

İrk Kavramına Bilimsel Çerçeveden Bakış

Recep Özgür Taşkent¹, Ezgi Altınışik²

¹ Biyolojik Bilimler Bölümü, Buffalo Üniversitesi, Buffalo, NY, USA

² Biyoloji ve Ekoloji Bölümü, Ostrava Üniversitesi, Ostrava, Çekya

Özet

İrk düşüncesi bilim dünyasında uzun zamandır tartışılmalı bir kavram oldu. Son yıllarda yapılan çalışmalar her ne kadar bu kavramı biyolojinin dışına itmiş olsa da 21. yüzyılın önemli popülasyon genetikçilerinden David Reich'in *New York Times*'ta yazdığı yazıyla tartışmaların fitili yeniden ateşlendi.

Bu derlemede, Reich'in iddiasının tersine ırk kavramının doğal popülasyonlar için geçerli olmadığını, toplumda kabul gördüğü halyle ırkın insan popülasyonları için doğal sınıflandırmaları temsil etmediğini popülasyon genetiği çalışmalarından örnekler vererek açıkladık. Richard Lewontin'in 1972 yılında yayımladığı çalışmasının sonuçlarının hala geçerli olduğunu, popülasyon genetiğinde son birkaç on yılda geliştirilen yöntemlerin Lewontin'in bulgularını çürütmediğini bu yöntemleri tartışarak gösterdik.

İkinci kısımda, Reich ve ekibinin çalışmalarını ve bu çalışmalarda elde edilen bulguları inceledik. Bu çalışmalar, iddiaların aksine insan popülasyonlarının on binlerce yıl izole kaldıklarını göstermediği gibi, aksine defalarca birbirleriyle karıştıklarını ifade ediyor. İnsan popülasyon genetiği üzerine son yıllarda yapılan diğer çalışmaların da benzer sonuçlara ulaştığını, yani insan popülasyonları arasında karışmanın bir kural, izolasyonun ise istisna olduğunu gösterdik.

Son olarak, doğal popülasyonların evrimini şekillendiren mekanizmalarla evcilleştirilmiş hayvanların evrimini şekillendiren insan eliyle yaratılmış yapay seçilimin sonuçlarını ırk kavramı üzerinden karşılaştırdık. Evcilleştirilmiş hayvanlar için geçerli olabilecek ırk kavramının insan popülasyonları için neden geçerliliği olmadığını tartıştık.

Anahtar kelimeler: ırk, kesintisiz dağılım, insanın biyolojik çeşitliliği

Giriş

Harvard Üniversitesinden David Reich geçtiğimiz Mart ayında *New York Times*'ta bir görüş yazısı yayımladı. Son 10 yıldır popülasyon genetiği çalışmalarına yön vermiş metodları geliştiren ekibin lideri olan Reich, modern insanın evrim öyküsünü tekrar tekrar güncelleyen çalışmalarıyla bilim dünyasında öne çıktı.

Reich yazısında, eski tartışmaları tekrar alevlendiriyor. Özetle, popülasyon genetiği alanındaki çalışmaların ırk kavramını destekleyecek ya da aynı koordinatlara düşen sonuçları olabileceğini söylüyor (Reich, 2018). Bazı insan popülasyonlarının on binlerce yıl izole kaldıklarını ve bu süre içerisinde bu popülasyonların kendilerine özgü biyolojik farklar geliştirmelerinin beklenebileceğini ve bu potansiyel sonuçların toplumda halihazırda geçerli olan ırk kavramına paralel bir yere düşebileceğini söylüyor.

İnsan popülasyonlarında ırk kavramının geçerliliği

Reich yazısına yine Harvard Üniversitesinde zooloji kürsüsü sahibi Richard Lewontin'in 1972 yılında yayımladığı makaleden bahsederek başlıyor. Lewontin adı geçen çalışmada ırkın biyolojik temelleri olmadığını henüz 1972 gibi erken bir tarihte gösteriyor. 17 genetik belirteç için protein polimorfizmlerine bakan Lewontin, gözlemledikleri genetik çeşitliliğin %85'inin popülasyonlar içinde, bireyler arasında gözlemlendiğini, %8'lik

kısmın ırkın toplumsal planda karşılığı olan kıtasal popülasyonları oluşturan popülasyonlar arasında paylaşıldığını, genetik varyasyonun ancak %6 gibi küçük bir kısmının kıtasal popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklara işaret ettiğini gösteriyor (Lewontin, 1972). Açıkça bu sonuçlar ırk kavramının genetik/biyolojik temeli olmadığına işaret ediyor.

