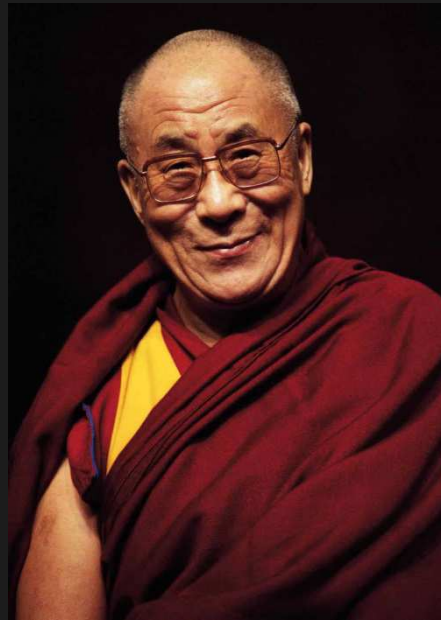


# Fylogeografie současného lidstva



# Diverzita současného lidstva

- „velké rasy“ (cca 3-5)
- přechodné („hybridní“) typy recentní i velmi staré (Etiopie, jižní Indie, JV Asie)
- i „tavicí kotle“ (*melting pots*) jsou strukturované



# *Homo sapiens* Linnaeus, 1758

- *Homo sapiens* (Linnaeus, 1735)
- **Troglodyte, Lucifer, Satyr, Pygmee**; Linnaeus, “Anthropomorpha,” in *Amoenitates academicae* (Stockholm: Laurentius Salvius, 1763), 6: 76
- polygenismus (Vogt, Arldt, Crookshank), monogenismus (Darwin, Huxley) a multiregionalismus (Haeckel)

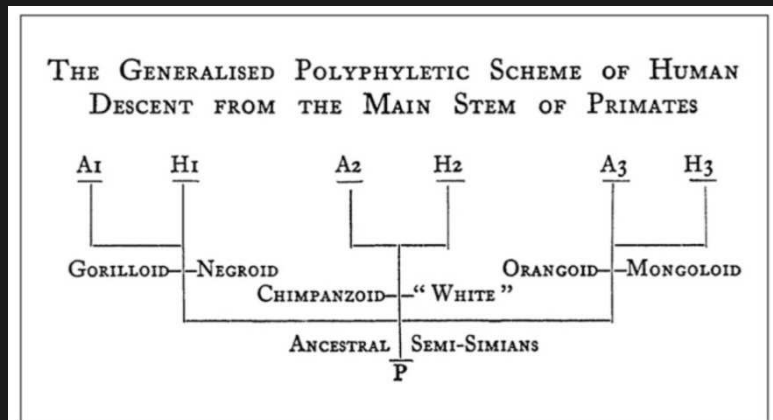


Figure 6. The polyphyletism of Francis Crookshank in *The Mongol in Our Midst*, 3rd ed., 1931, p. 380.

# „Rasy“

tj. rasy klasické, antropologické, pragmaticko-  
úřednicko-policejní...

Table I. A scheme of the main racial catalogs compiled from Refs [118,126–128]

Author (year)	Number of races	Races or groups proposed
Linnaeus (1735)	6	Europaeus, Asiaticus, Afer, Americanus, Ferus, Monstruosus
Buffon (1749)	6	European, Laplander, Tatar, South Asian, Ethiopian, American
Kant (1775)	4	White, Black, Hun (or Kalmuck, or Mongol), Hindustani
Blumenbach (1795)	5	Caucasian, Mongolian, Ethiopian, American, Malay
Cuvier (1828)	3	Caucasoid, Negroid, Mongoloid
Deniker (1900)	29	Ten of which European <sup>a</sup>
Museum of Natural History, Chicago (1933)	105	<a href="http://en.wikipedia.org/wiki/Malvina_Hoffman">http://en.wikipedia.org/wiki/Malvina_Hoffman</a> <sup>a</sup>
Von Eickstedt (1937)	38	<sup>a</sup>
Garn and Coon (1955)	>30	Caucasian, Northeastern Asian, African, North American, South American, Micronesian/Melanesian, Polynesian, Pitcairn islanders, Tristan da Cunha, Cowrie-shell Miao, Lolos, Tasmanians, British colored, plus 'an indeterminate number' bringing the total to more than 30
Biasutti (1959)	53	<sup>a</sup>
Coon (1962)	5	Caucasoid, Mongoloid, Capoid, Congoid, Australoid
US Office of Management and Budget (1997) <sup>b</sup>	6	American Indian or Alaska Native, Asian, Black or African American, Hispanic or Latino, Native Hawaiian or Other Pacific Islander, White
Metropolitan Police Service, London (2005) <sup>c</sup>	16	W1 White British, W2 White Irish, W9 Other White background, M1 Mixed White and Black Caribbean, M2 Mixed White and Black African, M3 Mixed White and Asian, M9 Other Mixed background, A1 Asian Indian, A2 Asian Pakistani, A3 Asian Bangladeshi, A9 Any other Asian background, B1 Black Caribbean, B2 Black African, B9 Other Black background, O1 Chinese, O9 Other Ethnic group

<sup>a</sup>Not reported in the original sources or too many to list here.

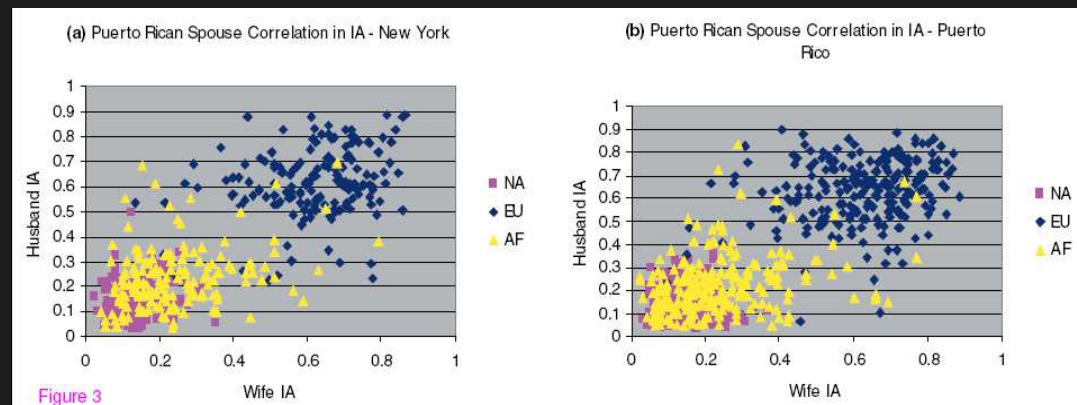
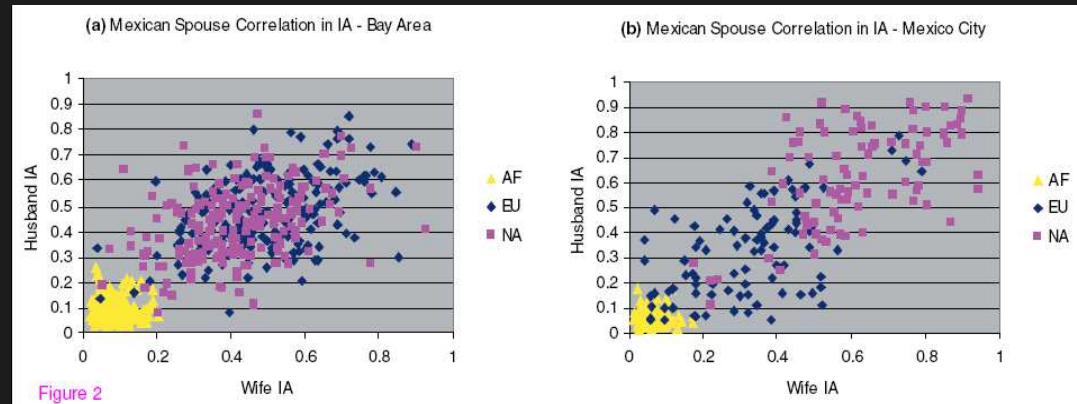
<sup>b</sup><http://www.whitehouse.gov/omb/rewrite/fedreg/ombdir15.html>.

<sup>c</sup>[http://www.gmp.police.uk/mainsite/0/58334145D4842BCF802573FE004CEBCA/\\$file/Ethnicity%20Classifications.pdf](http://www.gmp.police.uk/mainsite/0/58334145D4842BCF802573FE004CEBCA/$file/Ethnicity%20Classifications.pdf).



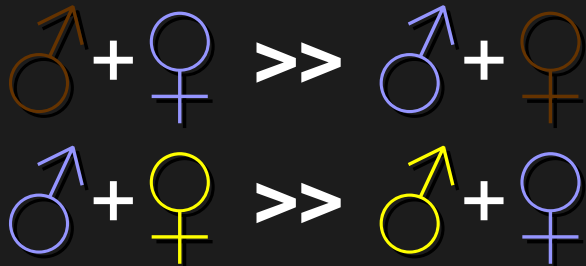
# Výběr partnera a rasa

- **pozitivní asortativní křížení** podle genetického původu v Latinské Americe (Mexičané v Mexiku a Kalifornii, Portoričané na Portoriku a v New Yorku, tj. směs evropského, afrického a amerického [NA] původu)

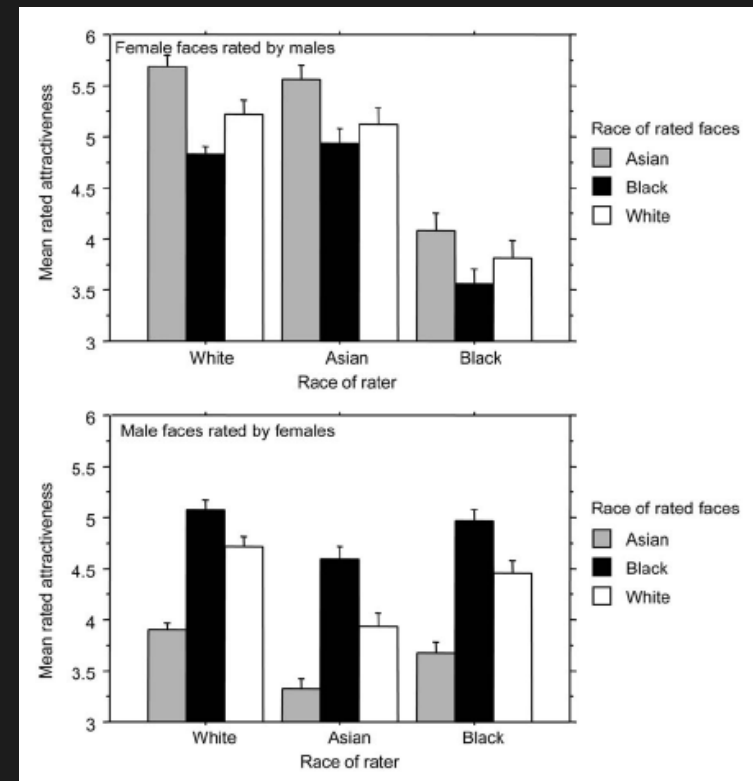


# Výběr partnera a rasa

- mezirasové sňatky (USA: 4%, Británie 2%) – jejich složení je nápadně nevyrovnané!

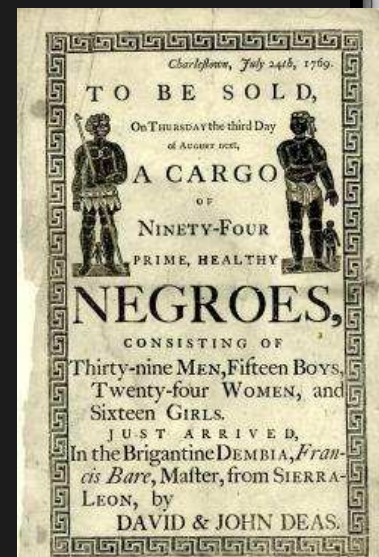
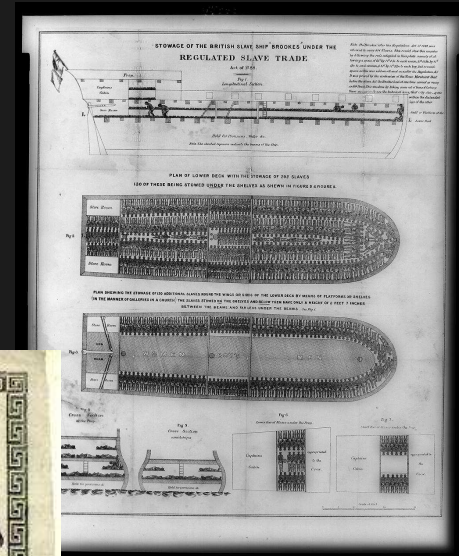


- „ekonomické“ vysvětlení nebo pohlavně specifická endogamie?
- spíše kross-kulturně univerzální vnímání obličejové atraktivity...



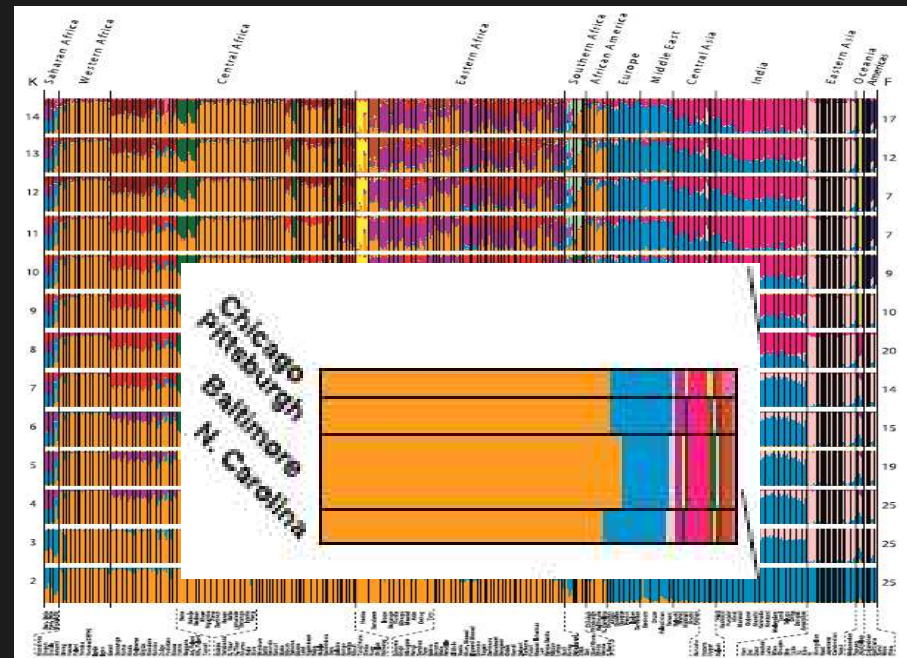
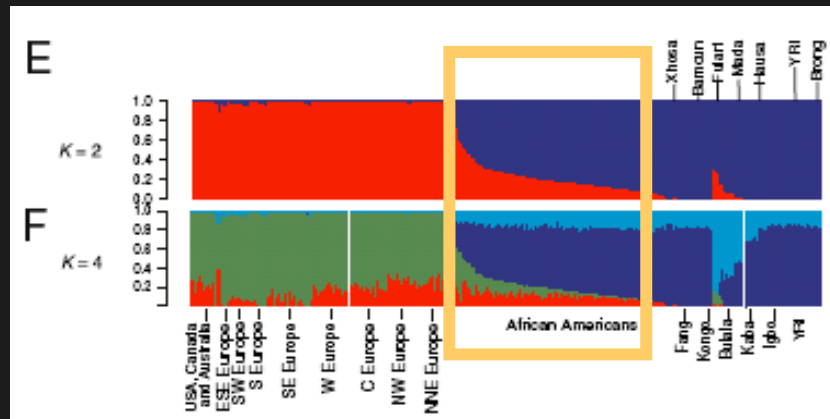
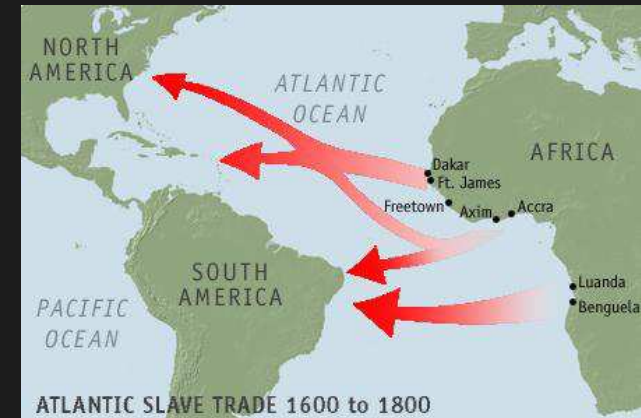
# Bantuové jedou do Ameriky („Maafa“)

- mimořádně úspěšná expanze: 16.-19. století, 10-12M přistálo v Americe (vysoká mortalita během přepravy: ~ 40-100M opustilo Afriku)
- vnitroafrická záležitost (Jorubové a Ašanti záviseli zásadně na obchodu) + Evropané + Arabové (vých. Afrika – Zanzibar 1897)
- „antropologická výhodnost“ Bantuů pro otrokářství + velká asymetrie v dostupném bohatství mezi Evropou/Amerikou a Afrikou (+ zásadní rozdíl v loďařství)
- populační stagnace v Africe (až 50 %?)



