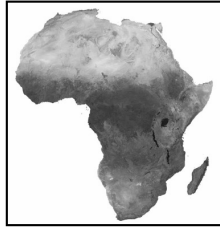
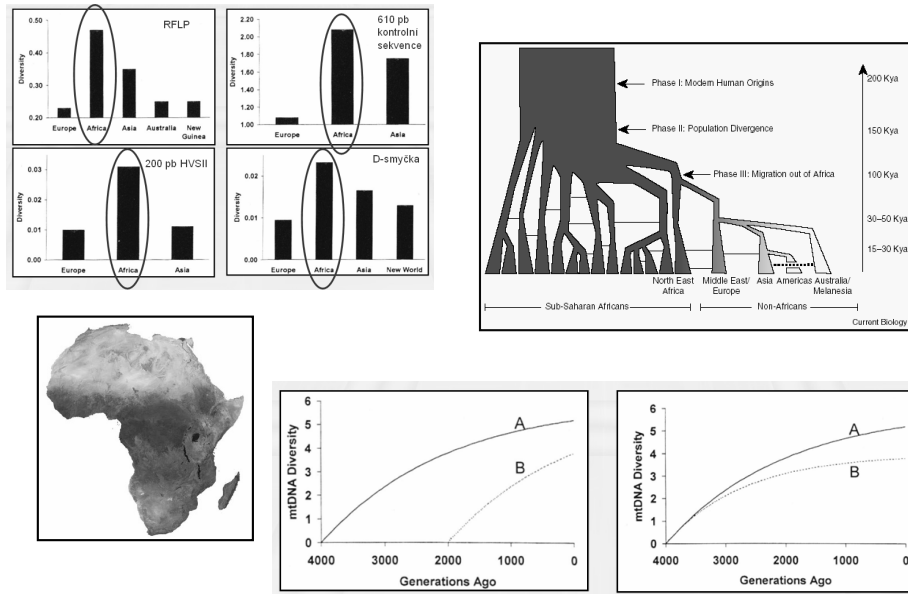


Genetická rozmanitost uvnitř populací



Genetická rozmanitost uvnitř populací

- 1) Jak měříme genetickou rozmanitost
- 2) Geografická distribuce genetické rozmanitosti
- 3) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce
 - důsledek stáří populace
 - důsledek velikosti populace
- 4) Kolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Jak měříme genetickou rozmanitost

1) Jako **Varianci (V) a standardní odchylku** u fenotypových znaků s kvantitativní dědičností (antropometrická data, barva kůže apod.)

- čím větší je hodnota uvedených statistik, tím větší je úroveň **fenotypové rozmanitosti**

2) Jako **heterozygotnost** – zastoupení heterozygotů v populaci, vyjadřujeme pomocí četnosti heterozygotů jako $2pq$ (viz dříve)

Četnost heterozygotů (heterozygotnost) skupiny MN:

1. populace = 0,48 $2(0,6)(0,4)$
2. populace = 0,42 $2(0,7)(0,3)$

- první populace má v tomto znaku větší genetickou rozmanitost než druhá populace

Ve skutečnosti však sledujeme celkovou heterozygotnost (ve všech studovaných lokusech) – pak se počítá **tzv. průměrná heterozygotnost** všech těchto lokusů

Genetická rozmanitost uvnitř populací

3) Jako **sekvenční rozmanitost** – rozdíly na úrovni DNA
např. průměrný počet nukleotidových rozdílů na lokus
máme 4 DNA sekvence s 9 nukleotidy

	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
sekvence1	A	A	C	T	G	A	G	C		sekvence1	- - - - -
sekvence2	A	A	G	C	T	G	A	G	C	sekvence2	- - G - - - -
sekvence3	A	A	C	C	A	G	A	G	C	sekvence3	- - - - A - - - -
sekvence4	A	A	C	T	T	G	A	G	C	sekvence4	- - - T - - - - -

- metoda počítá **množství rozdílů mezi všemi páry sekvencí**, např. 1 porovnává s 2, 3 a 4, potom 2 se 3 a 4 a nakonec 3 se 4 = celkem šest dvojic. Pro 5 sekvencí bude těchto dvojic již 10, pro 6 pak 15, tedy pro n sekvencí = $n(n - 1)/2$

Výsledky srovnání uvedených sekvencí:

- 1 vs. 2 = 1 rozdíl
- 1 vs. 3 = 1 rozdíl
- 1 vs. 4 = 1 rozdíl
- 2 vs. 3 = 2 rozdíly
- 2 vs. 4 = 2 rozdíly
- 3 vs. 4 = 2 rozdíly

Celkový **počet rozdílů** je 9. Toto číslo **vydělíme počtem srovnání**, tedy $9/6 = 1,5$ rozdílů na jedno srovnání. Následně tento údaj **vydělíme počtem analyzovaných míst** na sekvenci, tedy $1,5/9 = 0,167$, což je **průměrná sekvenční odlišnost** = průměrný počet záměn v daném lokusu – čím větší je toto číslo, tím větší je **genetická rozmanitost**.

