



**Ann Gauger** – jest biologiem, pracuje jako naukowiec w Biologic Institute w Seattle. Obroniła doktorat w dziedzinie mechanizmów rozwoju zwierząt na Washington University. Pracowała jako stażystka w laboratoriach Uniwersytetu Harvard. Obecnie zajmuje się badaniem ograniczeń ewolucji biologicznej w oparciu o bakteryjne ścieżki metaboliczne. Publikowała między innymi w „Nature”, „Development”, „Journal of Biological Chemistry” i „Bio-Complexity”. Jest także współautorem dwóch popularnych książek dotyczących zagadnień nauki i wiary.

# O CO CHODZI W HIPOTEZIE EWY MITOCHONDRIALNEJ?

Rozmowa z profesor Ann Gauger

Ani zapis kopalny, ani badania genetyczne nie wykluczają możliwości historycznego istnienia Adama i Ewy. Jest też zbyt wcześnie, aby ktokolwiek mógł twierdzić, że nauka obaliła historyczne istnienie Adama i Ewy. Zachęcałabym do wielkiej ostrożności i pokory w obliczu zagadnienia o tak wielkim znaczeniu.

Rozmawia Michał Chaberek OP

Jesteś biochemikiem pracującym w laboratorium, tak samo jak tysiące innych biochemików w USA i Europie. Jednak praca Twoja i Twoich kolegów jest wyjątkowa. O ile większość naukowców uważa, że makroewolucja biologiczna została udowodniona już dawno temu, wy dochodzicie do przeciwnych wniosków. Uzywacie tej samej wiedzy, takich samych narzędzi i baz danych. Jak to jest możliwe?

– Musisz wiedzieć, że biologowie byli uczeni akceptacji idei makroewolucji poprzez nieustanne powtarzanie tego twierdzenia

w podręcznikach – twierdzenia, które jest prezentowane jako fakt. Ponieważ jednak większość badań biologicznych w istocie jest zupełnie niezależna od idei makroewolucji, to większość biologów nie ma powodu, aby badać prawdziwość tych koncepcji dla własnych potrzeb. Przyjmują prawdziwość makroewolucji na podstawie świadectwa biologów ewolucyjnych, bez głębszego namysłu.

Biologia jest tak wielką dziedziną wiedzy. Nie ma możliwości, aby jedna osoba była ekspertem we wszystkich jej dziedzinach. Musimy ufać pracy innych naukowców. Jednak czasami nawet podstawowe założenia mogą być błędne. W takich momentach powinna wkroczyć autokorekcyjna natura nauki. Nauka powinna być otwarta na rewizję własnych twierdzeń, w miarę jak dochodzą nowe dane. Problem pojawia się wtedy, gdy błędny pogląd jest głęboko zakorzeniony, a zwłaszcza, gdy ten błędny pogląd jest ściśle związany z wyznawanym światopoglądem lub postrzeganiem rzeczywistości.

Idea Darwina była prawdopodobna, gdy wiedzieliśmy niewiele na temat niezwykle wewnętrznego świata komórek lub skomplikowanego tańca rozwoju embrionalnego. Jednak w ciągu minionych czterdziestu lat idea, że życie powstało i ewoluowało bez żadnego kierowania, wyłącznie poprzez mechanizmy neodarwinistyczne, stawała się coraz bardziej problematyczna. Obecnie rośnie liczba naukowców i filozofów, którzy przyznają, że potrzebujemy nowego wyjaśnienia, nowego paradygmatu pochodzenia złożoności biologicznej. Niektórzy z nich są teistami, jak na przykład ja, a inni nie. Niektórzy nadal poszukują czysto naturalistycznych wyjaśnień. Ja osobiście uważam, że wszystkie dowody rozpatrywane razem, czy to z kosmologii, chemii, fizyki czy biologii, wskazują na potrzebę istnienia i działania ponadnaturalnego projektanta, Stwórcy.

**Jako katolik jestem żywo zainteresowany pochodzeniem człowieka. Jako teolog wiem, że specjalne stworzenie każdej duszy ludzkiej stanowi przedmiot pewnego nauczania Kościoła. Kiedy jednak zapytamy o pochodzenie ludzkiego ciała, pojawia się wiele zamieszania, zwłaszcza gdy porównamy tradycyjne stanowisko chrześcijańskie ze współczesną historią ewolucyjną dominującą wśród teologów. Czy naukowcy są zainteresowani tym zagadnieniem?**

– W ostatnich latach temat naszego pochodzenia powrócił jako przedmiot sporu. Obecną wrzawę wzbudziła seria blogów i artykułów prasowych, w których niektórzy badacze chrześcijańscy, będący także naukowcami, zaczęli twierdzić, że nauka obaliła historyczność Adama i Ewy i w konsekwencji powinniśmy przemysleć chrześcijańską teologię od nowa.