# Vznik Afroameričanů

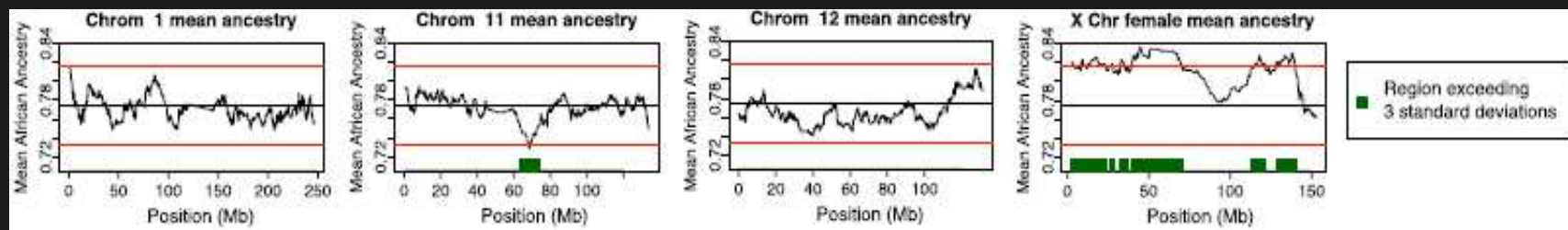
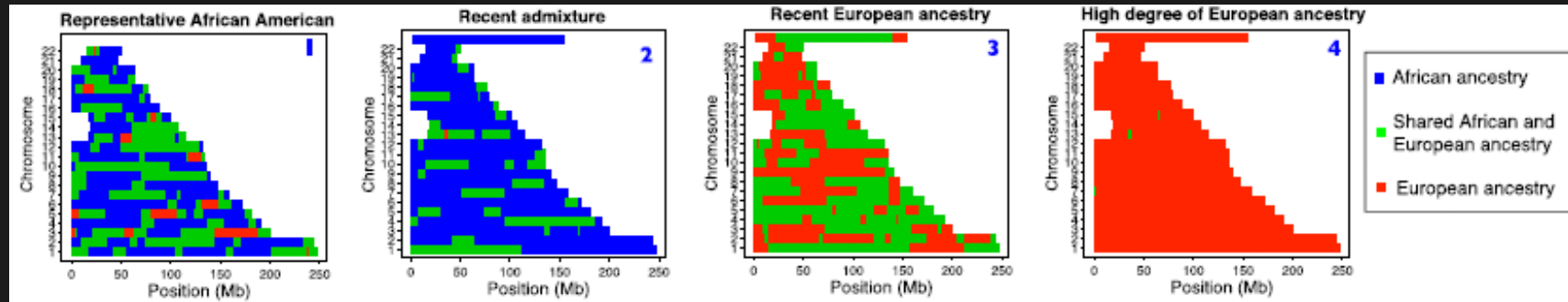
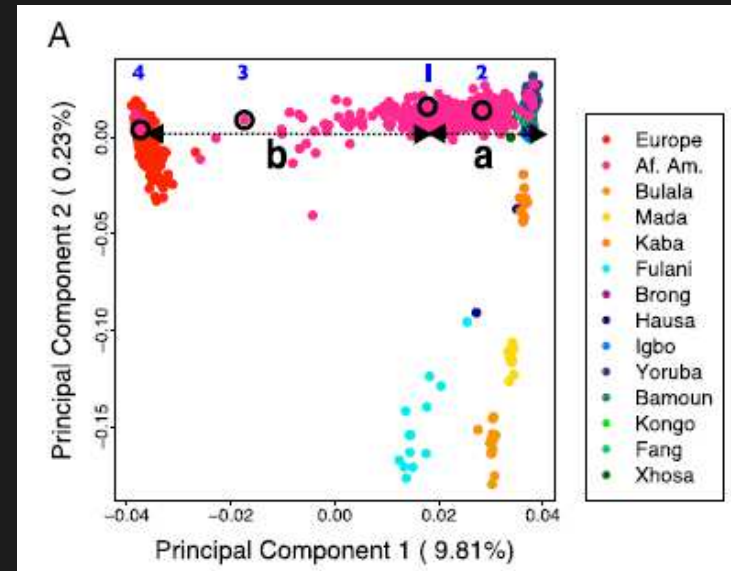
- Afroameričané především ze západní Afriky (od Senegalu po Angolu)





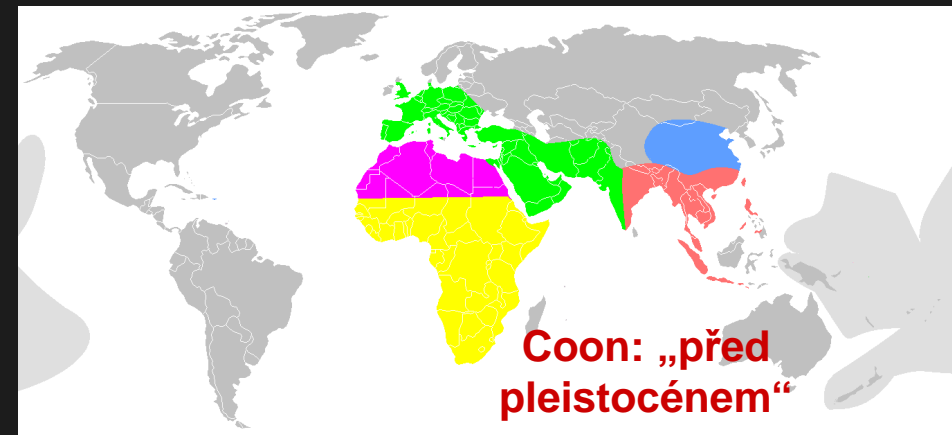
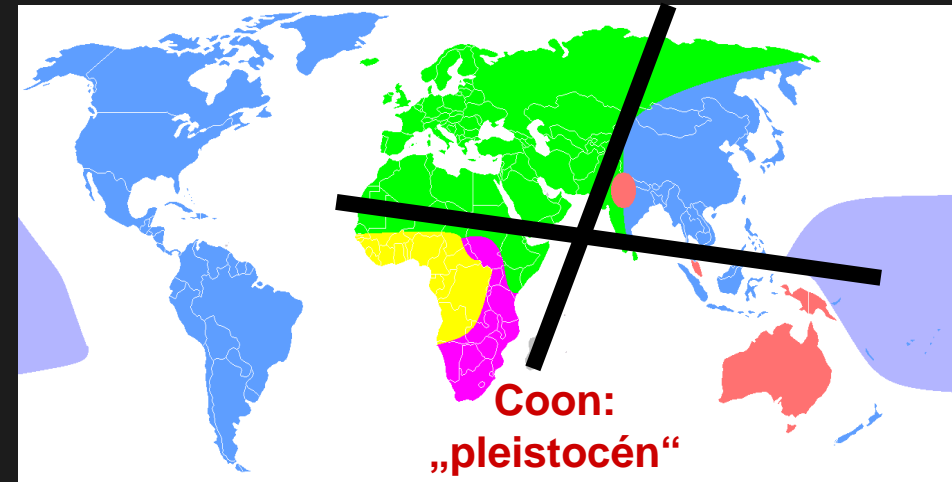
# Afroamerická variabilita

- někteří „Afroameričané“ nemají skoro žádné (západo)africké geny
- větší podíl afrického původu na chromosomu X (hypergamie): evropský původ 28 % NRY, 20 % autosomy, 12 % X, 9 % mtDNA



# Rasy a rasogeneze

- Blumenbach - *De generis humani varietate nativa* (1775)
- tradiční antropologie: „ekvatoriální“ (negroidní), mongoloidní a europoidní/kavkazoidní
- odontologie, biochemie, fyziologie apod.: západovýchodní dělení (negroidní-europoidní x mongoloidní-australoidní)
- C. Coon: kapoidní, kongoidní, kavkazoidní, mongoloidní, australoidní
- lokální adaptace (tmavá plet' v tropech, epikantus v pouštích, malý vzrůst v tropických pralesích)?



# Rasy a rasogeneze

- dva náhodní lidé se liší cca 3-10 mil. párů bází (~ 0.1-0.3 % genomu)
- z toho 85 % odlišností najdeme uvnitř populací a jen 8 % (tj. 0.0008 % genomu) odlišuje tradiční rasy
- celé lidstvo je míň variabilní než jedna šimpanzí populace!
- „rozdíly jsou kulturní, když ne, tak jsou polymorfní, když ani to ne, jsou klinální, co není ani to, nestojí za řeč“

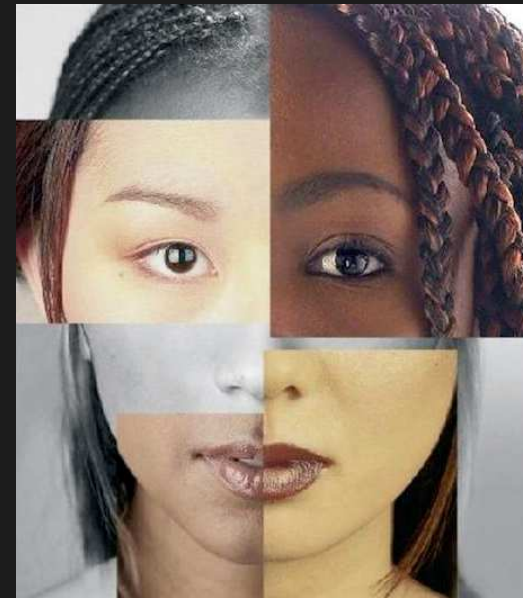


Table 1. Genomic estimates of  $F_{ST}$  for the global human population

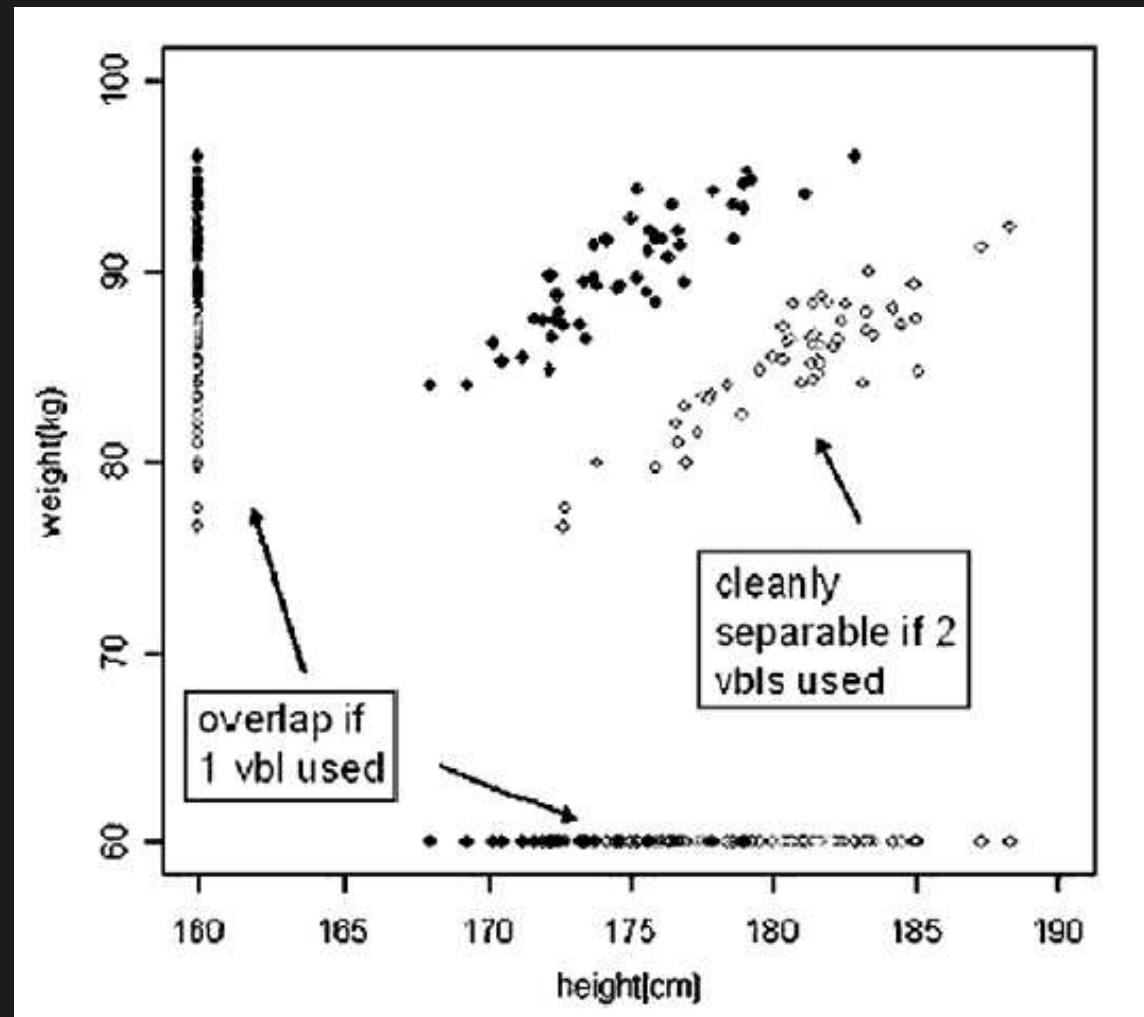
Number of markers	Samples	$F_{ST}$	Reference
599 356 SNPs	209 individuals from 4 populations: Caucasian, Chinese, Japanese, Yoruba	0.13	[22]
1 034 741 SNPs	71 individuals from 4 populations: Caucasian, Chinese, Japanese, Yoruba	0.10	[22]
1 007 329 SNPs	269 individuals from 4 populations: Caucasian, Chinese, Japanese, Yoruba	0.12	[23]
443 434 SNPs	3845 individuals distributed worldwide	0.052	[24]
2 841 354 SNPs	210 individuals from 4 populations: Caucasian, Chinese, Japanese, Yoruba	0.11	[25]
243 855 SNPs	554 individuals from 27 worldwide populations	0.123	[27]
100 <i>Alu</i> insertions	710 individuals from 23 worldwide populations	0.095	[69]

# Globální diverzita

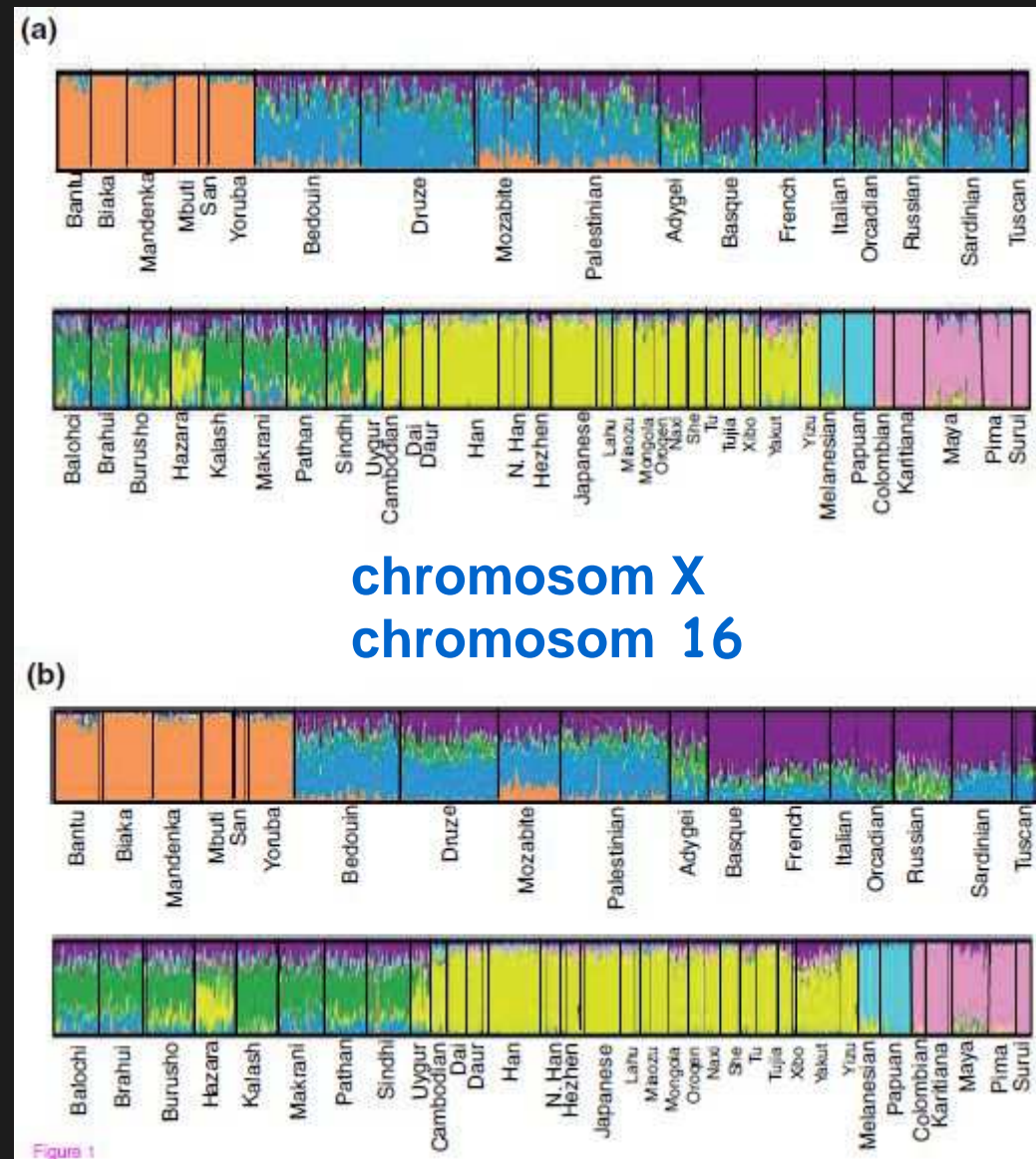
Polymorphism	Reference	N of loci	Within population	Between populations, within race or continent	Between races or continents
Proteins <sup>a</sup>	40	17	85.4	8.3	6.3
Proteins <sup>a</sup>	43	18	85.5	5.5	9.0
Proteins <sup>b</sup>	44	25	86.0	2.8	11.2
mtDNA	42	(HV-I) <sup>c</sup>	75.4	3.5	21.1
Autosomal DNA	45	109	84.4	4.7	10.8
mtDNA	46	(HV-I and -II) <sup>c</sup>	81.4	6.1	12.5
Y chromosome	46	10	35.5	11.8	52.7
Autosomal DNA	47	90	84.8	1.6	13.6
mtDNA	47	(HV-I) <sup>c</sup>	71.5	6.1	23.4
Y chromosome	47	10	83.3	18.5	-1.8 <sup>f</sup>
Alu insertions	48	21	82.9	8.2	8.9
Y chromosome	48	14	42.6	17.3	40.1
Beta-globin	48	1	79.4	2.8	17.8
Autosomal DNA	49	377	94.1	2.4	3.6
Median, all loci <sup>d</sup>			82.5	5.8	11.7
Median, autosomal <sup>e</sup>			86.2	3.8	10.0



# *Lewontin's fallacy*



- ALE existují geograficky vymezené genetické clustery populací
- jsou rasy „subjektivní“ (tj. záleží na to, který znak/gen studujeme)?
- **ne**
- jsou rasy „holistické“ (tj. rozpoznatelné pouze, když studujeme jedince *in toto* ~ *Lewontin's fallacy*)?
- **taky ne**



# Rasy a etnika?

- **POZOR**
- *Francouzi jsou*
- *Frankové už nejsou*
- změnila se etnická sebeidentifikace („národ“ ~ 18.-19. století) ...
- ... ale stalo se něco relevantního s lidskými populacemi a jejich geny?



