

Hledání našeho společného předka

- 1) Jak to, že máme společného předka
- 2) Metodika výzkumu mtDNA
- 3) Analýza mtDNA – mitochondriální Eva, kdy a kde žila
- 4) Problémy a názory proti
- 5) Analýza chromozomu Y
- 6) Jak jsme osídlili svět podle mtDNA a chromozomu Y
- 7) Další analýzy a co z toho vyplývá
- 8) Haploskupiny mtDNA a chromozomu Y v ČR

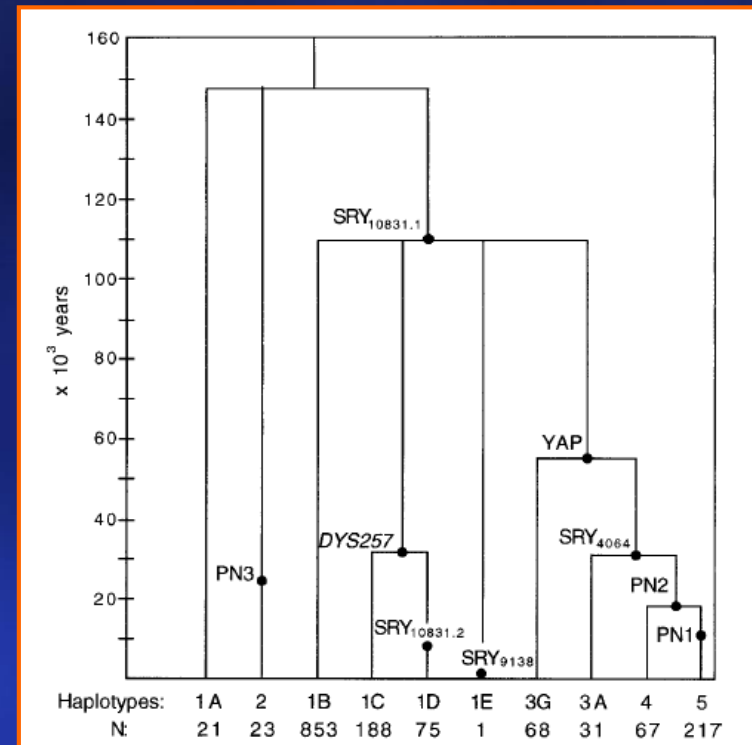
Analýza chromozomu Y

- závěry o původu moderního člověka na základě mtDNA jsou sice přesvědčivé, avšak je potřeba jejich **potvrzení použitím jiných zdrojových dat**
- zmiňovali jsme již například práci Ingmana *et al.* (2000) - **analýza** sekvence chromozomu X (**Xq13.3**)
- dalším vhodným kandidátem pro rekonstrukci je **chromozom Y** – historie mužské linie
- **nehomologický úsek chromozomu Y nerekombinuje** (NRPY, nonrecombining portion of the Y chromosome)
- variabilita se analyzuje pomocí RFLP, mikrosatelitů, SNP, přímým sekvencováním
- podobně jako u mtDNA se pomocí variability konstruují genealogické stromy



