

Metody studia historie populací

- 1) **Metody studia genetické rozmanitosti** – komplexní fenotypové znaky, molekulární znaky.
- 2) **Mechanismy evoluce** – mutace, přírodní výběr, genový posun a genový tok
- 3) **Anageneze x kladogeneze** - co je vlastně druh
- 4) **Dva příklady studia historie populací** - historie irské populace  
- odštěpení člověka od lidoopů
- 5) **Rozšíření zemědělství do Evropy** – migrace technologie nebo zemědělců  
(příklad užitečnosti genetických analýz)

Genetika a historie – dva příklady

Rekonstrukci historie na základě genetických dat

uvnitř jednoho druhu

příbuznost mezi druhy

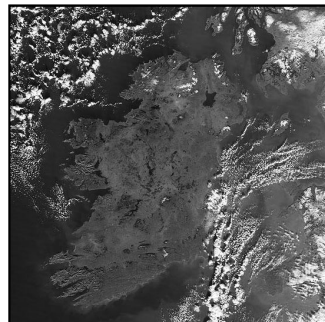
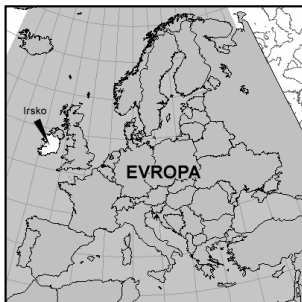
Studium historie irské populace

Sledujeme na základě současných evolučních trendů uvnitř jednoho druhu.

Odštěpení člověka od lidoopů

Ukazuje studium evoluční historie dvou odlišných druhů, které se oddělily před několika miliony let.

Příklad 1:

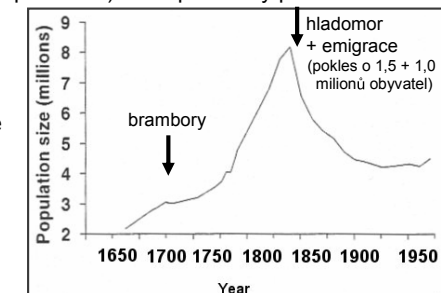
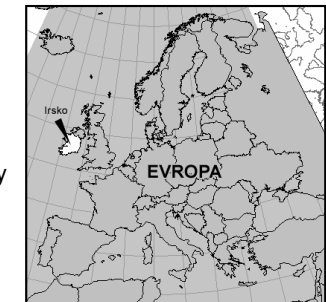
Studium historie irské populaceStudium historie irské populace

- historie populace na irském ostrově je přitažlivá pro historiky a antropology již po dlouhá léta

- Irsko bylo poprvé osídleno již před více než 4000 lety postupně Vikingy, anglo-normanskými nájezdníky a nakonec imigrací Skotů a Angličanů

- v demografické historii Irska lze sledovat jednak významný nárůst velikosti populace na začátku 18. století (brambory v Irsku jako základní potravina) a naopak velký pokles v období velkého hladomoru

- změny ve velikosti populace a migrace = genetický posun a genový tok



Studium historie irské populace

- současné Irsko je tvořeno dvěma celky – Irskou republikou a Severním Irskem
- my však budeme studovat populaci jako celek, napříč celým ostrovem
- historii irské populace budeme studovat nejdříve pomocí fenotypových znaků - antropometrická měření z poloviny 30. let 20. století (C. Wesley Dupertuis)
- Dupertuis zpracoval antropometrická a demografická data u téměř 9 000 dospělých irských mužů
- podobně jeho kolegyně Helen Dawson u vzorku téměř 2000 dospělých žen
- v roce 1978 začínají Michael Crawford a John H. Relethford (student) tato data zpracovávat

Studium historie irské populaceProblémy související s antropometrickými daty.

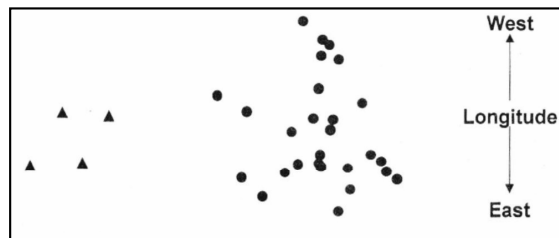
- antropometrická data nejsou pro tyto studie tak vhodná jako genetická - sice odrážejí genetické rozdíly mezi populacemi, ale jsou ovlivněny také podmínkami prostředí
- nicméně genetická data nebyla k dispozici a fenotypová variabilita se dá slušně použít pro odhad genotypové variability právě zejména v těch případech, kdy jsou studované populace v podobných podmínkách prostředí i kultury
- k vyjádření příbuznosti byla použita tzv. *fenetická vzdálenost* (*phenetic distance*) – pomocí fenotypových rozdílů mezi populacemi odhadujeme genetické vzdálenosti (měřené jako veškeré genetické rozdíly)

Úprava a výběr dat:

- tato data ještě mohou být ovlivněna také věkem
- antropometrická data týkající se především měření různých částí těla jsou často ovlivněna prostředím a stravou = byly **vybrány** pouze **takové charakteristiky, které jsou maximálně vypovídající a nejsou těmito faktory tolik ovlivňovány**

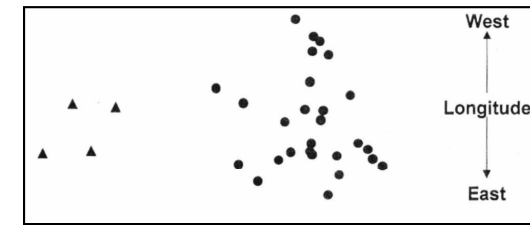
Studium historie irské populace

- po mnoha letech práce byly získány zajímavé výsledky
- na základě antropometrických údajů byla provedena analýza fenetické vzdálenosti, vždy mezi dvěma populacemi navzájem (celkem 31 krajů = populací), celkem 465 kombinací

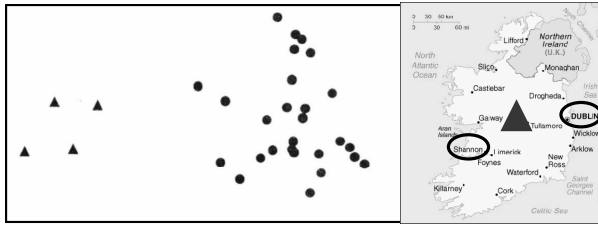


Mapa fenetických vzdáleností

Pozn.: každý jedinec je ztotožněn s místem (krajem) svého narození

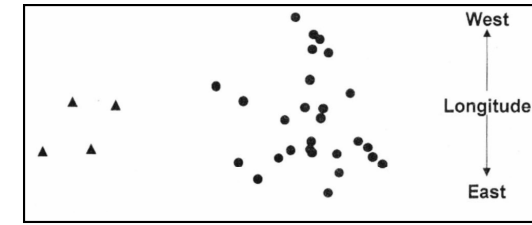
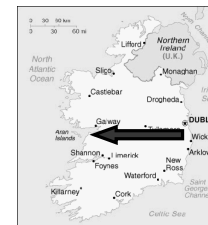
Studium historie irské populace