# Genetika – geografie x etnicita

- geografie je lepším prediktorem genetické vzdálenosti než etnicita
- genetika, morfologie, komenzální bakterie: pokles diverzity se vzdáleností od Afriky → *bottleneck(s)*?

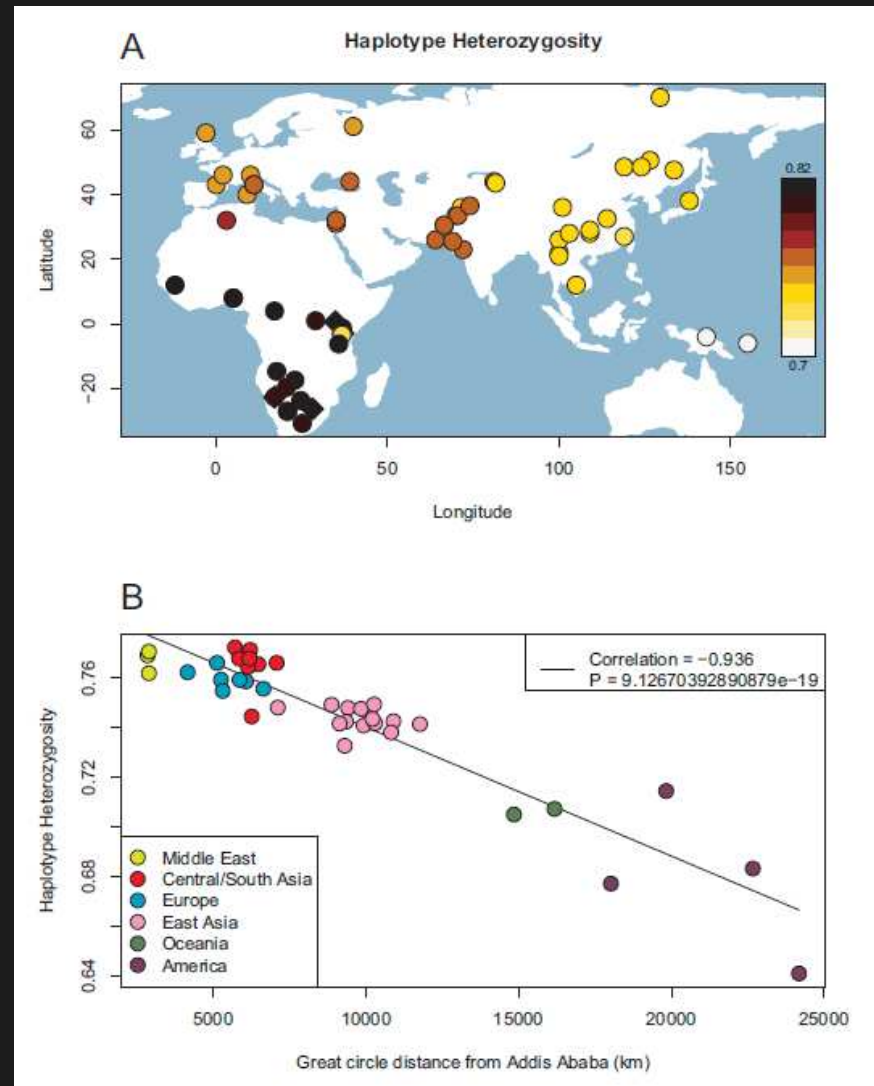
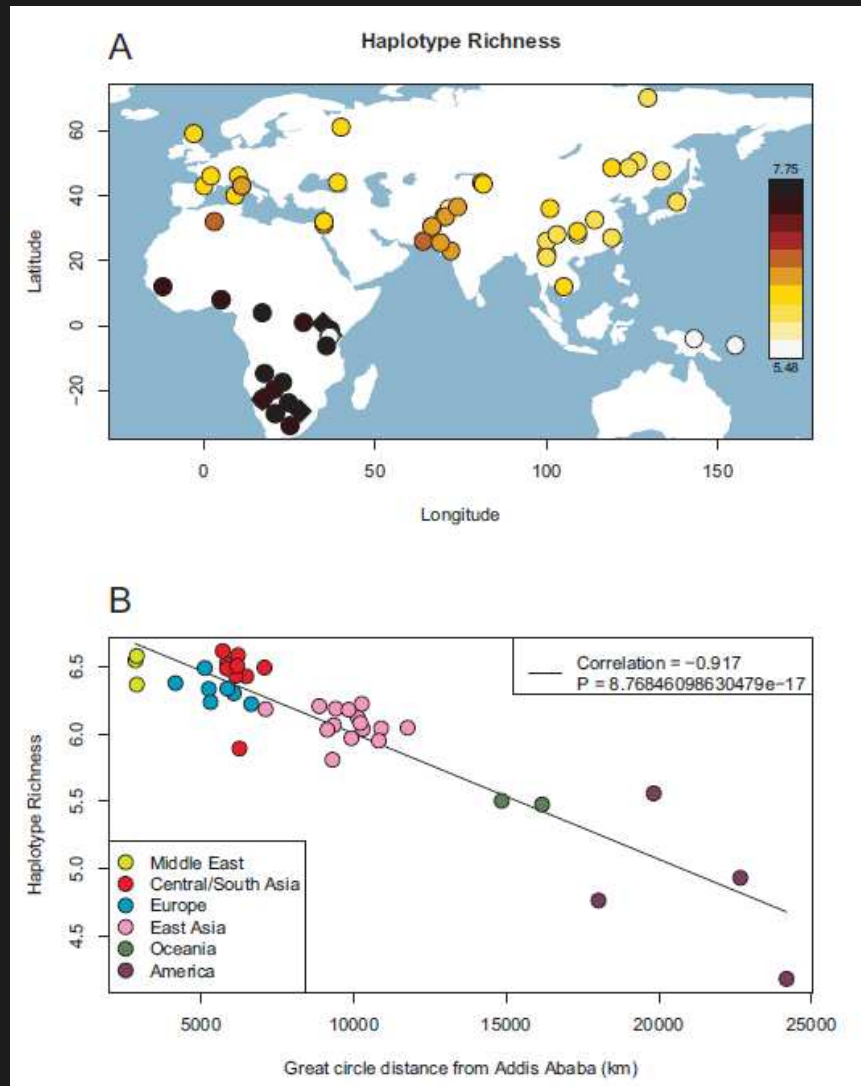


The diversity of DNA—measured as the variation of nucleotides within blocks of DNA called haplotypes—decreases with distance from Addis Ababa, Ethiopia, a pattern that corresponds to the chronology of human migrations.



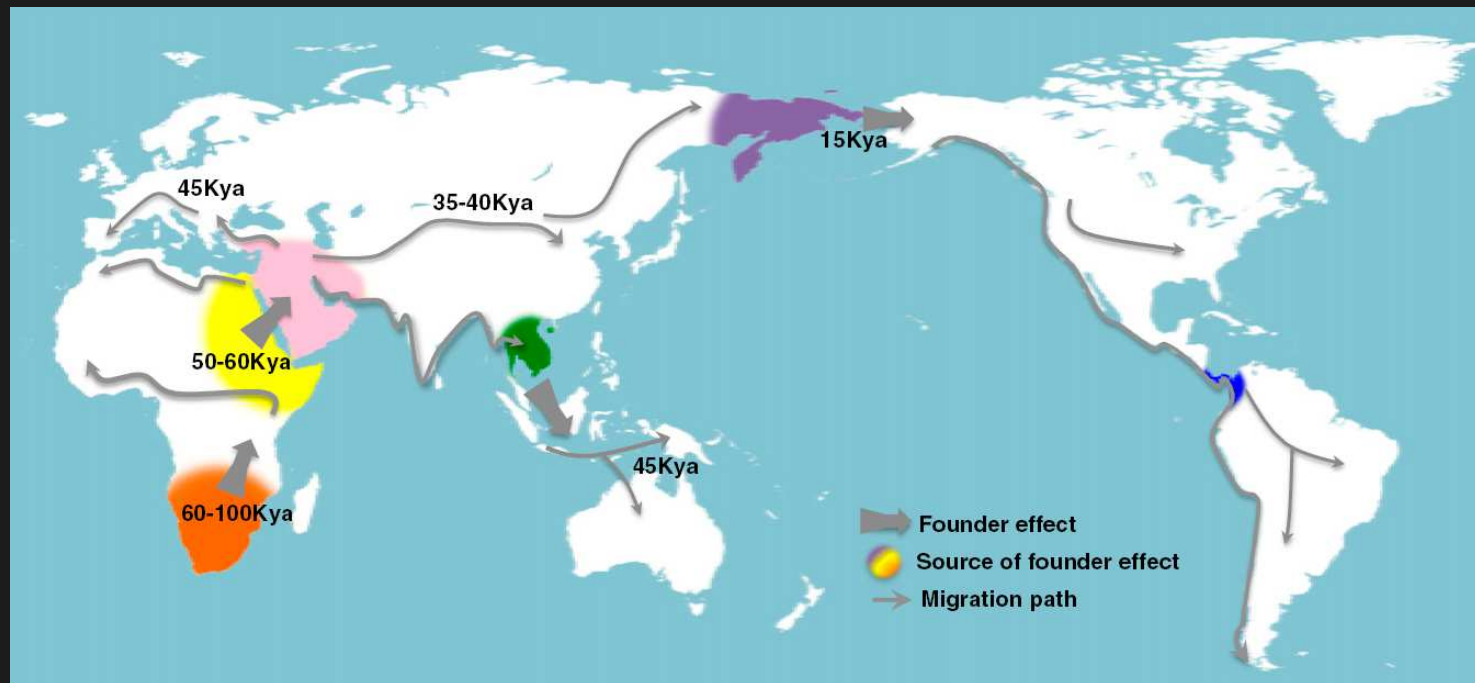


# Pokles genetické diverzity



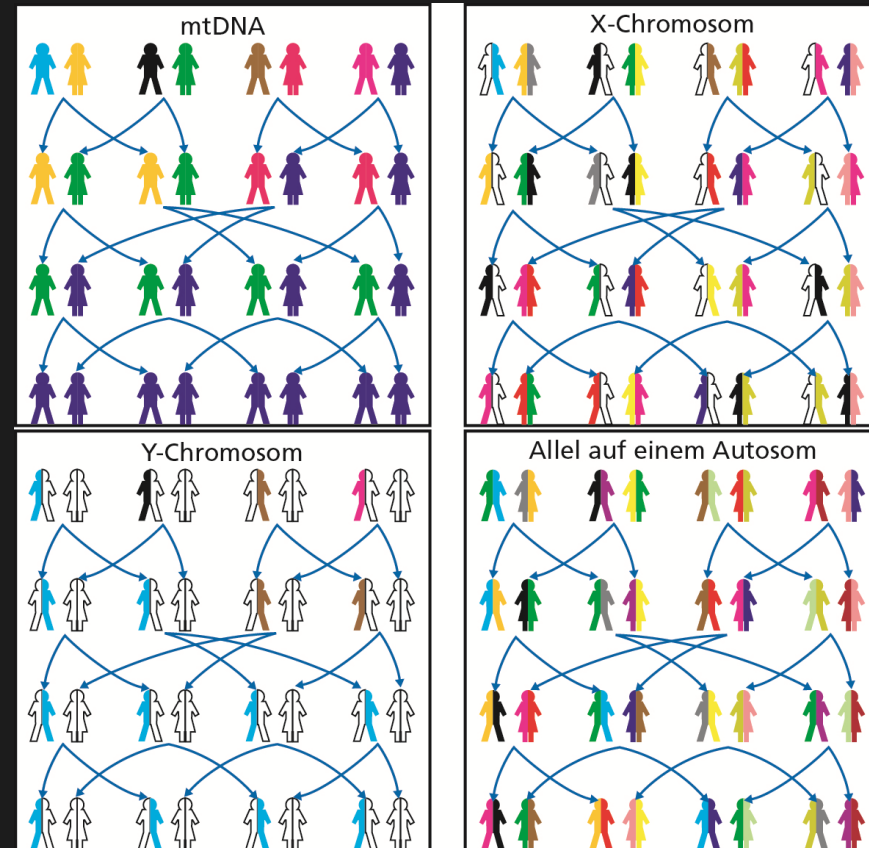
# Redukce genetické variability

- *bottleneck* (těžko genetickými metodami identifikovat v místech, kde je málo lidí – Beringie): prudká ztráta diverzity na Středním východě a v SV Asii/na severu Severní Ameriky
- další možné bottlenecky: uvnitř Afriky, Z Eurasie x V Asie (Mt. Toba???)



# Zdroje informací

- mitochondriální DNA
  - Y chromosom (*NR1Y*)
  - autosomy
  - SNP (*single nucleotide polymorphism*)
  - mikrosatelity (repetice)
  - indely (inzerce +delece)
  - **haplotyp x haplogroup x macrohaplogroup**
- + genom komezálních bakterií (*Helicobacter pylori*)

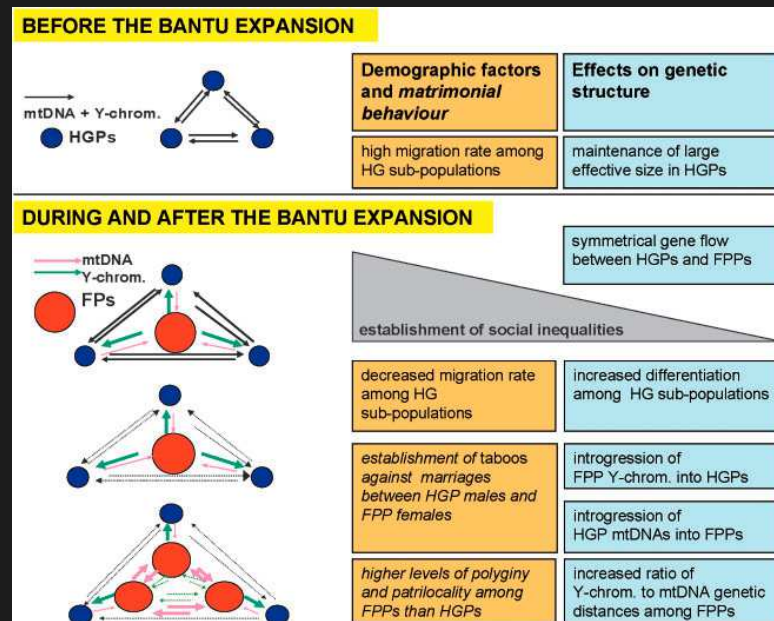
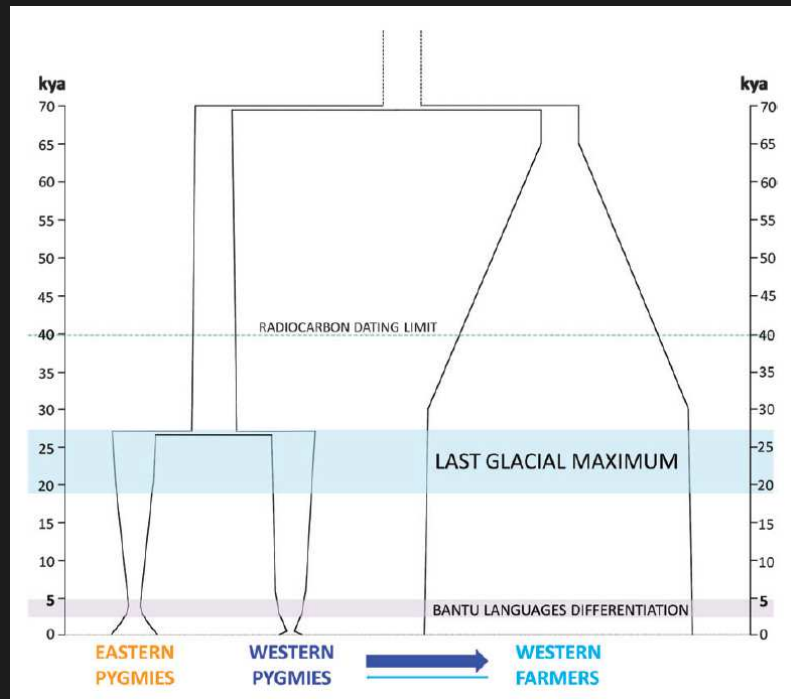


