

Kolik jsme měli předků?

- 1) Velikost populace a demografická historie**
- 2) Rozdílné pohledy na velikost populace**
- 3) Odhad velikostí dávných populací**
 - Ekologické odhady celkové velikosti populací
 - Genetické odhady efektivní velikosti populací
- 4) Pleistocénní populační exploze**
- 5) Kdy došlo k populační explozi**
- 6) Co bylo před explozí**
- 7) Evoluční interpretace**
 - speciace a nahrazení
 - vymírání a rekolonizace lokálních populací

7) Evoluční interpretace - speciace a nahrazení

Předpoklad:

Populace našich předků byla malá s efektivní velikostí asi 10 000 jedinců = v rozporu s multiregionálním modelem, v souladu s modelem nahrazení.

Předpoklad:

Multiregionální model je zamítán, protože efektivní velikost populace byla tak malá, že ***nemohl probíhat genový tok*** (alespoň do populační exploze).

- reprodukční velikost 20 000 jedinců (jedná se o odhad z efektivní = pouze přímé linie)
- při minimální hustotě osídlení 0,03 osoby/km² (F. Hassan; v ČR je dnes 132 osob/km²)
= obývali odhadem území o minimální rozloze asi 700 000 km² (např. velikost státu Texas, rozloha ČR asi 78 000 km²)
- v době středního Paleolitu je obýváno území o mnohem větší rozloze asi 40 milionů km²
 - = hustota je tak výrazně menší
 - = to odpovídá při 20 000 lidech například rozšíření 800 drobných populací po 25 jedincích
 - = tedy asi každých 50 000 km² jedna malá populace
 - = **každá asi 230 km vzdálená od druhé** = malá pravděpodobnost velkého genového toku – nesplnění multiregionálního modelu, který vyžaduje genový tok mimo Afriku



Svědčí ve prospěch modelu nahrazení.

Předpoklad:

Pokud platí model dlouhotrvajícího bottlenecku a to po dobu posledních 2 milionů let

= lze předpokládat několik speciačních událostí

- je to možné - podle paleoantropologů vznikl moderní *H. sapiens* sérií speciačních událostí v průběhu Pleistocénu: *H. ergaster*, *H. antecessor* a *H. heidelbergensis*

= vývoj neprobíhal ve vývojové linii jednoho druhu (multiregionální model), ale postupným fylogenetickým odvětčováním, speciací = **podpora modelu nahrazení**

Závěr celkový:

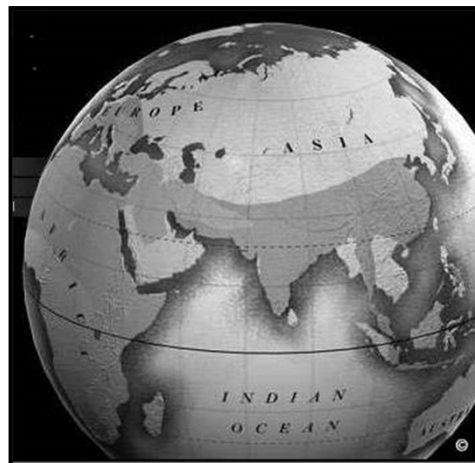
Na rozdíl od mitochondriální Evy nebo rozmanitosti afrických populací nemá malá efektivní velikost populace našich předchůdců vysvětlení v alternativním modelu a je tak prvním jasným důkazem, pomocí kterého lze zamítnout multiregionální model.

Out of Africa x Multiregionální model

Velikost populace

✓

x



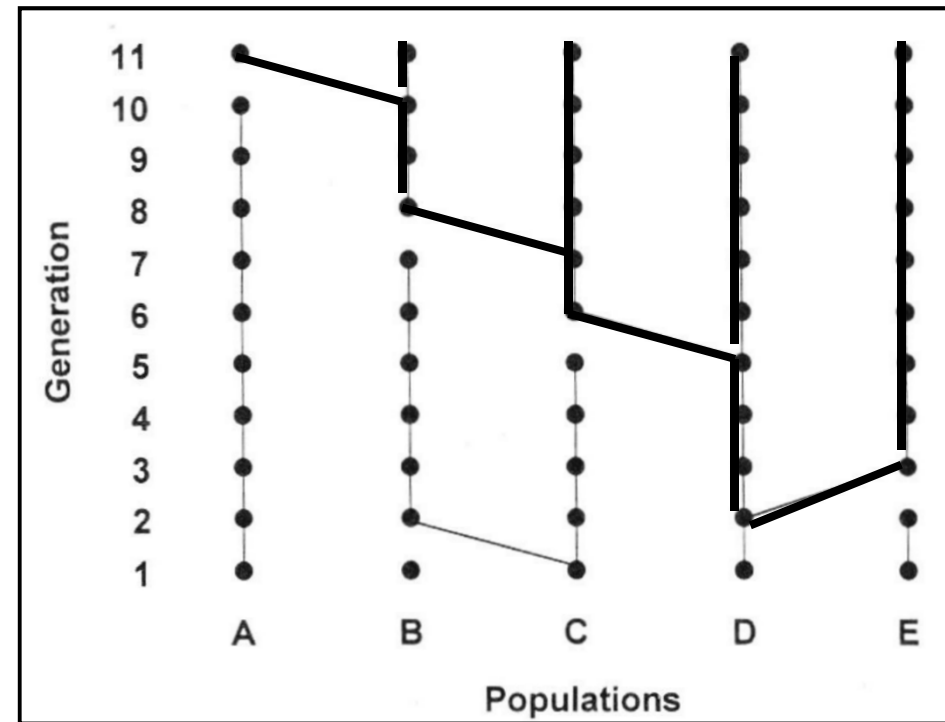
Kolik jsme měli předků?