**Dobrze. Zatem rozumiem, że nawet już po tym, gdy ewolucyjna historia została zaakceptowana przez teologów, nadal jeszcze niewielu z nich podawało w wątpliwość historyczność Adama i Ewy. Jaki był powód, aby zrobić kolejny krok naprzód w unieważnianiu wiary?**

– Wszyscy znaleźliśmy ewolucyjne historie wcześniej, jak to na przestrzeni czasu pierwotne naczelnie stały się hominoidami, następnie hominidami, następnie nami samymi, bez wykluczania historycznego istnienia Adama i Ewy. Większość Amerykanów oglądała programy edukacyjne na kanale PBS lub odwiedziła muzeum opowiadające te historie. Pobieźnie oglądaliśmy skamieniałe kości i słyszeliśmy postępujący łańcuch nazw od australopiteka, przez *Homo erectus*, aż do nas. Przypuszczam, że tej historii nauczano również w waszym kraju. Niemniej to wszystko nie wystarczało, aby wierzący porzucili historię Adama i Ewy. Dlaczego? Ponieważ skamieniałości mogą ukazać jedynie serię form występujących na przestrzeni czasu. Nie mogą pokazać, kto pochodzi od kogo, lub jak wiele osobników przyczyniło się do powstania nowego gatunku. Skamieniałości nie powiedzą, w jaki sposób zaszły zmiany prowadzące do kolejnego gatunku, czyli, jakiego rodzaju przemiany lub mechanizmy wystąpiły – o ile w ogóle jakieś. Pozostaje więc wiele miejsca na pierwszą parę u zarania ludzkości, a także jest wiele możliwych wyjaśnień, jak mogło się to stać.

**Co więc zmieniło się w dowodach naukowych? Dlaczego mówi się, że w świetle nowych odkryć teologia musi być poprawiona?**

– To pytanie jest związane z dwiema kwestiami – genetyką populacyjną i sekwencjonowaniem DNA. W oparciu o rozumienie genów jako jednostek

dziedziczenia w powiązaniu z darwinistyczną koncepcją naturalnej selekcji, naukowcy rozpoczęli badania nad tym, jak geny mogą rozprzestrzeniać się w populacjach. Wypracowali eleganckie i wyszukane równania matematyczne opisujące zachowanie genów w idealnych populacjach i sprawdzili je, mierząc zachowanie rzeczywistych cech w rzeczywistych populacjach organizmów. Następnie, wraz z pojawieniem się sekwencjonowania DNA, otworzył się szerszy świat zmienności genetycznej, dzięki czemu naukowcy podjęli próby śledzenia historii naszych przodków poprzez porównywanie DNA.

**Sprawdźmy, czy to dobrze rozumiem. Poprzez porównywanie różnych sekwencji DNA możemy potencjalnie śledzić wstecz historię różnych gatunków. Porównując to z zapisem kopalnym, możemy spekulować na temat tego, ilu przodków musiało istnieć w określonym czasie. Już na tym etapie widzę jednak, że metoda ta jest dość niepewna. Wyobraźmy sobie, że na parkingu stoi kilkanaście samochodów. Załóżmy, że wszystkie są modelami tej samej marki, ale pochodzą z innych lat. Poprzez porównywanie wybranych różnic między nimi, takich jak na przykład ich kolor, typ radia samochodowego, czy materiału, którym pokryte są siedzenia, usiłujemy określić wiek poszczególnych samochodów. W tej analogii zapis kopalny stanowiłby niejako katalog firmowy mówiący, jaki sprzęt był instalowany w samochodach w jakim okresie. Jednak dość naiwne byłoby przyjęcie założenia, że żaden z samochodów nie przeszedł nigdy żadnego remontu lub, że wszystkie dokładnie odpowiadają danym katalogowym. Nawet sam katalog może zawierać błędy. Jak dla mnie to przedsięwzięcie wygląda bardziej na zgadywanie niż udowadnianie czegokolwiek. Jak to się ma do początków człowieka?**

– To, co mówisz, jest słuszne. Korzystanie z DNA w celu odkrycia naszej historii niesie szereg wyzwań. W metodach filogenetycznych jest wiele ukrytych założeń, które opierają się dokładnie na tym, czego usiłują dowieść. Na przykład algorytmy ukazujące rozchodzenie się form życia w postaci gałęzi wyrastających z jednego wspólnego pnia zakładają, że istnieje wspólny

przodek. Zakładają także, że przypadkowe procesy są jedyną przyczyną zmian genetycznych na przestrzeni wieków. Jest to założenie wynikające z naturalizmu – koncepcji, według której jedynie siły natury działały w przyrodzie.