# Genetika a historie

- mitochondriální, Y-chromosomální a autosomální geny se šíří odlišně → nedávají jednotný („správný“) obrázek o evoluci lidstva
- ale: dávají nám informace o sexuálně specifické demografii (endogamie, disperzní pohlaví)
- pozor: např. Austronésané (v trojúhelníku Taiwan-Madagaskar-Polynésie) mají sklony být matrilineární a matrilokální (až po dědičnost královských titulů) → populačně-genetické modely to musí vzít v úvahu



# Bantuská expanze: vliv na genetiku afrických populací



# mtDNA vs. NRY

- vysoká korelace v datování
- NRY ~ 0.76 mtDNA
- Nová Guinea: vysoká polygynie → drasticky snižená variabilita NRY (až 40 % mužů na ocet + válečná mortalita)
- migrace „oboupohlavní“, nebo „mužské“: evropské Y-haplotypy v Americe a v Grónsku
- Ibiza: izolát kartaginského stáří (mtDNA) x kontakty s Evropou a Afrikou (NRY) ← obchod



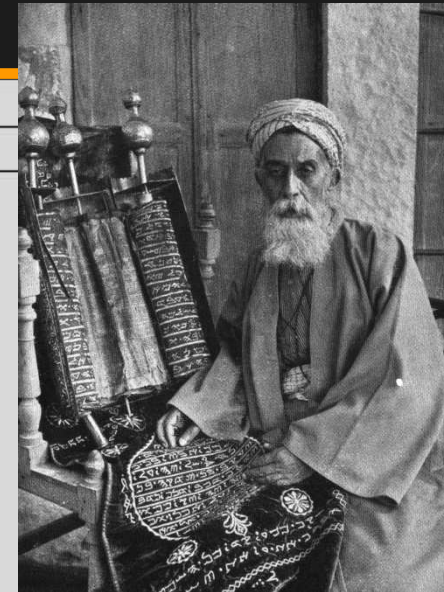
# mtDNA vs. NRY

- efektivní velikost populace ( $N_e$ ) obvykle nižší u mužů, ale místní obyčeje mohou situaci výrazně změnit
- Samaritáni: striktní endogamie a bottleneck (1917: 146, dnes ~ 640), ale 4 haplotypy NRY (přesná sňatková pravidla mezi 4 rodinnými liniemi)

## Sex-specific admixture estimates.

Region	Genetic Source	mtDNA	NRY
Sub-Saharan Africa	European	0%	12%
	African	100%	87%
South America	Amerindian	95–100%	35–97%
	African	0–5%	0–11%
	European	0–5%	3–60%
South America	Amerindian	90%	1%
	African	0–5%	4%
	European	5–10%	95%
Greenland	European	0%	58%
	Amerindian	100%	42%
Southeast Asia	Northeast Asia	44%	62%
	Southeast Asia	56%	38%
Madagascar	African	38%	51%
	Indonesian	62%	49%

This table summarizes the conclusions of a number of studies focusing on particular populations known to have undergone admixture in the past, with the locations of these populations listed in the first column. The source populations that contributed to the admixed population are listed in the second column, and their relative contributions are listed in the third and fourth columns. The third column lists the maternal contribution of each source population to the admixed population — estimated from mtDNA data. The fourth column lists the corresponding paternal contributions — estimated from NRY data.





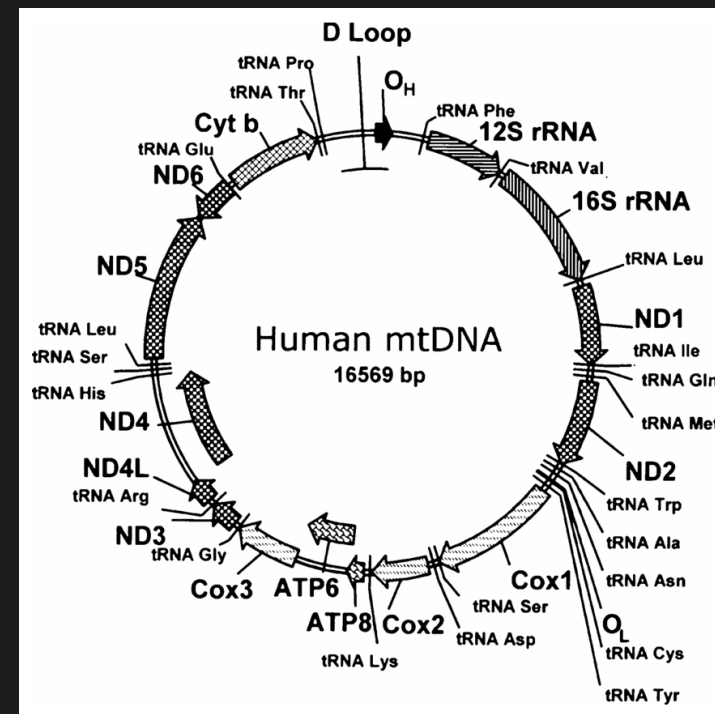
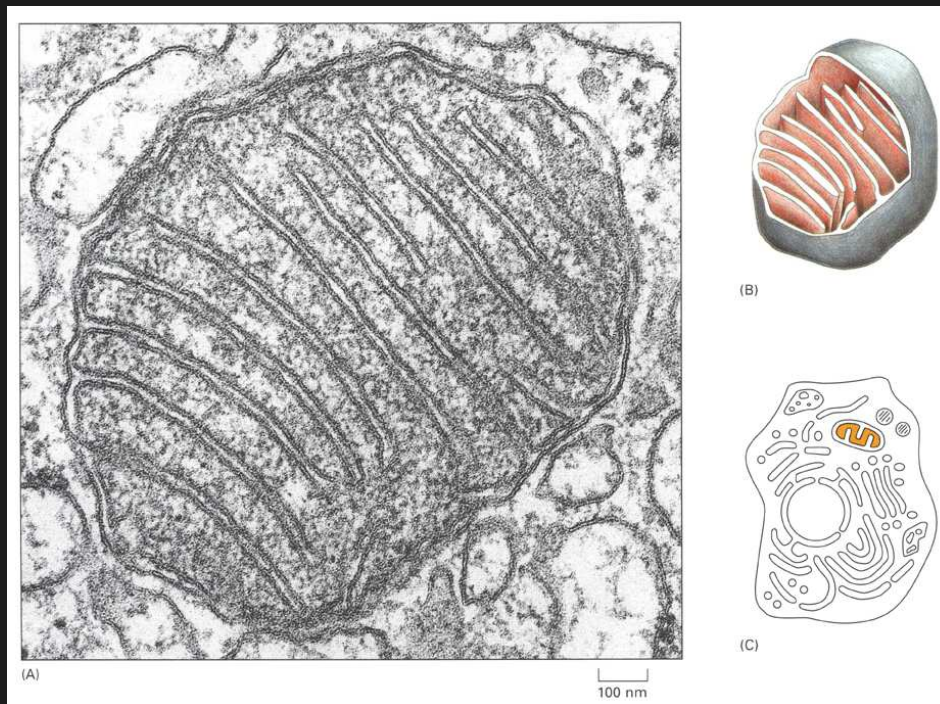
# Čingis Chán (cca 1162-1227)



- 8,5 % NRY ve Střední Asii (~ 0.5 % světové populace): těsný klastř v rámci haploskupiny C, stáří cca 860 AD (700-1300 AD), centrum v Mongolsku ~ Mongolské císařství
- potomci Čingis Chána (jeho otce Yesügeie, jeho mužských příbuzných...)
- 1260: údajně 20 tis. potomků
- největší kontinuální impérium v historii, politická kontrola Hedvábné stezky (cca 1000 BC: propojení Západu, Středního východu a východní Asie) → kulturní sjednocení, obchod, transport inovací



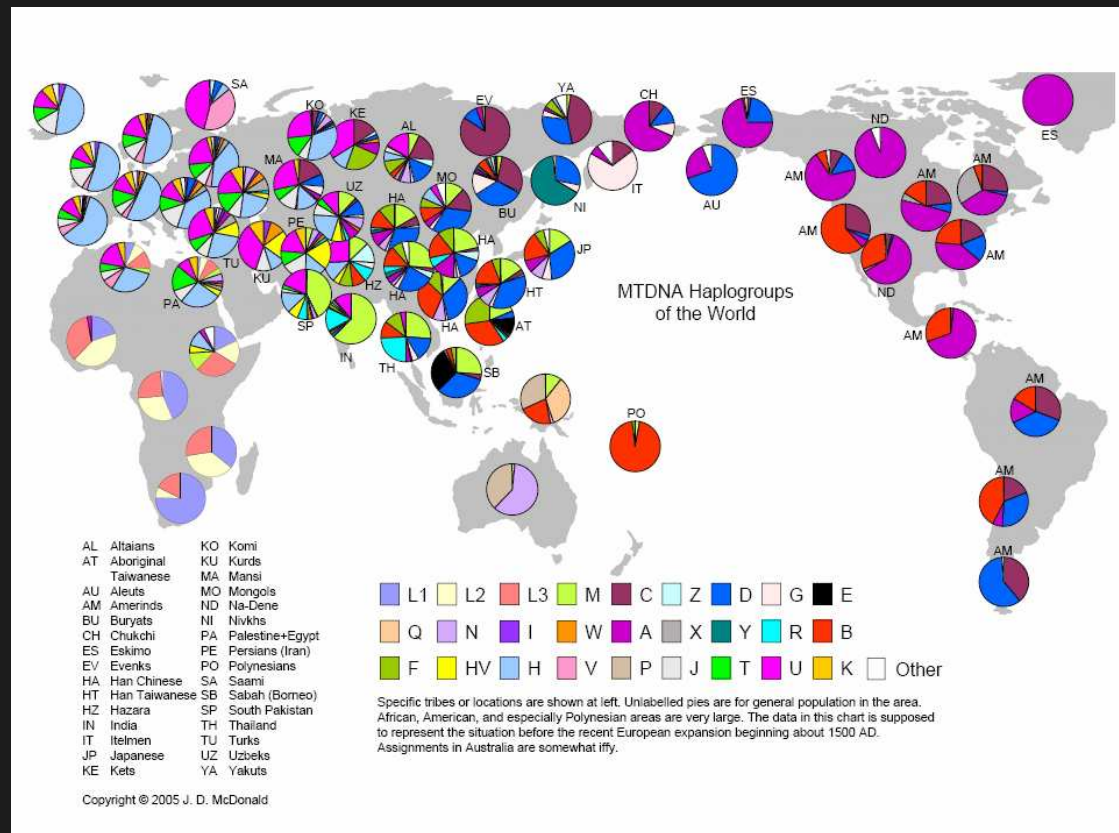
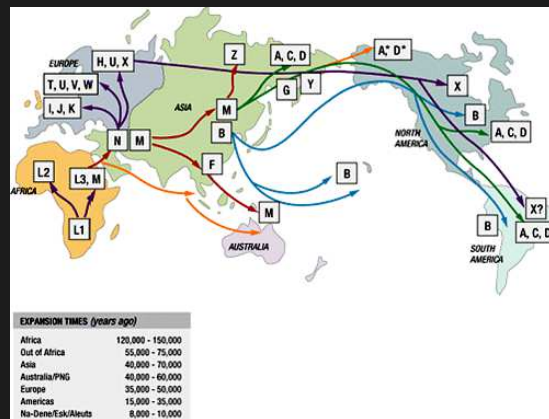
# Mitochondriální DNA





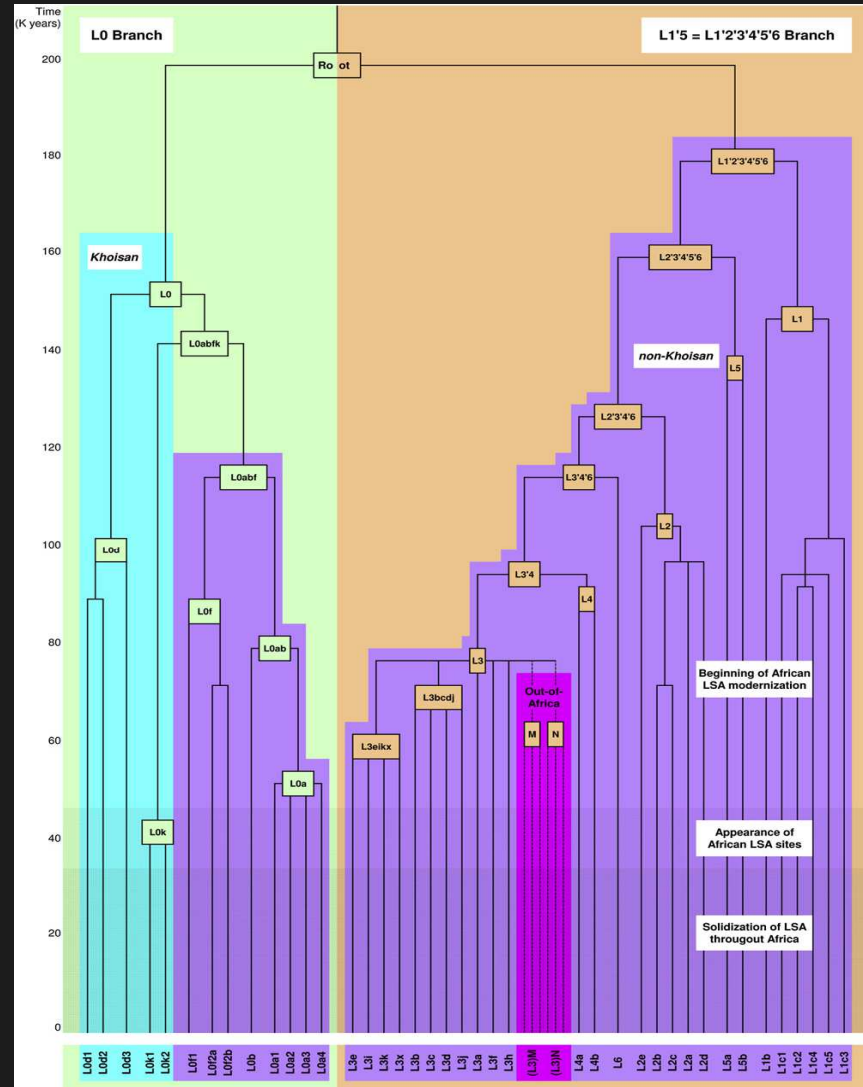
# Mitochondriální evoluce

- „mitochondriální Eva“
- cca 140-200 kya
- ve východní Africe
- matrilineární MRCA (*most recent common ancestor*) dnešních populací lidí



# Vznik mtDNA diverzity

- základní dělení na L0 (Afrika, hlavně khoisani) a L1/5 (Afrika a mimoafrické haplotypy M a N)
- oddělení L0 a L1/5 (135-155 kya) odpovídá osídlení Afriky a Blízkého východu



# Datování mtDNA po kalibraci aDNA

- kalibrace pomocí mtDNA sekvencí z evropských a asijských archeologických nálezů datovaných pomocí radiokarbonové metody na 3,6–40 ky
- data divergencí lépe odpovídají původním odhadům divergencí
- stáří lidstva 157 (120–197) ky