- graf znázorňuje fenetickou podobnost studovaných populací jako vzájemnou polohu jednotlivých populací
- čtyři populace (trojúhelníky) jsou jasně odděleny od zbylých - **všechny tyto čtyři populace pochází z irského středozemí**
- můžeme tedy předpokládat, že geograficky centrálně lokalizované populace jsou si podobnější než ostatní
- to může být důsledek například migrace, která procházela středem ostrova - avšak ve skutečnosti toto není pravá příčina

Studium historie irské populace**Závěr 1***Vikingská stopa*

Reálnější příčinou odlišnosti je samotná historie země - v populacích irského středozemí je mnohem významnější příměs Vikingských populací než na východě nebo západě

- Vikingská invaze do Irsku začala v roce 794 a byla omezena zejména na pobřežní oblasti (například Dublin)
- nicméně Vikingové se také plavili z Atlantského oceánu přes Shannon River právě do irského středozemí, kde provedli velké osídlení
- toto velké množství osídlenců v kombinaci s následným křížením způsobilo, že právě zde je větší příměs vikingské DNA než kdekoli jinde v Irsku = tyto populace jsou tak mírně odlišné od těch ostatních

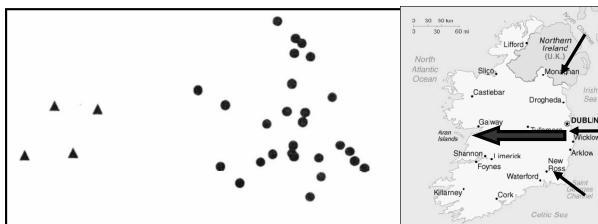
Studium historie irské populace

Tato analýza však ukazuje ještě jeden **zajímavý jev**, pokud se podíváme na **geografickou pozici ostatních populací mimo středozemí** (znázorněny jako kolečka)

= silná korelace – do jednoho shluku se sdružují populace ze západního pobřeží (v grafu nahoře) a východního pobřeží (v grafu dole)

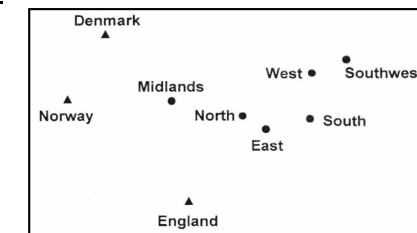
Seskupení je v souladu s jinou studií irské populace, která probíhala později na základě již klasických genetických markerů

= ukazuje na východně-západní gradient v podobnosti jednotlivých populací

Studium historie irské populace**Závěr 2***Anglická stopa*

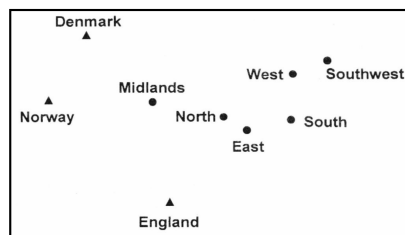
Tento gradient pravděpodobně odráží imigrační historii Irsku:

- kolonizace z Anglie a Walesu započala někdy kolem roku 1600 a to nejvíce na severu, východě a jihovýchodě Irsku
- rozložení populací v grafu tak odráží kombinaci imigrace s rozdílným genovým tokem

Studium historie irské populace**Další analýzy**

Provedené závěry byly podpořeny další studií:

data z Irské populace byla porovnána s antropometrickými daty z Anglie, Norska a Dánska (Norsko a Dánsko mají vikingskou minulost)

Studium historie irské populace**Další analýzy**

- graf ukazuje fenetickou mapu pro tyto populace společně s 6 geografickými zástupci irských populací
- lze vidět, že irské středozevní populace jsou velmi podobné skandinávským, což potvrzuje vliv vikingských předků
- také potvrzen geografický gradient irských populací, kdy severní, východní a jižní regiony Irska mají blíže k Anglii než západní, což svědčí o podpoře faktu zmiňované migrace z Anglie
- tyto výsledky byly u irských populací potvrzeny také ještě později **studiem krevních skupin** (North *et al.*, 2000)

Studium historie irské populace**K čemu lze využít takové studie?**

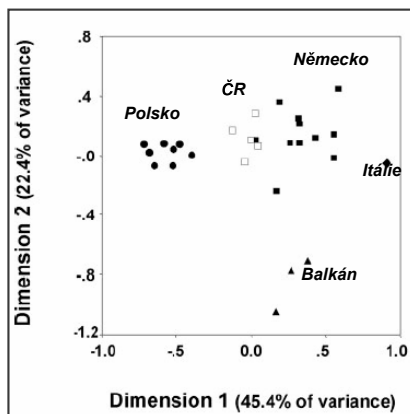
- na základě genetické variability lze popsat historické události jak na lokální, tak regionální úrovni - např. studium migrace populací a jejich genů po Evropě
  - rozšíření zemědělství (viz dále)
  - nebo genový tok mezi evropskými osadníky a africkými otroky v raném stádiu kolonizace Ameriky
  - pátrání po původu domorodých obyvatel Ameriky (indiánů) a vztahy mezi nimi

**Zajímavost**

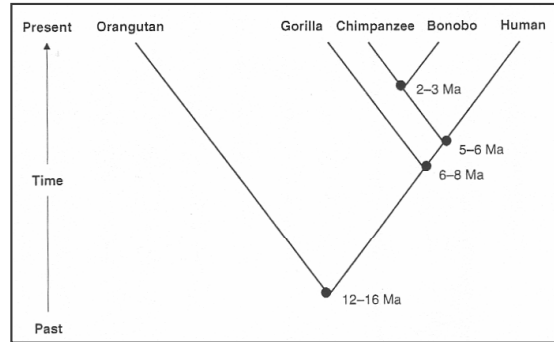
- Luca *et al.* (2006) analyzovali **chromozom Y** (19 haploskupin) v ČR
- četnost jednotlivých haploskupin – různé migrační vlny – neolitická, postneolitická, migrace po 2. světové válce