Genetická rozmanitost uvnitř populací

1) Jak měříme genetickou rozmanitost

2) Geografická distribuce genetické rozmanitosti

3) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce

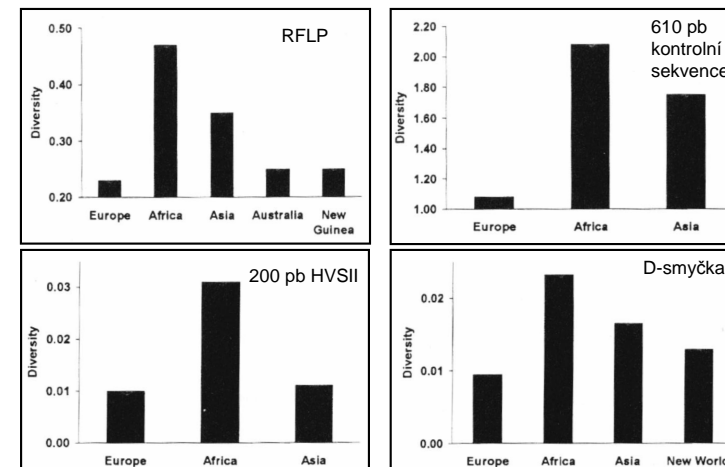
- důsledek stáří populace
- důsledek velikosti populace

4) Kolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

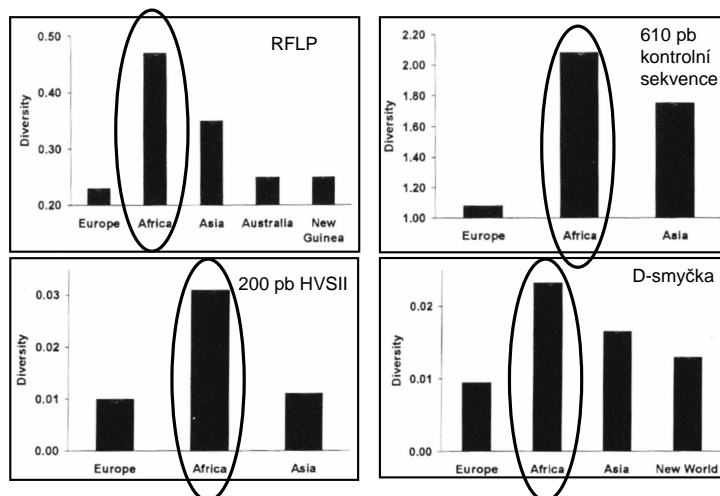
Geografická distribuce genetické rozmanitosti

- pro řadu znaků je **největší genetická rozmanitost uvnitř subsaharských afrických populací** a lidí mající subsaharský africký původ
- byla sledována i v případě **analýz mtDNA** (Cann *et al.*, 1987; Vigilant *et al.*, 1991; Jorde *et al.*, 1995; Bowcock *et al.*, 1994)

Obrázek ukazuje výsledky těchto čtyř rozdílných studií mtDNA současných populací



Genetická rozmanitost uvnitř populací

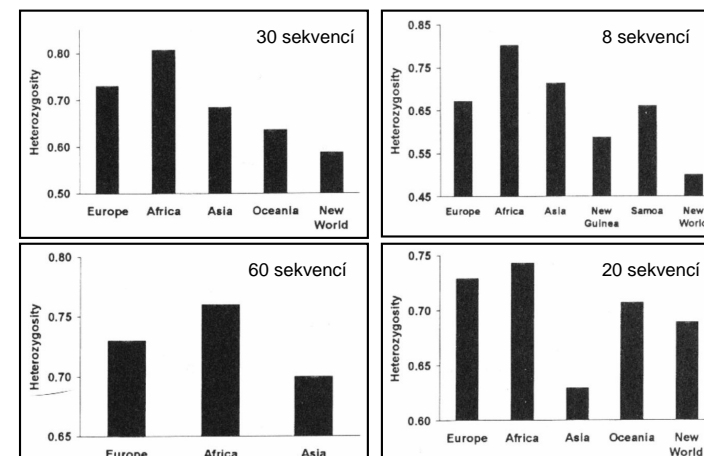


- jednotlivé studie se sice v detailech liší (studovány byly rozdílné sekvence mtDNA), avšak ze všech je zřejmé, že genetická rozmanitost je největší mezi jedinci mající subsaharský africký původ

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Velmi podobné výsledky byly získány také studiem **mikrosatelitních sekvencí jaderné DNA**

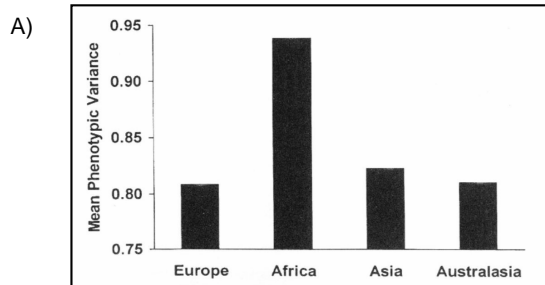
Obrázek ukazuje opět výsledky čtyř studií, studovány byly regionální rozdíly na základě heterozygotnosti v 8-60 mikrosatelitních sekvencích



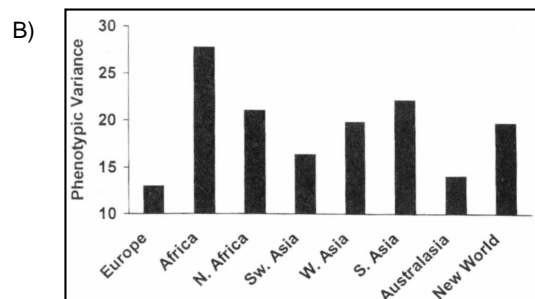
- ve všech případech je opět heterozygotnost nejvyšší v afrických populacích

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Největší rozmanitost v afrických populacích byla sledována také u kvantitativních znaků - měření lebky – A), barva kůže – B)



