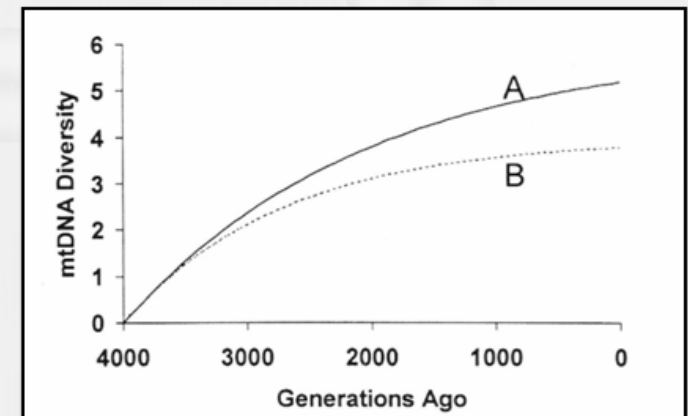
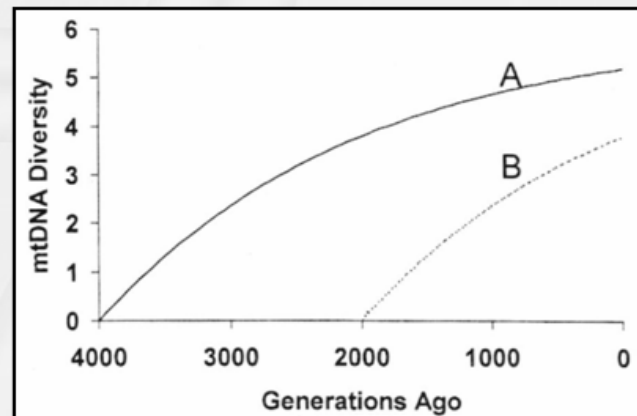
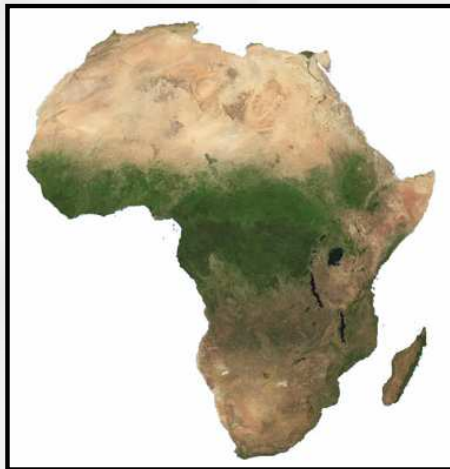
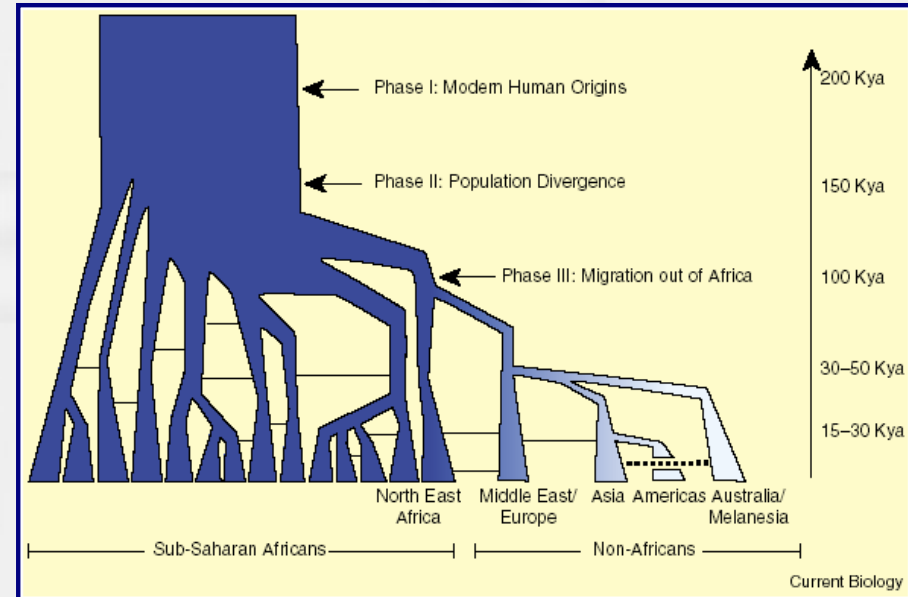
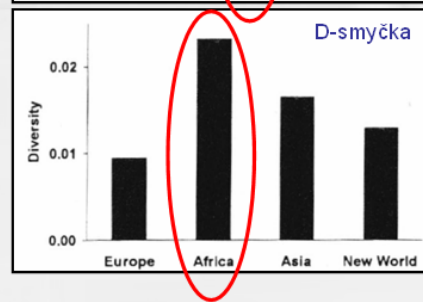
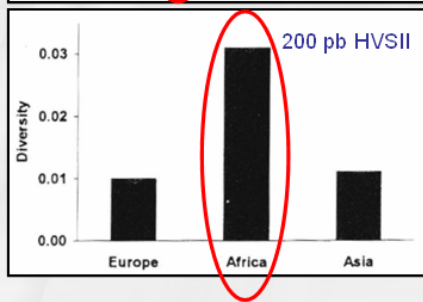
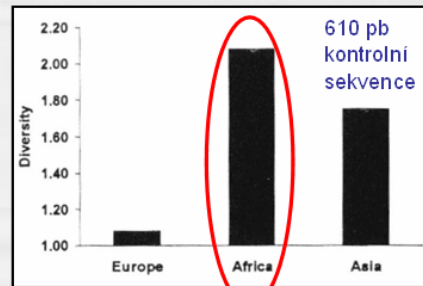
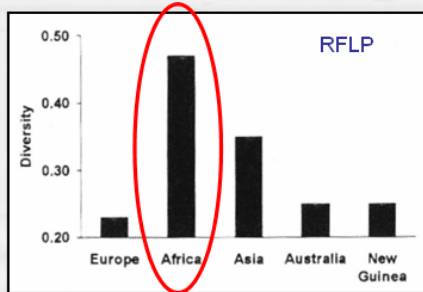


# Genetická rozmanitost uvnitř populací



# 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?

## 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:

$$1. \text{ populace} = 0,48 \qquad 2(0,6)(0,4)$$

$$2. \text{ populace} = 0,42 \qquad 2(0,7)(0,3)$$

- 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

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

	<u>1</u>	<u>2</u>	<u>3</u>	<u>4</u>	<u>5</u>	<u>6</u>	<u>7</u>	<u>8</u>	<u>9</u>										
sekvence1	A	A	C	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.**

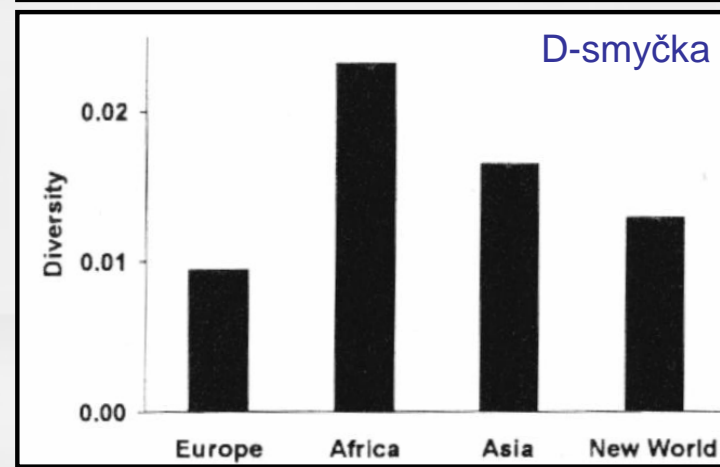
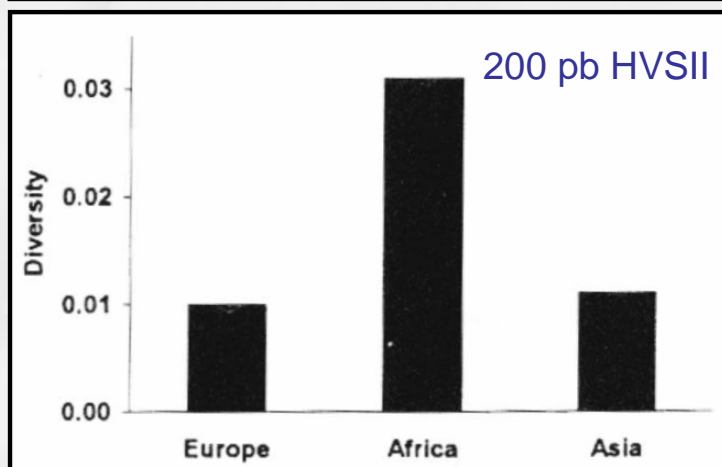
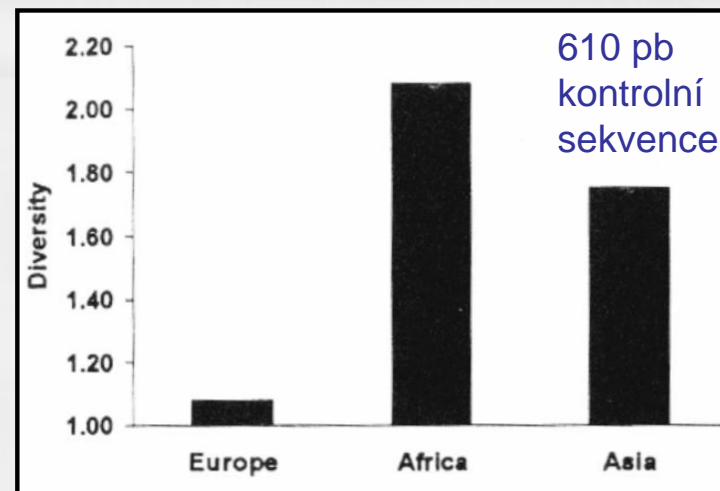
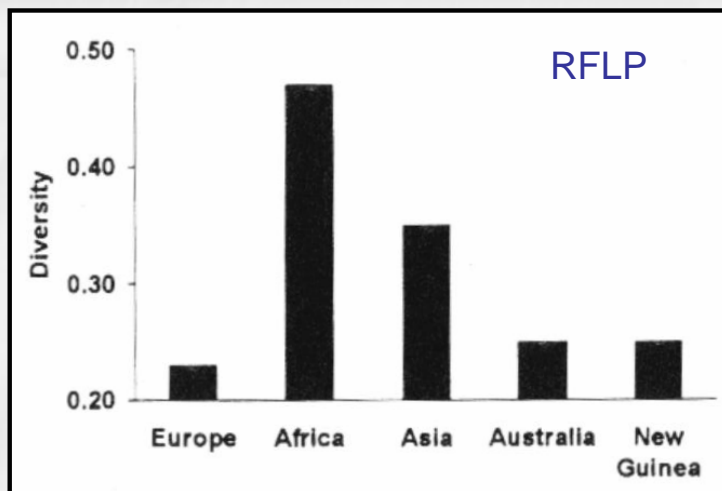
# Genetická rozmanitost uvnitř populací