### **W jaki sposób naturalizm wpłynął na badania nad pochodzeniem człowieka?**

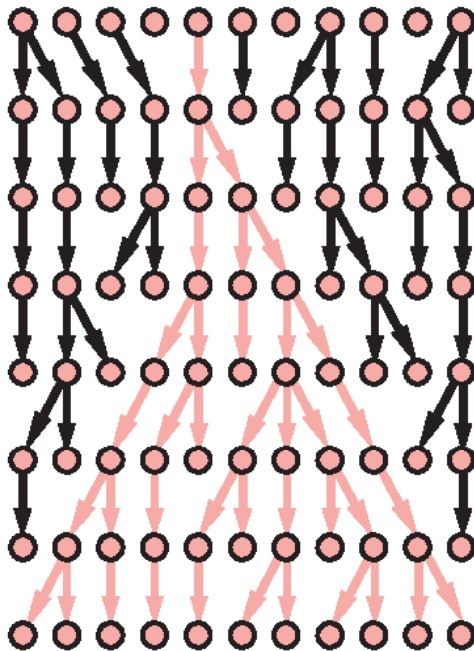
– W pierwszych próbach odtworzenia naszej historii korzystano z mitochondrialnego DNA. Mitochondria to małe organella zawierające DNA, znajdujące się w każdej komórce naszego organizmu. Ze względu na ich niewielki rozmiar i ze względu na to, że ich DNA występuje tylko w jednej kopii na mitochondrium, było względnie łatwo oczyścić i czytać DNA mitochondrialne wielu osób rozproszonych po całym świecie. A ponieważ DNA mitochondrialne jest dziedziczone wyłącznie od matek, powstająca na ich podstawie sekwencja informacyjna mogłaby być użyta do zbudowania matrylinearnego rodowodu ludzi. W 1987 r. A.C. Wilson i jego zespół badawczy opublikowali wyniki badań oparte na rodowodzie mitochondrialnym, z którego wynikało, że wszystkie kobiety mogłyby wywieść swoje pochodzenie od jednej kobiety żyjącej w Afryce około 160 tysięcy lat temu. Media nadały owemu matrylinearnemu przodkowi miano „Ewy mitochondrialnej”. Niedługo później, gdy pojawiły się także dane z DNA w Y-chromosomie, zbudowano męski rodowód, który wskazywał na pojedynczego mężczyznę żyjącego w Afryce ok. 70 tysięcy lat temu.

**Dla teologa to brzmi wspaniale. Nauka potwierdziła to, co wierzący wiedzieli z Pisma Świętego. Na początku byli jedna kobieta i jeden mężczyzna, którzy dali początek wszystkim ludziom. Jedyny problem to różnica odległości czasowej.**

– Problem w tym, że te wyniki w istocie nie oznaczają, że wszyscy pochodzimy od tego konkretnego chromosomu Y Adama i mitochondrialnej Ewy. Według nowszych badań jest mało prawdopodobne, że Adam żył 70, a Ewa 160 tysięcy lat temu. Problem polega na tym, że zgodnie z dynamiką

**F** O co chodzi w hipotezie Ewy mitochondrialnej?

populacyjną, linie rodowodowe zawsze mają tendencję do zbiegania się w końcu w jednym punkcie. Można to zobrazować na przykładzie dziedziczenia ojcowskiego nazwiska. Na poniższym rysunku każda kropka przedstawia mężczyznę o nazwisku Thomasson, a każdy rząd reprezentuje jedno pokolenie.