Morfologie lebky



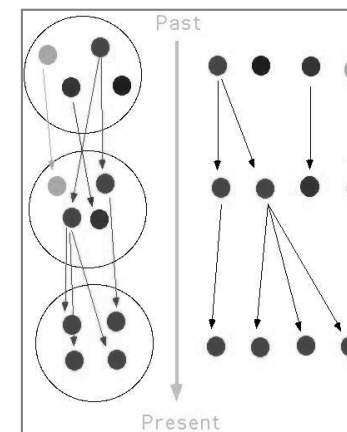
Barva kůže

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Co lze z genetické rozmanitosti zjistit

• budeme-li uvažovat 2 populace s rozdílnou genetickou rozmanitostí, pak tento rozdíl může být způsoben:

- 1) rozdílným **stářím populace** (dobou po kterou působí evoluční síly)
- 2) rozdílnou **velikostí populace**



Genetická rozmanitost uvnitř populací

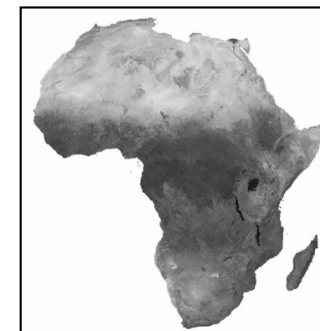
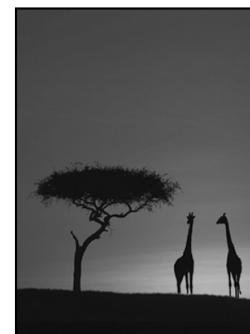
- 1) Jak měříme genetickou rozmanitost
- 2) Geografická distribuce genetické rozmanitosti
- 3) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce
 - důsledek stáří populace
 - důsledek velikosti populace
- 4) Kolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce

A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší
v souladu s modelem nahrazení

B) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože tyto populace byly větší
(„genetický podpis demografické historie těchto populací“)
v souladu jak s modelem nahrazení, tak i s multiregionálním modelem

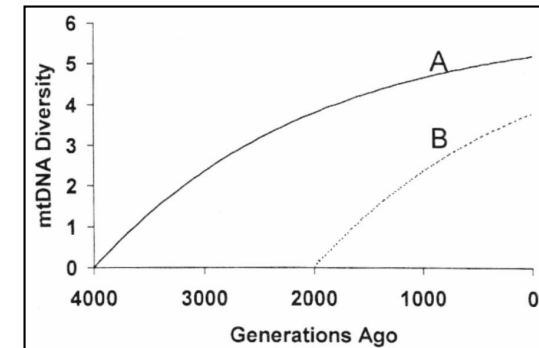
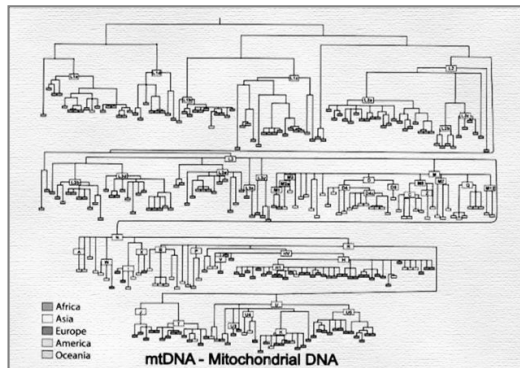


A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší

A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší

- Cann *et al.* (1987) – **vyšší rozmanitost** mtDNA v afrických populacích je výsledkem jejich **většího stáří** – za delší dobu mohou nashromáždit více mutací
- **africké populace** jsou tedy **nejstarší** (mají nejvyšší rozmanitost)

- vztah mezi rozmanitostí a stářím populace ukazuje simulace na obrázku
 - evoluce rozmanitosti mtDNA uvnitř dvou hypotetických populací A a B
 - každou populaci tvoří 2 000 žen a velikost zůstává po celou dobu konstantní
 - populace A je stará 4 000 generací a populace B 2 000 generací



- vzhledem k tomu, že velikost populací je stejná, lze předpokládat, že nakonec dosáhnou v budoucnu stejné hladiny rozmanitosti (dospějí do rovnováhy)
- obrázek však ukazuje období 4 000 generací, kdy vidíme, že **populace B vykazuje zatím ještě menší rozmanitost, protože není tak stará**

A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší

Důležitý předpoklad

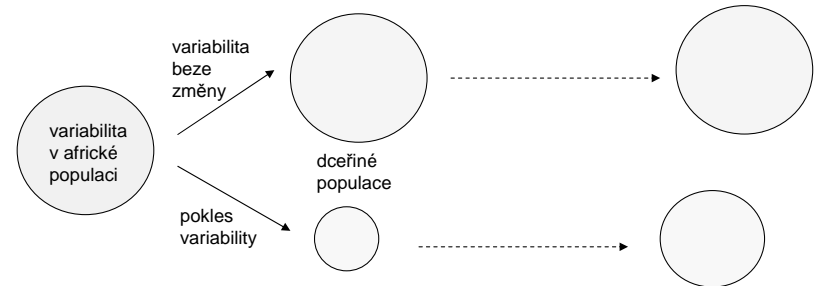
Lze tedy konstatovat, že:

- u dceřiných populací musí dojít ke **změně (poklesu) rozmanitosti**
- pokud by tento „reset“ (přenastavení) rozmanitosti neproběhl
 - pak bude mít současná dceřiná populace stejnou rozmanitost jako mateřská
 - a nelze dělat závěry a předpoklady o stáří populace

Moderní člověk vznikl nejdříve v Africe a teprve později se rozdělil na africkou a neafrickou linii