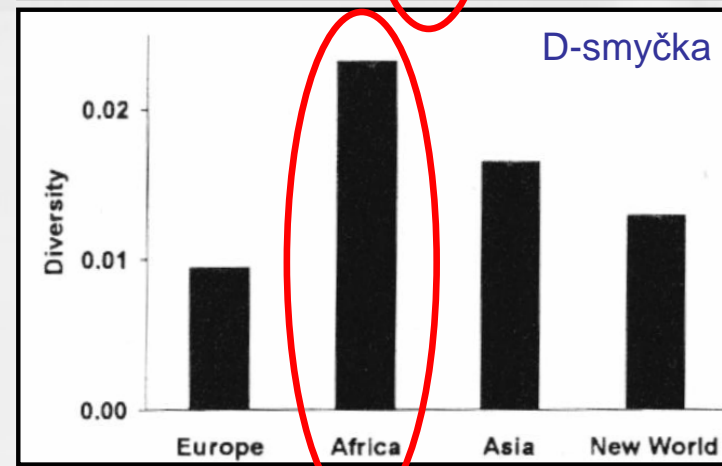
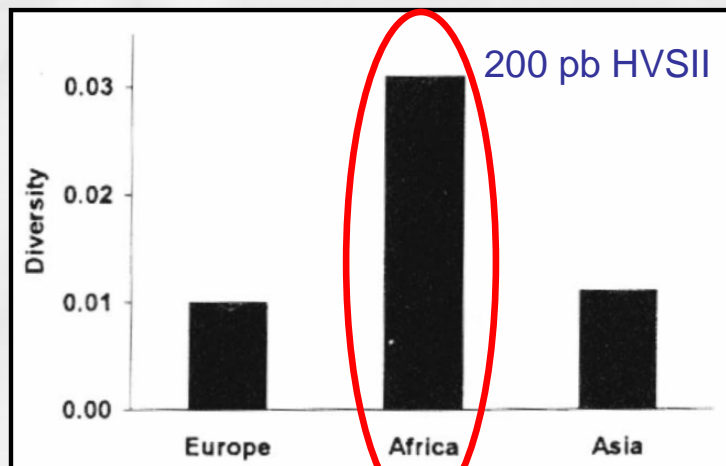
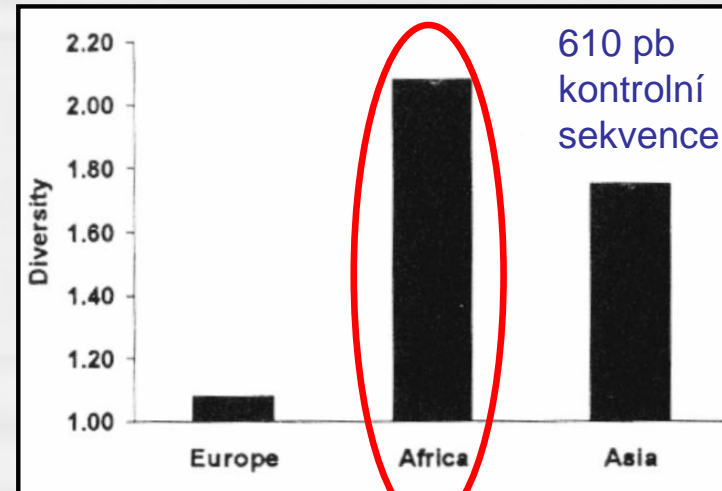
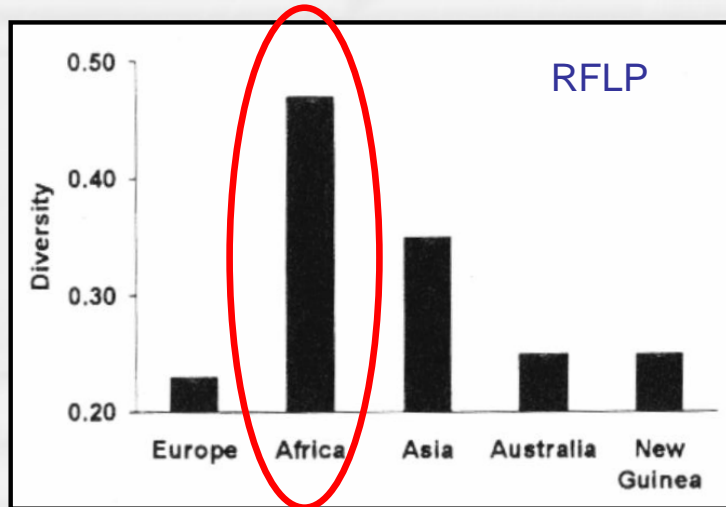
- 1) Jak měříme genetickou rozmanitost
- 2) Geografická distribuce genetické rozmanitosti
- 3) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce
  - důsledek stáří populace
  - důsledek velikosti populace
- 4) Kolikrát je tedy větší africká populace relativně k populacím ostatních kontinentů?

## 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

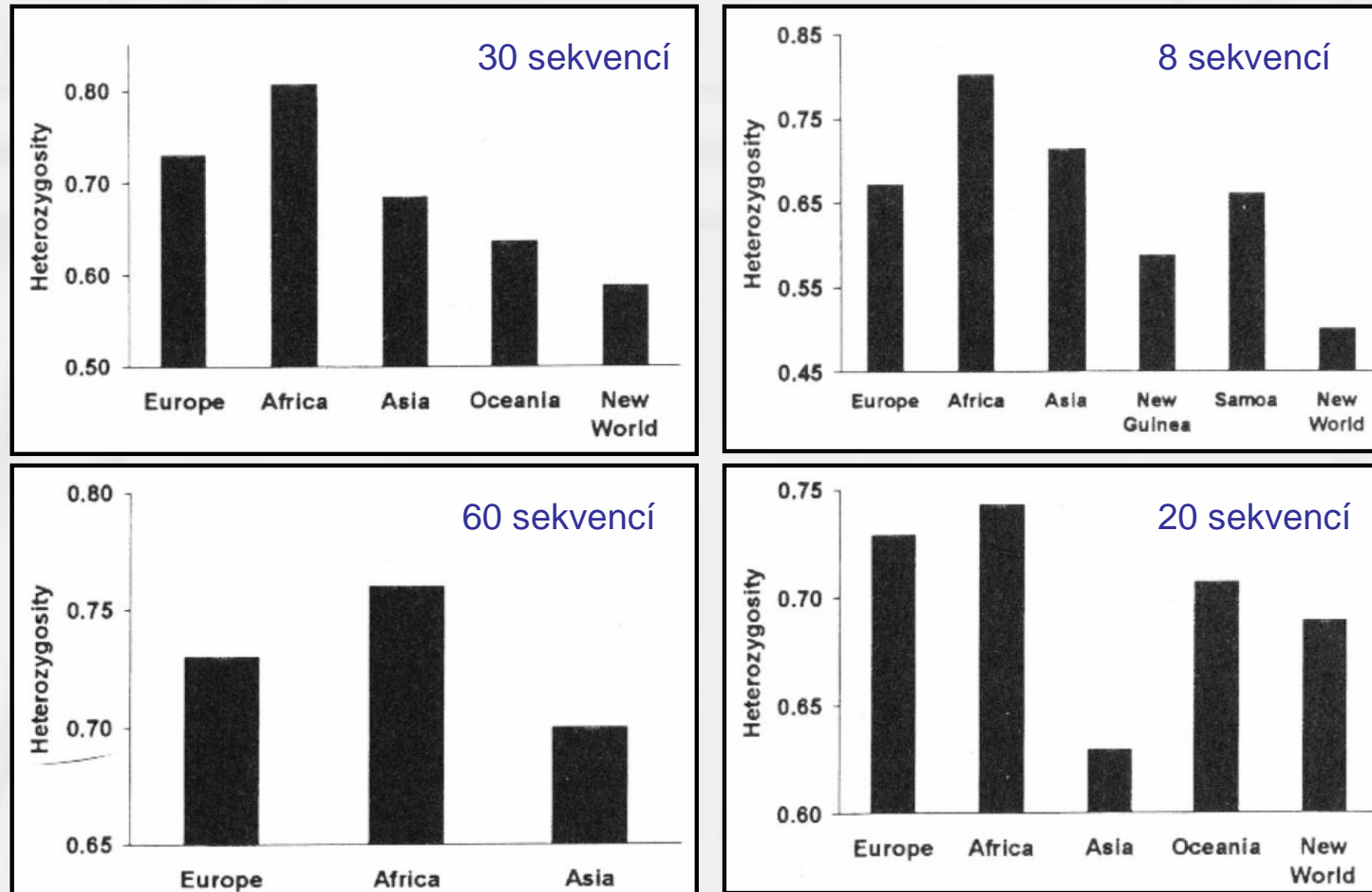




- jednotlivé studie se sice v detailech liší (studovány byly rozdílné sekvence mtDNA), avšak ze všech je zřejmé, že genetická rozmanitost je největší mezi jedinci mající subsaharský africký původ

