



## Goryl, jaki jest, każdy widzi

I każdy wie. Bardzo czarna twarz. Wydaje się być zawsze nie w humorze. Badany był w terenie przez wytrwałych, z których najważniejsza, Diane Fossey, po 18 latach obserwacji goryli górskich na granicy Rwandy, Ugandy i Konga, została w tajemniczych okolicznościach zamordowana. NIE przez goryle!

Obecnie goryle klasyfikuje się jako nizinne wschodnie i zachodnie, terytorialnie rozdzielone. Wschodnie od zachodnich goryli rozdzieliły się genomycznie 1,75 mln lat temu. Na wschodzie Centralnej Afryki, w obszarze wulkanicznym, żyją goryle górskie. (Niestety dla goryli, jest to region przygraniczny, w którym trwa obecnie wojna.) W epoce Diany Fossey było ich 253, co groziło pełnym wytępieniem. Wysiłki ekologicznych organizacji doprowadziły do obecnego stanu liczącego około 480 osobników. Ta grupa goryli była najlepiej poznana z żyjących na swobodzie, ale dopiero teraz oznaczono ich genom.

W 2003 roku sekwencjonowano genom goryla zachodniego (jedna samica z hodowli miejskiej), jako drugi po genomie szympansa w grupie wielkich małp człekokształtnych. Przystąpiono do dogłębnych porównań z genomami człowieka i szympansa. Z różnic genomowych można było, przyjmując określone stałe tempo mutacji, wyliczyć momenty rozdzielenia się tych gatunków. Pewne było, że najwcześniej mieliśmy wspólnego przodka z gorylami, później z szympanсами. W tych porównaniach objawiła się dobitnie także bardzo istotna cecha ewolucji genomów: w różnych ich obszarach, zarówno kodujących, jak i niekodujących białek, tempo zmian jest różne. Stąd też genomika daje jedynie orientacyjne dane dotyczące rozdzielenia się gatunków: obecnie przyjmuje się, że dla człowieka z gorylem jest to 10 mln lat, a dla człowieka z szympansem – 6 milionów.

W marcu 2015 roku, na podstawie 7 zebranych próbek krwi, opublikowano dane sekwencjonowania genomu goryla górskiego. Badaczy zadziwił fakt, że wiele szkodliwych genetycznych wariantów powodujących choroby goryli nizinnych i innych hominidów, u tych goryli z małej, odrębnej populacji, a więc poddanej w dużej mierze chowowi wsobnemu, zniknęło. Można to zrozumieć tak, że jeżeli blisko spokrewnione osobniki mają po jednej letalnej mutacji, to ich potomstwo nie może przeżyć do wieku rozrodczego. Dziś około 30% każdego chromosomu jest identyczne wśród górskich goryli, co oznacza, że połowa rodzeństwa tworzy pary (u wschodnich goryli nizinnych ta liczba wynosi 14%).

Ta adaptacja w małej izolowanej terytorialnie grupie nasuwa wnioski, dotyczące możliwości ewolucji grup ludzkich teraz i w przyszłości. Okazuje się także, że goryle górskie i ich sąsiedzi, goryle wschodnich nizin, są 2–3 razy mniej genetycznie zróżnicowane od dużych grup części zachodniej Afryki.

Dane porównawcze pozwalają również stwierdzić, że góraska grupa nie była znacznie większa przez ostatnie setki tysięcy lat, co częściowo zmniejsza zakładaną uprzednio odpowiedzialność człowieka za wymieranie tego gatunku, sugerując zasadniczy wpływ zmian klimatycznych na liczebność populacji.

W 30% sekwencji genom goryli jest bliższy do ludzkiego i szympaniego niż te ostatnie dwa między sobą. Drogi rozdzielenia się genetycznego nie są prostymi kreskami na prostych rysunkach. We wszystkich liniach można wyróżnić około 500 genów ulegających częstszym mutacjom niż pozostałe, wyraźnie zaznacza się to w grupie genów związanych ze słuchem i rozwojem mózgu (ewolucja mowy?).

Wiemy dziś z wykopalisk paleontologicznych i po poznaniu sekwencji genomu człowieka neandertalskiego, że ewolucja *Homo* była zawila, obfitowała w wymarłe dziś rozgałęzienia, aż zakończyła się dla współczesności jednym gatunkiem, *Homo sapiens*. Można zatem przyjąć, że w dziejach gatunków goryl–szympanś–człowiek widzimy echo historii rozwoju naszych przodków dawniej niż 100 000 lat temu i sytuacji, które napotkali w ciągu kilku milionów lat ewolucji. Dane genetyczne sugerują także wymianę materiału genetycznego już po formalnym rozejściu się gatunków – takie daty nie są wszak „ostre”, tym bardziej że mówimy o setkach tysięcy lat granicznych.

Zdanie tytułowe staje się bardziej ściśle dzięki współczesnej genetyce.

Magdalena FIKUS