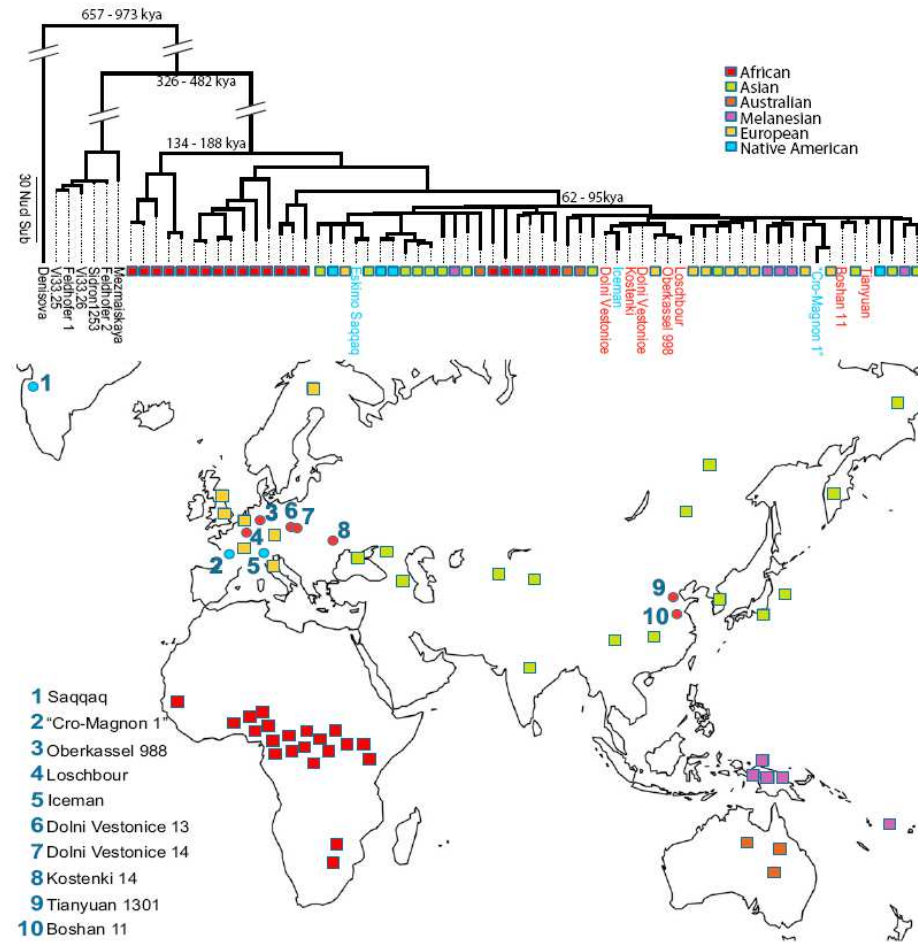
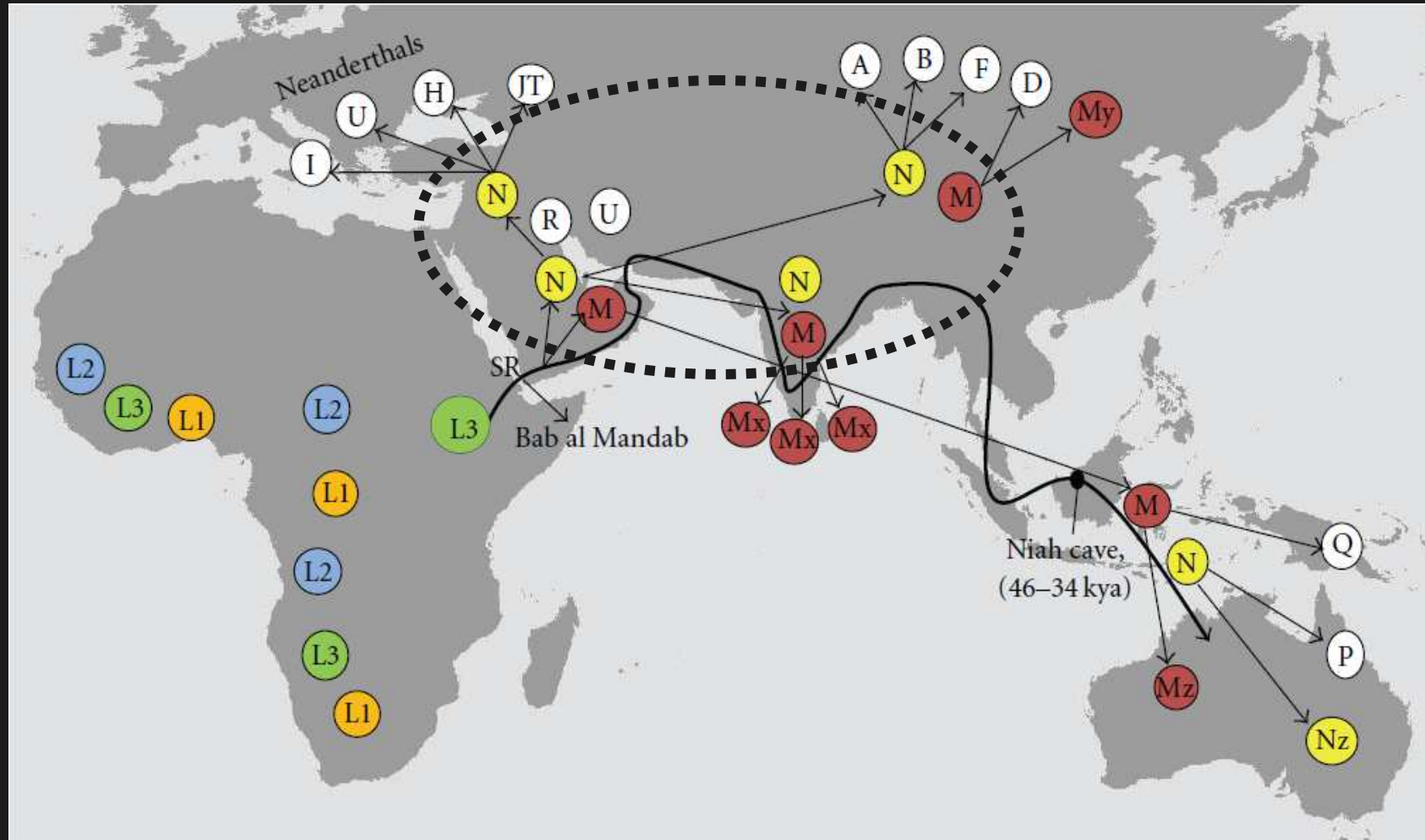


Figure 1. Tree for 54 Present-Day Humans, Ten Ancient Modern Humans, and Seven Archaic Humans

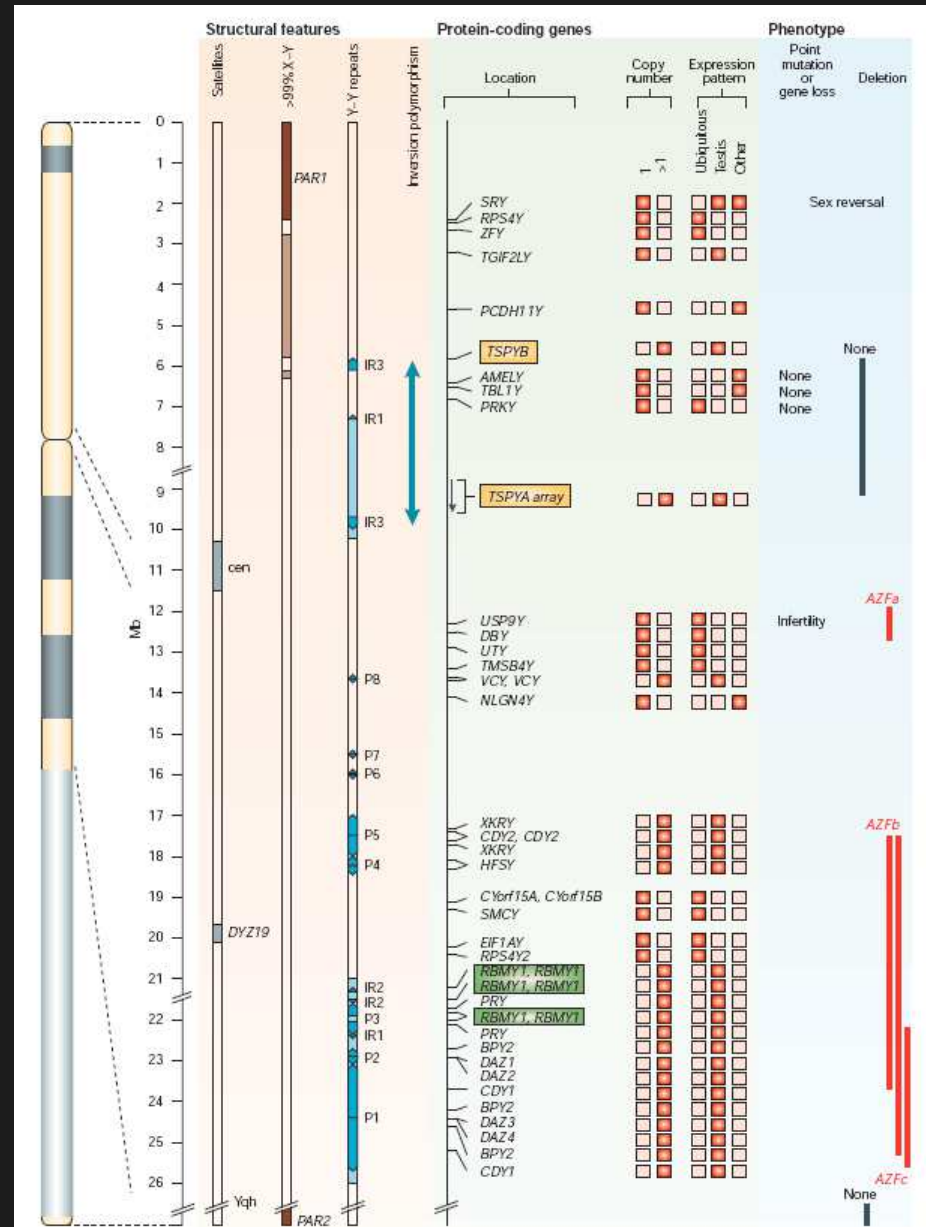
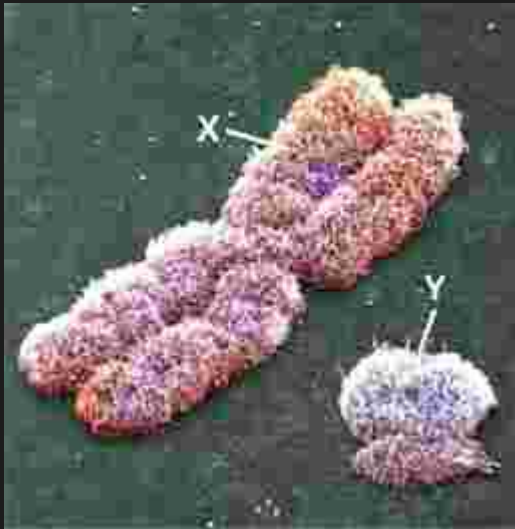
# mtDNA 60-30 kya





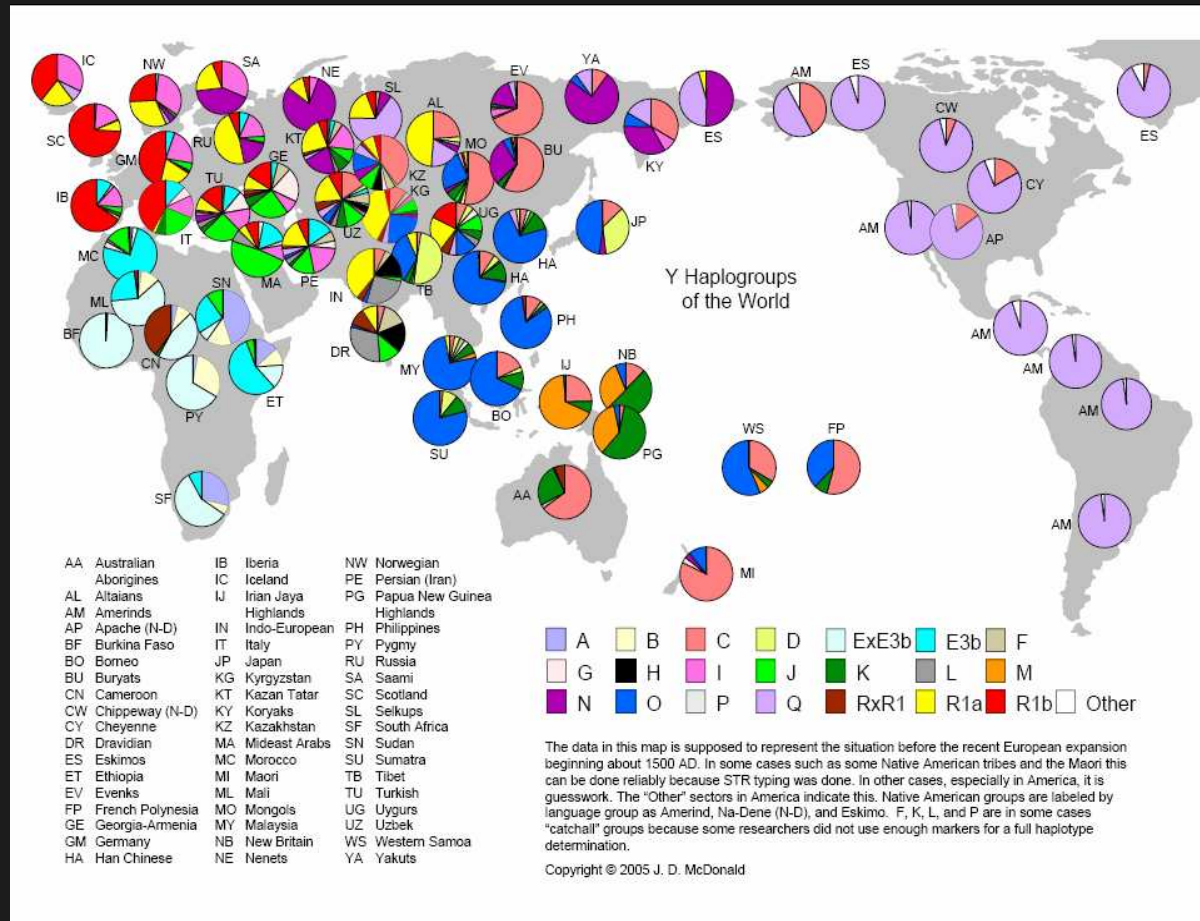
# NRY

- nerekombinující část chromosomu Y (NRY)



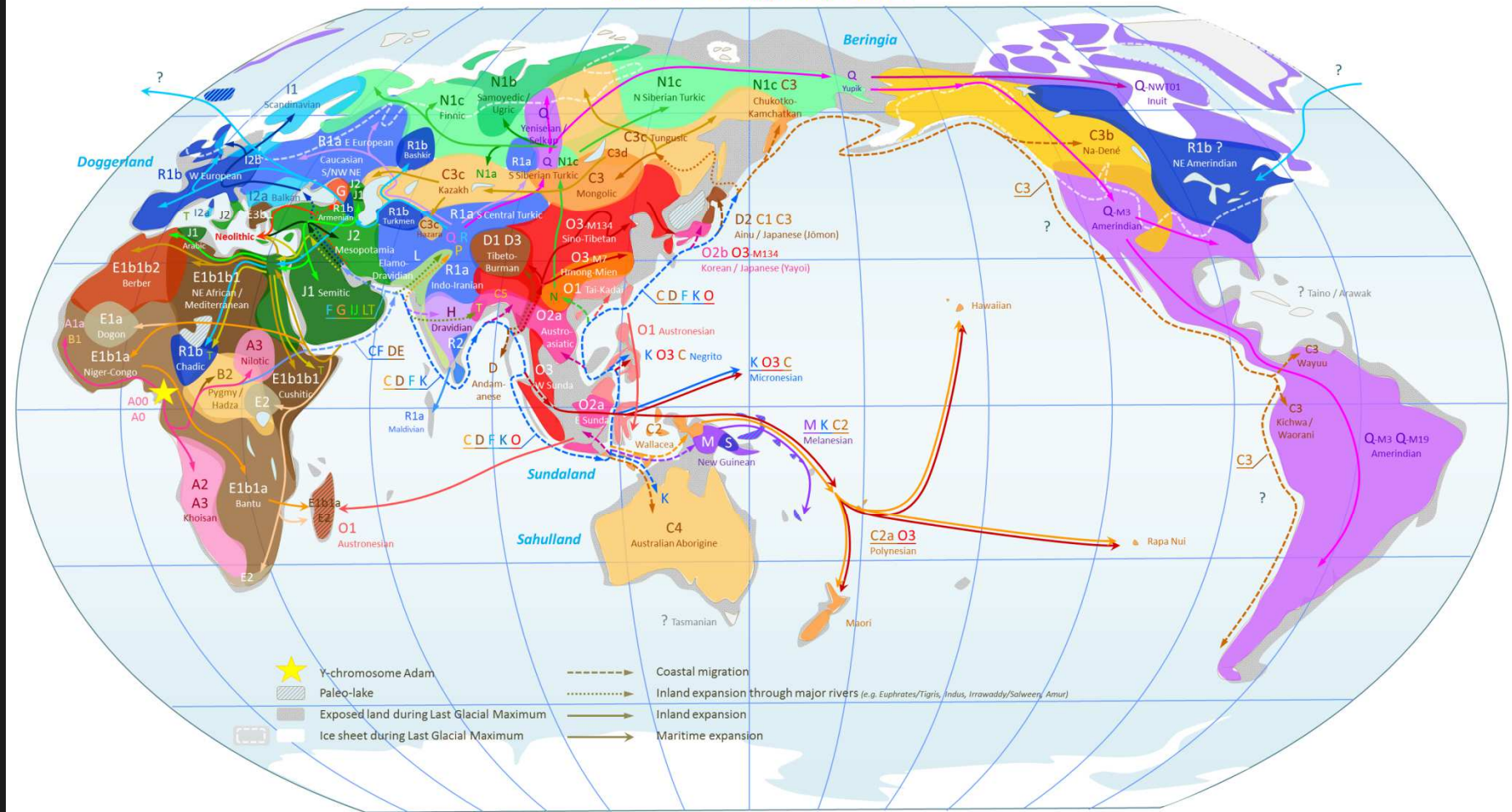
# Y-chromosomová evoluce

- „Y-Adam“
- tradičně se uvádí 50-100 kya
- v Africe
- patrilineární MRCA (*most recent common ancestor*) dnešních populací lidí