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

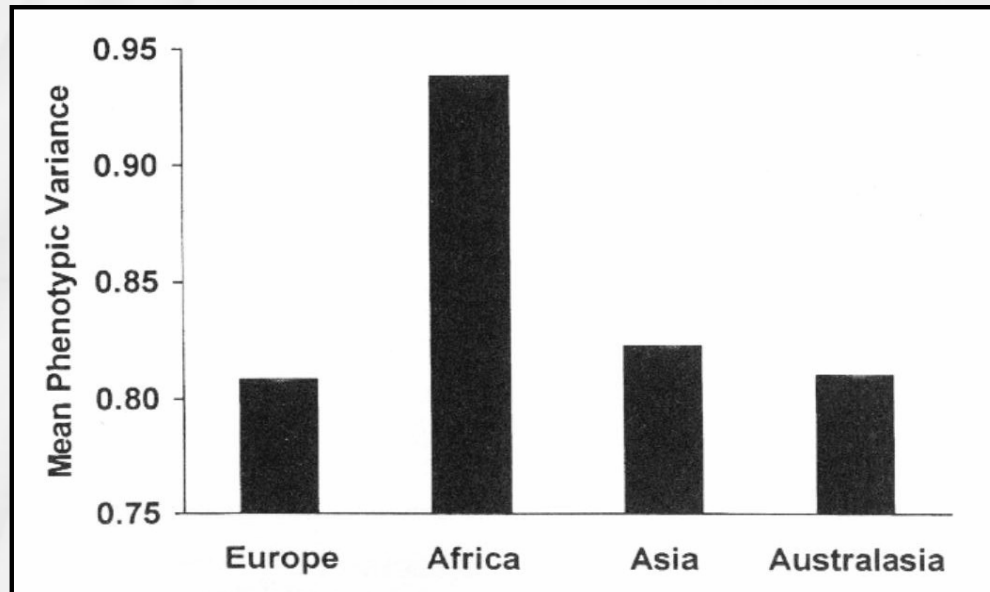


- ve všech případech je opět heterozygotnost nejvyšší v afrických populacích



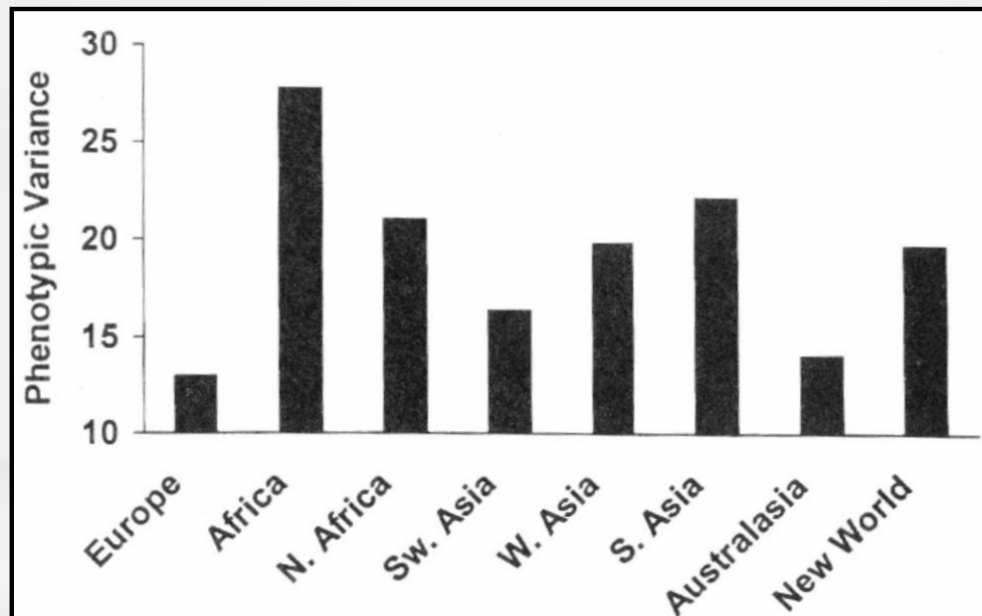
Největší rozmanitost v afrických populacích byla sledována také u kvantitativních znaků - měření lebky – A), barva kůže – B)

A)



Morfologie lebky

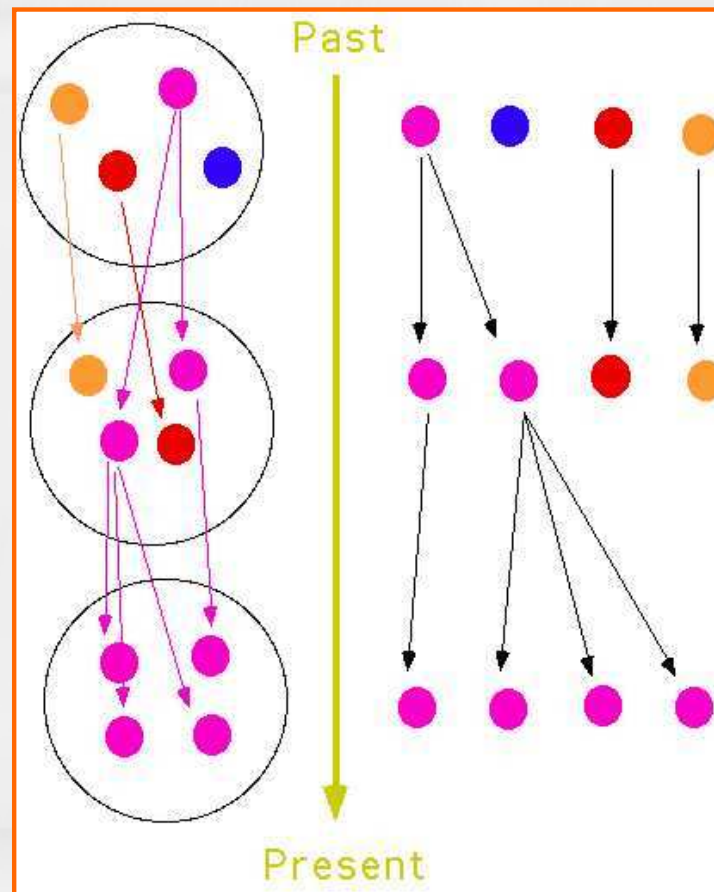
B)



Barva kůže

## Co lze z genetické rozmanitosti zjistit

- budeme-li uvažovat 2 populace s rozdílnou genetickou rozmaností, pak tento rozdíl může být způsoben:
  - 1) rozdílným **stářím populace** (dobou po kterou působí evoluční síly)
  - 2) rozdílnou **velikostí populace**



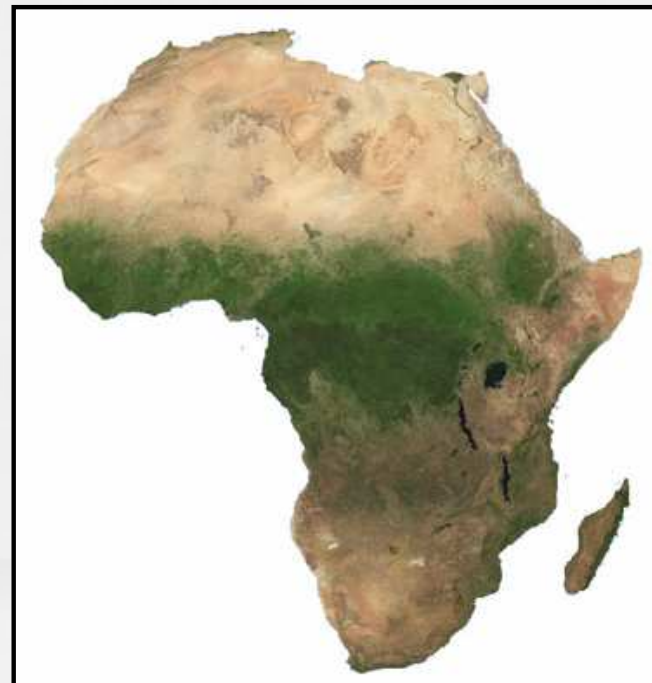
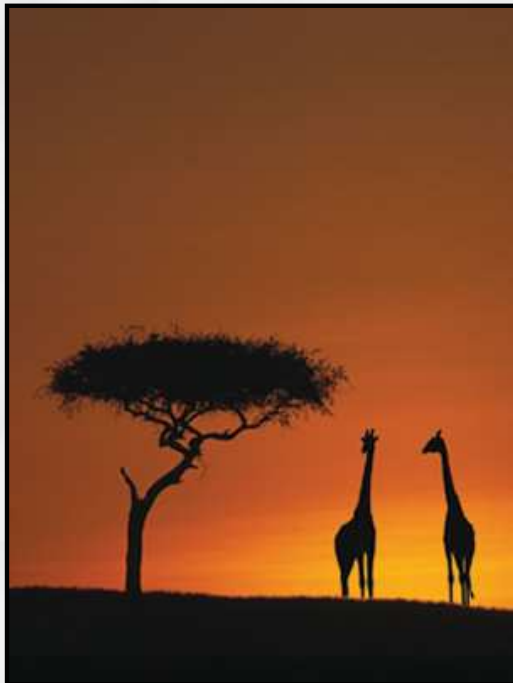
# Genetická rozmanitost uvnitř populací

- 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?

Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce

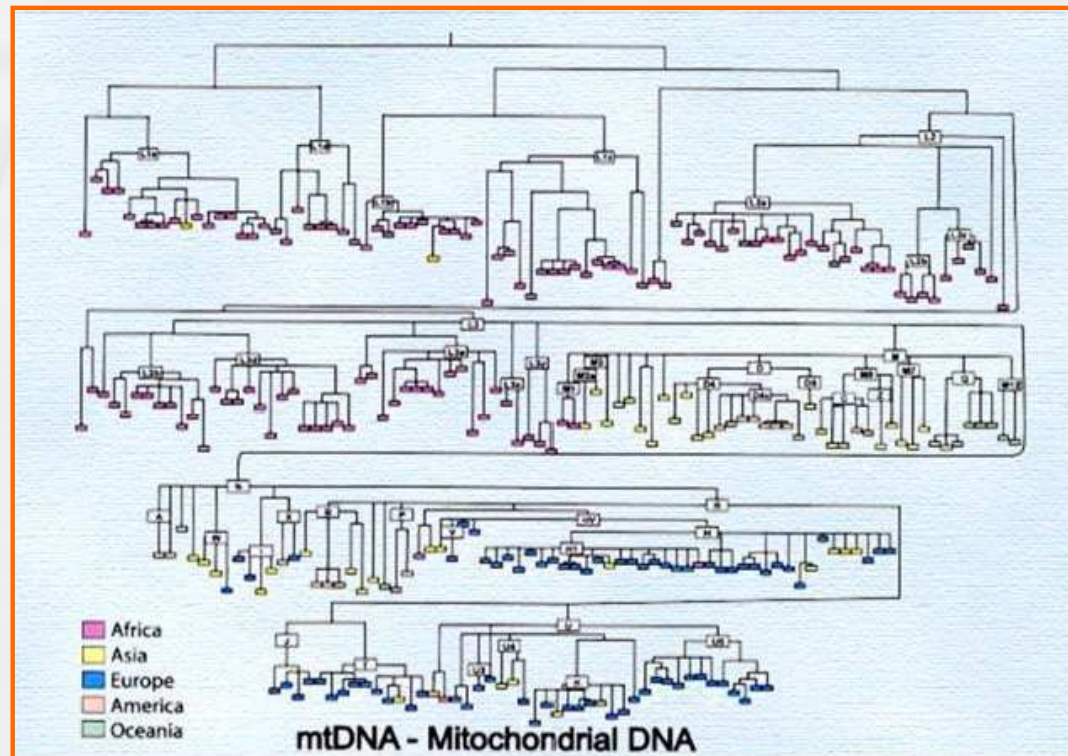
A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší  
v souladu s modelem nahrazení

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



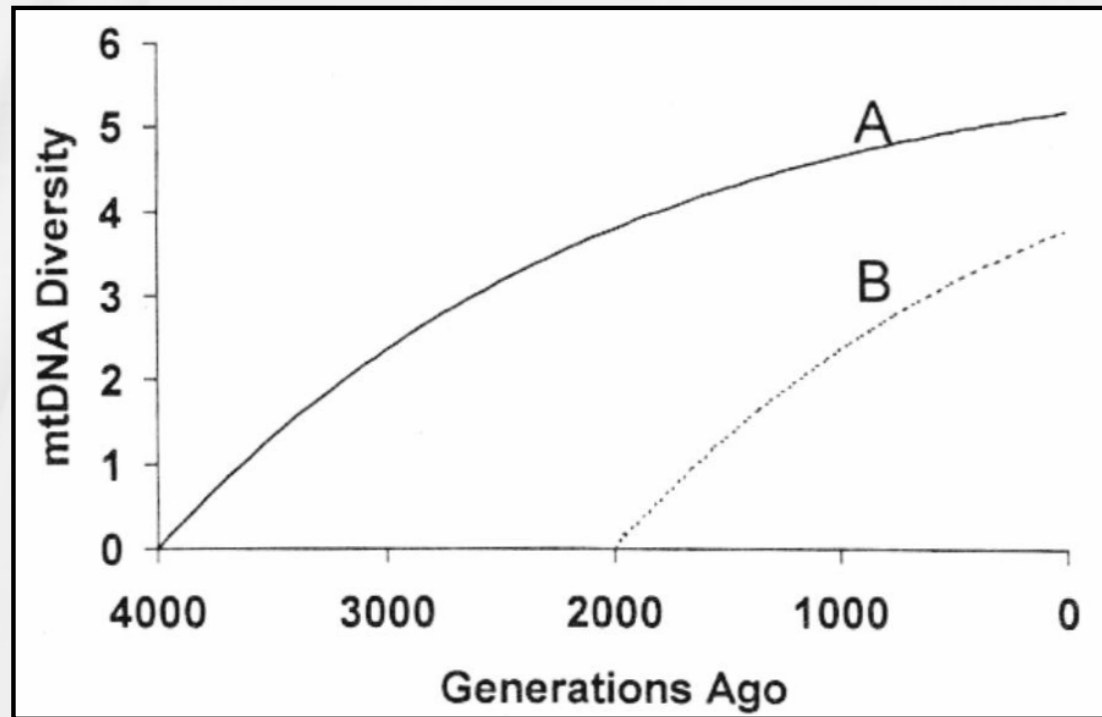
A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší

- 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)



A) Africké populace vykazují větší rozmanitost, protože jsou starší

- 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

Lze tedy konstatovat, že:

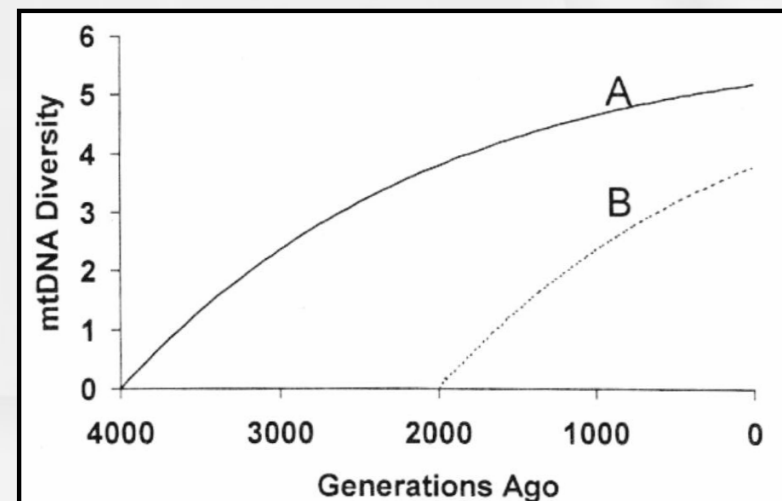
**Moderní člověk vzniknul nejdříve v Africe a teprve později se rozdělil na africkou a neafrickou linii**

V souladu s modelem nahrazení

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

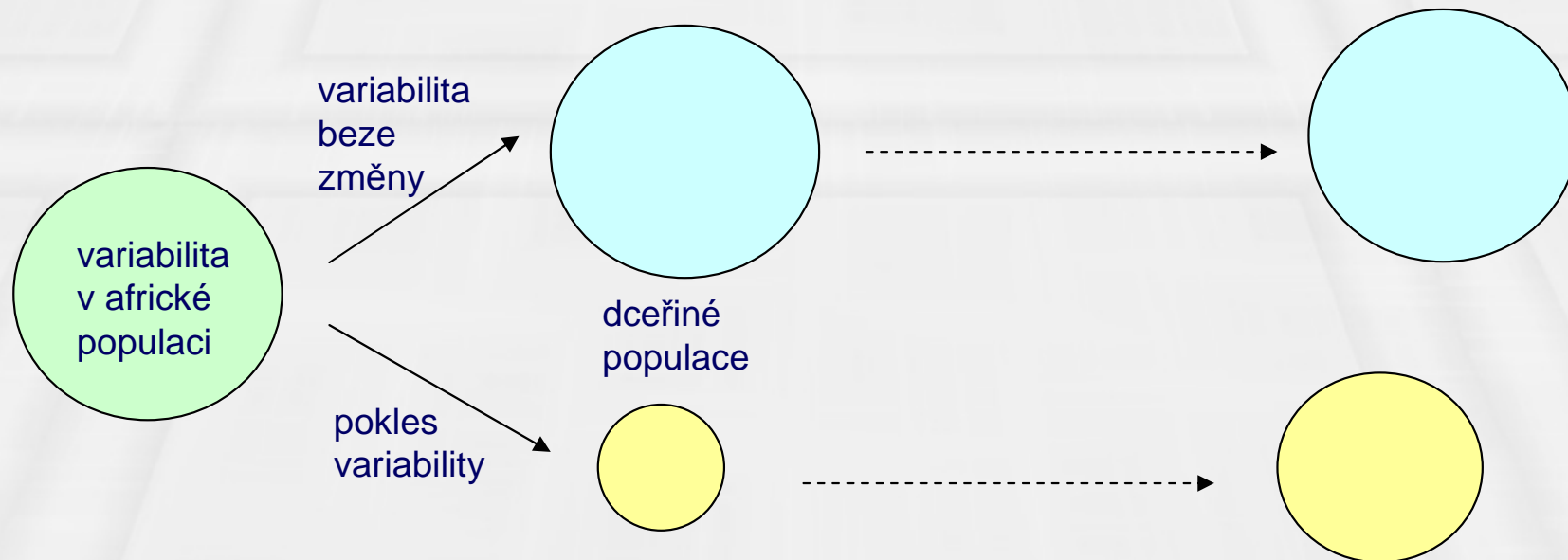
Avšak pouze za předpokladu, že by byla rozmanitost v **dceřiných populacích**:

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



## Důležitý předpoklad

- 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



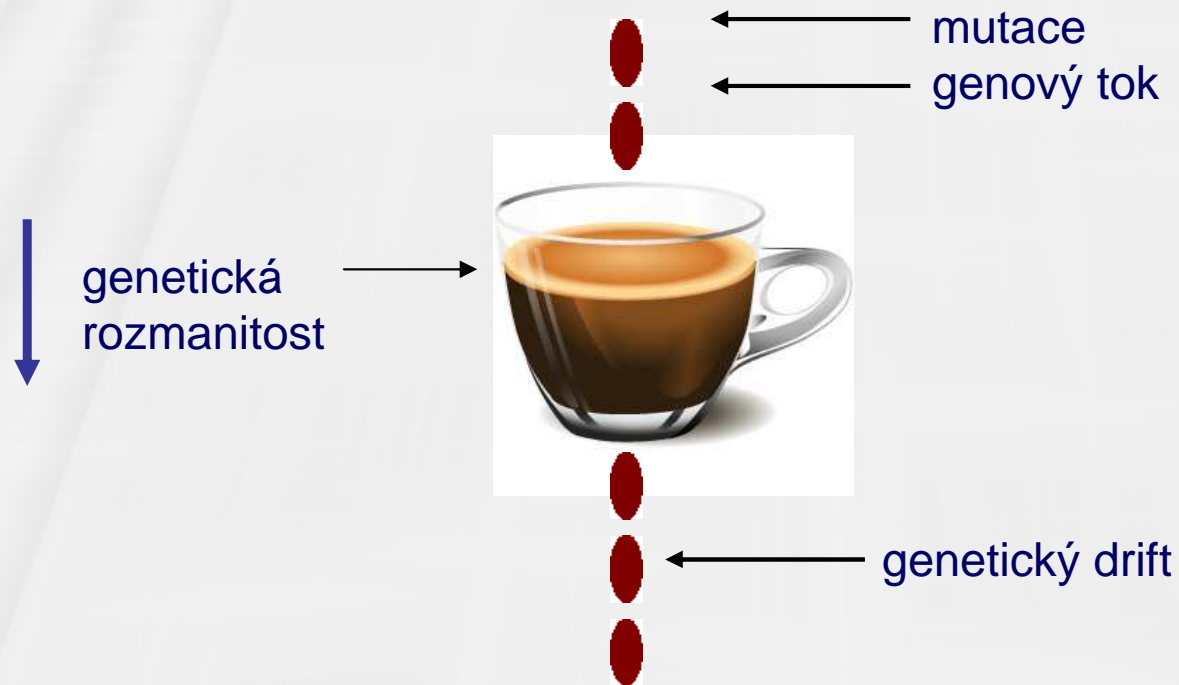
Existuje reálná možnost, **jak může být rozmanitost v dceřiných populacích snížena?**