- všechny markery dohromady:
  - populace ČR má **nejblíže populaci Polska a Německa**
  - **nejvzdálenější je balkánská populace**
- souhlasí s výsledky pro centrální Evropu:
  - **silná migrace z euroasijských stepí** (haploskupina R1a, R1b)
  - **menšinová migrace z Balkánu** (zemědělství, haploskupina I)

**Metody studia historie populací**

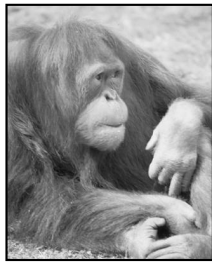
- 1) **Metody studia genetické rozmanitosti** – komplexní fenotypové znaky, molekulární znaky.
- 2) **Mechanismy evoluce** – mutace, přírodní výběr, genový posun a genový tok
- 3) **Anageneze x kladogeneze** - co je vlastně druh
- 4) **Dva příklady studia historie populací** - historie irské populace - odštěpení člověka od lidoopů
- 5) **Rozšíření zemědělství do Evropy** – migrace technologie nebo zemědělců (příklad užitečnosti genetických analýz)

**Příklad 2:****Evoluční odštěpení člověka od lidoopů****Evoluční odštěpení člověka od lidoopů**

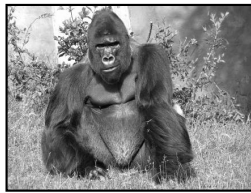
- zajímavá však je nejen historie v rámci jednoho druhu, ale i studium genetické historie odlišných druhů
- zájem antropologů je namířen především na studium genetických odlišností mezi lidmi a ostatními druhy primátů - rekonstrukce historie speciace v rámci vyšších primátů

**Evoluční odštěpení člověka od lidoopů**

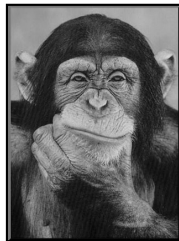
- jeden z hlavních objevů se týká příbuznosti člověka a velkých opic – konkrétně vztahy mezi zástupcem asijských velkých opic - orangutanem a třemi africkými zástupci velkých opic – gorilou, šimpanzem a bonobem



orangutan



gorila



šimpanz



bonobo

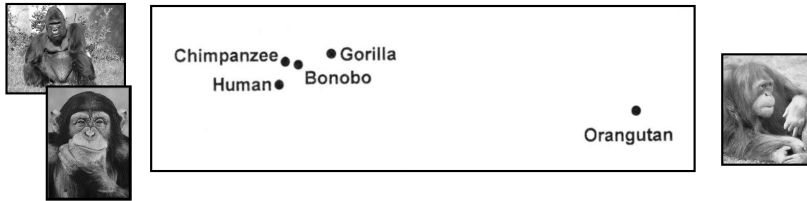
**Evoluční odštěpení člověka od lidoopů**

- všechny uvedené druhy (stejně jako menší lidoop gibbon) jsou označováni jako **hominidi**
- hominidi např. nemají oproti opicím ocas a mají pohyblivá ramena, která jim umožňují zvednout paže, ruce nad svojí hlavu - využívají toho při ručkování po větvích nebo při zavěšování (lidé jsou také hominidy – např. děti na hřišti)
- člověk je v rámci hominidů tradičně stavěn odděleně od velkých lidoopů – důvodem jsou obvykle charakteristické znaky – lidé oproti velkým lidoopům chodí výhradně po dvou, jsou méně ochlupení, mají velký mozek a malé špičáky
- tato klasifikace na člověka a velké lidoopy však vůbec **neodráží evoluční historii**
- někteří vědci (Charles Darwin, Thomas Henry Huxley) si už dříve všimli, podle některých anatomických podobností, že lidé a afričtí lidoopi jsou si více příbuzní než jsou si afričtí lidoopi příbuzní s asijským orangutanem

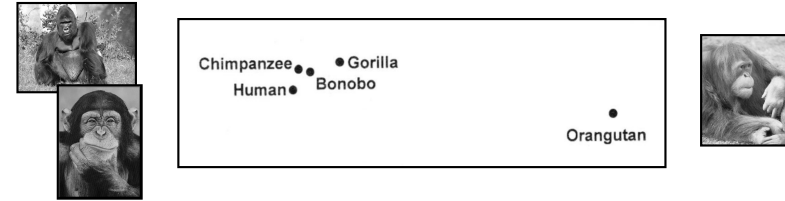
**Podíváme se tedy na tento problém evoluční příbuznosti mezi žijícími druhy na základě využití genetických metod, porovnáním genetické podobnosti.**

Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

- velmi blízká příbuznost mezi člověkem a africkými lidoopy (především šimpanzem) byla prvně prokázána pomocí analýzy krevních bílkovin
- a později byla potvrzena i na základě analýzy DNA
- příklad takové analýzy ukazuje obrázek - jeden shluk (klastr) představuje člověk s africkými lidoopy a odděleně stojí orangutan



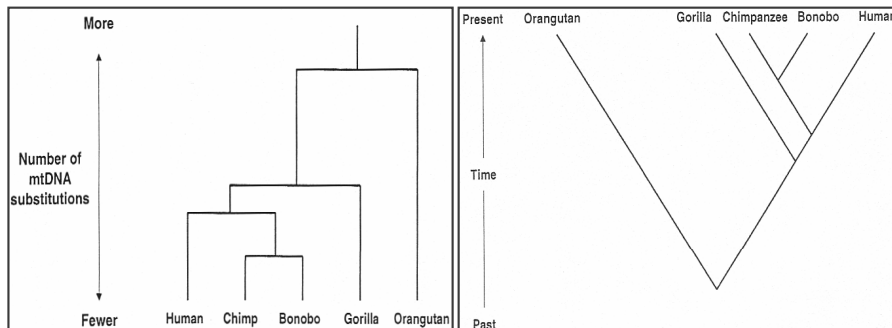
- **těsná genetická příbuznost odráží nedávný společný původ** (stejným způsobem, jako je vaše DNA podobnější DNA vašeho sourozence než třeba DNA bratrance)
- obecně větší genetická podobnost mezi dvěma druhy nasvědčuje, že jsou tyto více příbuzné a nedávno spolu sdílely společného předka

Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

- genetické důkazy tedy jednoznačně ukazují, že lidé a afričtí lidoopi jsou geneticky navzájem podobnější než jsou si podobní například s orangutanem

