dla naukowców z innych dziedzin i każdego, kto chciałby wiedzieć więcej.

A sprawa faktycznie jest ważna. Gdybym tak mogła za pomocą „magicznego suwaczka” poprawiać (modyfikować) osobowość, to co i w którym kierunku bym zmieniła? Gdzie jest ta „lepsza” Marta? Czy ktoś może mieć dostęp do informacji genów przyszłych pokoleń, przewidując, jakimi ludźmi będą? I jaki użytek zrobi z tą wiedzą?

Jak dobrze, że w komentarzach autorzy odnoszą się do tego stanowczo i jasno. „Różnorodność osobowości jest niezwykle cenna. Społeczeństwo czerpie korzyści z obecności osób osiągających wysokie, niskie i średnie wyniki w zakresie każdej cechy osobowości, a osoby o dowolnych kombinacjach cech mogą znaleźć sposoby na osiągnięcie sukcesu (...) zdrowe społeczeństwo potrzebuje zarówno przedsiębiorców (stwierdziliśmy, że warianty genetyczne związane z edukacją biznesową korelują z niższą otwartością na doświadczenia), jak i artystów (stwierdziliśmy, że warianty genetyczne związane z edukacją artystyczną i humanistyczną korelują z wyższą otwartością na doświadczenia). (...) każda cecha osobowości ma zarówno zalety, jak i wady. Na przykład nasze wyniki sugerują, że dziedziczenie wariantów genetycznych związanych z wysoką ekstrawersją może być korzystne, ponieważ wiążą się one z mniejszą liczbą pobyków w szpitalu i wyższym poziomem dobrostanu – a są to skutki, które większość ludzi ceni. Z drugiej strony, odziedziczenie wariantów genetycznych związanych z ekstrawersją może być również problematyczne, ponieważ stwierdziliśmy, że są one powiązane z ryzykiem choroby afektywnej dwubiegunowej oraz rozpoczęciem palenia papierosów – a to skutki, których większość ludzi pragnie uniknąć”.

Według ankiety Wielka Piątka jestem ekstrawertyczką na poziomie 53%. Czy to dobrze? Zależy. I zostanę już przy tym.

Kwestionariusz użyty do badań można wypełnić nieodpłatnie pod tym linkiem: https://www.personalitylab.org/tests/bfi2_self_pol.htm

Marta FIKUS-KRYŃSKA