- 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 dřevěného šálku – síly zvyšující rozmanitost zůstávají stejné (množství tekutiny tekoucí do šálku), avšak **otvor na dně šálku se zvětší a tím dochází k poklesu rozmanitosti**



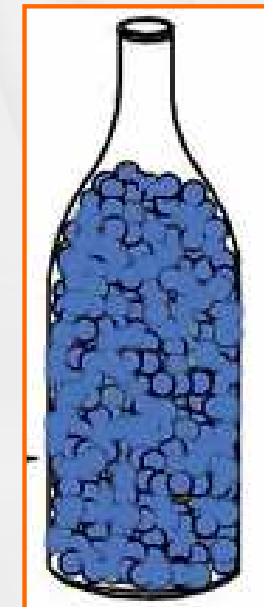
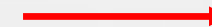
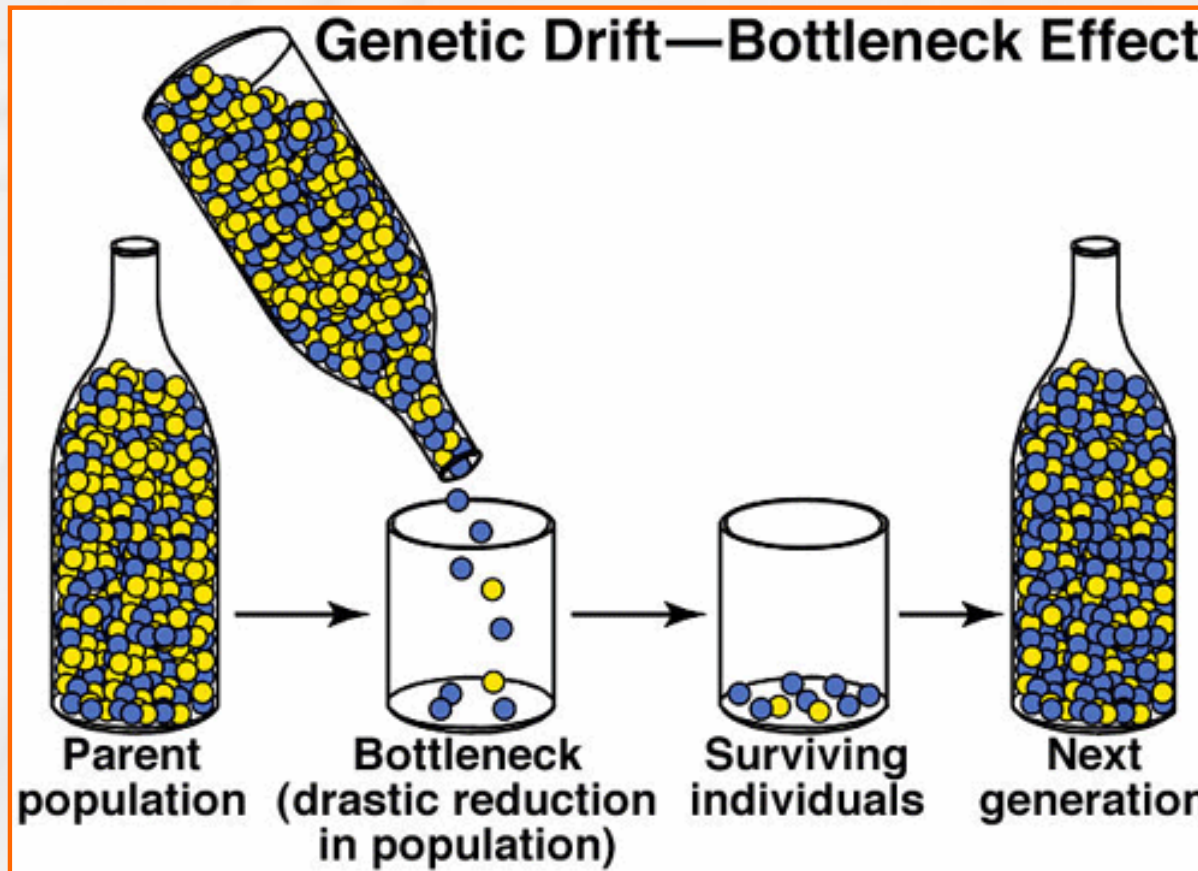
- taková **velká změna ve velikosti populace se nazývá „bottleneckem“** (populace projde hrdlem lahve – její velikost se výrazně zmenší), což **zvýší projevy genového posunu**

**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**

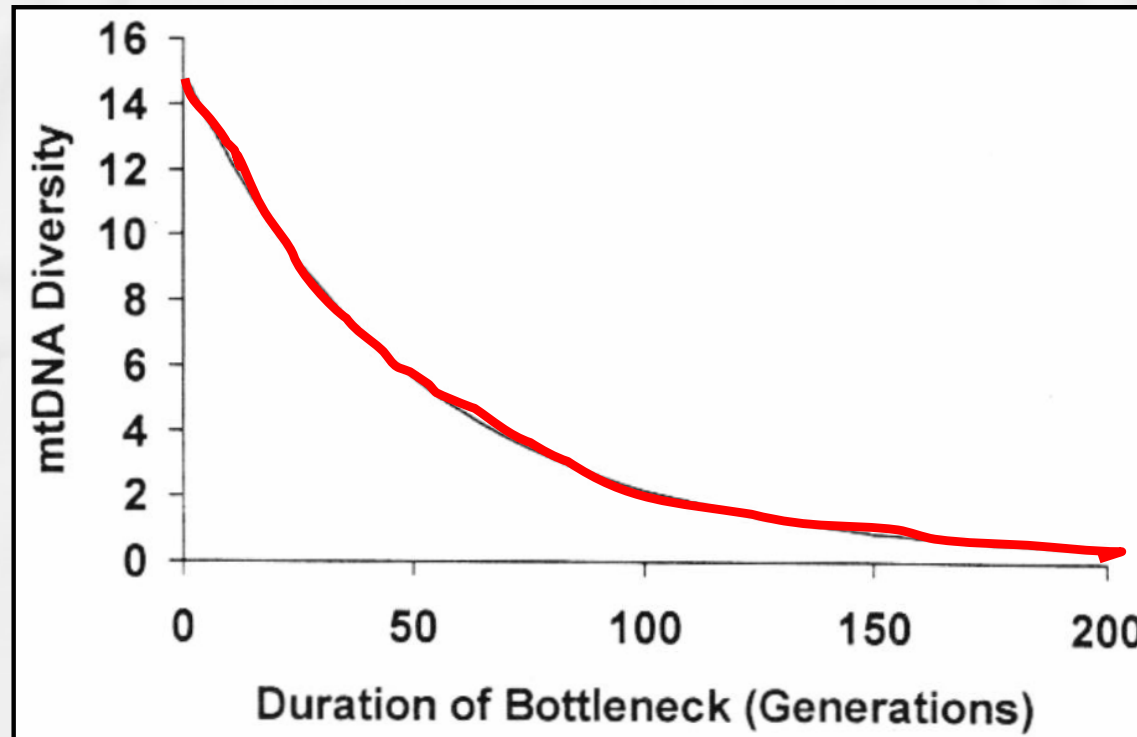
- **pokles variability** je způsoben nenáhodností v přenosu gamet do další generace



po n-generacích

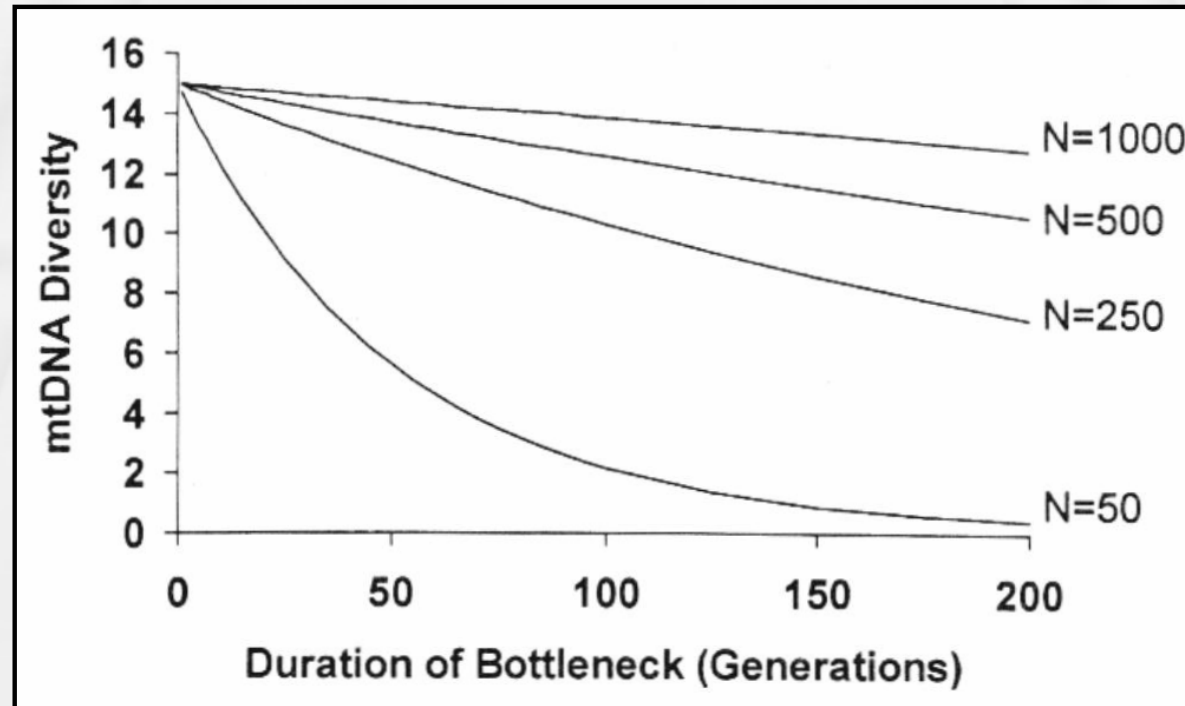
### Obrázek ukazuje, co se stane při bottlenecku s rozmanitostí mtDNA