*Rys. 1. Przykład możliwego drzewa genealogicznego mężczyzn o nazwisku Thomasson. W pierwszym pokoleniu choć mężczyźni nie są ze sobą spokrewnieni mają to samo nazwisko. W ostatnim pokoleniu wszyscy mają to samo nazwisko i dodatkowo mają jednego przodka, czyli są spokrewnieni. Analogiczna sytuacja mogłaby mieć miejsce w przypadku dziedziczenia chromosomalnego lub mitochondrialnego. Dlatego hipoteza „Ewy mitochondrialnej” nie stanowi dowodu na wspólne pochodzenie wszystkich ludzi.*

W pierwszym pokoleniu było jedenastu mężczyzn o nazwisku Thomasson. Synowie w kolejnym pokoleniu odziedziczyli ich nazwisko. Jednakże mężczyźni, którzy nie mieli synów z jakiegokolwiek powodu,

nie zdołali przekazać swojego nazwiska. W tym przykładzie po siedmiu pokoleniach wszyscy Thomassonowie mają za przodka jednego mężczyznę. Wszyscy żyjący Thomassonowie pochodzą więc od jednego protoplasty – Thomassona. Ale to nie oznacza, że oni wszyscy pochodzą tylko od jednego protoplasty – Thomassona. W końcu w każdym pokoleniu do klanu Thomassonów dołącza kobieta z innej rodziny. Nie oznacza to również, że był tylko jeden żyjący Thomasson w pierwszym pokoleniu. W naszym przykładzie, po siedmiu pokoleniach, tylko jeden Thomasson nadal miał potomstwo, które nosiło jego nazwisko, ale przecież wielu innych Thomassonów istniało w pierwszym pokoleniu.

Ta sama logika odnosi się do dziedziczenia chromosomu Y. Ponieważ chromosom Y jest przekazywany wyłącznie z ojca na syna, jeżeli mężczyzna nie ma syna, jego Y-chromosomowa linia się kończy. Ostatecznie, ze względu na asymetrię w genealogii, pozostaje tylko jedna linia z chromosomem Y.

### **A co z mitochondrialną Ewą?**

– Mitochondria są dziedziczone tylko od matki. Oznacza to, że dziedziczenie mitochondrialne podlega zasadniczo tym samym regułom, co dziedziczenie chromosomu Y, z tą różnicą, że dziedziczenie odbywa się raczej w linii matek niż ojców. Mitochondrialna linia kobiety, która nie ma córki, zakończy się na tej kobiecie. Ostatecznie wszystkie linie, oprócz jednej, znikną zgodnie z wyżej opisanym schematem zbiegania się linii rodowodowych.

Możesz więc teraz zobaczyć, dlaczego historie mitochondrialnej Ewy i Y-chromosomalnego Adama nie mogą same przez się wykazać, że pochodzimy tylko od dwóch osób. Mogło istnieć wiele kobiet i mężczyzn w tym samym czasie, gdy oni żyli, a których linie rodowe się zakończyły. Takiej możliwości nie można wykluczyć i dlatego genetycy nieustannie powracają do takiej interpretacji. Faktycznie, tutaj dopiero zaczynają się prawdziwe kłopoty z Adamem i Ewą.

**Rozumiem teraz, że ani mitochondrialna Ewa, ani Y-chromosomowy Adam nie mogą być „użyci” jako dowód istnienia jednej pary ludzkiej na początku.**



**Jak dla mnie jest to raczej kwestia logiki – ze zdania: „Wszyscy ludzie pochodzą od jednej pary” nie wynika, że na początku była tylko jedna para. Przecież jest oczywiste, że wszystkie dzieci pochodzą od swoich rodziców, ale to nie oznacza, że nie było innych rodziców wcześniej, później lub w tym samym czasie. Jak więc to możliwe, że ta koncepcja naukowa może być używana przeciwko religii?**

– Kilku biologów populacyjnych postanowiło wprost zakwestionować istnienie Adama i Ewy. Wspomnę tutaj tylko jednego z nich – Francisco Ayalę<sup>1</sup>. Przebadał on allele (warianty) tylko jednego specyficznego genu HLA-DRB1 człowieka, małpy starego świata i szympansa. Istnieje wiele wariantów tego genu zarówno wśród populacji naczelnych, jak i człowieka. Ten gen koduje budowę białka komórki krwi zaangażowanego w system obronny organizmu (system immunologiczny). Ayala obliczył, że istniały 32 różne wersje HLA-DRB1 w pierwotnej populacji, która dała początek szympansom i ludziom. Minimalna liczba, przez którą musiała przejść populacja, była nie mniejsza niż 4 tysiące osobników, a długoterminowa efektywna średnia wielkość populacji musiała wynosić 100 tysięcy. Argument Ayali stwierdzał, że nie jest możliwe, aby ludzka populacja przeszła kiedykolwiek w historii przez wąskie gardło (*bottleneck*) dwóch osobników. Po prostu odziedziczona różnorodność HLA-DRB1 jest zbyt duża.