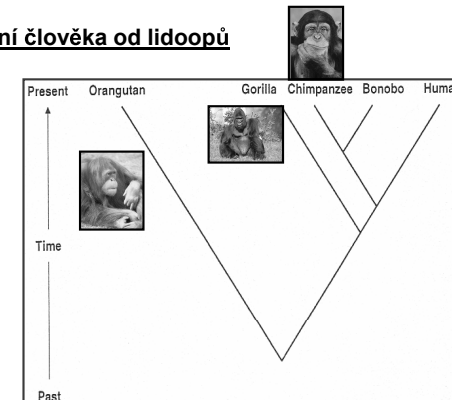
Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

- to znamená, že lidé a afričtí lidoopi sdíleli společného předka později (nedávno) a naopak mnohem dříve sdíleli společného předka s orangutanem



- avšak i přes větší fyzickou podobnost velkých lidoopů navzájem (oproti člověku) - nelze vytvořit oddělenou skupinu lidoopů od člověka - podobnost je velká

= bylo prokázáno jak na krevních proteinech (počátek 90. let 20. st.), tak později pomocí analýzy DNA - **člověk a šimpanz spolu sdílí přes 98 % genů**

Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

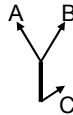
- genetická data podpořila model, podle kterého se společný předek hominidů rozdělil ve dvě linie - jednu vedoucí k dnešnímu orangutanovi a druhé vedoucí ke společnému předku afrických lidoopů a člověka, kteří se od sebe oddělili v nedávné minulosti
- protože rychlost (četnost) změn je u některých molekulárních markerů více či méně konstantní = můžeme odhadnout čas, kdy došlo k takovému oddělení dvou druhů na základě tzv. „molekulárních hodin“

Evoluční odštěpení člověka od lidoopůMolekulární hodiny

- základní myšlenka je, že na základě genetických dat lze provést jakousi kalibraci těchto molekulárních hodin za pomoci fosilních nálezů a odhadnou tak čas nedávné speciace

- například máme tři žijící druhy A, B a C
- mezi těmito druhy známe genetickou vzdálenost vyjádřenou jako počet rozdílů mezi nimi navzájem:

vzdálenost mezi A a B = 3  
A a C = 30  
B a C = 30

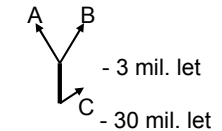


- druhy A a B mají mladšího společného předka, protože jsou si navzájem více příbuzné než je každý z nich příbuzný s druhem C – menší počet odlišností = větší podobnost

= druh C se v evoluční historii oddělil od společného předka jako první a teprve později následovalo rozdělení na druhy A a B

Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

vzdálenost mezi A a B = 3  
A a C = 30  
B a C = 30



- nyní je možné celou situaci kvantifikovat - vzdálenost mezi A a B je **desetinová** oproti vzdálenosti mezi A a C nebo B a C

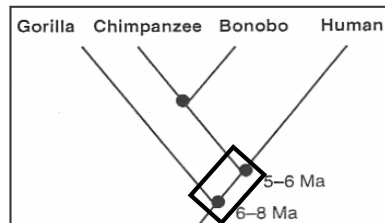
- dále víme na základě fosilních důkazů, že linie vedoucí k druhu C se oddělila před 30 miliony lety

= druhy A a B se tedy od sebe oddělily před  $30 \times 1/10 = 3$  miliony let

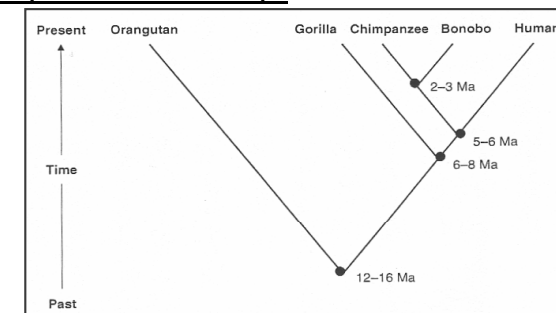
- pokud máme k dispozici evoluční strom a důkazy o konstantní rychlosti změn, pak můžeme jednoduchou kalibraci z fosilních nálezů doplnit údaje do zbytku evolučního stromu

Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

- tento přístup poprvé použili Sarich a Wilson v 60. letech 20. století
- ke zjištění rozdílů mezi druhy použili rozdílů v sekvenci proteinu albuminu
- jejich závěr byl, že k oddělení linie ve směru k africkým lidoopům a člověku došlo asi před 6 miliony let



- toto datování však vyvolalo velké kontroverze – na základě fosilních nálezů došlo k oddělení před **15 až 20 miliony let** (*Ramaphitecus*, později jako *Sivapithecus*)
- výsledky Sariche a Wilsona byly řadou paleoantropologů odmítnuty a vedly k rozsáhlé diskusi, zda je přesnější fosilní nebo molekulární datování
- k odmítnutí bohužel také přispělo vyjádření Sariche k fosilním nálezům a datování, že „věci nejsou takové, jaké se zdají“

Evoluční odštěpení člověka od lidoopů

- správnost Sarichových a Wilsonových výsledků byla později potvrzena dalšími pracemi – k oddělení hominidů došlo skutečně v období mezi 5 až 7 miliony let
- později byla správnost molekulárního přístupu (datování) potvrzena i fosilními nálezy - *Ramaphitecus* je dnes považován za jednu z mnoha fosilí lidoopů žijících před oddělením člověka od lidoopů (není považován za hominida)
- genetické a fosilní důkazy se v tomto případě nakonec shodly, avšak debata o tom, zda jsou lepší fosilní nebo genetické údaje, stále pokračuje zejména v souvislosti s hledáním původu moderního člověka

**Dva příklady - shrnutí**

Studium historie irské populace

Odštěpení člověka od lidoopů

- v obou příkladech jsme sledovali **genetickou vzdálenost (odlišnost)** mezi analyzovanými jednotkami:
  - odlišnými populacemi v rámci druhu v případě irské populace
  - odlišnými druhy ve druhém případě
- v obou příkladech podle principu, že **těsná genetická podobnost odráží společnou minulost**
- avšak **pozor** - přestože je výsledek podobný, tyto dva příklady se od sebe zásadně liší
- v případě irské populace byly antropometrické rozdíly mezi populacemi interpretovány jako příčina genového toku při migraci lidí do Irska – historie, struktura populace
- ve druhém případě však genetické rozdíly vznikají po přerušení genového toku a představují nahromadění mutací a vlivu genetického driftu na oddělení druhů – fylogenetické větvení

Pozor - nelze tyto přístupy zaměňovat – např. u irské populace nelze na základě rozdílu uvažovat o nějakém větvení – tady nenastala reprodukční izolace – **stále tu probíhá genový tok**