- 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**
  - 1) **velikost** genového posunu, **bottlenecku**
  - 2) **doba po kterou bottleneck trvá**

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

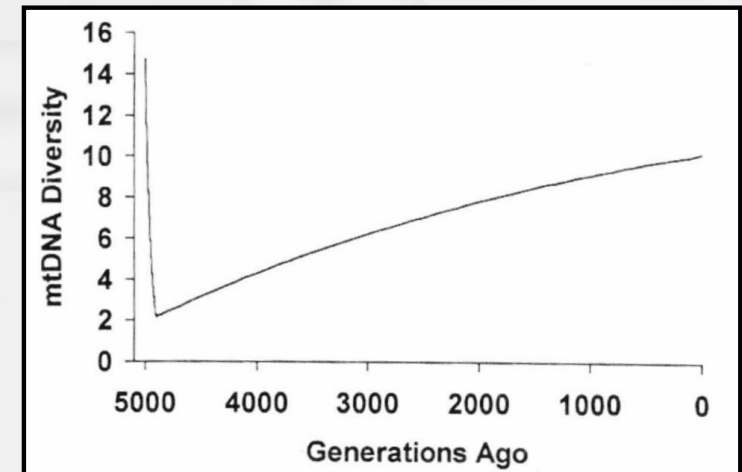


- velikost bottlenecku je zřejmá – v menších populacích nastává rychlejší pokles rozmanitosti
- vliv doby trvání bottlenecku – déle trvající bottleneck (čím je populace menší, tím déle trvá) způsobuje větší pokles rozmanitosti

- 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)

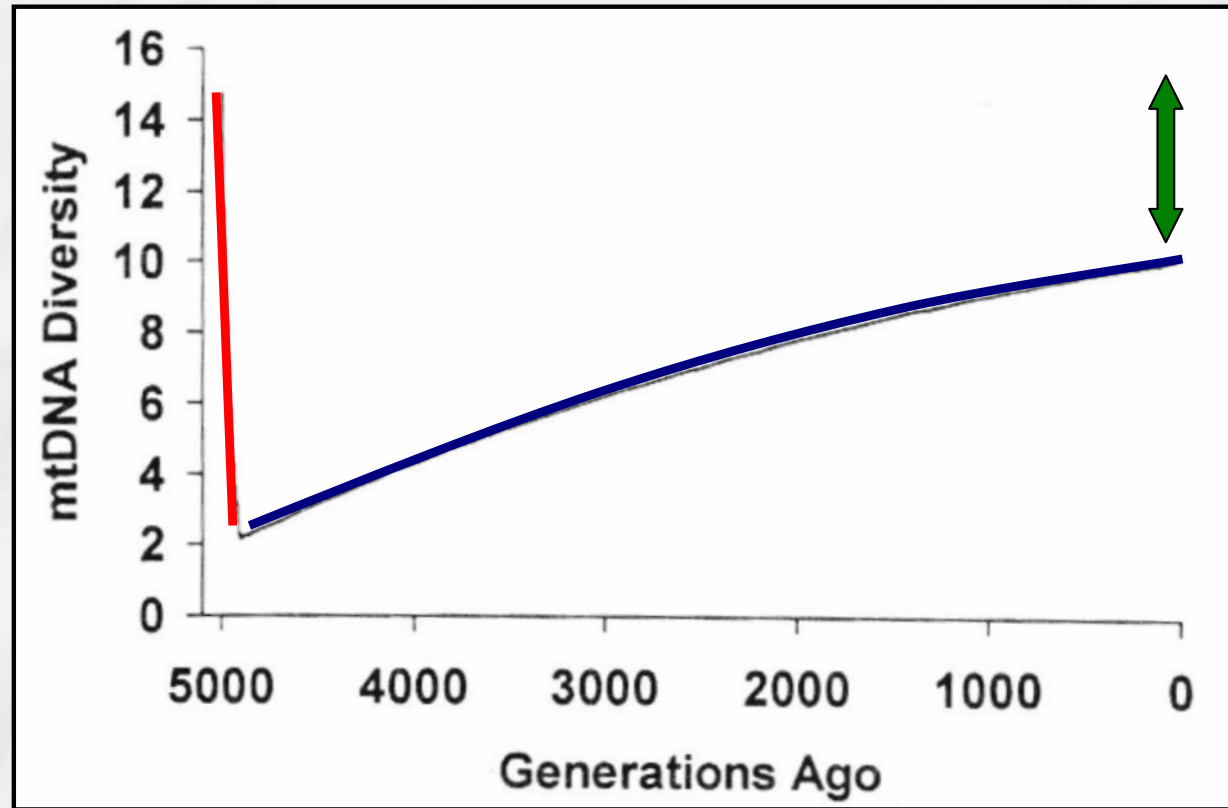


Celou situaci si můžeme představit na následující simulaci



- 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)

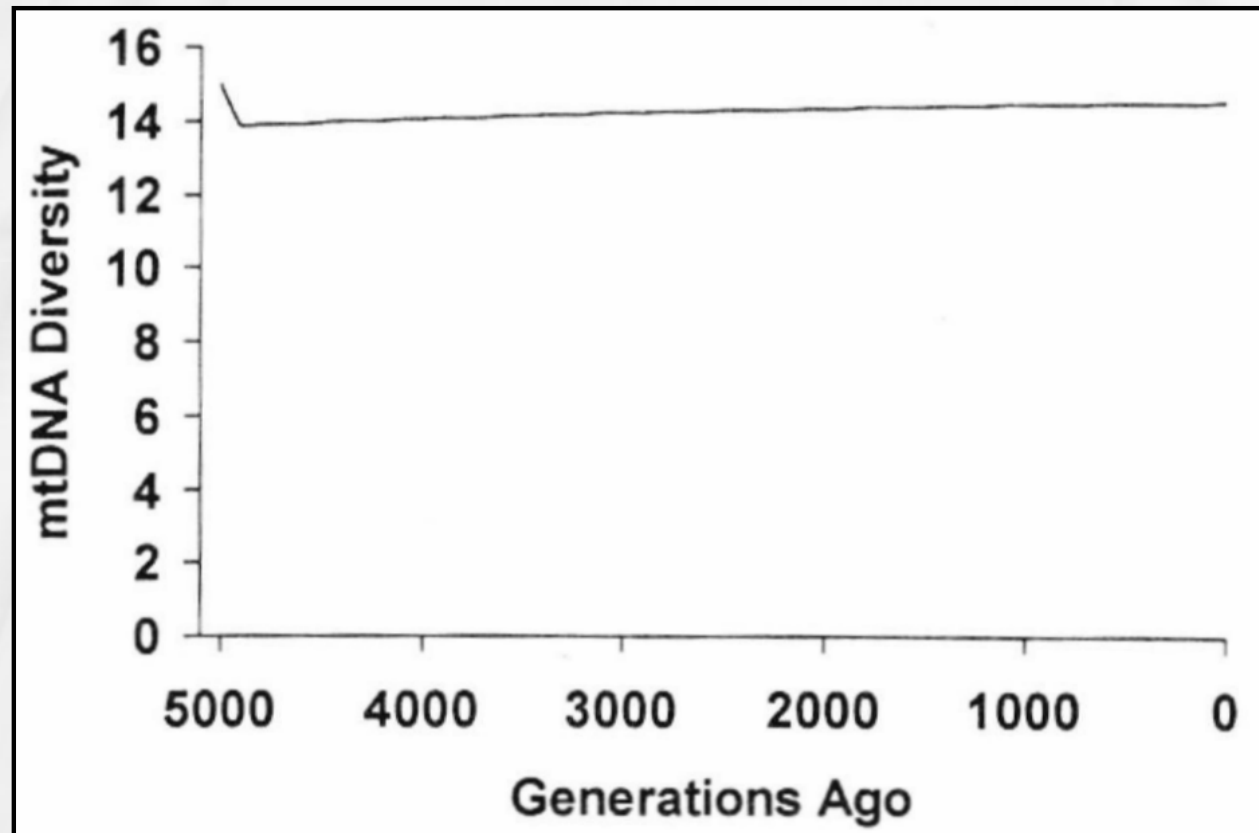
Na obrázku je celý proces ukázán pro mtDNA



- 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)

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**



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

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**

**Závěr:**

Větší genetická rozmanitost uvnitř afrických populací může být způsobena:

- jejich **větším stářím** (*nashromáždily více mutací*)
- **významným a dlouhotrvajícím botleneckem** 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**