### **Czy analiza Francisco Ayali była poprawna?**

– Aby odpowiedzieć na to pytanie, powróćmy na chwilę do tego, w jaki sposób badania te zostały przeprowadzone. Twierdzenia Ayali o braku możliwości dosłownego istnienia Adama i Ewy opierały się na modelach genetyki populacyjnej. Określają one, w jaki sposób częstotliwość występowania genu zmienia się na przestrzeni czasu oraz jak dziedziczone linie genetyczne łączą się w przeszłości – podobnie jak to widzieliśmy na przykładzie linii Thomassonów. Równania używane przy rekonstrukcji tych

---

<sup>1</sup> Francisco Ayala (ur. 1934) jest hiszpańsko-amerykańskim biologiem promującym ewolucjonizm darwinowski. W 1960 r. został wyświęcony na kapłana w zakonie dominikanów. W tym samym roku porzucił kapłaństwo, a w kolejnym roku przeprowadził się do USA. W 1964 r. obronił doktorat z biologii na Uniwersytecie Columbia. Obecnie mieszka i pracuje w Irvine w Kalifornii. W 2009 r. otrzymał doktorat honoris causa Uniwersytetu Warszawskiego. Jego pisma obejmują nie tylko zagadnienia ściśle naukowe, ale także krytykę kreacjonizmu i teorii inteligentnego projektu. Według Ayali ewolucjonizm darwinowski wyjaśnia problem zła (stanowi rodzaj teodycji). Ayala jest także propagatorem teistycznego ewolucjonizmu. Na jego prace powoływał się m.in. J. Życiński.

drzew i szacowaniu wielkości pierwotnych populacji opierają się na wielu uproszczeniach, które mają sprawić, aby obliczenia matematyczne były możliwe do zastosowania w opisie zjawisk. Do najważniejszych założeń należą takie jak:

- stałe tempo mutacji,
- brak silnej selekcji zmian genetycznych i brak konwersji genów (wymiany fragmentów DNA pomiędzy chromosomami),
- dowolne krzyżowanie się osobników w obrębie populacji, brak migracji do lub z populacji oraz stały rozmiar populacji.

Okazuje się, że ten określony fragment DNA z HLA-DRB1, którego użył Ayala w swych badaniach, naruszył przynajmniej trzy z wymienionych założeń. Wiadomo, że podlega silnej selekcji ze względu na heterozygotę<sup>2</sup> i okazuje się być punktem zapalnym dla konwersji i mutacji genetycznych. Konwersje genów odwracają do góry nogami wszelkie zależności filogenetyczne, a selekcja i hipermutacje zaburzają obliczenia dotyczące odległości czasowej zdarzenia.

### **Zatem, jeżeli dobrze rozumiem, Ayala wybrał taki fragment DNA, który gwarantował mu pożądany wynik?**

– Tak. W późniejszych badaniach wzięto pod uwagę ten sam gen HLA-DRB1, ale wybrano inny fragment genu – taki, gdzie konwersje i mutacje najprawdopodobniej zachodzą w podstawowym tempie. Wynik tych badań był taki, że w pierwotnej populacji istniało tylko 7 wersji genu w okresie, w którym doszło do rozdzielenia linii hominidów i człowiekowatych około 4-6 milionów lat temu. Uwzględniając tylko dwa z powyższych założeń (brak konwersji i brak punktów zapalnych mutacji), naukowcy ci doszli do znacznie niższych szacunków co do liczby wariantów HLA-DRB1 obecnych w pierwotnej populacji – 7 alleli wobec 32, które uzyskał Ayala w swoich badaniach. Naukowcy ci przyznali ponadto, że nawet te wyniki mogą być za wysokie, ponieważ introny, które badali, są ściśle powiązane z rejonem HLA będącym jako całość pod silną selekcją heterozygotyczną. Kolejne badania

<sup>2</sup> Heterozygota – organizm posiadający zróżnicowane allele tego samego genu, w tym samym obszarze na chromosomach homologicznych. Gamety osobnika heterozygotycznego mogą być różne, tzn. mogą zawierać zupełnie odmienny materiał genetyczny. Osobniki heterozygotyczne (posiadające dwie wersje tego samego genu) mają większe szanse przetrwania i rozmnożenia niż homozygotyczne (z takimi samymi kopiami). Dzieje się tak, ponieważ ten rodzaj genów (HLA-DRB1) odpowiada za obronę przed chorobami i pasożytami. Osobnik posiadający dwie wersje zwiększa szanse systemu immunologicznego na rozpoznanie i zwalczanie różnorodnych infekcji.

przeprowadzone przez tę samą grupę z wykorzystaniem lepszych danych ujawniły, że tylko cztery wersje genu są starsze niż 5 milionów lat, a kolejne trzy wersje powstały gdzieś pomiędzy 5 milionów a 500 tysięcy lat temu.