Yıllar sonra moleküler biyoloji ve genetik bilimi geliştikçe aynı çalışma her seferinde daha fazla genetik belirteçle tekrarlanıyor ve bu çalışmalar da Lewontin'in bulunduğu sonuçları destekleyen sonuçlar buluyorlar (Barbujani vd., 1997; Durbin vd., 2010). Dolayısıyla Reich'in henüz daha yazısının başında Lewontin'i muhatap alması tesadüf değil.

Bu çalışma daha sonra Anthony William Fairbank Edwards tarafından eleştiriliyor (Edwards, 2003). Edwards, Lewontin'in bulgularına değil, ama sonuçlarını yorumlama şekline itiraz ediyor. Genom üzerinde tekil tekil her pozisyon için genetik belirteçlerin ancak çok küçük bir kısmının kıtasal popülasyonlara özgü olduğunu, ancak bu belirteçlerin farklı permütasyonlarının kıtasal popülasyonlara özgü örüntüler gösterebileceğini söylüyor (Edwards,2003). Başka bir ifadeyle birçok farklı genetik belirtecin iki popülasyon karşılaştırılırken benzer frekans farkları göstereceğini belirtiyor, dolayısıyla yine bu genetik belirteçler için alel frekansları arasındaki bağıntıların, çalışılan genomun popülasyon aidiyetine dair bilgi vermeye yeteceğini söylüyor.

Birçok farklı genetik belirteç için alel frekansları arasındaki bağıntılara bakan istatistiksel yöntemlerden birisi temel bileşenler analizidir (TBA; *principle com-*

ponent analysis– PCA). Edwards da yazısında bu yöntemi anlatıyor. Daha da önemlisi, insan popülasyonları için bu yöntemin bulgularının Lewontin'in çıkarımlarıyla çeliştiğini söylüyor. Biz de burada bu yöntemi kısaca açıklamaya çalışacağız.

TBA günümüzde insan popülasyon genetiği çalışmalarında sıkça kullanılıyor. İnsan popülasyon genetiği üzerine son birkaç yılda basılan neredeyse bütün makalelerde temel bileşenler analizi sonuçlarını görmek mümkün. Fakat temel bileşenler analizi bize ne söylüyor? Bu yöntem nasıl çalışıyor?

Temel bileşenler analizi bir gruplandırma yöntemi. Herhangi bir veri setine ait varyasyonu, birbirleri arasında korelasyon/bağıntı olmayan bileşenlere ayırıyor. Bunu ise önce veriler arasındaki ilişkiyi en iyi anlatacak bir regresyon çizgisi çizerek, daha sonra ise bu ilk regresyon çizgisiyle arasında en az bağıntı olan, ya da ilk regresyon çizgisiyle arasındaki farkı maksimize edecek başka bir regresyon çizgisi çizerek yapıyor (Edwards, 2003). Dolayısıyla eldeki veri setini en iyi anlatacak ama aralarında bağıntı olmayan iki yeni değişken elde ediyoruz. Şimdi bu iki değişkenin bir grafikte x ve y eksenlerini anlattığını düşünelim. Bu durumda her bir veri noktası, yani her bir bireye ait toplam genetik bilgi, grafikte bir noktaya denk gelecektir. Yukarıda anlattığımız algoritmaya geri dönersek y eksenine anlattığımız, ikinci doğruyla en az bağıntılı üçüncü bir doğru çizebilir ve bu prosedürü çizdiğimiz doğrular, yani temel bileşenler, veri setine ait varyasyonu tamamen anlatana kadar devam ettirebiliriz. Temel bileşenler analizi böyle bir algoritma takip ediyor. Bu algoritmayı uygulayarak elde ettiğimiz bileşenlerden ilki, veriye ait

varyasyonun en büyük kısmını, ikincisi ikinci en büyük kısmını ve sırasıyla diğerleri varyasyonun hep daha küçük kısımlarını anlatacaktır.