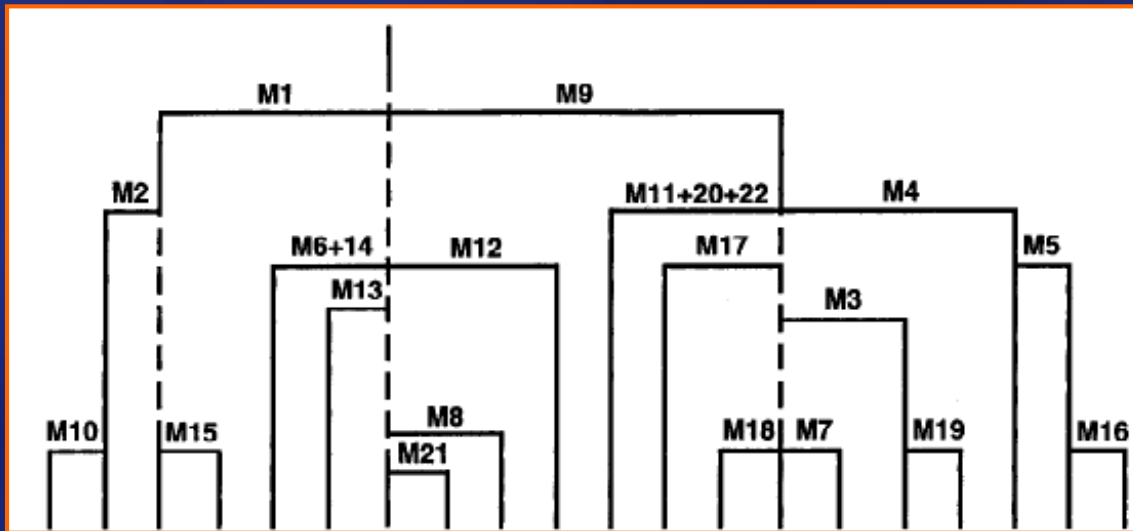
Výsledky některých studií chromozomu Y

- Michael Hammer (1995)
 - 2,6 kpb dlouhý fragment, **16 mužů, 4 šimpanzi**
 - pozoroval mnohem menší variabilitu než je například v sekvencích chromozomu X
 - odhadl **stáří společného předka na 188 000 let** (na 95 % hladině významnosti v intervalu 51 000 až 411 000 let)
- Hammer *et al.* (1998)
 - **1 544 mužů** z celého světa
 - získali **10 odlišných haplotypů**
 - **ancestrální africký haplotyp omezen pouze na Afriku**
 - stáří společného předka je **147 000** (68 000 až 258 000)



Výsledky některých studií chromozomu Y

- Peter Underhill *et al.* (1997)
 - 22 polymorfizmů, 22 haplotypů (M1 až M22)
 - **stáří** společného předka je **162 000 let** (69 000 až 316 000) v případě první sady vzorků
 - **186 000** (77 000 až 372 000) pro druhou sadu vzorků

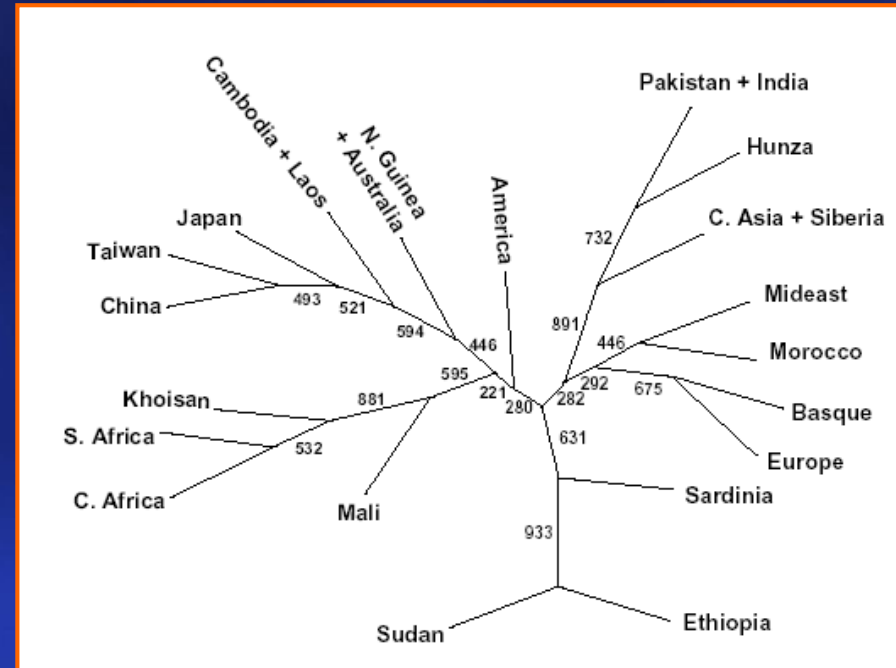
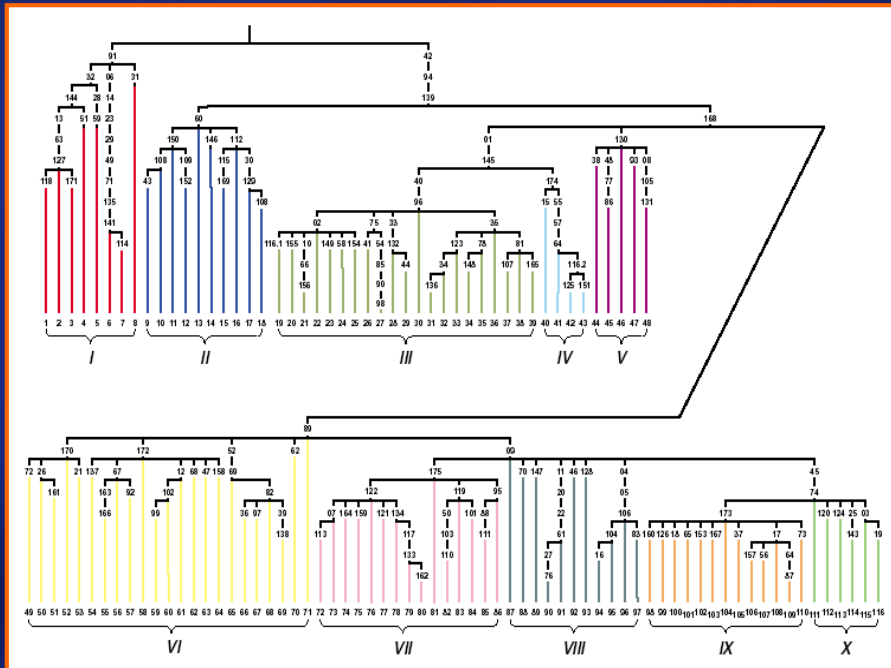