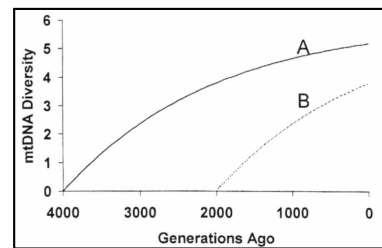
V souladu s modelem nahrazení

- náš druh vzniknul v Africe, později se od této populace oddělily **dceřiné populace**, které opustily Afriku



Avšak **pouze za předpokladu**, že by byla rozmanitost v dceřiných populacích:

- **stejná** (jak ukazuje simulace)
- **nebo menší** než u populace rodičovské

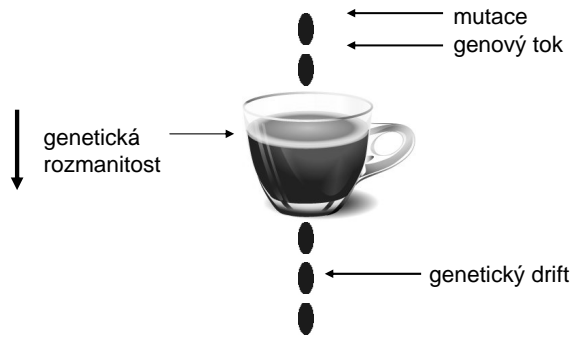


Existuje reálná možnost, **jak může být rozmanitost v dceřiných populacích snížena?**

- odpověď je v populační velikosti a z ní vyplývajícím genovém posunu
- zde vidíme propojení s druhou zmíněnou hypotézou o velikosti populace

Zopakujme si

- klasický **evoluční předpoklad speciace je**, že nové dceřiné populace jsou menší než populace mateřská
- v těchto malých populacích tak působí **genový posun rychleji** a snižuje rozmanitost až do chvíle, kdy je dosaženo nové rovnováhy
- představme si tento proces opět pomocí děravého šálku – síly zvyšující rozmanitost zůstávají stejné (množství tekutiny tekoucí do šálku), avšak otvor na dně šálku se zvětší a tím **dochází k poklesu rozmanitosti**



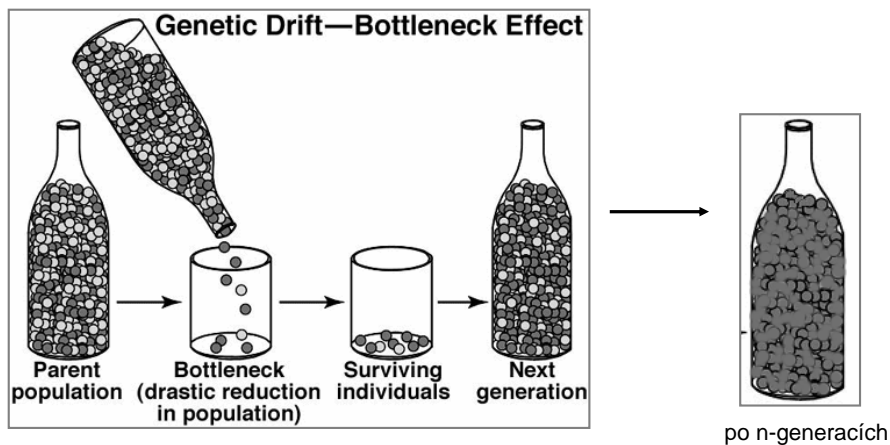
- taková velká změna ve velikosti populace se nazývá „**bottleneckem**“ (populace projde hrdlem lahve – její velikost se výrazně zmenší), což zvýší projevy genového posunu

Bottleneck x efekt zakladatele

- pro proces genového posunu existují dvě označení – lze se na ně dívat jako na dva různě probíhající procesy (avšak se stejným výsledkem)
 - změní-li se velikost populace prudce a významně – **bottleneck** – menší variabilita je důsledkem tohoto poklesu (např. v důsledku rozsáhlé přírodní katastrofy)
 - je-li populace malá již od počátku (např. se oddělí od populace větší) – působením genetického driftu dochází k poklesu variability – **efekt zakladatele**
- nicméně i zakladatelská populace tak prochází „hrdlem lahve“ = jsou to ekvivalentní označení = **budeme používat** častější termín „**bottleneck**“

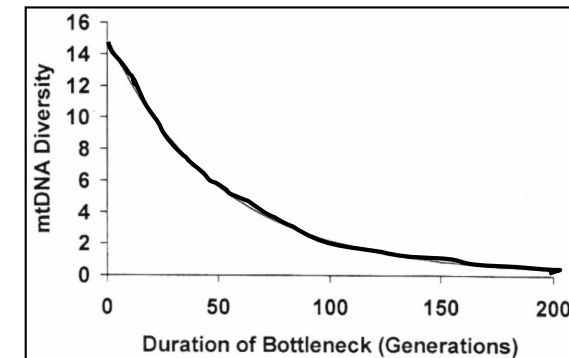
Zopakujme si

- pokles variability** je způsoben nenáhodností v přenosu gamet do další generace



Obrázek ukazuje, co se stane při bottlenecku s rozmanitostí mtDNA

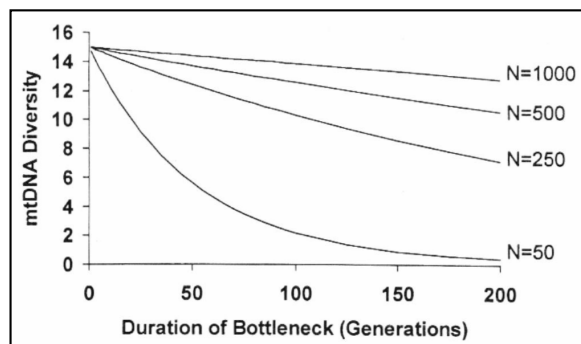
- začínáme s mateřskou populací o velikosti 5 000 žen, následně nastane oddělení dceřiné populace o 50 ženách