İnsan popülasyon genetiği makalelerinde sıkça görebileceğimiz üzere TBA'nın ilk iki bileşeni x ve y eksenlerini gösterecek şekilde bireylere ait genetik veri grafik üzerinde konumlandırılıyor ve bu yöntemle farklı insan popülasyonlarına ait genetik veri, verinin kaynağı olan kıtasal popülasyonlara göre belli bir seviyeye kadar ayrıştırılabilir. Fakat yöntemin doğasına ait iki noktanın gözden kaçmaması gerekiyor. Bu noktalardan ilki, yöntemin gruplar arasındaki farkı maksimize edecek şekilde çalışıyor olması. İkinci nokta ise, bu yöntemin veri setinin kompozisyonuna bağımlı olması. Yani aynı iki bireye ait genetik veri bir TBA'da birbirine çok uzak görünebilmesine rağmen bir diğer örnekte üst üste görünüyor.

Temel bileşenler analizine benzer diğer yöntemler içinde (örneğin, ADMIXTURE [Alexander vd., 2009]) aynı uyarıları yapabiliriz. Bu yöntemlerin hepsi, kullanılan veri setinin kompozisyonuna bağlı. Dolayısıyla kıtasal popülasyonları belli bir noktaya kadar ayırabilmelerine rağmen veri kompozisyonu değiştikçe bu sınıflandırmalar da değişiyor. Diğer bir deyişle, bu yöntemlerle elde edilen sınıflandırmalar, Lewontin'in bulgularını çürütecek, insan popülasyonlarını ırk kavramını destekleyecek şekilde ayıran doğal sınıflandırmalar değil. Tersine, bu yöntemler karşılaştırmalı yöntemler; haliyle karşılaştırılan gruplar değiştikçe, sınıflandırmalar da değişiyor.

A. W. F. Edwards'ın Lewontin'e yönelttiği eleştiri vesilesiyle açtığımız parantezi kapatıp David Reich'in ya-

zısına geri dönebiliriz. Yazısına örnekler vererek devam ediyor Reich. Kendi ekibine ait önceki bir çalışmaya atıfla Afrikalı-Amerikalıların Avrupa kökenli Amerikalılara oranla prostat kanserine yakalanma risklerinin 1,7 kat daha fazla olduğunu söylüyor (Freedman vd., 2006). Afrikalı-Amerikalıların genomlarının önemli bir kısmının Batı Afrika kökenli olduğunu ve prostat kanseriyle bağlantı gösteren genetik belirteçlerin Afrikalı-Amerikalıların genomlarının Batı Afrika kökenli olduğunu tespit ettikleri bölgelerde toplandığını söylüyor. Sonuç olarak Reich, yaptıkları çalışmada Afrikalı-Amerikalı ve Avrupalı-Amerikalı gibi sosyal grupları kullandıklarını ve genomun belirli bölgelerini bu kavramları kullanarak ayırabildiklerini iddia ediyor. Yani aslında toplumda kabul gördüğü anlamıyla ırk kavramına denk düşen bir gruplandırmanın biyolojide geçerliliğinin olabileceğini savunuyor. Burada en azından bir tane temel mantık hatası, istatistiksel el çabukluğu ve kullanılan yöntemler hakkında söylenmesi gereken şeyler var.

Önce mantık hatasını belirleyerek başlayalım: Afrikalı-Amerikalıların Afrikalı ataları Reich'in da söylediği üzere Batı Afrika'dan geliyorlar, daha doğrusu köle ticareti vesilesiyle zorla getiriliyorlar. Yani Afrika'nın tamamını temsil etmiyorlar. Burada bir parantez açıp son 20 yılda öğrendiğimiz şeylerin kısa bir özetini yapmak gerekiyor. Örneğin, bu son yirmi yılda modern insanın Afrika'da evrimleştiğini öğrendik. Fosil kayıtlar da benzer bir yöne işaret ediyordu, ama Afrika'dan çıkış hipotezi henüz kabul görmemişti. Ta ki genetik çalışmalar bunu kuşkuya yer bırakmayacak şekilde gösterene dek. Artık modern insanın bundan 300.000