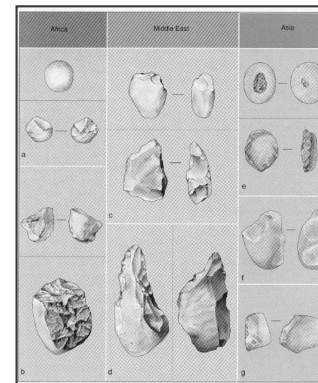
- a stejně nelze uvažovat ani naopak, že mezi africkými lidoopy a lidmi je větší genový tok než mezi nimi a orangutany - **lidé a lidoopi jsou oddělené druhy a genový tok mezi nimi není možný**
- je tedy zřejmé, že vhodný model volíme podle studovaných populací (jeden druh vs. více odlišných druhů)
- avšak **při studiu původu moderního člověka není situace tak jasná**
  - například nejsme schopni říct, zda-li archaické populace představují odlišný druh nebo nikoliv
- budeme tedy při interpretacích používat vždy kompatibilní model, což však samo o sobě neříká, že je to ten jediný správný a pravý pohled na věc, a že druhý model je nepoužitelný
- = budeme se řídit *Ockhamovou břitvou*

**Metody studia historie populací**

- 1) **Metody studia genetické rozmanitosti** – komplexní fenotypové znaky, molekulární znaky.
- 2) **Mechanismy evoluce** – mutace, přírodní výběr, genový posun a genový tok
- 3) **Anageneze x kladogeneze** - co je vlastně druh
- 4) **Dva příklady studia historie populací** - historie irské populace  
- odštěpení člověka od lidoopů
- 5) **Rozšíření zemědělství do Evropy** – migrace technologie nebo zemědělců (příklad užitečnosti genetických analýz)

**Studium způsobu rozšíření zemědělství do Evropy**

- v historii moderního člověka nastaly **dvě velmi významné** (revoluční) **změny** s velkým vlivem na jeho další vývoj
  - vznik **technologie výroby kamenných nástrojů** (před asi 2,5 miliony let)
  - vznik **zemědělství** (před asi 12 000 lety)



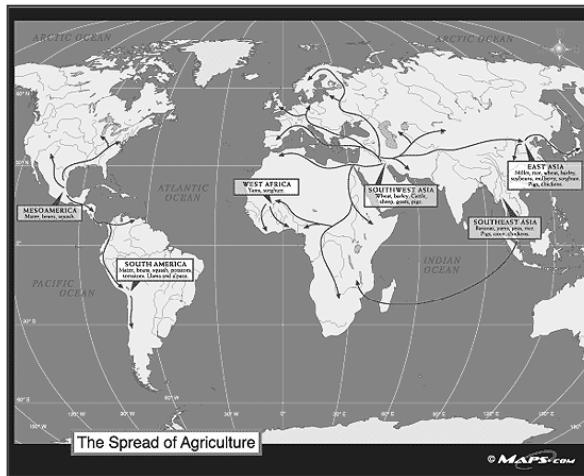


Studium způsobu rozšíření zemědělství do EvropyVznik zemědělství:

- dle **archeologických** nálezů – míst původu je více
- objevuje se v různých částech světa v rozdílnou dobu v průběhu posledních 10 000 letech

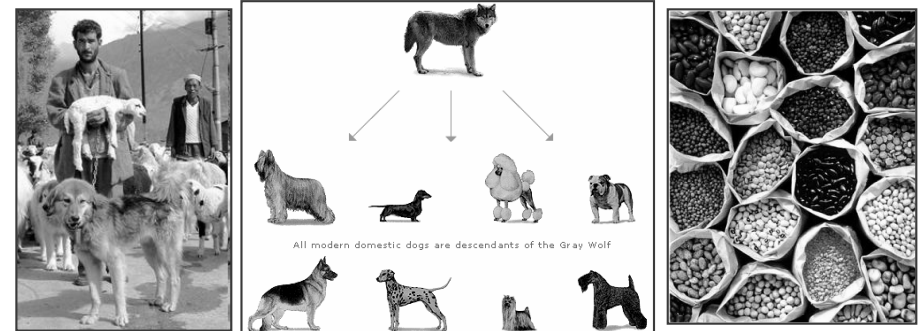
• Primárními místy jsou části:

- Jihozápadní Asie
- Východní Asie
- sub-Saharská Afrika
- Severní, Centrální a Jižní Amerika

Studium způsobu rozšíření zemědělství do EvropyVznik zemědělství:

- první důkazy o domestikaci rostlin a zvířat pocházejí z období před 12 000 lety z Jihozápadní Asie

- před 12 000 domestikace psa a ovčí
- před 11 000 domestikace kozy, pěstování pšenice, ječmene, čočky a dalších
- před 8 000 až 7 000 lety pěstování rýže - Východní Asie

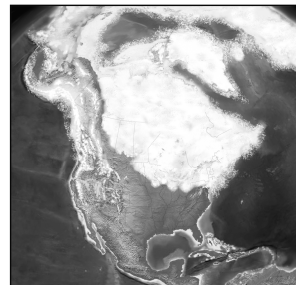
Scénáře vzniku zemědělství

změna klimatu

vs.

populační tlak

- **konec doby ledové** - tají ledovce, otepluje se
- **lov a sběr poskytují více zdrojů**
- populace člověka se zvětšuje
- zmenšují se tlaky na pohyb = lidé zůstávají v určitých částech roku na jednom místě
- **zvyšuje se plodnost** = další růst populace
- **sběr a lov postupně nepokrývají potřebu**



Ledovec Laurentide pokrývající podstatnou část Severní Ameriky v období poslední doby ledové

Zajímavost:

- migrace vlivem náhlého vzestupu mořské hladiny o 1,4 m před 8 740 - 8 100 lety po rozpuštění ledovce Laurentide
- zemědělci vytlačeni z pobřeží do vnitrozemí = počátek expanze zemědělství (Turney and Braun, 2007)

Scénáře vzniku zemědělství

změna klimatu

vs.