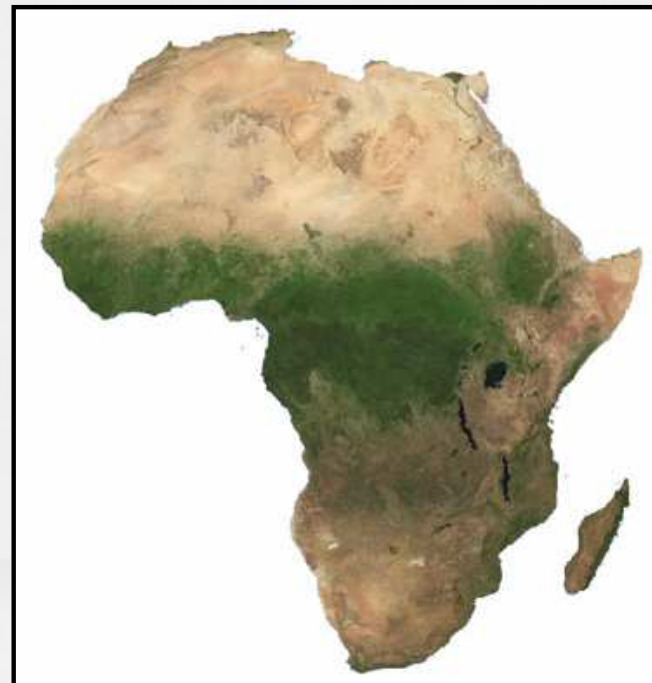
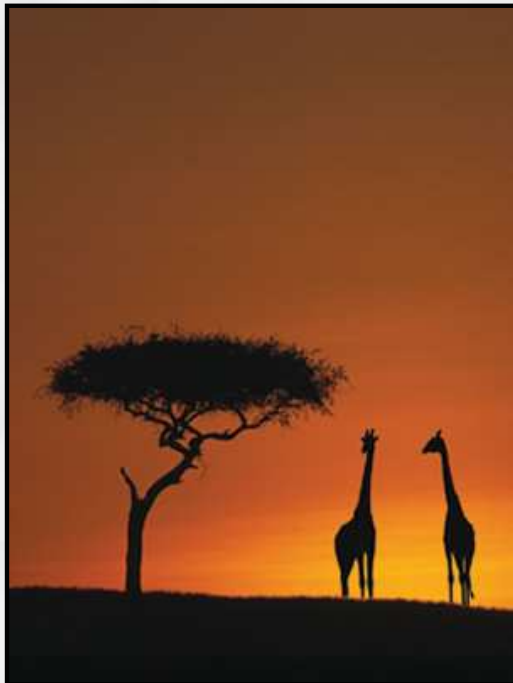
**Regionální rozdíly v rozmanitosti jsou odrazem regionálních rozdílů ve velikosti populace (vlivem genového posunu)**

# 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?

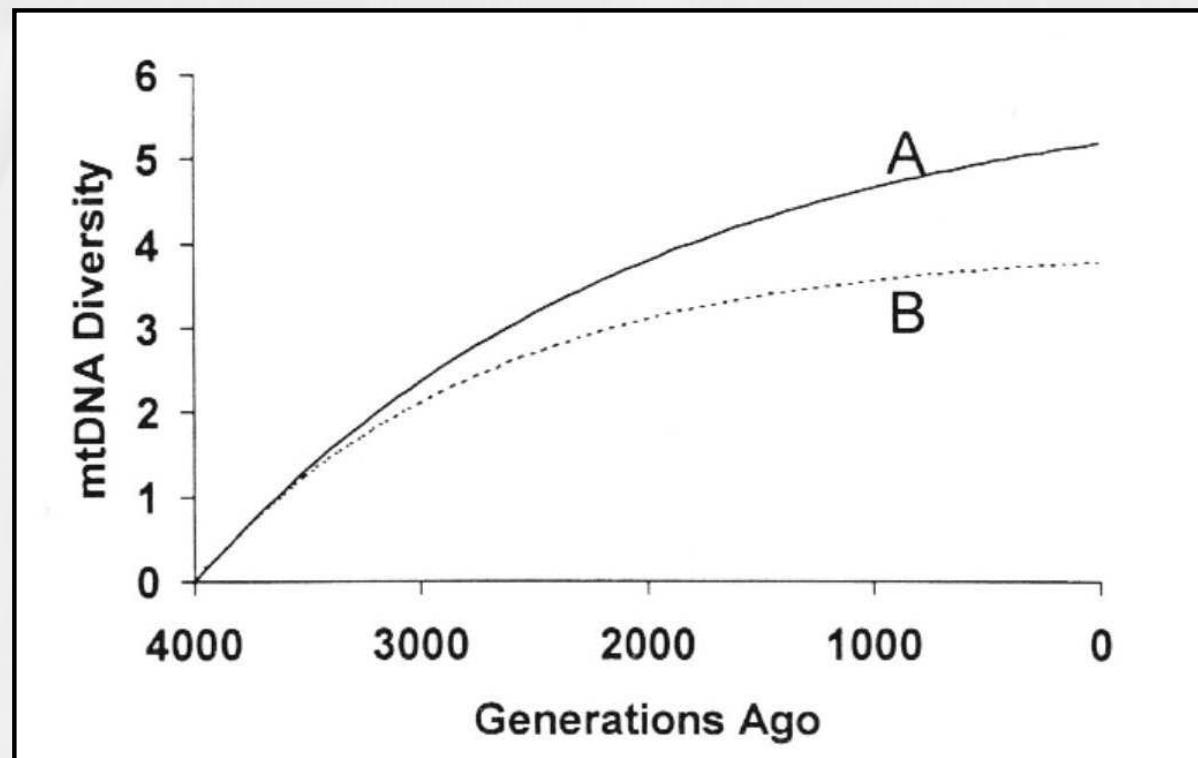
#### 4) Jak lze vysvětlit africkou genetickou rozmanitost z pohledu evoluce

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

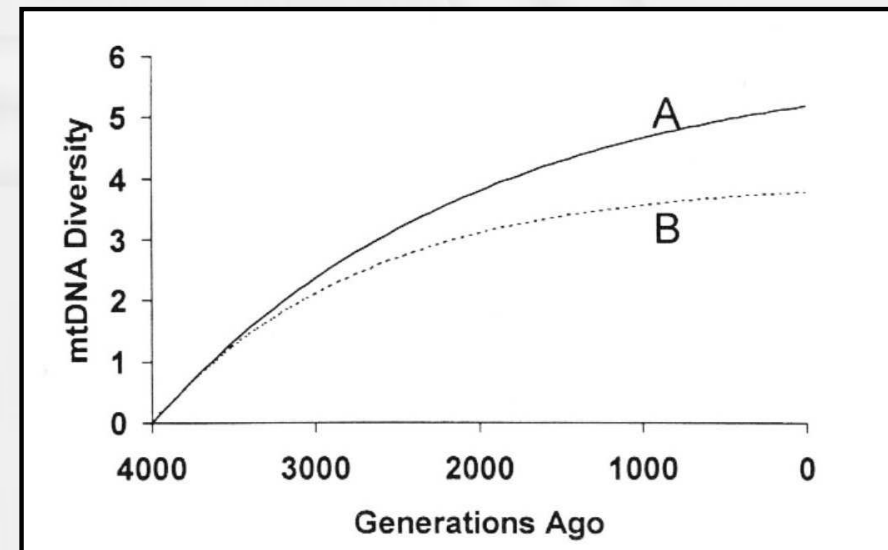
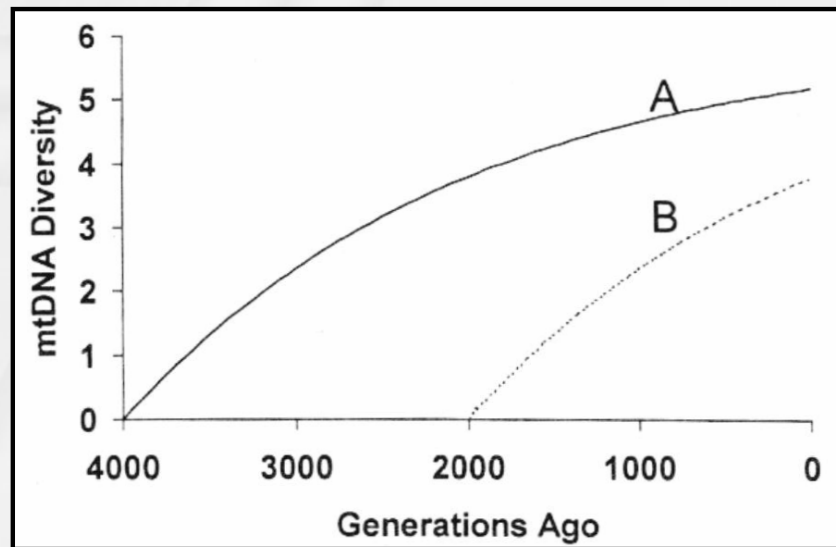
- **větší populace vykazují větší úroveň genetické rozmanitosti** než populace menší
  - obrázek ukazuje rozmanitost mtDNA
  - 2 populace (A a B) jsou stejně staré 4 000 generací
  - liší se však velikostí – populace A = 2 000 žen, B = 1 330 žen



- **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 km<sup>2</sup>) je menší než Asie (17 milionů km<sup>2</sup>) – 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 km<sup>2</sup> (arktické oblasti) až po 0,43 osob na km<sup>2</sup> (v subtropických oblastech)
  - na základě dostupnosti potravy lze spočítat, že společenstvo obývá rádius 10 km, tj. asi 314 km<sup>2</sup>
  - 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.**