yıl ila 200.000 yıl önce Afrika'da evrimleştiğini ve 100.000 ila 50.000 yıl öncesinde ise Afrika'dan çıkarak önce Avrasya'ya ve zamanla Dünya'nın geri kalan yerlerine yayıldığını biliyoruz (Kuhlwilm, vd., 2016). Bununla birlikte ve bu sürecin bir sonucu olarak Afrika insan popülasyonlarının en yüksek genetik çeşitliliği barındırdığını da biliyoruz (Durbin vd., 2010). Ayrıca Dünya'nın geri kalan yerlerine kıyasla Afrika'da genetik çeşitliliğin daha kesintili olduğunu ve bu sebeple Afrika'nın bir bölgesine odaklanmış bir örneklem şemasının kıtanın tamamını temsil etmediğini de öğrenmiş olduk. Yani Batı Afrikalılar genetik çeşitlilik açısından Afrika'nın tamamını temsil etmiyor. Haliyle toplumda kullanıldığı haliyle "siyah ırk" da temsil etmiyor. Reich'in temel mantık hatası burada. Eğer makalelerinde iddia ettiği üzere çalışmalarının tıpta doğrudan uygulaması olan sonuçları olduğunu kabul edersek ve yine Reich'in mantık dizisini takip edip Amerika'da hastanelerin hastaların "ırk"larına göre, yani aşağı yukarı deri renklerine göre, prostat kanserine yakalanma risklerine dair bir skala ya da daha etkili bir teşhis yöntemi geliştirdiklerini varsayarsak, bu durumda Afrika kökenli olan ama Batı Afrika kökenli olmayan hastaların hatalı bir tıbbi sürece tabi olacaklarını söyleyebiliriz.

David Reich'in verdiği örnekte bir tane de istatistiksel el çabukluğu var demiştik. Reich, prostat kanserine yakalanma riskinin Afrikalı-Amerikalılarda Avrupalı-Amerikalılara oranla 1,7 kat daha fazla görüldüğünü söylüyor, ama genetik belirteçlerin prostat kanserine yakalanma riskini ne oranda açıkladıklarını söylemiyor. Yani örneğin prostat kanseriyle pozitif bağıntı içinde olan genetik belirteçlerin prostat kanserine yakalanma

riskini toplamda ne kadar açıkladığını yazıdan öğrenemiyoruz. Ya da bu belirteçlerin frekanslarıyla orantılı olarak belirli bir permütasyonda birlikte oldukları ortalama bir Afrikalı-Amerikalının prostat kanserine yakalanma riskinin ne olduğunu da bilmiyoruz. İlgili referans makaleye ulaştınca da bu bilgileri edinmek mümkün değil (Freedman vd., 2006). Reich'in bize hikâyenin tamamını anlatmadığını, sadece en ilginç taraflarını sunduğunu söyleyebiliriz.

Reich'i böyle bir görüş yazısı yazmaya neyin ittiğini bilmiyoruz. Yakın zamanda kitabı basıldı, belki de onun tanıtımını yapmış oluyor bu şekilde. Ya da başka motivasyonları var. Fakat bir şeyi söyleyebiliyoruz: Reich ve ekibinin bugüne kadar yaptığı çalışmalar, kendisini böyle bir açıklama yapmaya itecek yeterli bilgiyi sunmuyor. Aslında tam tersinin geçerli olduğunu söylemek mümkün. Örneğin, Reich bazı insan popülasyonlarının, on binlerce yıl izole kaldığını öğrendiğimizi söylüyor. Halbuki Reich ve ekibinin çalışmalarından biz tam tersini öğrendik: İnsan popülasyonları düzenli olarak birbirleriyle karışmışlar (Lazaridis vd., 2014; Haak vd., 2015; Lazaridis vd., 2016; Skoglund & Reich, 2016; Kılınç vd., 2017). Elbette bu hikâyenin tamamı değil. Zaman zaman bazı popülasyonlar diğerlerinin yerini almış (*population replacement*). Fakat bu durumda bile, popülasyonların birbirlerinin yerine geçmesi harici bir şekilde gerçekleşmemiş; sonradan gelen popülasyon yerli popülasyonla bir miktar da olsa karışmış. Örneğin, Neolitik Dönem'de tarımın Levant ve Anadolu'dan Avrupa'ya doğru yayılması, büyük oranda insanların göçüyle olsa da bu insanlar gittikleri yerlerde yerli avcı-toplayıcılarla karışmışlar (Lazaridis vd.,

2016).