Výsledky některých studií chromozomu Y

- Russell Thomson *et al.* (2000)
 - analyzovali 3 geny na chr. Y (SMCY, DBY a DFFRY)
 - nejbližší společný předek žil před 59 000 lety (40 000 až 140 000)
 - získané údaje jsou pravděpodobně přesnější, protože byla započítána postupně rostoucí velikost populace
 - avšak odhad stáří je nižší protože jde o kódující oblasti

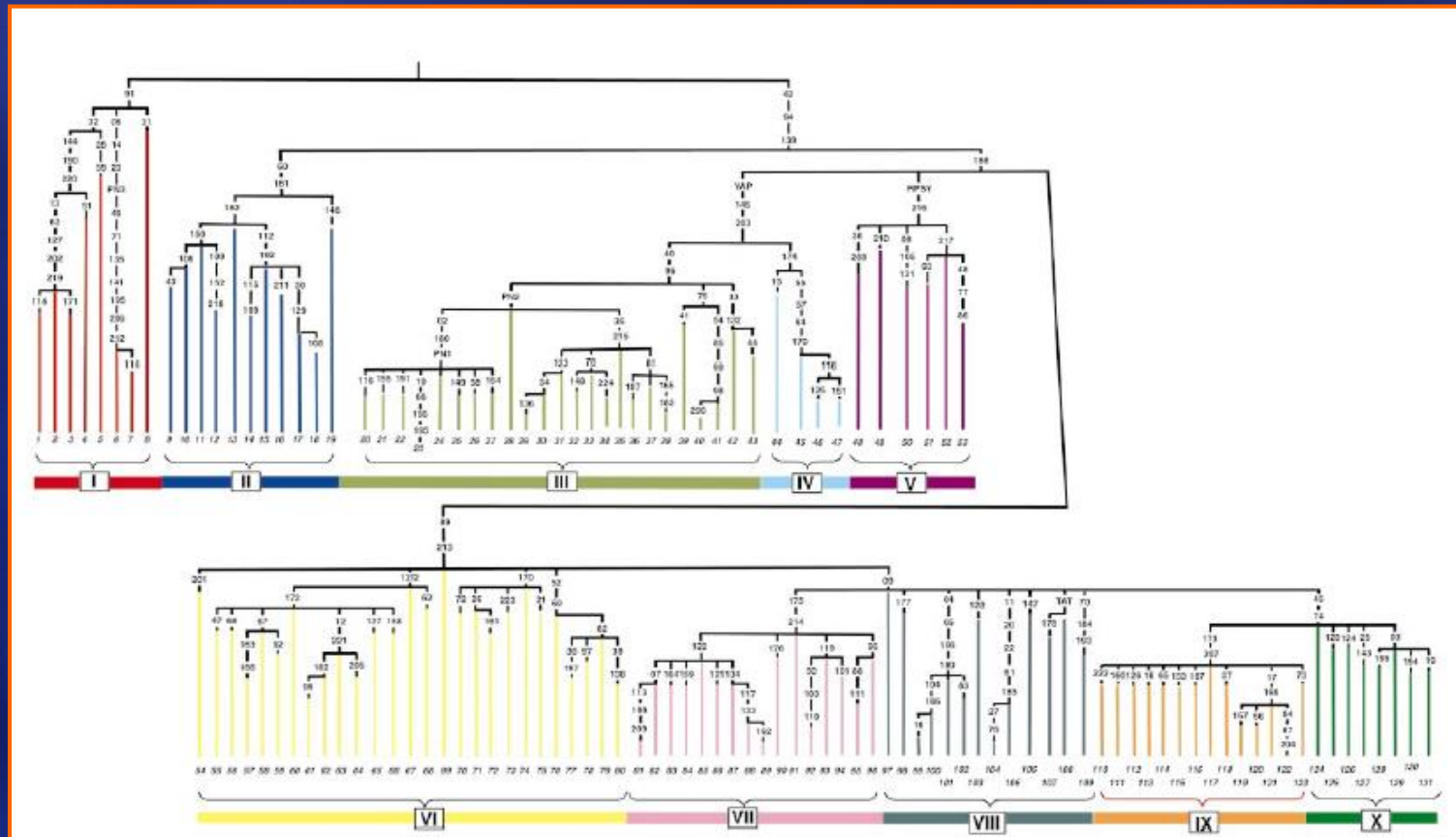