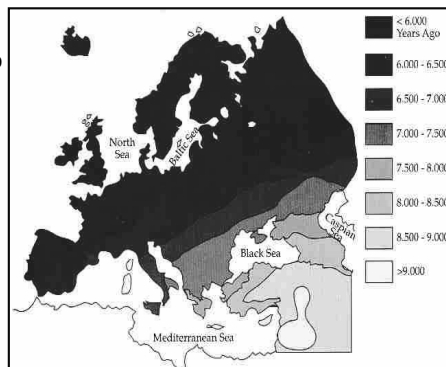
populační tlak

- **konec doby ledové** - tají ledovce, otepluje se
- **lov a sběr poskytují více zdrojů**
- populace člověka se zvětšuje
- zmenšují se tlaky na pohyb = lidé zůstávají v určitých částech roku na jednom místě
- **zvyšuje se plodnost** = další růst populace
- **sběr a lov postupně nepokrývají potřebu**
- důvodem je **zvětšující se populace**
- **nedostatek zdrojů** = snaha si vypěstovat
- **počátky zemědělství**
- dostatek zdrojů vede k růstu populace
- růst populace tlačí na dostatek zdrojů
- **vylepšování výnosů**
- další růst populace ..... = zacyklení

Pravděpodobně se uplatňovaly oba scénáře podle místních podmínek.

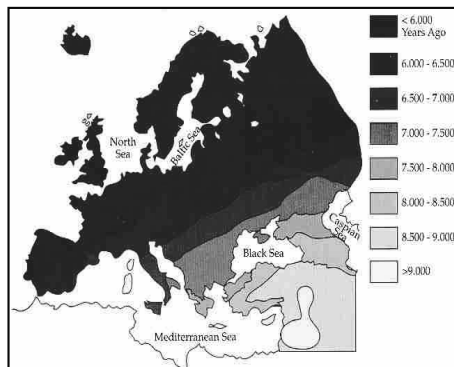
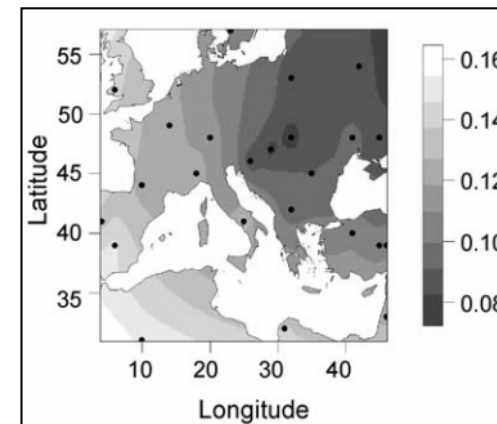
Zemědělství v Evropě

- Evropa je jediným místem, kde zemědělství nevzniká, ale přichází odjinud
- dle **archeologických důkazů** má evropské zemědělství původ v Jihozápadní Asii z doby před 11 000 lety, odkud se po svém vzniku v následujících několika málo tisících letech rozšiřuje dále do Evropy (Lemmen *et al.*, 2011) + cesta ze Severní Afriky
  - snad všechna v Evropě domestikovaná zvířata (vyjma skotu) a kulturní plodiny se objevují už dříve právě v Jihozápadní Asii
- **počátky expanze zemědělství lze klást do období před 9 000 lety** – začíná se šířit z oblastí dnešního Iráku a Turecka směrem na severozápad do Evropy
- Albert Ammerman a Luca Cavalli-Sforza - rychlost šíření zemědělství = asi **1 km / rok v severozápadním směru**

Zemědělství v Evropě

Francois *et al.*, 2008 – **rozšíření evropských populací *Arabidopsis thaliana***

- hlavní migrační vlna **od východu k západu**
- šíření nastalo **před 10 000 lety s rychlostí 0,9 km / rok**
- rozšíření z východního refugia po skončení doby ledové
- může dokládat cestu šíření zemědělství



Šířilo se zemědělství do Evropy jako kulturní technologie („*cultural diffusion*“) nebo jako technologie nesená lidmi, zemědělci („*demic diffusion*“)?

Přenos technologie  
(„*cultural diffusion*“)

- mezi populacemi se šíří zemědělské metody a technologie
- lidé (zemědělci a lovci-sběrači) zůstávají na stejném místě
- zemědělství se šíří po Evropě **bez pohybu populací**

Rozšíření lidmi  
(„*demic diffusion*“)

- zemědělství se šíří po Evropě **spolu s lidmi**
- proces **migrace a populačního růstu**
- vlivem zemědělství se zvětšují populace zemědělců v jihozápadní Asii = expanze a hledání nových zdrojů = růst populace .....
- prováděno **křížením zemědělců** s lidmi z lovecko-sběračských populací

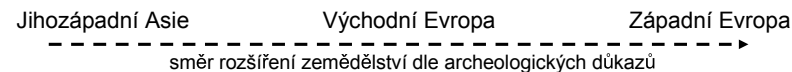
**Která teorie je platná?**

- archeologické důkazy – jsou **v souladu s oběma teoriemi**, výsledek je v podobě archeologických nálezů stejný v obou případech
- Ammerman a Cavalli-Sforza – genetické údaje mohou potvrdit nebo zamítnout migraci zemědělců (jejich genů)
- **genetická struktura populací**
  - odpovídá původní lovecko-sběračské genetické rozmanitosti = šíření **technologie**

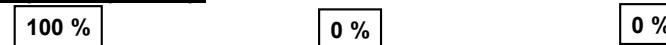
nebo

- současné populace nesou genetickou informaci typickou pro asijské jihozápadní populace = probíhalo křížení = zemědělství šířeno **migrací**

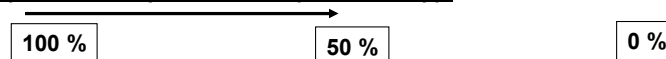
**Předpokládaný scénář pro migraci**



**Četnost pomyslné asijské alely:**

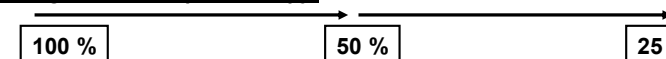


**Migrace populací z Jihozápadní Asie do Východní Evropy:**



- 50 % genetické variability původní lovecko-sběračské populace
- 50 % genetické variability donorové zemědělské populace

**Pokračující migrace až do Západní Evropy:**

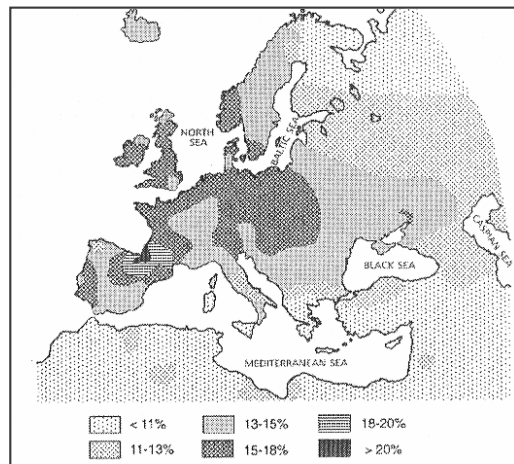


Geografický gradient alelové frekvence – **klinální charakter**

**Genetické důkazy pro scénář migrace**

**Důkaz č. 1**

- Cavalli-Sforza *et al.* klinální charakter četnosti řady genů v severozápadním směru