Günümüz Avrupalı popülasyonlarının üç kaynak popülasyonun karışmasıyla ortaya çıktıklarını biliyoruz. Yaklaşık 8000-9000 yıl önce Neolitik dönemde tarımın icadıyla birlikte tarımcı popülasyonlar Anadolu'dan Avrupa'ya yayılıyorlar ve yerli avcı-toplayıcı popülasyonlarla karışıyorlar (Lazaridis vd., 2014). Üçüncü kaynak popülasyon ise steplerden gelen Bronz Çağı Yamnaya atlıları. Her üç popülasyon da bugün Avrupa'da yaşayan insanların genetik havuzunda çeşitli izler bırakmış.

Amerika'ya geldiğimizde ise Avrupa'nın kolonileşmesinden 15-18 bin yıl kadar önce ilk insan toplulukları Amerika kıtasına göç etmeye başlıyor. Bu ilk grup kıtanın tamamına yayılırken, 5 bin yıl önce ikinci bir göç dalgası kıtaya ulaşıyor ve ulaşır ulaşmaz orada yaşayan yerli halkla karışmaya başlıyor. Daha sonraları bu göçler Bering Boğazı üzerinden iki yönlü olarak devam ediyor ve her seferinde toplumlar birbirleriyle karışmaya devam ediyor. Böylece daha önce uzun süre ayrı kalmış olsalar bile bugüne ulaşan toplumlar, bu karışımların izlerini genomlarında taşıyarak bugüne ulaşıyorlar. Dolayısıyla on binlerce yıl ayrı kalmış olmalarından söz etmek imkânsız.

Ayrıca yukarıda kısaca özetlediğimiz bulgulara erişmemizi sağlayan ve bir kısmını David Reich ve ekibinin geliştirdiği yöntemler, biyolojik farkları açıklayacak genetik belirteçler kullanmıyor. Tersine bu yöntemler genetik verinin fenotipe etkisinin nötral olduğunu, yani doğal seçilime maruz kalmadığını varsayıyor. İnsan genomunda ~3 milyar nükleotid olduğunu ve işlevsel olan genlerin genomun ancak küçük bir kısmını temsil ettiğini (~%1) düşünürsek (Ng vd., 2009), bu varsayım

son derece makul. Fakat, bu aynı zamanda şunu da söylüyor: Bu yöntemleri kullanarak insan popülasyonlarının evrimini karşılaştırmalı olarak inceleyen çalışmalar, klasik anlamda "ırk" tanımına uyan çıkarımlar yapmamızı engelliyor. Yani kendi geliştirdikleri yöntemleri kullanarak ürettikleri bulgular, Reich'a bu açıklamaları yapmasını sağlayacak bilimsel meşruiyeti/kanıtları sunmuyor.

Özetle insan popülasyonları insanlık tarihi boyunca hep karıştılar. Sadece Reich ve ekibi değil başka ekipler de aynı yöntemleri kullanarak insan popülasyon öyküsünün tekrar yazılmasına katkıda bulundular (Flegontov, vd., 2017; Taşkent vd., 2017; Kılınç vd., 2016).

Popülasyonların kesintisiz dağılımı

Uzun zamandır yapılan genetik ve morfolojik çalışmalar neticesinde, insanın çeşitliliğine dair çerçeve büyük ölçüde çizilmiş durumda. Doğal popülasyonlarda coğrafi izolasyon gerçekleştiğinde, popülasyonlar arasında çiftleşme azalıyor/duruyor. Coğrafi izolasyonu takip eden süreçte genetik yapıyı değiştiren mutasyon, genetik sürüklenme ve doğal seçilim gibi süreçler farklı popülasyonlar içinde işlemeye devam ediyor ve iki popülasyon arasındaki genetik izolasyonu derinleştiriyor. Bu süreç sonunda popülasyonlar birbirlerinden ayrışıyorlar ve zamanla başka türlere evriliyorlar. Ancak doğal popülasyonlar arasındaki bu farklılaşma yeni türler oluştuğunda dahi seçici geçirgen yapısını korumaya devam ediyor; yani bir karşılaşma gerçekleştiğinde bu gruplar çiftleşme potansiyelini, yani birbirleri arasındaki gen akışını koruyabiliyorlar. İnsan türünün evrimsel tarihine baktığımızda ise, coğrafi izolasyonun *Homo sapiens*'te hiçbir zaman birbirinden çok farklı grupların

oluşmasına izin verecek ölçüde uzun sürmediğini görüyoruz. Burada zaman kavramını değerlendirirken mutlaka hesaba katmamız gereken şey bir nesilden diğer nesile kadar geçen süre, yani jenerasyon zamanı (*generation time*).