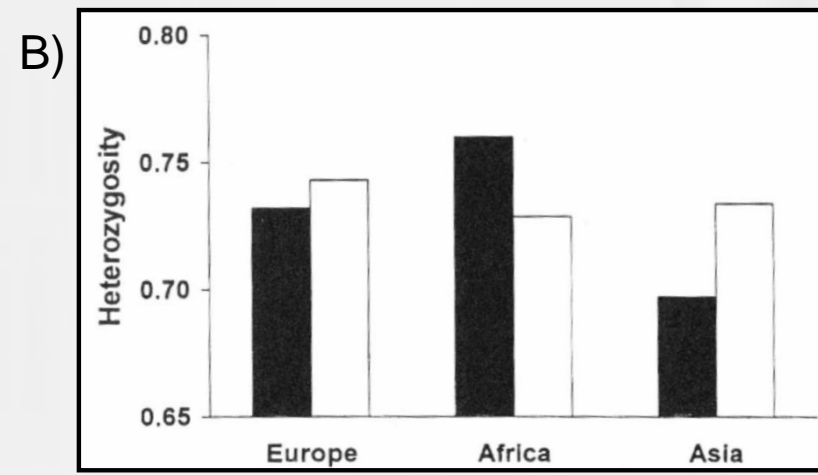
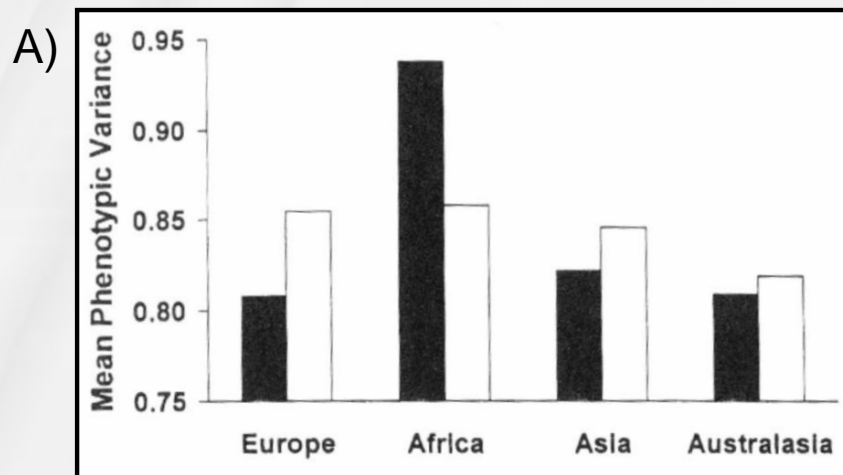
# Genetická rozmanitost uvnitř populací

- 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?**

Kolikrát 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**

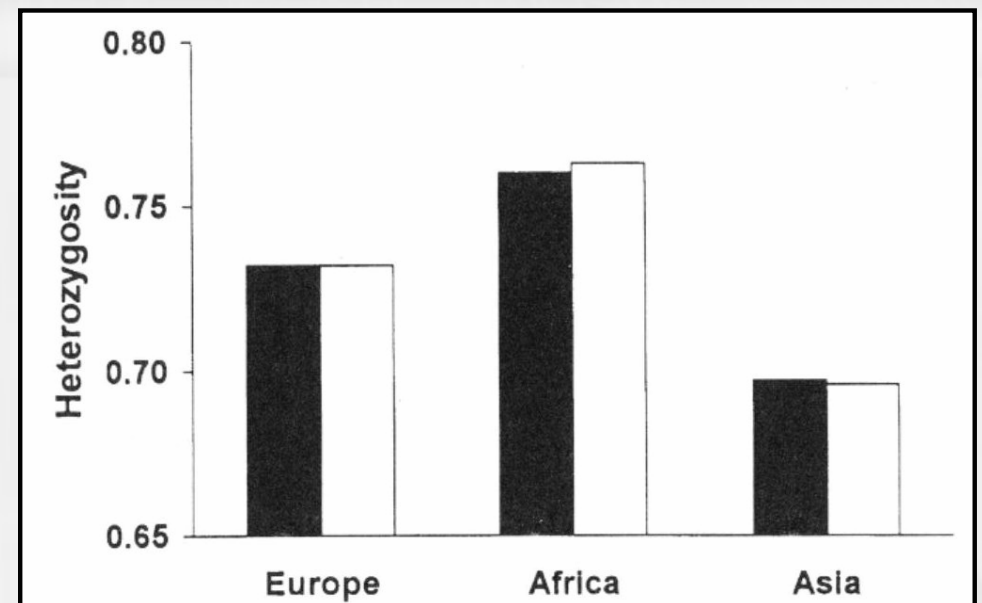
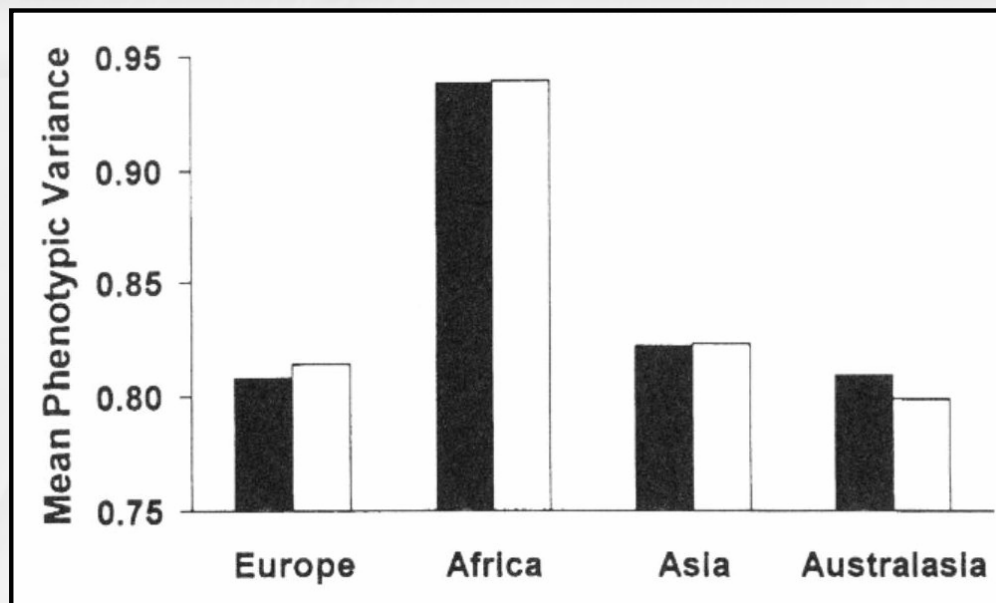
■ Pozorované □ Očekávané



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

- 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

■ Pozorované □ Očekávané



- 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.



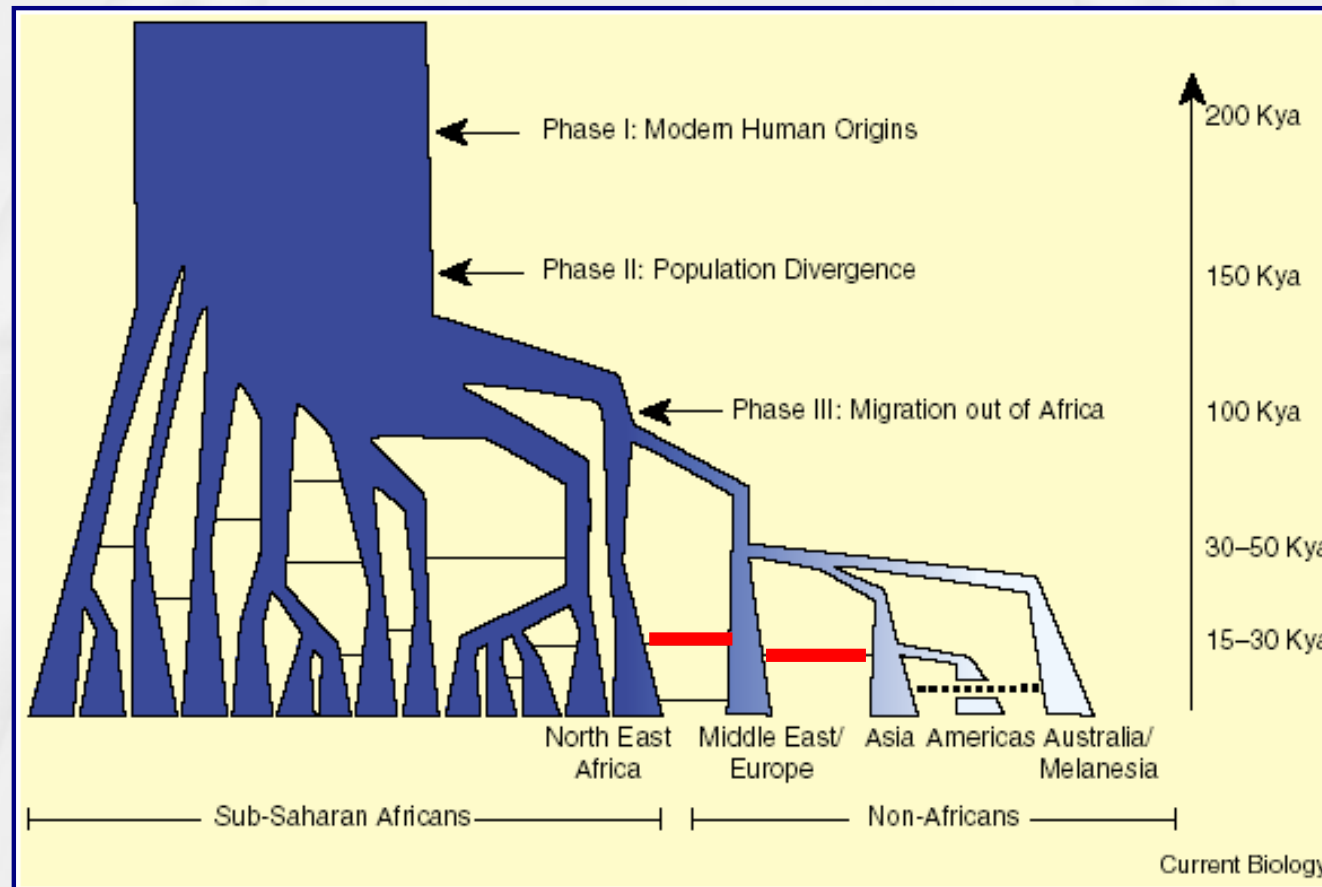
## Shrnutí:

- větší genetická rozmanitost afrických populací (mtDNA) svědčí:
  - 1) **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**  
  
nebo
  - 2) 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:

- Zhao *et al.* (2006) - 10 kb nekódující autozomální region
- Cox *et al.* (2008) - 20 různých 98 kb dlouhých sekvencí chromozomu X

### **africká populace**

**15 000**

**2 300 až 9 000**

### **mimoafrická populace**

**7 500**

**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