- graf ukazuje vývoj rozmanitosti u této dceřiné populace po tomto počátečním bottlenecku - rozmanitost klesá až do dosažení nové rovnovážné hodnoty pro danou velikost populace
- v této populaci působí při bottlenecku na pokles rozmanitosti dva klíčové faktory
 - velikost** genového posunu, **bottlenecku**
 - doba po kterou bottleneck trvá**

Genetická rozmanitost uvnitř populací

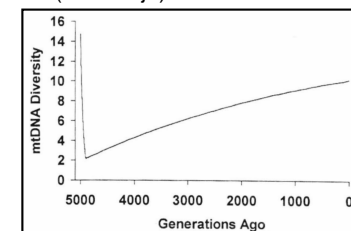
- vliv obou těchto faktorů je znázorněn na obrázku – zde jsou zachyceny čtyři různé dceřiné populace s rozdílnou velikostí



- velikost bottlenecku je zřejmá – v menších populacích nastává rychlejší pokles rozmanitosti
- vliv doby trvání bottlenecku – déle trvající bottleneck (čím je populace menší, tím déle trvá) způsobuje větší pokles rozmanitosti

Genetická rozmanitost uvnitř populací

- aby bylo dosaženo pozorovaného rozdílu v rozmanitosti mezi africkými a neafrickými populacemi, musíme uvažovat, že **dceřiné populace, které opustily Afriku, musely projít velmi drastickým a dostatečně dlouho trvajícím bottleneckem**
- navíc je to však ještě celé **komplikováno postupně rostoucí velikostí** těchto dceřiných populací v dalších generacích, která účinek bottlenecku mění (zmenšuje)

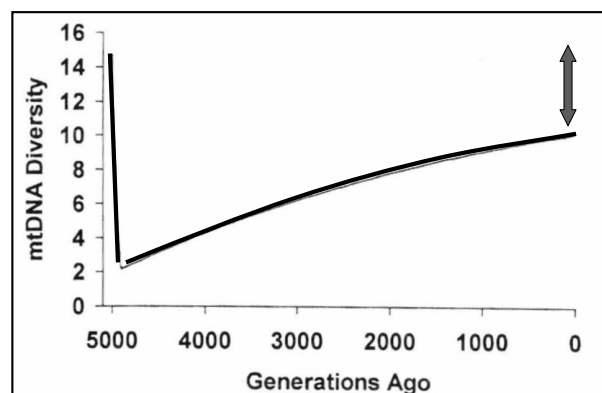


Celou situaci si můžeme představit na následující simulaci

- bottleneck nastane před 5 000 generacemi, kdy se oddělí dceřiná populace o velikosti 50 žen od mateřské populace (5 000 žen)
- budeme uvažovat, že po dobu 100 generací zůstane velikost populace kolem 50 žen
- po 100 generacích necháme velikost populace náhle narůst na 5 000 žen (po dobu 4 900 generací bude již velikost populace 5 000 žen)

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Na obrázku je celý proces ukázán pro mtDNA

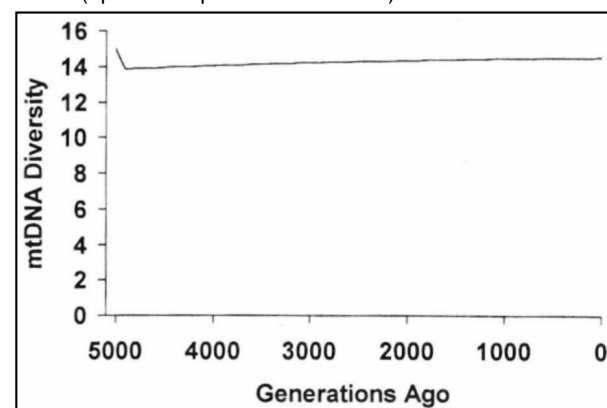


- bottleneck na začátku způsobí velmi rychle obrovský pokles rozmanitosti mtDNA
- jakmile velikost populace vzroste zpátky na 5 000 žen, pokles rozmanitosti se zastaví a naopak rozmanitost začne růst
- nárůst rozmanitosti po proběhnutém bottlenecku je však velmi pomalý (zůstává stopa po bottlenecku)

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Další obrázek ukazuje simulaci, která **více odpovídá pozorováním africké a neafrické rozmanitosti**

- simulace je zcela analogická s předchozí, avšak velikost dceřiné populace je větší, má 1 000 žen (oproti 50 v předchozí simulaci)



- pokles velikosti populace vede k patrnému poklesu rozmanitosti, avšak tento pokles není tak velký, protože dceřiná populace je větší než v předchozím případě – síla driftu, bottlenecku není tak velká
- = rozdíl v rozmanitosti mezi mateřskou a dceřinou populací je pak minimální

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Z uvedených simulací tedy vyplývá, že bottleneck vede k významnému poklesu rozmanitosti jen za následujících podmínek:

- 1) velikost bottlenecku je **velká** (tedy dceřiná populace je velmi malá)
- 2) doba trvání bottlenecku je **dlouhá**
- 3) čas po skončení bottlenecku **není dostatečně dlouhý**, aby kompletně smazal vliv bottlenecku na rozmanitost

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Pozn. (aby byl zachován rozdíl mezi populacemi):

V tomto případě uvažujeme oddělení dceřiných populací **bez** následného **genového toku**:

- to je však možné pouze, pokud vzniká nový druh
- v našem případě musíme i po oddělení populací genový tok připustit – lidské populace jsou vysoce mobilní a migrace určitě probíhala

Při odhadu stáří populace z genetické rozmanitosti tak musíme zahrnout i předpoklad působení genového toku, který rozmanitost uvnitř populace zvyšuje.