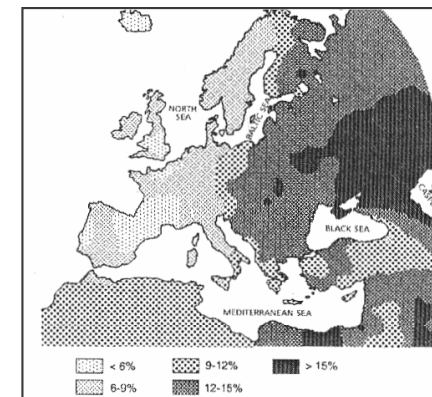
skupina Rh-

- výjimka: Severní Španělsko a Jižní Francie mají nižší výskyt Rh- = baskický původ

**Genetické důkazy pro scénář migrace**

**Problém**

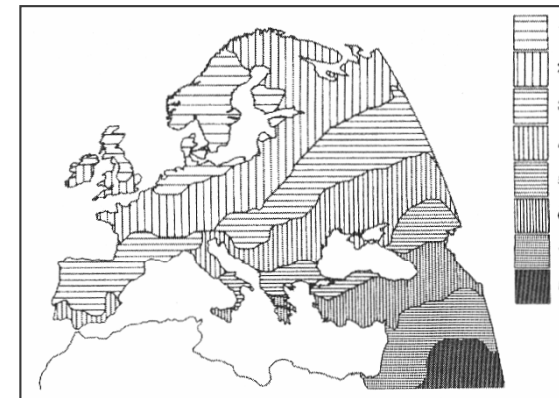
- řada dalších genů potvrdila gradient v severozápadním směru, avšak ne všechny např. četnost alely pro krevní skupinu B v systému AB0 – východně-západní gradient
- odráží jinou migrační vlnu



Genetické důkazy pro scénář migrace**Důkaz č. 2**

- analýza velkého počtu genů - ukáže na významnou migraci
- metoda je založena na statistické metodě označované jako „**principal components analysis**“ (**analýza hlavních komponent**, redukce dimenze příznakového prostoru, metoda extrakce příznaků)
- naleznou statisticky platnou korelaci mezi četnostmi různých alel v různých evropských populacích (jak úzce jsou mezi sebou korelovány různé alelové četnosti)
- identifikuje nejpravděpodobnější prostorový vztah mezi všemi alelami různých genů

- Cavalli-Sforza a kol. provedli tuto analýzu u 95 různých alel v různých evropských populacích



- **první hlavní komponenta** („first principal component“) – identifikuje hlavní, nejsilnější prostorový trend
- vyjadřuje se pro lepší názornost graficky (podobně jako např. izotermie v meteorologických předpovědních mapách)

Jak velká byla migrace (křížení)

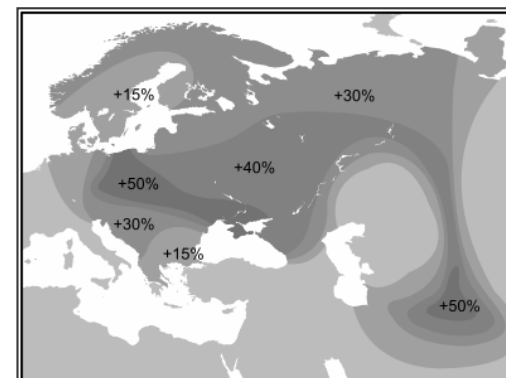
- **genetická rozmanitost současných populací v Evropě by měla být tvořena:**
  - příspěvkem původních paleolitických lovecko-sběračských populací
  - příspěvkem neolitických populací z jihozápadu Asie
- Martin Richards a kol. (1996) analyzovali **mtDNA**
  - většina haploskupin v Evropě má stáří mezi 20 000 až 50 000 lety
  - **příspěvek neolitických populací byl tedy malý**
  - dle mtDNA byl **kulturní příspěvek významnější** než ten genetický (nevyvrací však scénář migrace)



Příklad rozšíření haploskupiny J (mtDNA, 10 000 let)

Jak velká byla migrace (křížení)

- Lounés Chikhi a kol. analyzovali **chromozom Y**
  - **65 %** současné genetické rozmanitosti chromozomu Y má **původ v zemědělských populacích z jihozápadu Asie**
  - 35 % představuje původní lovecko-sběračský původ
  - silná podpora scénářů migrace
  - pozn.: údaje jsou průměrem pro evropskou populaci jako celek (populace jižnější mají podíl neolitických polymorfizmů vyšší, naopak severnější populace nižší)

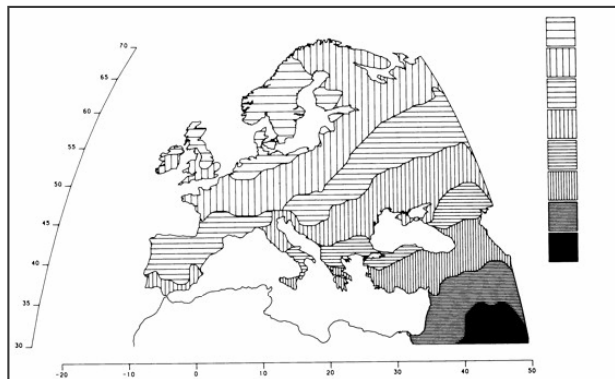


Příklad rozšíření R1a haploskupiny (Y chromozom, 10 000 let)

Zajímavost: další migrační vlny

## • první hlavní komponenta („first principal component“)

- migrační vlna zemědělců
- tvoří 28 % celkové genetické variability evropské populace

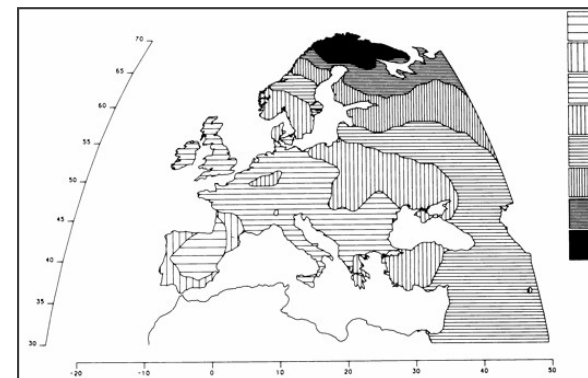


- analýza hlavních komponent však ukázala ještě **další zajímavé migrační vlny**

Zajímavost: další migrační vlny

## • druhá hlavní komponenta („second principal component“)

- migrační vlna z Pyrenejského poloostrova (jihozápadu) na severovýchod kontinentu před asi 15 000 až 10 000 lety na konci doby ledové
- tvoří 22 % z celkové variability