Výsledky některých studií chromozomu Y

- Underhill *et al.* (2000)
 - analyzovali lokus NRY, 167 mutací
 - 116 haplotypů seřazených do 10 haploskupin
 - předek moderních lidí žil v Africe před 62 000 lety (35 000 až 89 000)



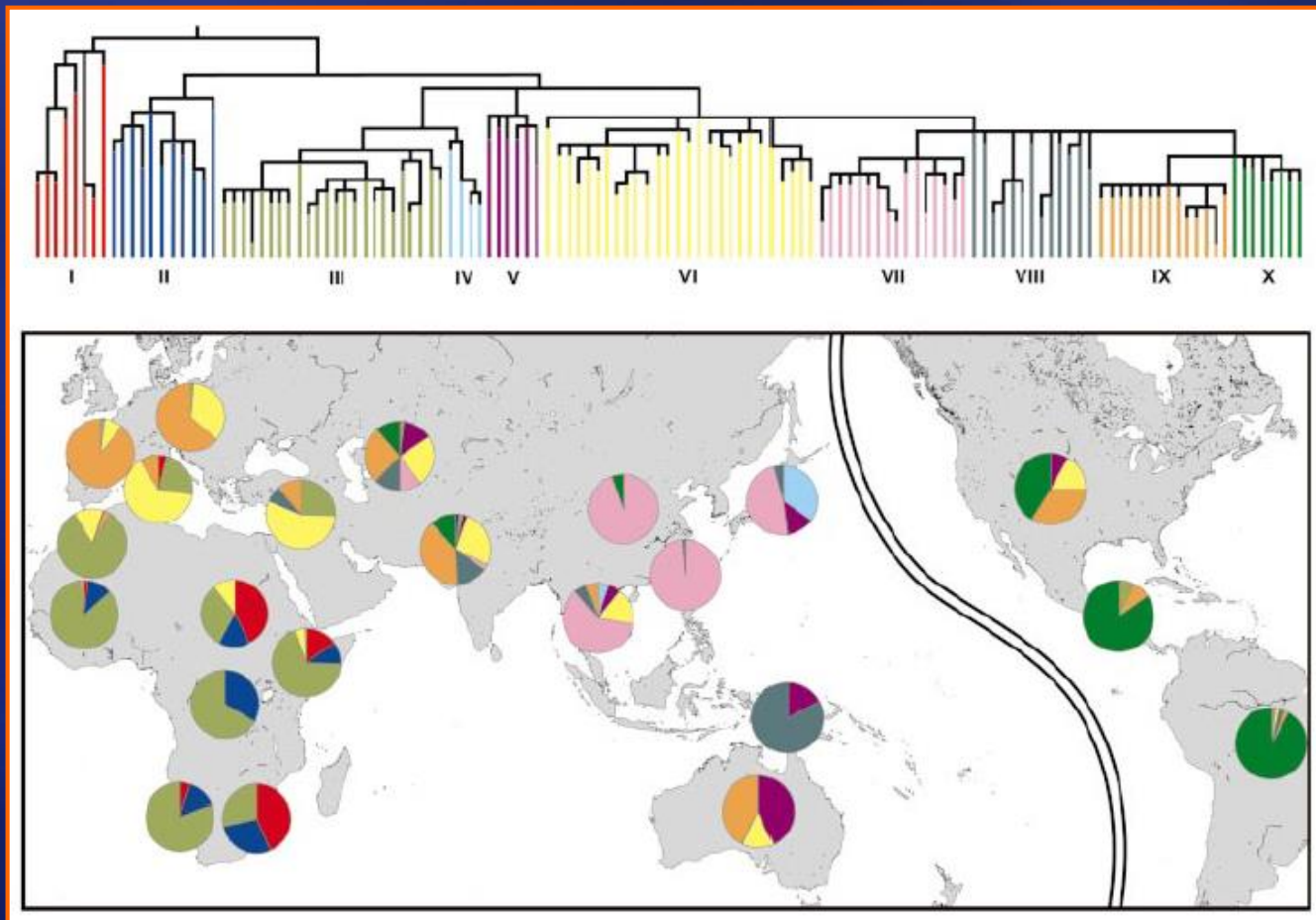
Výsledky některých studií chromozomu Y

- Underhill *et al.* (2001)
 - rozšířili počet zkoumaných markerů
 - 131 jedinečných haplotypů, 10 haploskupin