- z údajů o velikosti populace našich předků (viz kapitola o velikosti populace našich předků) však víme, že populace byly celkem malé a zejména v Asii velmi roztroušené na to, aby probíhal genový tok (alespoň do období posledních 50 000 let)
- naopak v rámci afrických populací však genový tok probíhal a mohl rozmanitost navyšovat = = další nárůst genetické rozmanitosti uvnitř afrických populací

Genetická rozmanitost uvnitř populací

Závěr:

Větší genetická rozmanitost uvnitř afrických populací může být způsobena:

- jejich **větším stářím** (*nashromáždily více mutací*)
- **významným a dlouhotrvajícím bottleneckem** u neafrických populacích, které se od afrických populací oddělily (*snížení jejich rozmanitosti*)
- a za předpokladu **regionální izolace populací** (*nedošlo k vyrovnání rozmanitosti genovým tokem*)



Out of Africa

Názor druhé skupiny vědců

Regionální rozdíly v rozmanitosti jsou odrazem regionálních rozdílů ve velikosti populace (vlivem genového posunu)

Genetická rozmanitost uvnitř populací

1) Jak měříme genetickou rozmanitost

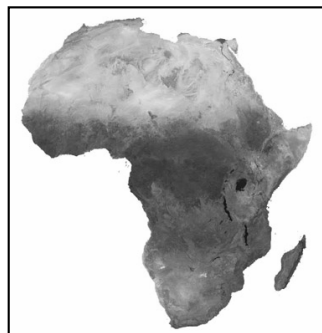
2) Geografická distribuce genetické rozmanitosti

3) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce
- důsledek stáří populace
- důsledek velikosti populace

4) Kolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

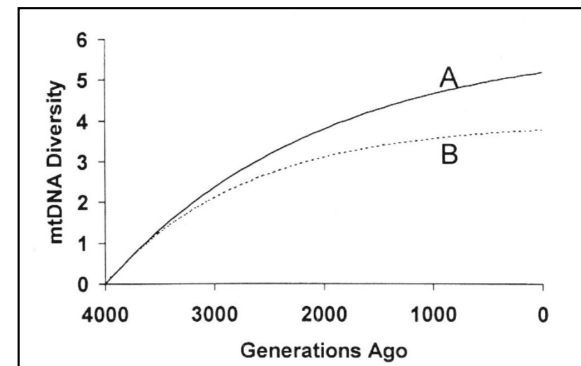
4) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce

B) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože tyto populace byly větší („genetický podpis demografické historie těchto populací“) v souladu jak s modelem nahrazení, tak i s multiregionálním modelem



2) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože tyto populace byly větší aneb regionální variabilita ve velikosti populace

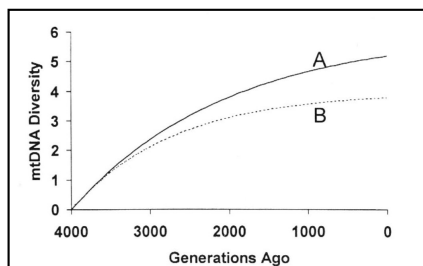
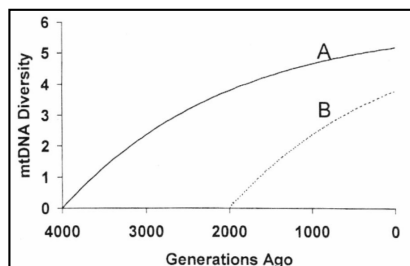
- větší populace vykazují větší úroveň genetické rozmanitosti než populace menší
 - obrázek ukazuje rozmanitost mtDNA
 - 2 populace (A a B) jsou stejně staré 4 000 generací
 - liší se však velikostí – populace A = 2 000 žen, B = 1 330 žen



- v obou populacích vidíme nárůst genetické rozmanitosti, avšak v populaci B roste pomaleji, protože je menší (působí silnější genový posun, bottleneck)

2) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože tyto populace byly větší aneb regionální variabilita ve velikosti populace

A) • porovnáme-li tento výsledek se stejnou předchozí simulací (viz stáří populace) – vidíme jasný **problém**, který souvisí s odhadem populační historie na základě úrovně rozmanitosti současných populací



- oba tyto jednoduché experimenty vedou ke stejnému výsledku – po 4 000 generacích je úroveň rozmanitosti populace A 5,2 a B 3,8
- avšak příčina je odlišná - rozdíl je dán stářím populace – A je starší, a proto rozmanitější
 - rozdíl je dán odlišnou velikostí populace – populace A je větší, a proto rozmanitější (obrázek 2)

- navíc problém je, že při popisu historie populací neznáme ani úroveň rozmanitosti v minulosti – při simulaci vycházíme z předpokladu, že byla na počátku nulová
- = můžeme tedy říct, že v současnosti je populace A rozmanitější, avšak nevíme, zda-li tento rozdíl k populaci B je dán jejím stářím nebo velikostí
- = musíme vzít v úvahu možnou pravděpodobnost obou modelů (příčin)

Závěr 1:
 Úroveň rozmanitosti současných populací může být jak důsledkem stáří, tak i odlišné velikosti populace.