## **Jakie to ma znaczenie dla naszej wiedzy o pochodzeniu człowieka?**

– Cztery odmiany HLA-DRB1 mogą być przekazywane przez minimum dwa osobniki – każdy z dwoma różnymi kopiami. Siedem odmian może być przenoszonych przez cztery osobniki. To bardzo blisko czterech kopii Adama i Ewy.

**Zatem tylko cztery wersje genu HLA-DRB1 wyglądają na starsze niż 5 milionów lat. Taka różnorodność genetyczna może być przekazana przez populację składającą się zaledwie z dwóch osobników. (Oczywiście nie oznacza to, że byli to Adam i Ewa). W okresie do 2 milionów lat temu, czyli momentu, kiedy pojawiają się ślady prawdziwego człowieczeństwa, istniało siedem wersji genu, które wymagają czterech osobników do przekazywania. Możliwe jednak, że ludzkość istniała dużo wcześniej niż 2 miliony lat temu. Niektóre dowody kopalne zdają się na to wskazywać. Nie jest także wykluczone, że w końcu odnajdziemy więcej ludzkich śladów, starszych niż 2 miliony lat, które pomogą nam określić wiek ludzkości bardziej precyzyjnie.**

– Jeszcze ważniejsze jest to, że ani zapis kopalny, ani badania genetyczne nie wykluczają możliwości historycznego istnienia Adama i Ewy. Osobiście jest to dla mnie zachęcające, że argument Ayali, który wydawał się jednym z najsilniejszych argumentów przeciwko Adamowi i Ewie, zasadniczo został obalony. Jednocześnie musimy przyznać, że są jeszcze inne szacunki genetyki populacyjnej, które musimy poddać pod dyskusję. Od badań Ayali wielu innych naukowców próbowało wyjaśnić zagadnienie pochodzenia człowieka. O wiele więcej danych na temat różnorodności ludzi jest obecnie dostępnych dzięki projektom HapMap i 1000 genomów. Przykładowo badania uwzględniające wiele *loci* [miejsc w genomie – M.Ch.] opublikowane

w 2011 r. szacują, że istniało 14 tysięcy osobników w momencie, gdy ludzie i szympansy się rozdzieliły. Szacunki różnią się znacząco w zależności od tego, które chromosomy zostały wzięte pod uwagę, jakie zastosowano modele zachowań populacyjnych i ile zaproponowano wąskich gardeł (*bottlenecks*). Badania te określiły rozejście się linii ludzkiej z liniami naczelnymi gdzieś między 380 tysięcy a 2,4 mln lat temu. Inne artykuły oszacowały wielkość pierwotnych populacji w okolicy 10 tysięcy, z wąskim gardłem między 100 a 1000, z czasem rozejścia się od 150 tysięcy do milionów lat wstecz.

To jest bardzo szeroki zakres wartości. Powodem takich rozbieżności jest to, że im dalej cofamy się w czasie, tym więcej czynników zniekształcających wynik może wchodzić w grę. Populacyjne wąskie gardła, zmiana selekcji, izolacja populacji (chów wsobny), migracje – wszystko to wpływa na dynamikę genomu. Równoległe mutacje, mutacje wsteczne oraz konwersje genów mogą pogmatwać linie rodowodowe i utrudnić narysowanie drzewa genealogicznego. Ze względu na te trudności otwartym pozostaje pytanie, czy obecna różnorodność genetyczna stanowi wystarczającą bazę wiedzy, na podstawie której można wyciągać wnioski na temat dawnych populacji. Aby sprostać temu wyzwaniu, niektórzy badacze faktycznie przestawili się z retrospektywnych analiz danych genetycznych na symulacje wybiegające wprzód.

Biorąc więc pod uwagę liczbę założeń, które wchodzi tutaj w grę, jest zbyt wcześnie, aby ktokolwiek mógł twierdzić, że nauka obaliła historyczne istnienie Adama i Ewy. Zachęcałabym do wielkiej ostrożności i pokory w obliczu zagadnienia o tak wielkim znaczeniu. ■