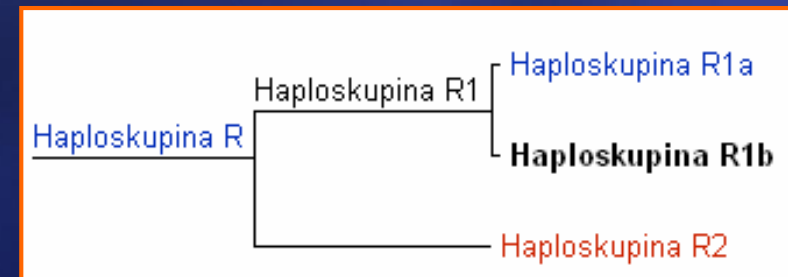
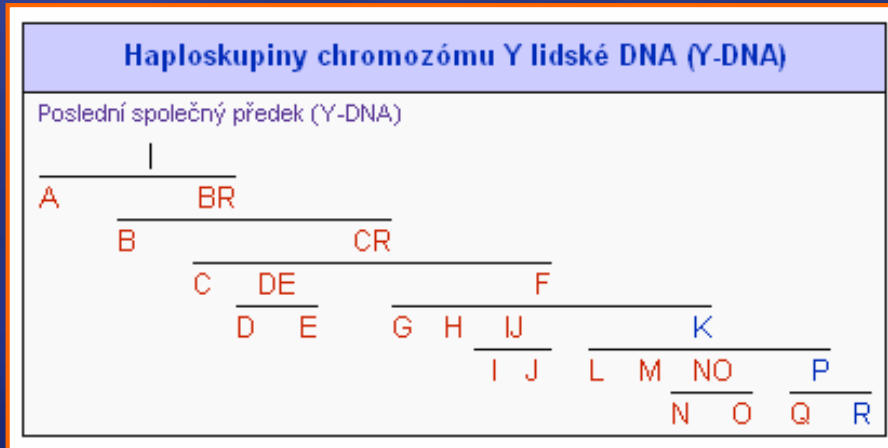


Výsledky některých studií chromozomu Y

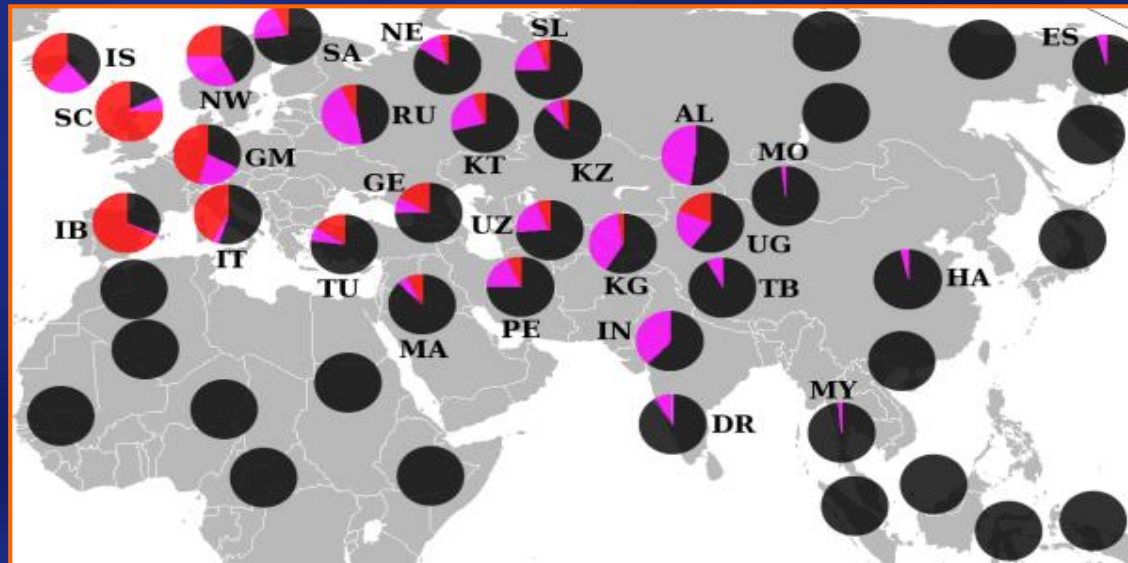
- Underhill *et al.* (2001)
 - rozšířili počet zkoumaných markerů
 - 131 jedinečných haplotypů, 10 haploskupin