⇓
 ⇓
 Out of Africa

⇓
 Multiregionální model

B)

- vycházíme-li z předpokladu, že regionální rozdíly v rozmanitosti jsou způsobeny rozdíly v populační velikosti
- pak by měl být platný předpoklad, že:

Africká populace je největší, protože má nejvyšší úroveň genetické rozmanitosti

- pokud se však podíváme na současné populace zjistíme, že největší je populace asijská (přes 3,6 miliardy lidí) a až teprve na druhém místě Africká (771 milionů, z toho 630 žije v subsaharské Africe) a na třetím místě je Evropa s 728 miliony obyvatel
- z toho by vyplývalo, že větší rozmanitost by měla být v Asii než Africe
- nesoulad je způsoben tím, že měříme velikost současných populací – tato však vůbec nemusí odpovídat tomu, co bylo v minulosti

Závěr 2:
Velikost současných populací neodráží velikost těchto populací v minulosti.

C)

Velikost populací byla v minulosti ovlivněna rychlými změnami

- např. změny ve velikosti populací s nástupem a rozšířením zemědělství (posledních 12 000 let)
- v dávnějších dobách – člověk lovec a sběrač – populace byly mnohem menší než v současnosti

Závěr 3:
Při úvahách o velikosti a regionální distribuci populací v minulosti nelze vycházet z velikosti a distribuce současných populací.

D)

Velikost populace souvisí s velikostí kontinentu

- Afrika (12 milionů km²) je menší než Asie (17 milionů km²) – Asie v současnosti má opravdu největší populaci a z uvedeného lze předpokládat, že to tak bylo i v minulosti
 - avšak musíme uvážit, zda-li to tak bylo i v době sběračsko-loveckých populací – víme například, že Evropa a Asie nebyly v době svrchního Paleolitu zcela osídleny (střídání dob ledových) – Afrika byla osídlena z 90 %, avšak Eurasie pouze ze 40 %
- = kontinentální velikost Asie vzhledem k osídlení je tedy mnohem menší než u Afriky

Závěr 4:
Afrika byla v minulosti největším kontinentem vzhledem k hustotě osídlení.

E)

Hustota osídlení je vyšší v subsaharské Africe než kdekoli jinde ve Starém Světě

- přestože je hustota osídlení lovecko-sběračskou populací nízká, je tato velmi variabilní podle podmínek (Hassan, 1981)
 - hustota osídlení je od 0,01 osob na km² (arktické oblasti) až po 0,43 osob na km² (v subtropických oblastech)
- na základě dostupnosti potravy lze spočítat, že společenstvo obývá radius 10 km, tj. asi 314 km²
- tedy počet obyvatel je v takovém místě od 3 (arktické oblasti) do 136 (subtropické savany, typické prostředí pro většinu Afriky)

Závěr 5:
V Africe žilo v době lovecko-sběračských populací víc lidí než kdekoli jinde na území Starého Světa.

F)

Podpora ekologickými a demografickými poznatky a údaji

- populace žijící v nestabilních oblastech střídajících se dob ledových byly častěji v pohybu a byly menší než ty ve stálých a příhodných podmínkách střední Afriky

Závěr 6:

Předpoklad o největší populaci v Africe se dramaticky změní až s nástupem zemědělství. Do té doby lze považovat za platný vztah mezi genetickou rozmanitostí a velikostí populace – uvnitř africké populace je proto rozmanitost největší.

Genetická rozmanitost uvnitř populací

1) Jak měříme genetickou rozmanitost

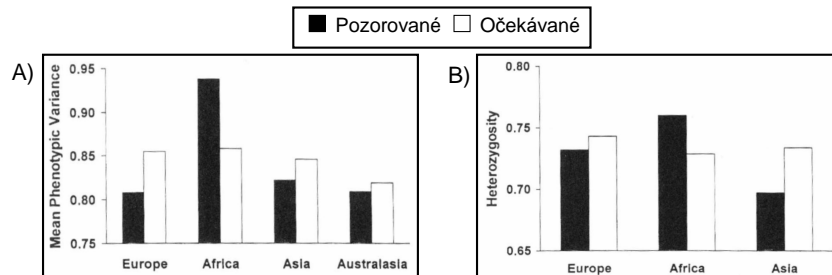
2) Geografická distribuce genetické rozmanitosti

- 3) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce
- důsledek stáří populace
 - důsledek velikosti populace

4) Kolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

Genetická rozmanitost uvnitř populacíKolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

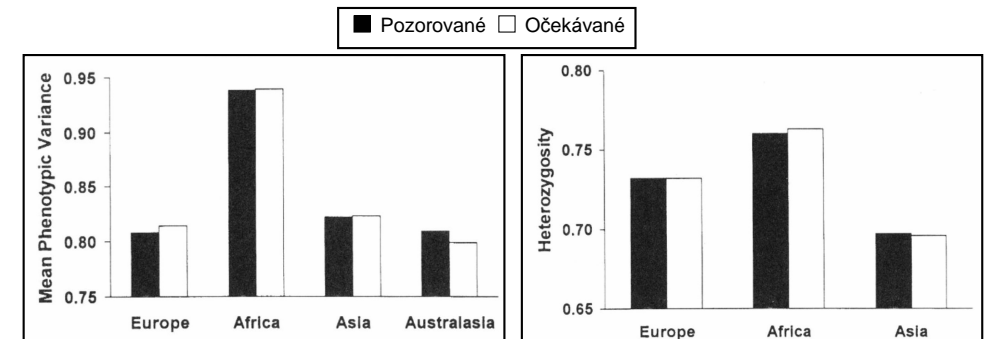
- využijeme k tomu měření heterozygotnosti
- na základě idealizovaného modelu očekáváme, že **pokud je velikost populací v různých geografických regionech přibližně stejná**, pak bychom měli sledovat shodu mezi očekávanou a pozorovanou heterozygotností (rozmanitostí)
- Relethford a Harpending (1994) vypočítali heterozygotnost pro craniometrické údaje (A), později Relethford a Jorde (1999) totéž pro 60 mikrosatelitních sekvencí (B)
- zjistili, že subsaharský vzorek vykazuje větší variabilitu než bychom očekávali