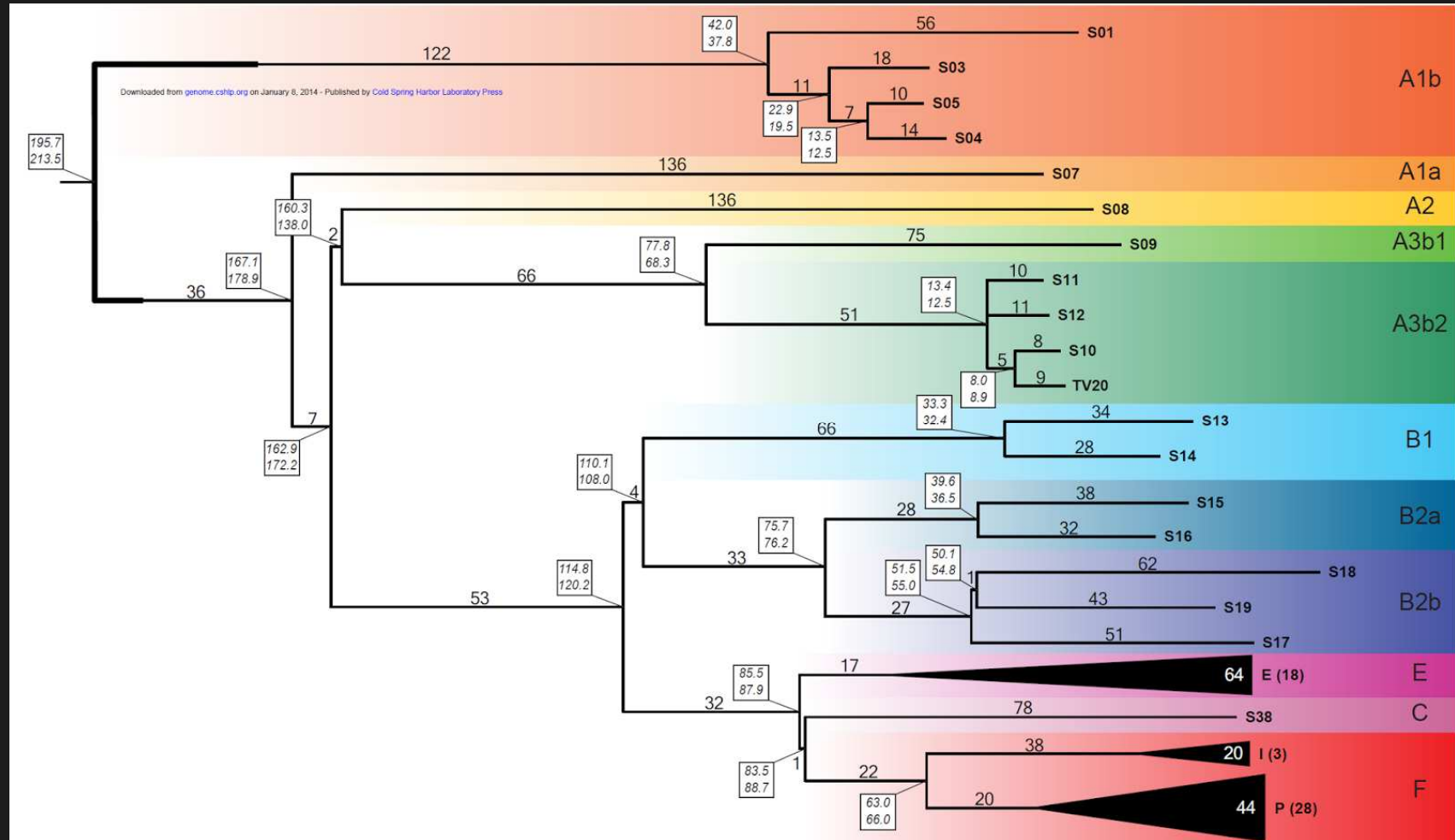
# Y-chromosomová evoluce

World Map of Y-Chromosome Haplogroups  
Dominant Haplogroups in Pre-Colonial Populations  
with Possible Migrations Routes





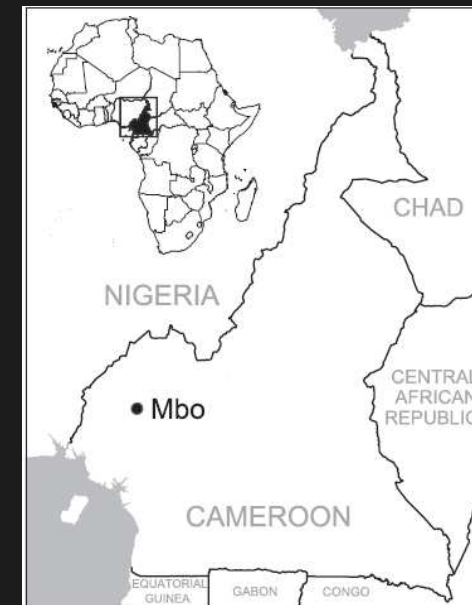
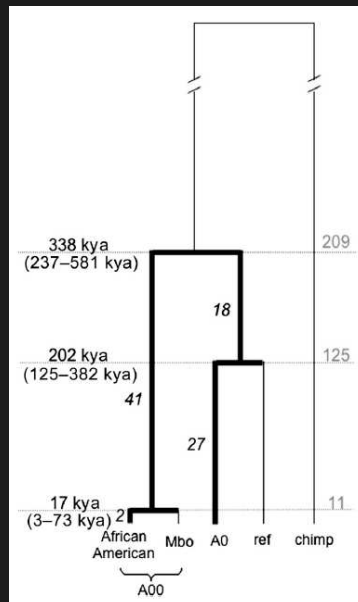
# Y-chromosomová evoluce



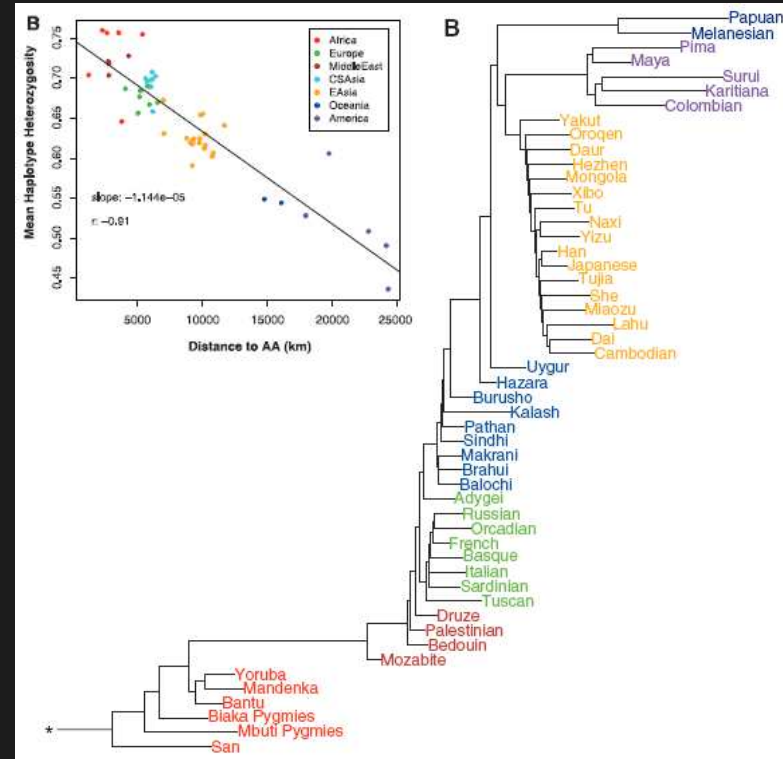
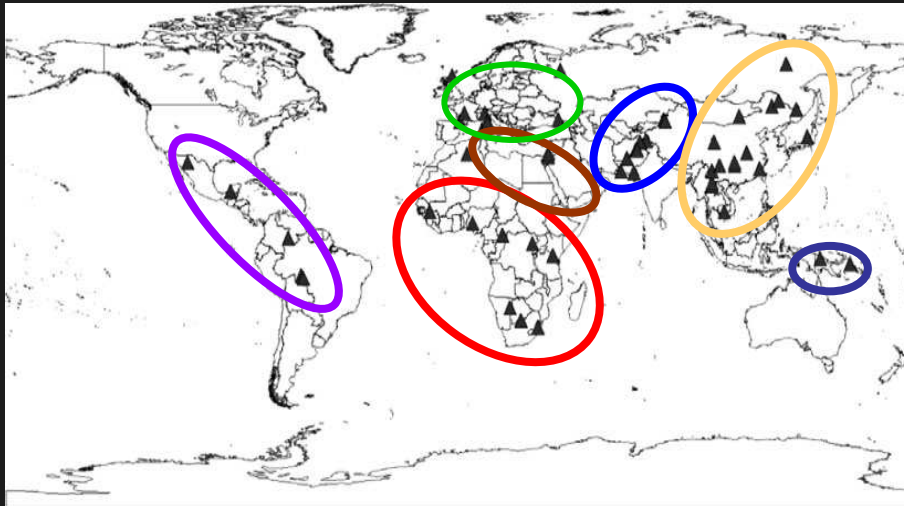


# Haplotyp A00

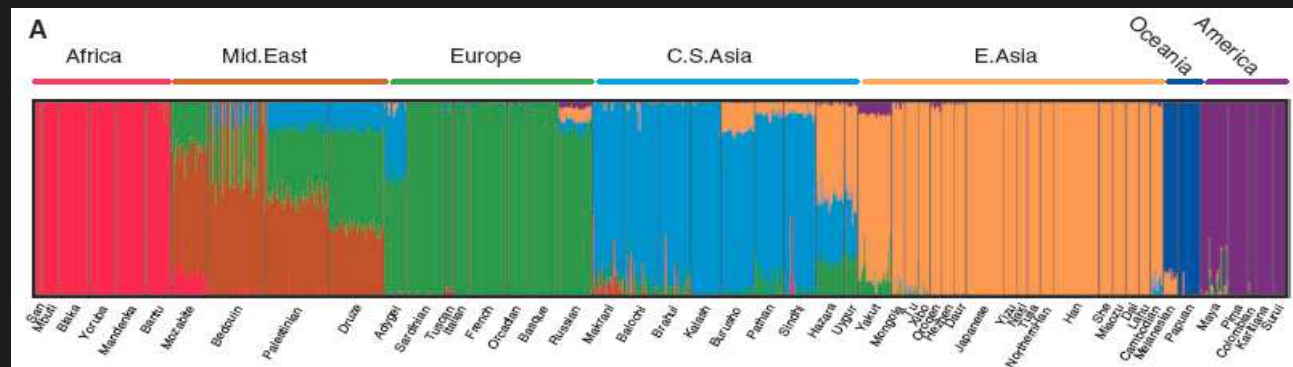
- bantuská etnika Mbo a Bangwa v Kamerunu
- cca 300 kya



# Genomová analýza



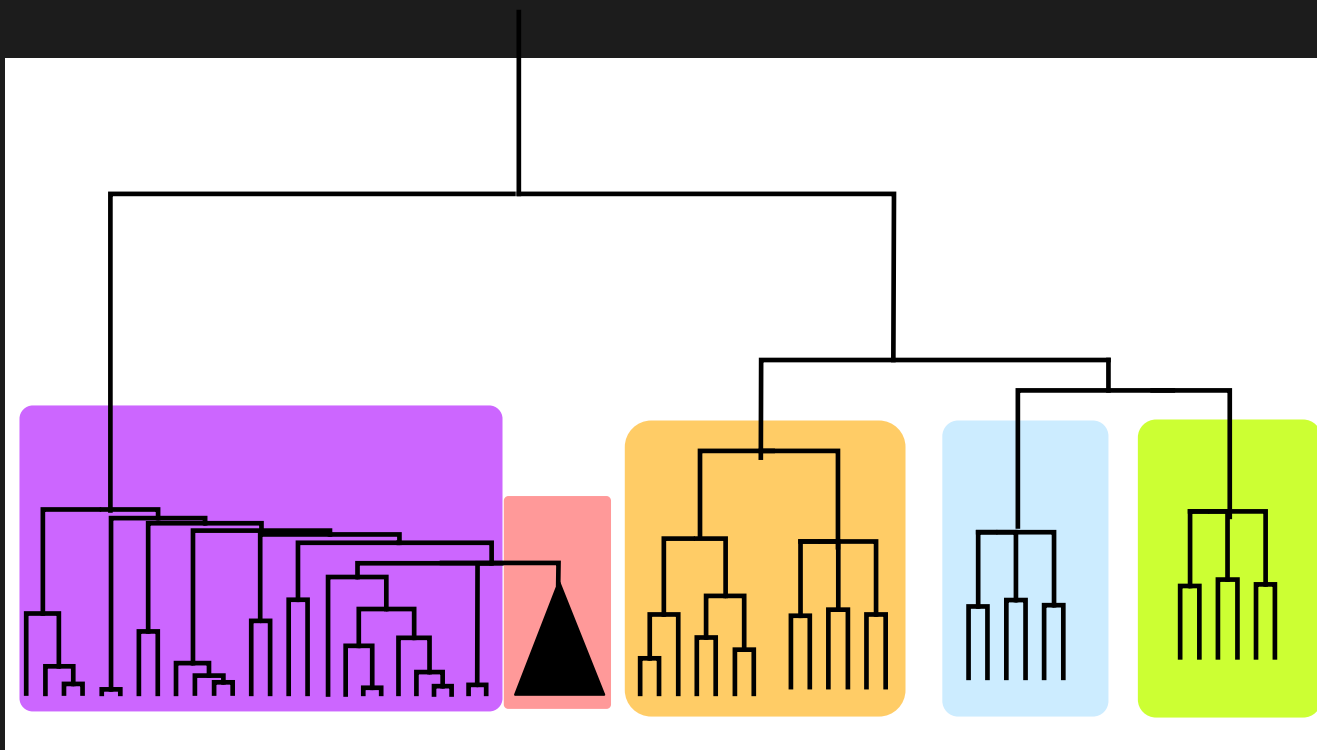
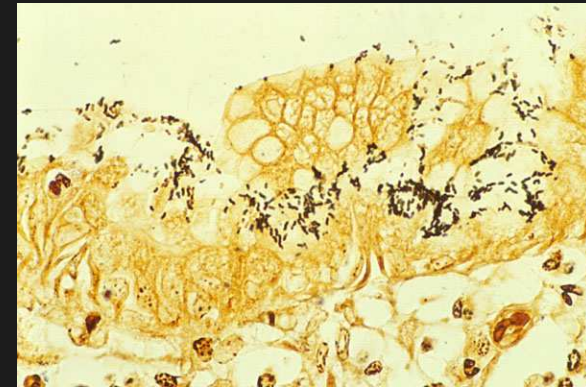
- 650 tis. SNP,  
1064 lidí z 51  
populací







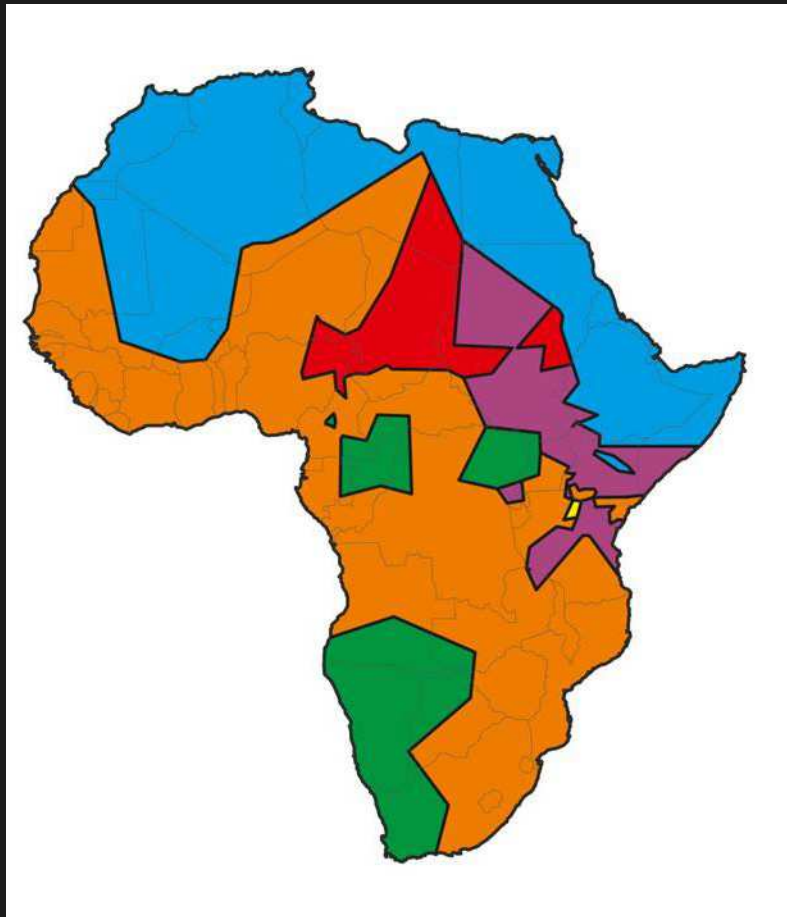
# Historie lidstva a *Helicobacter pylori*