- dnes se podrobně zkoumají **jednotlivé haploskupiny** v rámci celého světa nebo jen jednotlivých regionů

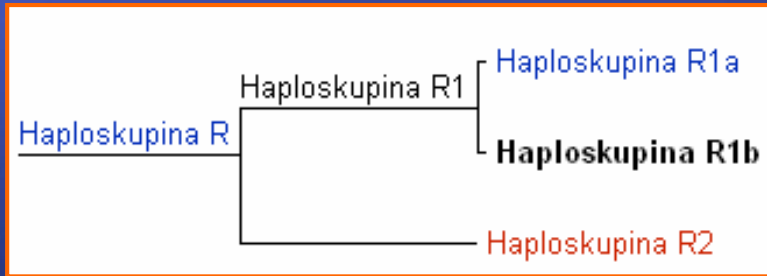


- například studium **haploskupiny R**



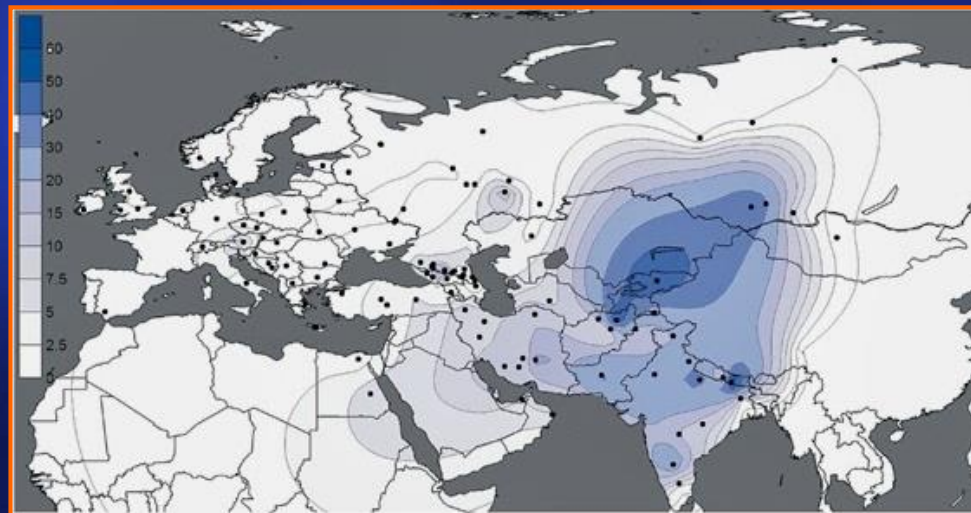
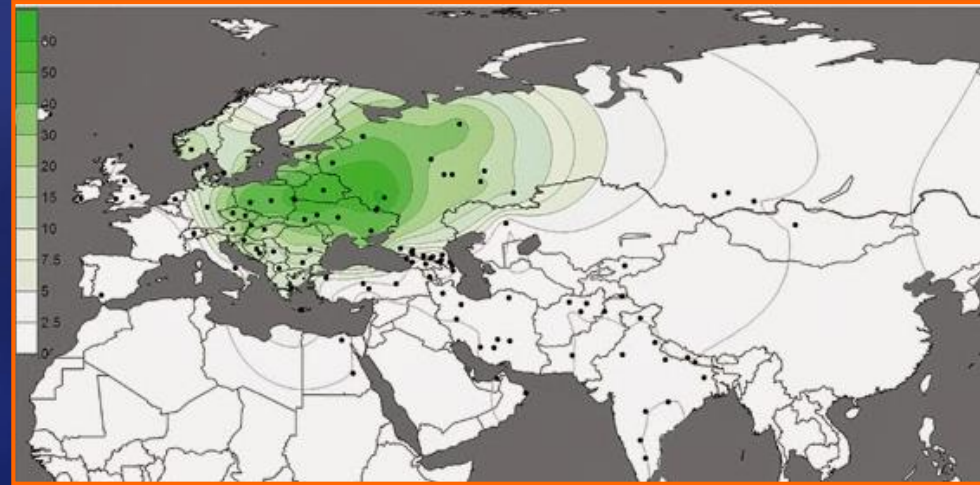
Rozšíření R1a (fialová) a R1b (červená).

