

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

Problém:

Analýzou mtDNA a chromozomu Y však sledujeme buď evoluční historii žen nebo mužů

- pohlaví se mohou v různých populacích lišit mírou, jakou se uplatňují na genovém toku ať už v rámci populace nebo mezi populacemi
 - patriarchát vs. matriarchát
- pohyb např. mužů za obchodem v patriarchální společnosti – na genovém toku se pak uplatňují více než ženy
- vedení válek – z poražené populace je asimilováno pouze malé procento mužů, avšak většina žen je včleněna do vítězné populace = větší podíl na genovém toku tak mají ženy z poražené populace než jejich muži

Výsledky dalších analýz

Diploidní znaky (dědí se od obou rodičů), jaderné geny

- Wei Huang *et al.* (1998) – gen *ZFX*, společný předek žil před 306 000 lety (162 000 až 952 000)
- Ingman *et al.* (2000) – analyzovali oblast Xq13.3, společný předek žil před 479 000 let
- Rosalinda Harding *et al.* (1997) – gen pro beta-globin, stáří společného předka odhadli na 750 000 (400 000 až 1 300 000)

Oponenti

- výsledky pro diploidní a jaderné markery se liší od mtDNA a chr. Y = nepodporují model nahrazení – tyto výsledky jsou 4x větší
- avšak u těchto znaků se nejedná o uniparentální dědičnost, nutný přepočít
 - pro beta-globin $750\,000 / 4 = 187\,500$
 - pro *ZFX* a Xq13.3 – $306\,000 / 3 = 102\,000$ a $479\,000 / 3 = 159\,666$

Přehled výsledků výpočtů stáří společného předka moderního člověka

mtDNA

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)

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)
Underhill <i>et al.</i>	2000	62 000 let	(NRY)

kódující sekvence - mají nižší variabilitu

ZFX

Huang *et al.* 1998 102 000 let

Xq13.3

Ingman *et al.* 2000 159 666 let

Gen pro beta-globin

Hardingová *et al.* 1997 187 000 let

Shrnutí

- výsledky a závěry analýzy mtDNA a chromozomu Y jsou navzájem kompatibilní =
= můžeme je považovat za správné (včetně diploidních a jaderných znaků)
- společný předek moderních lidí **žil v Africe** - Model afrického původu = OK
- Multiregionální model = OK + i jinde

-
- společný předek žil v Africe zhruba **před 200 000 lety**
 - vezmeme-li však v úvahu rozptyl pro 95% interval spolehlivosti, pak se údaje vzdalují od modelu afrického původu a přibližují se k multiregionálnímu modelu nebo podporují další model „Out of Africa again and again“

-
- na základě geografického výskytu jednotlivých haploskupin lze rekonstruovat osídlování jednotlivých regionů z Afriky do Asie – **postup migrace**

Shrnutí

Pozoruhodný výsledek

Hardingová *et al.* (1997) získali analýzou sekvencí genu pro beta-globin zajímavé výsledky právě ve vztahu ke **geografické distribuci**

- výskyt jimi nalezených haplotypů naznačuje, že před více než 200 000 lety existovala starobylá populace předků nejenom v Africe, ale také v Asii – **specifické asijské haplotypy starší 200 000 let**
- pak jsou zde ale také haplotypy rozšířené po celém světě
 - to možná naznačuje opakovaný genový tok tam a zpět mezi Afrikou a Asií
 - to je v rozporu s modelem nahrazení, který uvažuje pouze jednosměrný genový tok z Afriky do Asie



Shrnutí

Zpochybnění modelu nahrazení

Z výsledků Templetona (omezený genový tok mezi Asií a Afrikou), Hammera (chr. Y) a Hardingové (beta-globin) vyplývá, že:

- naše zjednodušená představa o oddělení zakladatelské populace/populací s následnou izolací nemusí být zcela správná
- naši moderní předchůdci mohli žít na minimálně dvou místech – v Africe a Asii

= vše ukáží až další výsledky a pozorování (doposud žádný nový důkaz)

Pravděpodobný závěr:

- asijské populace mají buď původ africký nebo mají původ čistě asijský (asijský předek) a africké znaky jsou u nich důsledkem opakovaného *jednostranného* genového toku a migrací (při oboustranném by byly asijské haplotypy v Africe x vzdálenost)
- evropské populace mají africký a asijský původ – vznikly migrací z Afriky přes Asii, v Evropě pak nahradily neandrtálské populace

Shrnutí

Tyto analýzy poskytují zajímavé výsledky, ale samy o sobě nestačí k úplnému a uspokojivému vysvětlení původu moderního člověka.

Neboli výsledky jsou jasné, obtížná a nejasná je však již jejich interpretace ☹



Celkový závěr:

Zatím tedy ještě nelze uspokojivě odpovědět, který ze dvou základních modelů původu moderního člověka je správný.

Out of Africa x Multiregionální model

Hledání společného předka