- 1) Velikost populace a demografická historie**
- 2) Rozdílné pohledy na velikost populace**
- 3) Odhad velikostí dávných populací**
 - Ekologické odhady celkové velikosti populací
 - Genetické odhady efektivní velikosti populací
- 4) Pleistocénní populační exploze**
- 5) Kdy došlo k populační explozi**
- 6) Co bylo před explozí**
- 7) Evoluční interpretace**
 - speciace a nahrazení
 - vymírání a rekolonizace lokálních populací

7) Evoluční interpretace - vymírání a rekolonizace lokálních populací

Jakým mechanismem mohla být po tak dlouhou dobu udržována tak malá efektivní velikost populace?

- mimo Afriku existovaly malé lokální populace (průměrně stovky až tisíc jedinců v každé)
- tyto populace často zanikaly (nepříznivý vliv podmínek prostředí)
- a byly nahrazovány jedinci z populací jiných
- vznikaly takto nové nahrazující populace
- celková velikost populace se tak neměnila
- genetická informace původní lokálních populací zanikala a byla nahrazena genetickou informací rekolonizujících populací



- genetická rozmanitost se tuto cestou zmenšila (*možná, že velikost populací tedy byla v minulosti ve skutečnosti větší než odhadujeme na základě takto podhodnocených údajů*)

- dle Takahaty (1994, 1995) tento model velmi dobře odpovídá tomu, co se dělo zejména v euroasijské oblasti, kde byly populace mnohem častěji vystaveny nepříznivých podmínkám a vymírání než populace africké

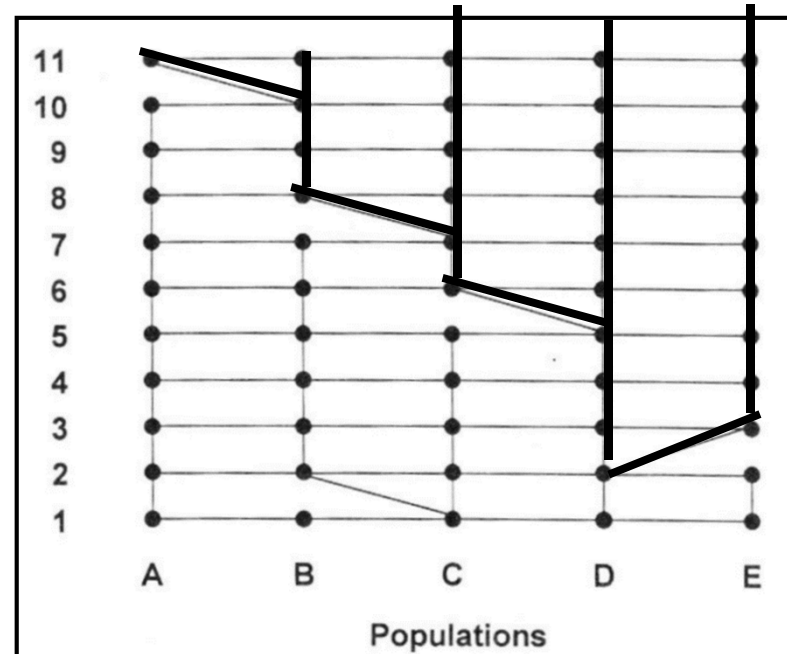
= model **postupného vymírání a nahrazení** je velmi reálnou **alternativou k jinému možnému scénáři velmi rychlého nahrazení** (např. vymírání v důsledku válek, genocid, epidemií apod.
= méně pravděpodobný scénář)

-
- model však předpokládá úplné vymírání a úplné nahrazení – neuvažuje genový tok (migraci)

- jak to bude vypadat s probíhajícím genovým tokem ukazuje obrázek

- výsledek je stejný

- všichni mají společného předka v populaci D
- ovšem genetická informace může být v každé generaci ovlivněna příměsí DNA z jiné populace v důsledku migrace



Závěr:

V důsledku scénáře vymírání a nahrazení mohou být odhady velikosti populace našich předchůdců podhodnoceny.

Demografická historie moderního člověka

Populační exploze v pozdním Pleistocénu vedla ke zvýšení efektivní velikosti populace, která se odrazila v:

- 1) **nárůstu celkové velikosti** populace
- 2) **poklesu** rychlosti **lokálního vymírání a rekolonizací**
- 3) **poklesu** stupně rozrůznění – menší hodnoty F_{ST}

Platnost tohoto modelu však bude potřeba ještě dále studovat a potvrdit dalšími genetickými a archeologickými výzkumy.

Shrnutí:

- 1) celková velikost starověké populace se pohybovala v rozmezí od několika stovek tisíc až po jeden milion lidí
- 2) dlouhodobá průměrná efektivní velikost populace člověka byla v několika posledních stovkách tisíc let velmi malá (asi 10 000)
- 3) populace našich předchůdců byla malá po dlouhou dobu (možná až k *H. erectus*) = model dlouhotrvajícího bottlenecku
- 4) k velkému nárůstu ve velikosti populace dochází ještě před nástupem zemědělství v pozdním Pleistocénu v období mezi 40 000 až 50 000 lety (avšak s velkým intervalem spolehlivosti)
- 5) na základě některých studií se zdá, že expanze mohla začít již dříve v Africe
- 6) malá efektivní velikost populace našich předchůdců nemá vysvětlení v alternativním modelu a je důkazem, pomocí kterého lze zamítnout multiregionální model
- 7) model postupného vymírání a nahrazení je velmi reálnou alternativou k modelu velmi rychlého nahrazení (bude potřeba dále studovat a potvrdit genetickými a archeologickými výzkumy)
- 8) v důsledku scénáře vymírání a nahrazení mohou být odhady velikosti populace našich předchůdců podhodnoceny