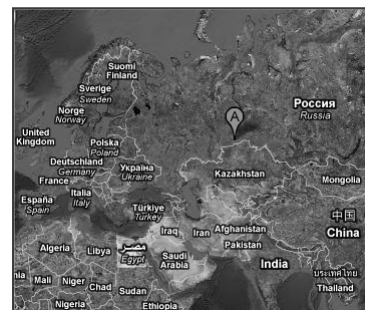
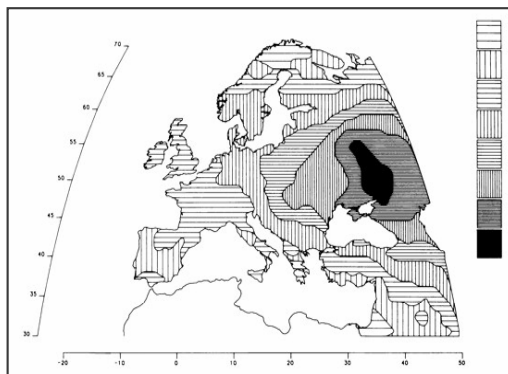


Pozn.: každá další a další komponenta představuje vždy zbytkovou variabilitu, slabší korelace

Zajímavost: další migrační vlny

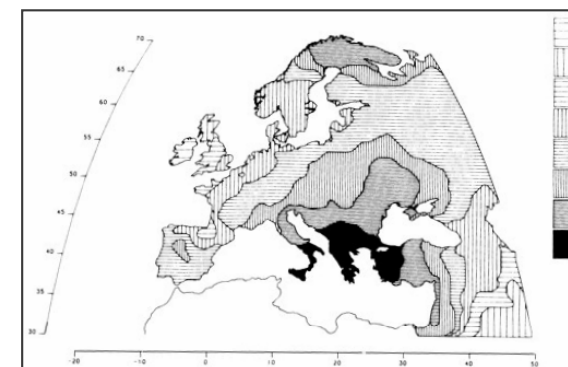
## • třetí hlavní komponenta („third principal component“)

- koncentrický gradient směrem od středozemního moře
- pravděpodobně odráží migrační vlnu Kurganů z jihu Ruska do Evropy, která začala před asi 6 000 lety (domestikace koní)
- jejich jazyk může být základem všech indoevropských jazyků
- tvoří 11 % z celkové variability

Zajímavost: další migrační vlny

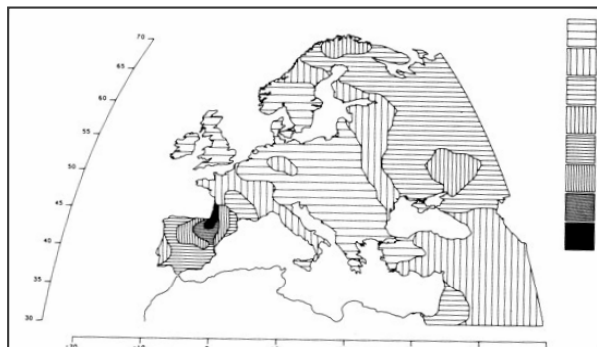
## • čtvrtá hlavní komponenta („fourth principal component“)

- koncentrický gradient s centrem v Řecku
- pravděpodobně odráží expanzi řeckého impéria v průběhu historie (záhadou však je reverzní formace v oblasti Skandinávie)
- 7 % z celkové variability

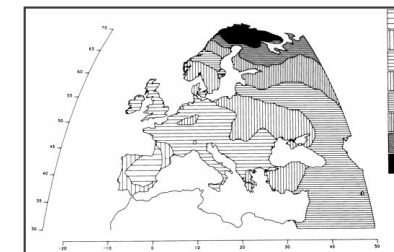
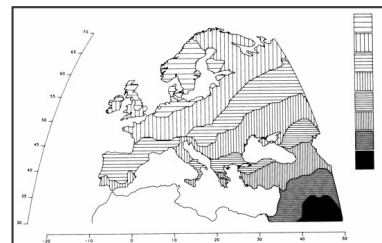


**Zajímavost: další migrační vlny**

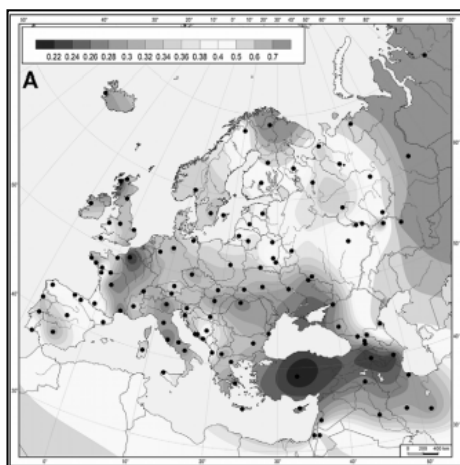
- **pátá hlavní komponenta** („fifth principal component“)
  - prudký gradient z Pyrenejského poloostrova, nejtmaší oblast spjata s Baskickým jazykem
  - Baskové jsou od ostatních západoevropských populací odlišni nejen **jazykem** (nemá indoevropský původ, původ je stále neznámý), ale také **geneticky** (vzhledem ke své izolovanosti (nekřížili se s ostatními populacemi) = tmavá barva odkazuje na tuto izolaci
  - 5 % z celkové variability

**Zajímavost: další migrační vlny**

- nejvýznamnější jsou výsledky první a druhé hlavní komponenty:
  - **migrace neolitických populací** z jihozápadu Asie (před 10 000 až 8 000 lety)
  - **migrace populací** s ustupujícím ledovcem **na konci doby ledové** (před 15 000 až 10 000 lety)



- hypotézu o rozšíření zemědělství do Evropy neolitickými lidmi názorně potvrzuje i nedávná studie z roku 2010 (Haak *et al.*, mtDNA a Y) a 2012 (Fu *et al.*, mtDNA)



Genetická vzdálenost mezi populacemi zjištěná analýzou SNP markerů mtDNA a chromozomu Y (Haak *et al.*, mtDNA a Y)