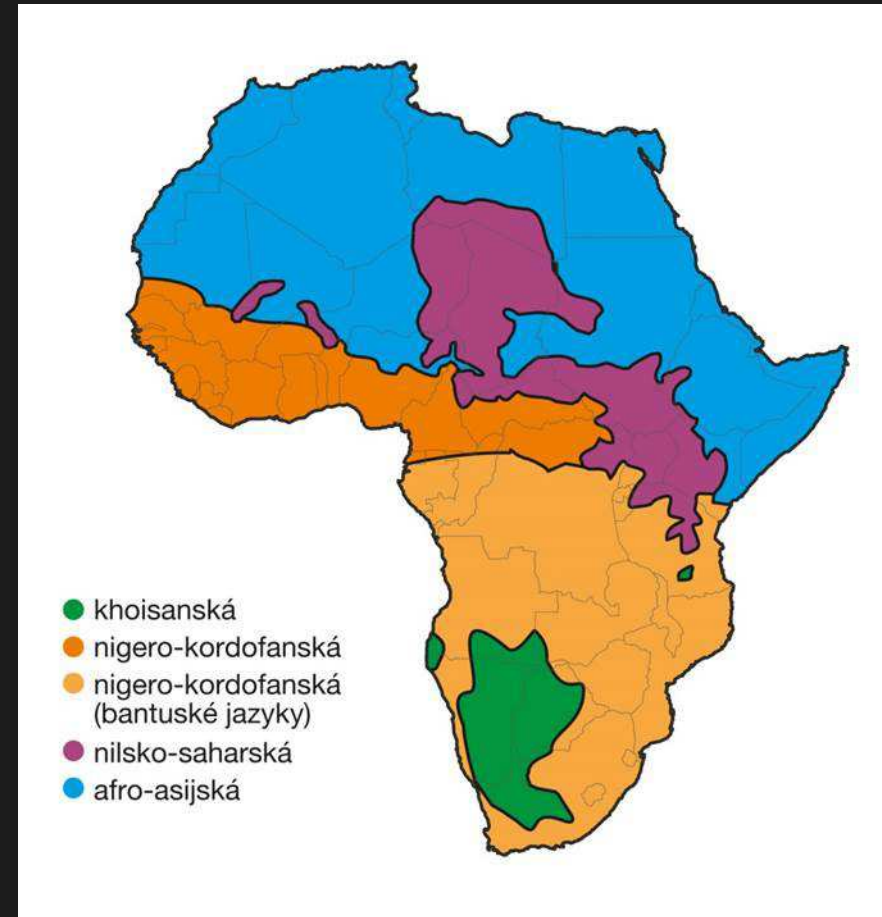
- khoisani
- jihoafričtí Bantuové
- ostatní Afričani
- Evropané a Asiati (+ Amerika a Oceánie)
- Austrálci a Papuánci



# Geny a etnika

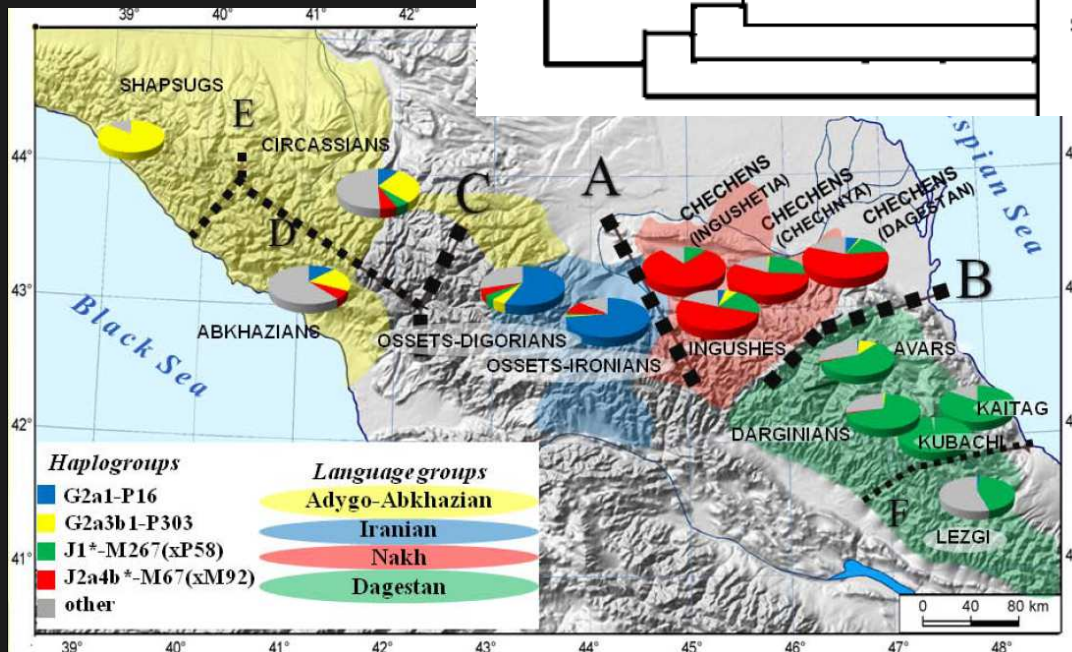
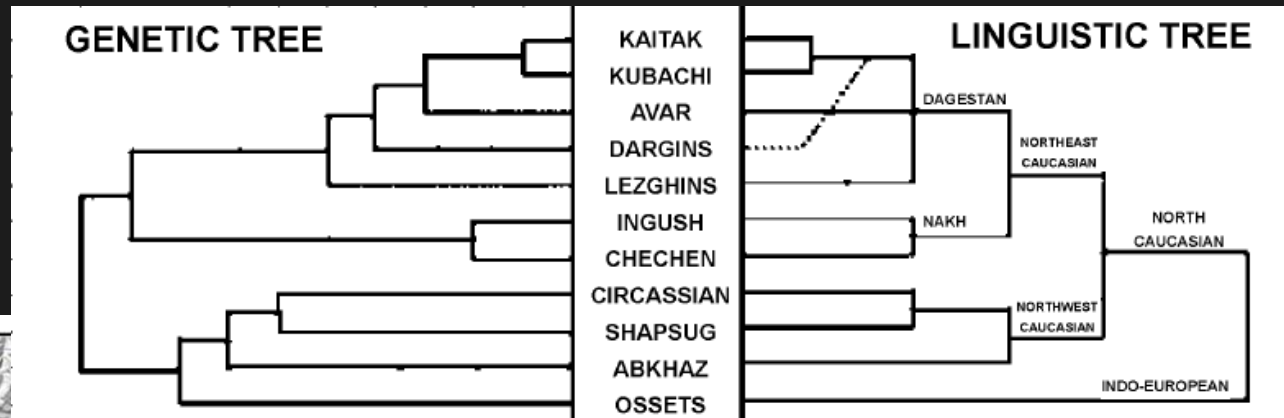


Genomická analýza (Tishkoff et al. 2009):  
6 ancestrálních komponent a žádné mísení



Jazykové členění (podle Greenberga)

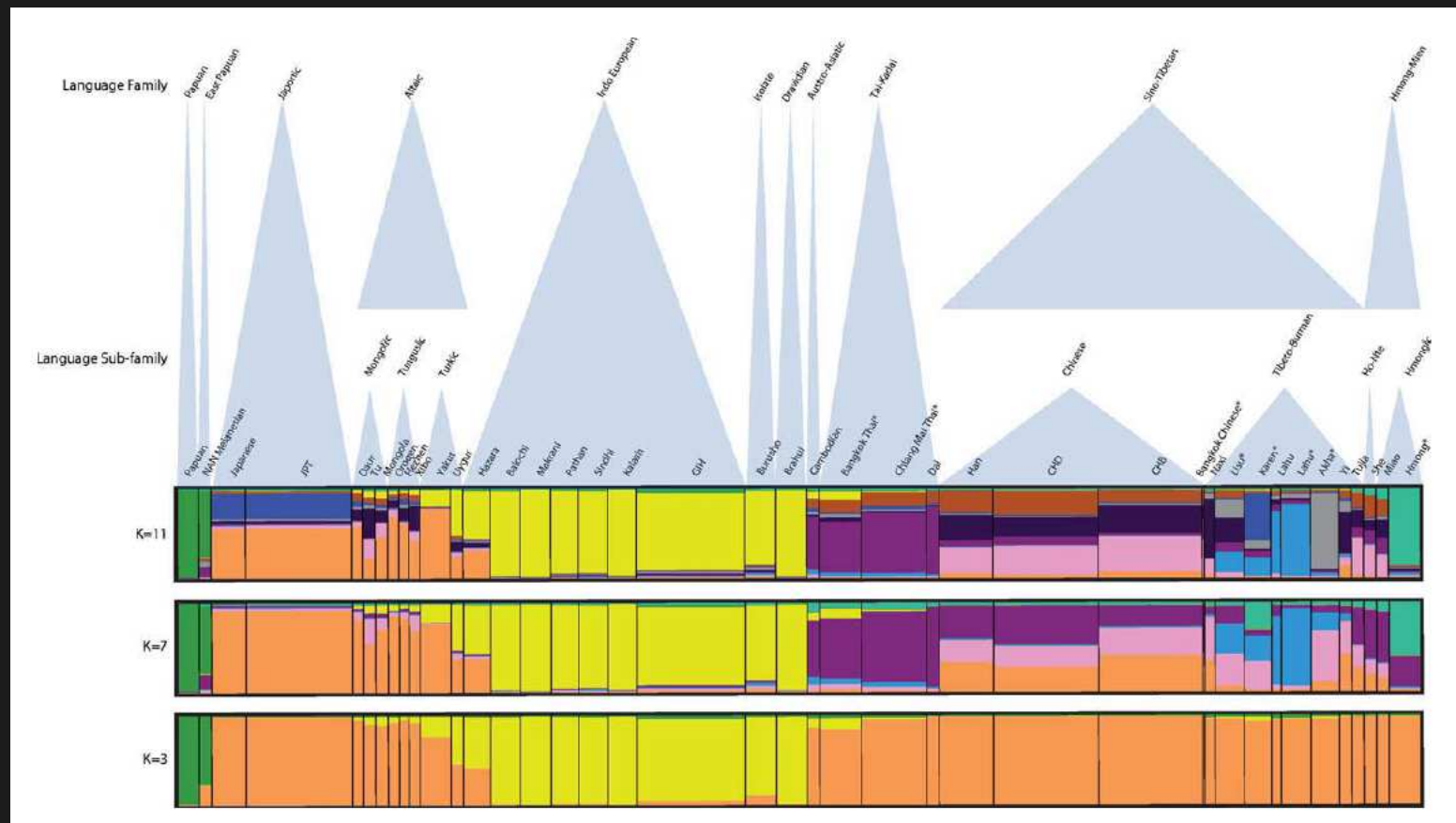
# Kavkaz: lingvisticko-genetická korelace



SNP + Y

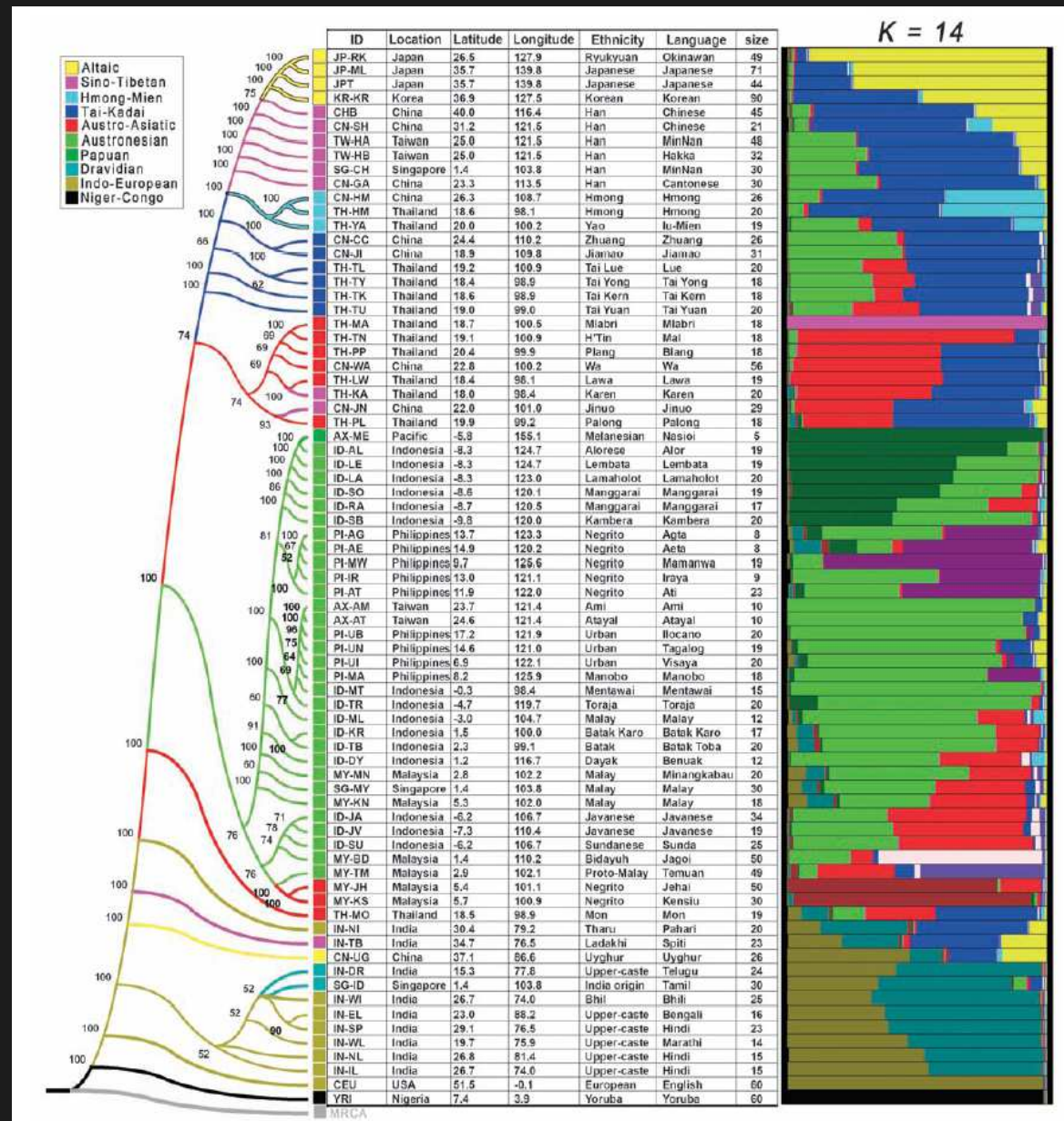
# Jižní a jihovýchodní Asie

- nápadná korelace genů a jazyků



# Jižní a jihovýchodní Asie

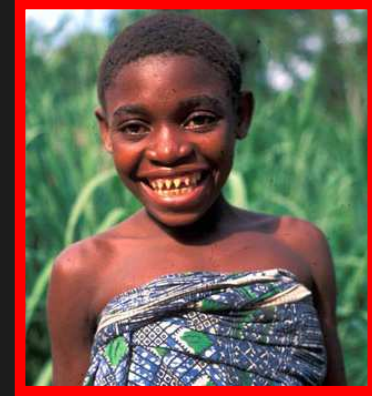
- genetická příbuznost ~
- ~ jazykové rodiny
- ~ geografická blízkost