Popülasyonlar arasındaki farklılaşmanın coğrafi uzaklıkla ilişkili olduğu, önceki çalışmalarla ortaya konulmuş bir gerçek. Ancak bu durumda dahi, evrimsel mekanizmalar kesintili diyebileceğimiz kadar farklılaşma yaratmıyor. Bunun anlamı, insan toplumlarının genetik çeşitliliğini temel bileşenler analizinde olduğu gibi bir skalaya oturttuğumuzda kıtasal grupları gözlemlese bile popülasyonların tarihsel karışmaları nedeniyle iç içe coğrafi gruplar görüyoruz. Bunu yaparken, üç nesilden daha yakın zamanda melezlenmiş bireyleri de hesaba katmıyoruz. Popülasyon genetiği açısından topluluklar belirli bir aralıkta dağılım gösterir, bu durumda yukarıda bahsettiğimiz gibi ortalama aldığımızda popülasyonların tüm çeşitliliğini yansıtmamız mümkün değildir. Bireylerin dağılımı detaylı olarak incelendiğinde özellikle yakın coğrafi gruplar arasında sözünü ettiğimiz iç içe geçmiş örüntülerle karşılaşmış oluruz. Bu çerçeveden bakınca, insan popülasyonlarının kesintisiz bir dağılım gösterdiğini, daha yakınındakilerle daha çok benzediğini söyleyebiliriz. Bilim insanları bu dağılım modelini klin (*cline*) kavramı ile açıklıyorlar. Klinal dağılım adını verdiğimiz bu örüntüyü, hem doğal seçilime bağlı olarak anlatım yapan genlerin frekans dağılımında hem de genom-çapında elde edilen veri kullanılarak yapılan gruplama analizlerinde görmek mümkün.

Bu durumun tam tersine, evcilleştirilmiş hayvanlarda

kesintili dağılımla karşılaşıyoruz. Çünkü evcilleştirilmiş popülasyonlar, insan eliyle yaratılan yapay seçim nedeniyle üreme bariyerleri oluşturulmuş popülasyonlardır. Bu yapay popülasyonlar hem hızla üremeleri hem de insan eliyle koyulmuş bariyerler nedeniyle farklılaşmaları açısından “ırk” kavramına uygun çeşitlilik dağılımı gösterebilirler. Örneğin, yapay seçilimle oluşturulmuş köpek ırklarında insan eliyle koyulan bariyerler büyük morfolojik çeşitliliğe yol açmış, bazı ırklar artık boyut farkı nedeniyle çiftleşemez hale gelmiştir. Ancak belirttiğimiz üzere bu kadar büyük bir farklılaşmanın doğal yollarla üreyen *Homo sapiens*'te gerçekleşmediği açıktır.

Sonuç yerine

Elbette ırk tartışmaları David Reich ile başlamadı, en azından şimdilik onunla da son bulmayacak gibi görünüyor.

İçinde yaşanılan dönemin toplumsal ilişkilerine paralel sosyo-kültürel eğilimleri, bilimsel kavramların belirleniminde rol oynar. Bu açıdan ırk gibi önemli sosyal etkileri olan kavramları incelerken dönemin toplumsal olaylarından bağımsız düşünmek imkansızdır. Dolayısıyla bilim tarihini irdelerken dönemin koşullarını da değerlendirmeye almak gerekir.

Modern taksonominin temellerini oluşturan Linnaeus, 18. yüzyılın önemli doğa bilimcilerinden biri olarak tanınır. Ancak onun ırkçı insan sınıflaması, modern biyoloji tarafından kabul edilmez. İnsanları gruplandırırken deri rengi gibi birtakım fenotipik özellikler ile kültürel yapıya göre tanımlayan Linnaeus, Avrupalıları yüceltirken Afrikalılara fazlasıyla acımasız davranmış, tembel

olduklarını, kadınların utanmaz olduğunu iddia etmiştir. Tabii bu noktada ünlü taksonomistin 18. yüzyılda yaşadığını unutmamak gerekir.