- R1b je nejčastější v Západní Evropě
- podskupiny R1b1a (M18), R1b1b (M73) a R1b1d (M335)



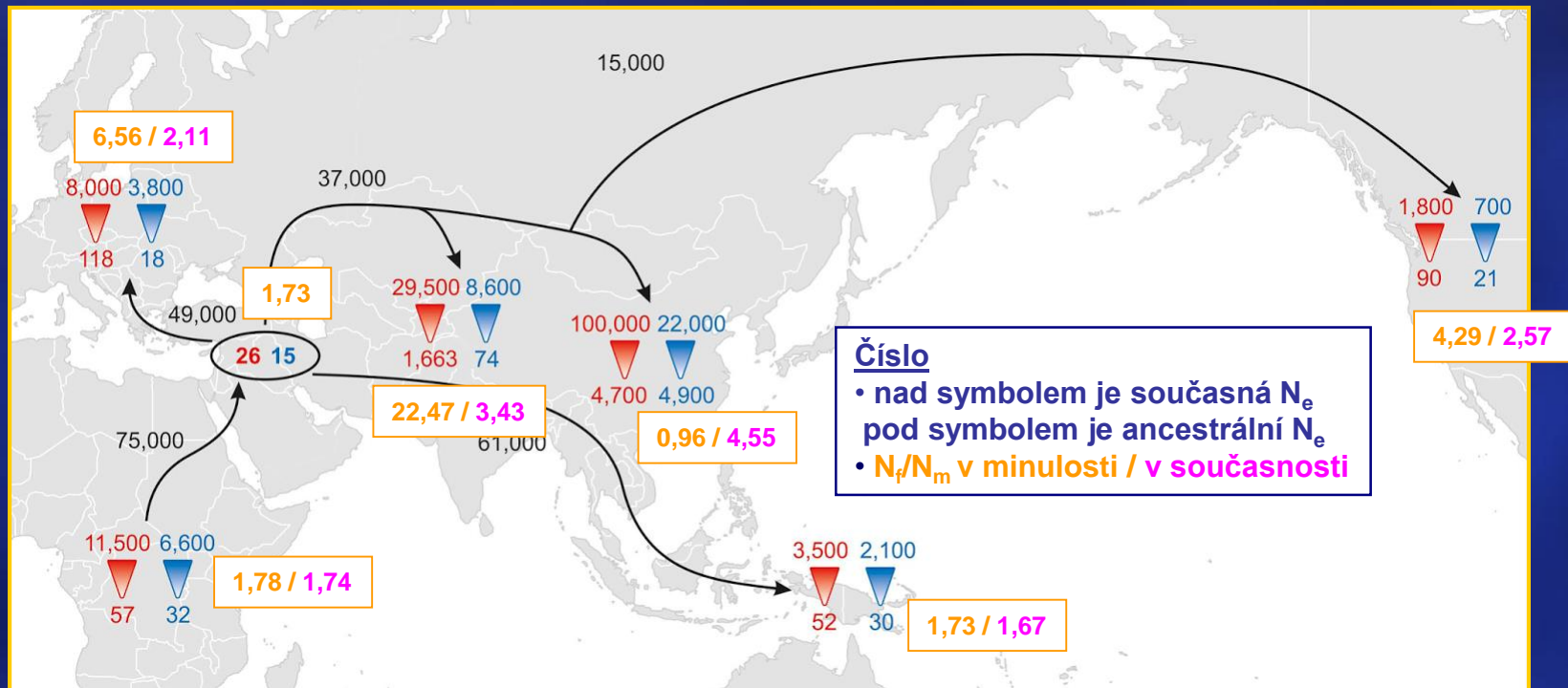
Underhill *et al.*, 2014

- **R1a** – 2 centra výskytu
 - **Evropa**
 - **Centrální a Jižní Asie**
- oddělení R1a nastalo **před asi 25 000** lety
- **rozdílení R1a** začíná **na území dnešního Íránu před asi 5 800** lety



Odlišná velikost populace mužů a žen

- ~500 kb úsek chromozomu Y (NRY)
- kompletní sekvence mtDNA
- ukazuje na to, že poměr mezi efektivní velikostí ženské a mužské populace (N_f/N_m) dosahoval hodnoty větší než 1,0
- a směrem do současnosti se zvyšuje v důsledku rychlejšího růstu hodnoty N_f