- tento **rozdíl** v předpokladech je tedy **způsoben regionální variabilitou populační velikosti**

Genetická rozmanitost uvnitř populací

- pro craniometrické údaje spočítali, že vzájemný poměr velikosti populací Afriky, Asie, Evropy a Austrálie je 0,5 : 0,167 : 0,167 : 0,167
- a pro mikrosatelity Afrika 0,73 : Asie 0,09 : Evropa 0,18
- pokud do výpočtů zahrnuli tyto vypočítané poměrné velikosti populací, získali pro pozorovanou a očekávanou variabilitu následující grafy



- pozorovaná a očekávaná rozmanitost se neliší = rozdíl z předchozích výpočtů je tedy způsoben odlišnou velikostí populace

Vyšší rozmanitost africké populace je možné vysvětlit regionální variabilitou populační velikosti, což je v souladu jak s modelem Afrického původu a nahrazení, tak i s modelem multiregionálním.

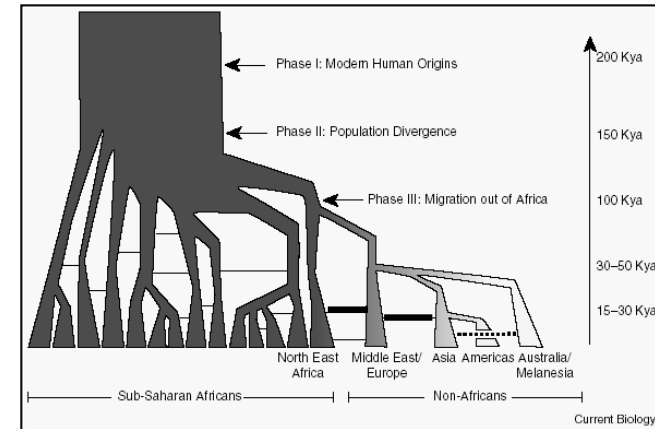
Shrnutí:

- větší genetická rozmanitost afrických populací (mtDNA) svědčí:
 - o **větším stáří africké populace** než populací mimo Afriku, což je v souladu s modelem o Africkém původu moderního člověka a následném nahrazení archaických populací ve zbytku světa
 - tento závěr o stáří africké populace však vyžaduje splnění některých důležitých předpokladů jako tvrdý a dlouhotrvající bottleneck s následnou regionální izolací
 - o tom, že **africká populace byla** v minulosti po dlouhou dobu mnohem **větší** než byly populace ve zbytku světa, což je v souladu s oběma modely původu moderního člověka
 - v tomto případě nepotřebujeme splňovat žádné předpoklady - regionální rozdíly v rozmanitosti lze jednoduše a prokazatelně vysvětlit pouze* regionálními rozdíly v populační velikosti
 - tyto závěry jsou podporovány demografickými i ekologickými vlivy prostředí
 - *vliv genového toku lze vyloučit na základě simulace z předchozího snímku

Campbell and Tishkoff (2008, 2010) platnost těchto závěrů potvrzují:

Shrnutí:

Campbell and Tishkoff (2008, 2010) **platnost těchto závěrů potvrzují:**



- tmavě modrá barva - genetická rozmanitost uvnitř populací – největší je v afrických populacích
- odvětvení - migrace doprovázené bottleneckem (zúžení) – zmenšení velikosti populace při migraci
- genový tok - horizontální spojení mezi populacemi
 - po většinu období probíhal pouze mezi africkými populacemi
 - mezi ostatními populacemi probíhal pravděpodobně nejdříve až před 30 až 15 000 lety až v době populační exploze (viz později)

Shrnutí:

- potvrzeny závěry o větší velikosti africké populace oproti populacím neafrickým

odhad efektivní velikosti populace:

	africká populace	mimoafrická populace
• Zhao <i>et al.</i> (2006) - 10 kb nekódující autozomální region	15 000	7 500
• Cox <i>et al.</i> (2008) - 20 různých 98 kb dlouhých sekvencí chromozomu X	2 300 až 9 000	300 až 3 300

- a předpoklady o zmenšení početnosti migrujících populací

odhad velikosti populací, které opustily Afriku:

- Liu *et al.* (2006) - jaderné mikrosatelitní sekvence
 - asi 1 000 mužů a žen (efektivní velikost)
- Garrigan *et al.* (2007) – sekvencování mtDNA, chromozomu Y a chromozomu X
 - asi 1 500 mužů a žen (efektivní velikost)

Závěr:

Stejně jako v případě datování společného předka pomocí analýzy mtDNA jsou i zde alternativní možnosti vysvětlení, které připouští oba modely původu moderního člověka.

Na základě genetické rozmanitosti uvnitř populací tedy nejsme schopni vybrat a podpořit jeden ze dvou možných modelů původu moderního člověka.

Out of Africa x Multiregionální model

Rozmanitost uvnitř populací