Aynı dönemde yaşayan Comte de Buffon (Georges-Louis Leclerc) ise yazdığı *Histoire Naturelle* serisinde insan topluluklarını tanımlarken toplumlar arası farklılıklar yerine benzerliklere odaklanmıştır. Bu yöntemle, toplumlar arası karışmaları görebilmiş, toplumlar arasında keskin çizgilerle ayrılacak farklar olmadığını gözlemlemiş ve bugünkü genetik çalışmalar sayesinde gördüğümüz örüntülerin öncüllerini literatüre kazandırmıştır. Yine de dönemin kilise baskısı ve politik koşulları nedeniyle Avrupa-merkezci bakış açısından kurtulamadığını söylemek gerek (dönemin politik koşullarının ayrıntılı bir derlemesi için bkz. Nalçacı, 2016).

Buffon'un insan çeşitliliğine dair bakış açısı bugünün bilimsel bilgisinin köşe taşı olabilecek düzeydedir. Ancak dönemin Avrupası'nın siyasi atmosferi göz önünde bulundurulduğunda hâkim görüş galip gelmiş ve ırkçı yaklaşımı günümüze taşımıştır.

Bugün, artık bilimdeki ırkçı yaklaşımlara nadiren rastlıyoruz. Bunun sebebi ırkçılığın bilimsel temellerinin son yıllarda neredeyse tamamen çürütülmüş olması. Keza, Reich da yayımladığı yazıyla bilim insanlarından çokça tepki gördü. Yine de bugünün eşitsizliği dayatan toplumsal koşulları ırkçılığa, bilimsel olmasa da sosyal açıdan, ciddi oranda zemin hazırlıyor. Bu nedenle hem bilimsel bilginin sapıtılması hem de sosyal etkileri sebebiyle bu tartışmaları yürütmek oldukça mühim.

Kaynakça

- Alexander D. H., vd. (2009). Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*, 19:1655–1664, 2009.
- Barbujani G., vd. (1997). An apportionment of human DNA diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 94: 4516–4519.
- Durbin, R. M., vd. (2010). A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature*, 467(7319), 1061–1073.<http://doi.org/10.1038/nature09534>
- Edwards, A. W. F. (2003). Human genetic diversity: Lewontin's fallacy. *BioEssays*, 25(8), 798-801.
- Freedman, M. L., vd. (2006). Admixture mapping identifies 8q24 as a prostate cancer risk locus in African-American men. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 103(38), 14068–14073.
- Flegontov, P., vd. (2017). Paleo-Eskimo genetic legacy across North America. *bioRxiv*, 203018.
- Haak, W., vd. (2015). Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522(7555), 207.
- Kılınç, G. M., vd. (2016). The demographic development of the first farmers in Anatolia. *Current Biology*, 26(19), 2659-2666.
- Kılınç, G. M., vd. (2017). Archaeogenomic analysis of the first steps of Neolithization in Anatolia and the Aegean. *Proc. R. Soc. B*, 284(1867), 20172064.
- Kuhlwillm, M., vd. (2016). Ancient gene flow from early modern humans into Eastern Neanderthals. *Nature*, 530(7591), 429–433. <http://doi.org/10.1038/nature16544>
- Skoglund, P., & Reich, D. (2016). A genomic view of the peopling of the Americas. *Current Opinion in Genetics & Development*, 41, 27-35.
- Lazaridis, I., vd. (2014). Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 513(7518), 409.
- Lazaridis I., vd. (2016). Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature*, 536: 419-424.
- Lewontin, R. C. (1972). The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology*, 6 (s. 381-398). Springer, Boston, MA.

Nalçacı, E. (2016). Fransız Devrimi ve Lamarck. *Evrimin Işığında içinde*, Ed. I. Akış, E. Altınışık (1. baskı, s. 67-78). İstanbul: Yazılama Yayınları.

Ng S. B., vd. (2009). Targeted capture and massively parallel sequencing of 12 human exomes. *Nature*, 461, 272–276.

Reich, D. (2018, Mart 23). How Genetics Is Changing Our Understanding of 'Race'. 7 Temmuz 2018 tarihinde erişildi, <https://www.nytimes.com/2018/03/23/opinion/sunday/genetics-race.html>

Taskent, R. O., vd. (2017). Variation and functional impact of Neanderthal ancestry in Western Asia. *Genome Biology and Evolution*, 9(12), 3516-3524.