Možný důvod nepoměru pohlaví

- **nepoměr pohlaví** jako **reakce na nehostinné podmínky** mimo Afriku zejména na kontinentální evropskou tundru
- **ztráta významného podílu sběračství** (vidíme u dnešních Inuitů – jen 10 % zajištěno sběrem)
- **většinu potravy** tak musí **zajistit lov**
- **lov je nyní na větším území** - musí se ulovit **více zvěře** (výpadek ze sběru) + **zvířata se pohybují** za potravou po větším území

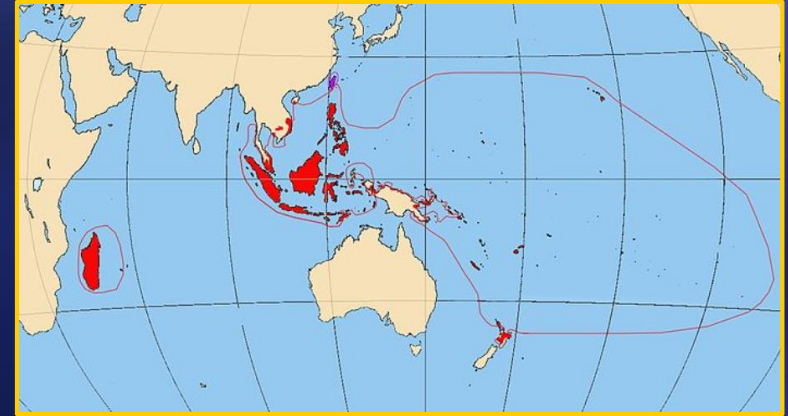
= **hlad, vyčerpání, nehody při lovu** = **zvyšuje se úmrtnost mladých mužů**
(například u dnešních Inuitů je výrazná převaha žen, v 19. st. 57 mužů na 100 žen)

- **ženy** jsou přitom **na mužích** z hlediska obživy zcela **závislé**
- mělo by vést **k polygynii – nevede**
 - = převaha lovu a jeho obtížnost **znemožňuje zajistit více manželek**
 - = příliš mnoho žen soutěží o příliš málo mužů – **výběr** tak **provádí muži**

(muži tak pravděpodobně mimo jiné preferovali ženy se světlejším fenotypem jako signálem mládí, zdraví a plodnosti = např. rozšíření modrých očí v evropských populacích)

Možný důvod nepoměru pohlaví

- v lokálním měřítku může být příčinou tzv. **matrilokalita**
- pozorována např. u populací indonéského soustroví
- v průběhu historie byla několikrát v kontaktu s jinými populacemi (čínskými, indickými, arabskými a evropskými populacemi) – tyto zanechaly svůj **otisk v rozmanitosti chromozomu Y**
- v **mtDNA** však tento příspěvek **odražen není**
- celogenomová analýza mtDNA ukázala významné geografické rozšíření určitých zakladatelských linií mtDNA
- **ženy** tedy byly v prehistorické době na tomto území mnohem **mobilnější** než muži a šířily své mtDNA linie z ostrova na ostrov mnohem účinněji
- společně s rozšířením austronéského jazyka tyto **výsledky ukazují na matrilokalitu**
- matrilokalita - **manželé bydlí s rodiči manželky nebo v jejich blízkosti** – ženský potomek tedy zůstává v blízkosti své matky, čímž vzniká místní klan (ženský)
- **dnes** je matrilokalita **vzácná** a omezená jen na malý počet populací



Shrnutí – mtDNA a YPřehled výsledků výpočtů stáří společného předka moderního člověkamtDNA

Cann <i>et al.</i>	1987	214 000 let	(teorie koalescence 290 000 let)
Vigilantová <i>et al.</i>	1991	208 000 let	(tk 225 000)
Ingmann <i>et al.</i>	2000	171 500 let	(kódující oblast mtDNA)
Behar <i>et al.</i>	2012	177 000 let	(kompletní sekvenace)
Rieux <i>et al.</i>	2014	143 000 let	(kompletní sekvenace + archaické sekv.)

Chromozom Y

Dorit <i>et al.</i>	1995	270 000 let	(intronová sekvence)
Hammer	1995	188 000 let	(nekódující fragment)
Hammer <i>et al.</i>	1998	147 000 let	(široký polymorfismus)
Underhill <i>et al.</i>	1997	162 000 let	(široký polymorfismus)
		186 000 let	(široký polymorfismus)

Thomson <i>et al.</i>	2000	59 000 let	(3 geny) kódující sekvence - mají nižší
Underhill <i>et al.</i>	2000	62 000 let	(NRY) variabilitu