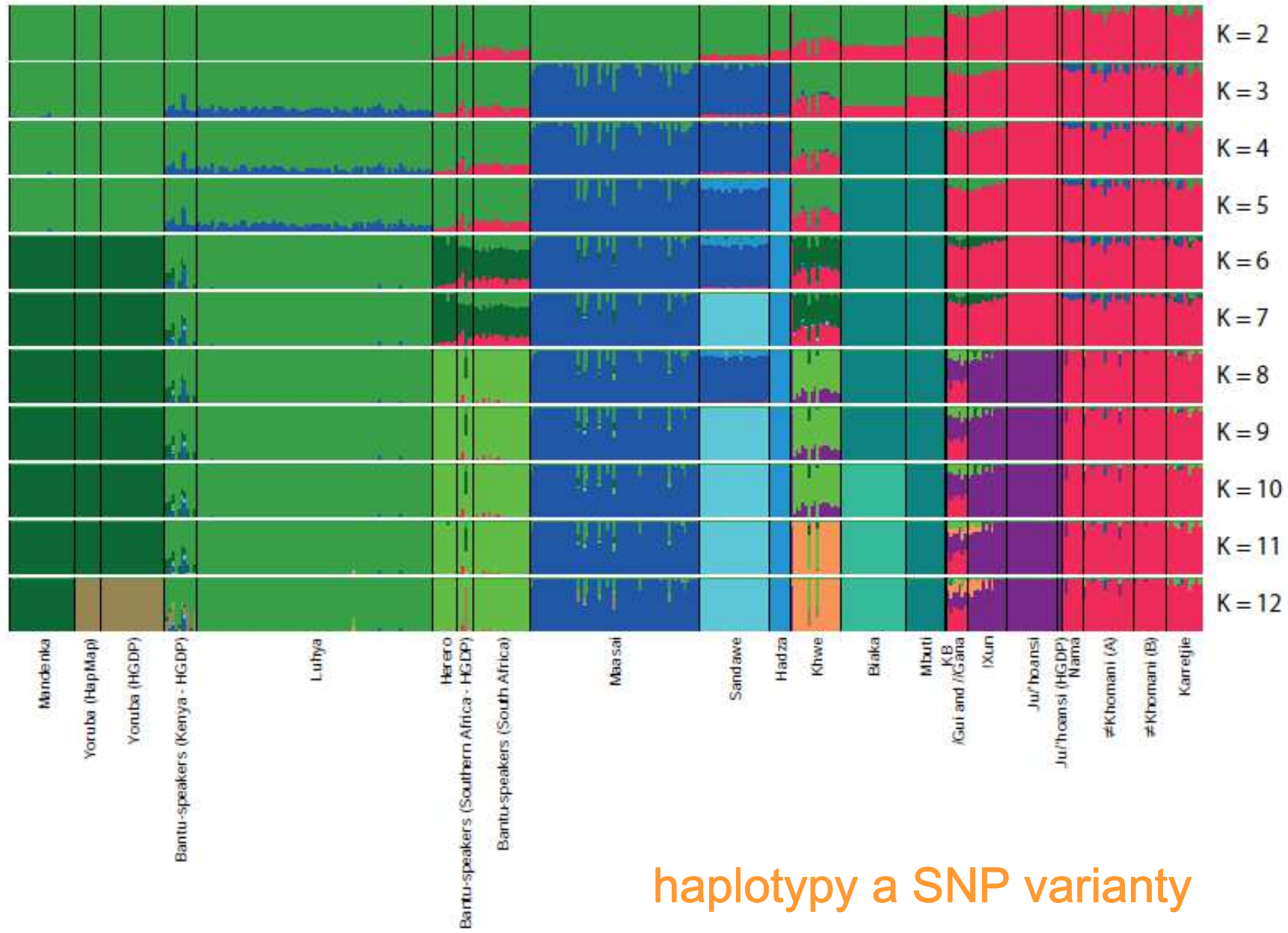




# Afrika

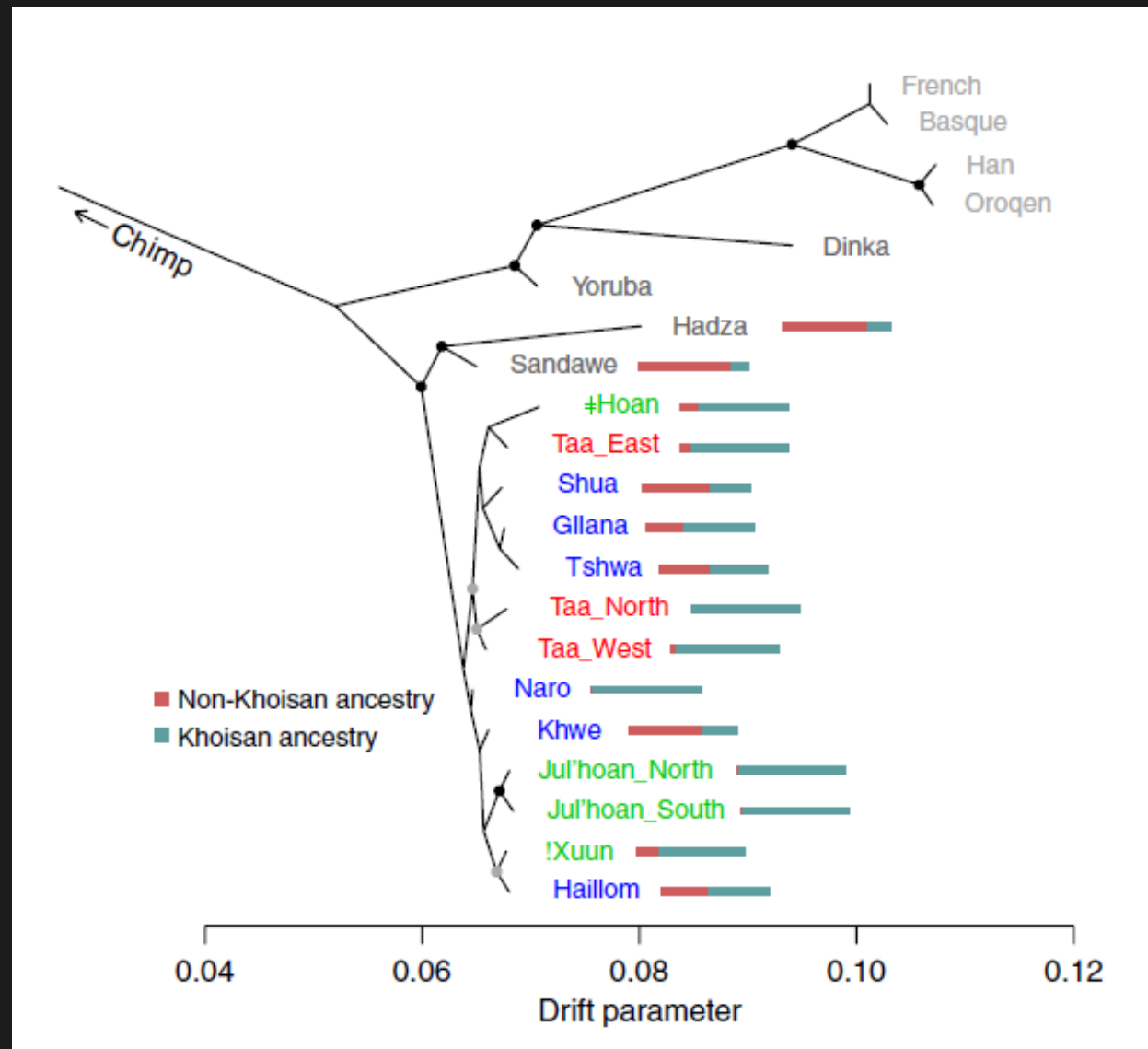
- Khoisani
- Pygmejové
- Hadza + Sandawe
- Bantuové
- Niloti
- + Severní Afrika  
(není Afrika)





haplotypy a SNP varianty

- Treemix analýza po odstranění afrického a ne-afrického mísení





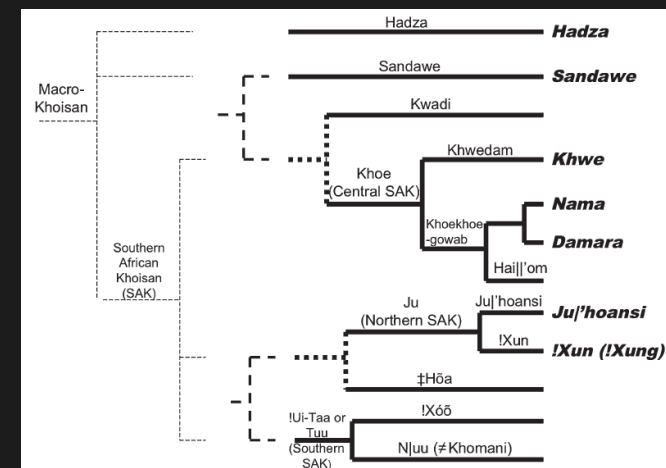
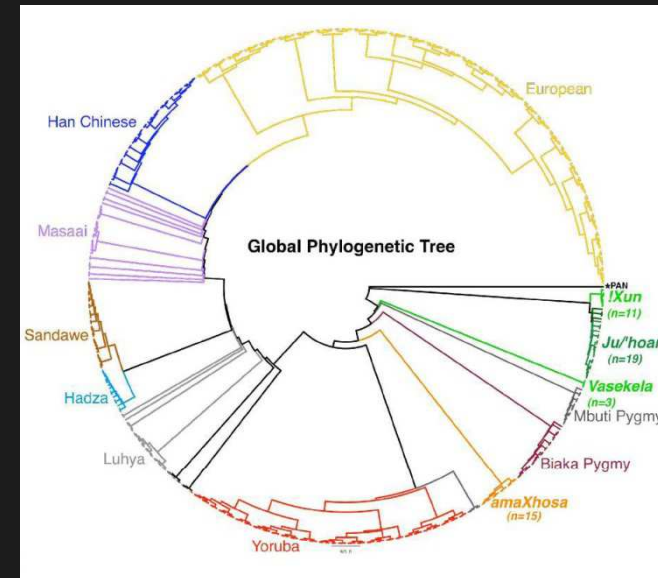
# Evolutione khoisansko-pygmejských populací





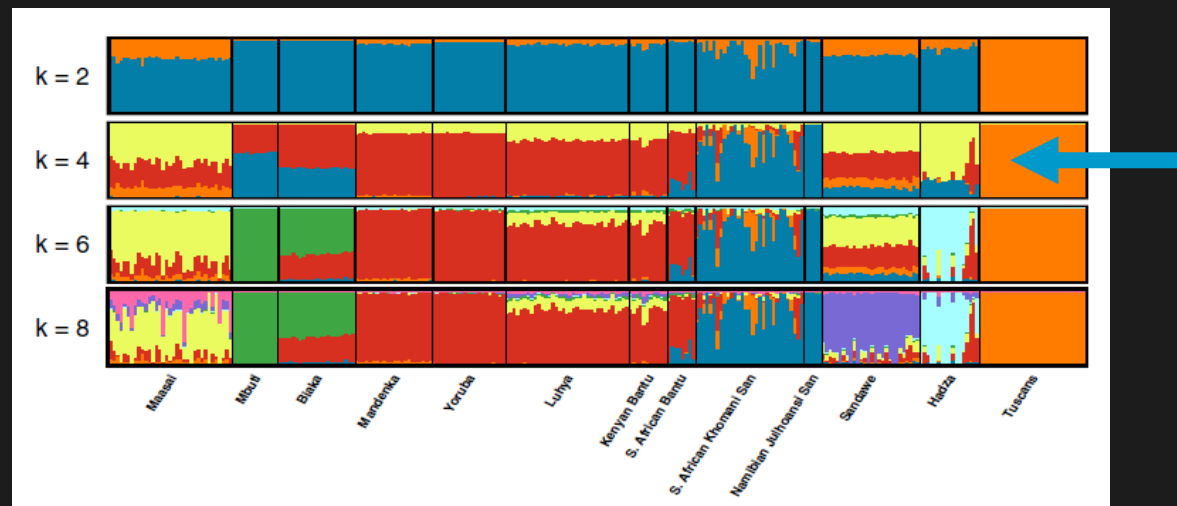
# Evoluce khoisansko-pygmejských populací

- populační divergence Khoisanů od zbytku lidstva  $\geq 100$  kya; vnitřní populační struktura jihoafrických Khoisanů (Ju≠Hoan, Khoe-Kwadi, Tuu)  $\geq 30$  kya
- jsou východoafričtí „Khoisani“ (Hadza, Sandawe) příbuzní s jihoafrickými?
- mtDNA a NRY: překryto recentním tokem genů, ale Hadzapové a Sandawové (150 km od sebe) izolováni 10-15 kya (dávno před příchodem černochů)
- mozaikovitě rozšíření starých afrických populací ~ suché podnebí během posledního glaciálu (17-24 kya)?

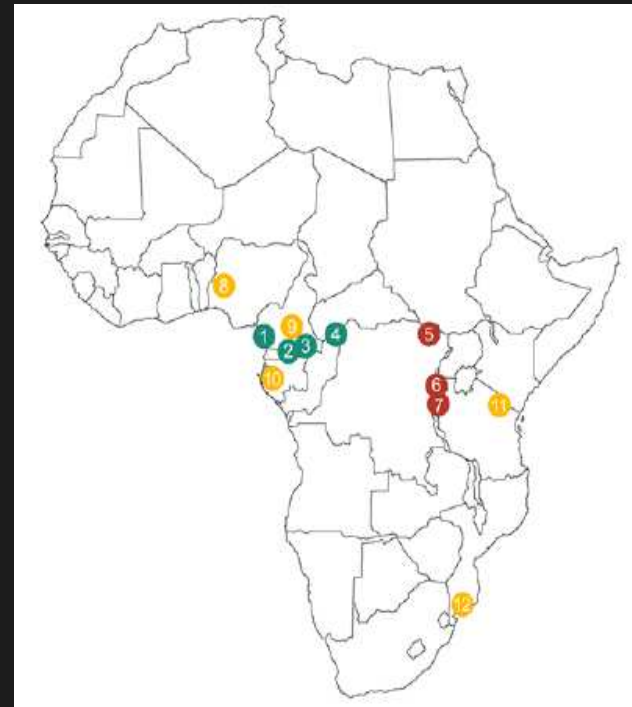
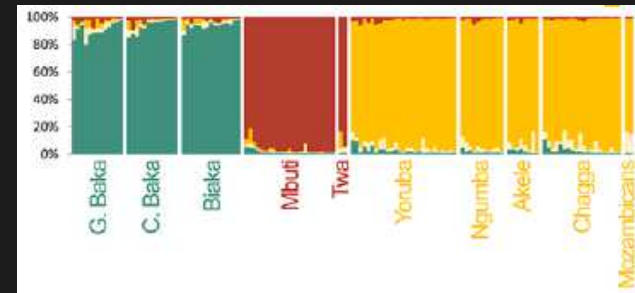
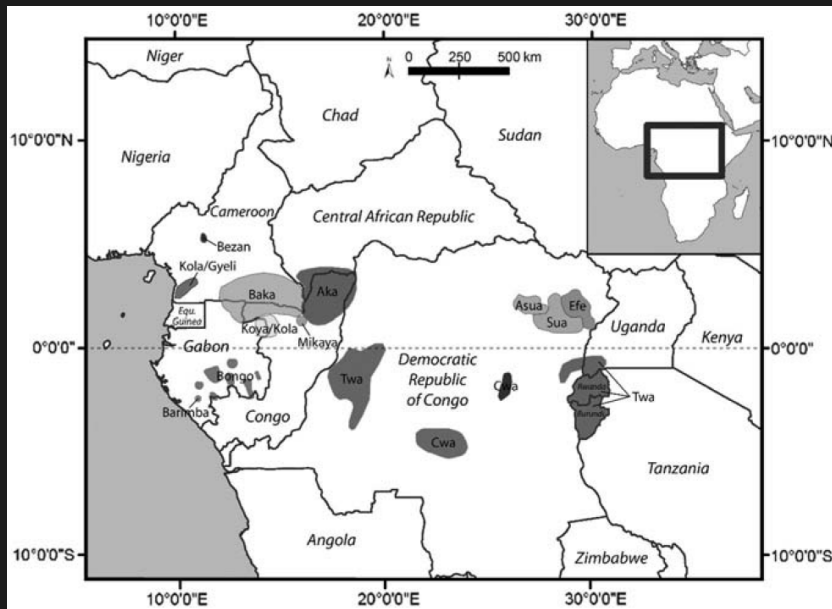


# Afričtí lovci-sběrači a genetika

- metaanalýza: tvoří všichni Khoisani (včetně Hadzapů a Sandawů) a pygmejové jednu skupinu (původně od Etiopie po Kapsko)? ~ jazyková analýza JA Sanů, skalní umění ve V Africe, dva typy paleolitické industrie ve střední Africe
- zásadní dělení jazyků: mlaskavé (khoisanská velkorodina) a ostatní (?)
- jazyk pygmejů se nezachoval x podobná hudba



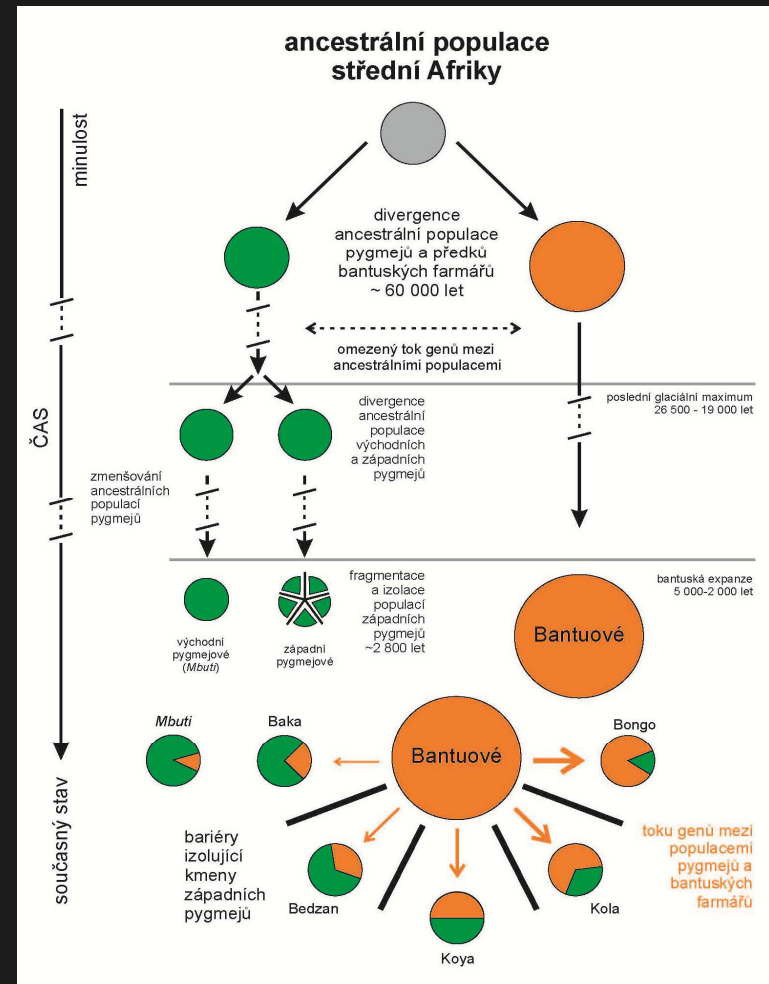
# Pygmejové



- dvě skupiny: západní (Mbengové: konžská pánev) a východní (Mbutiové a Twaové: Ituri, j. Victoria) – promíchání se sousedními zemědělci (užívají i jejich jazyky)

# Pygmejové

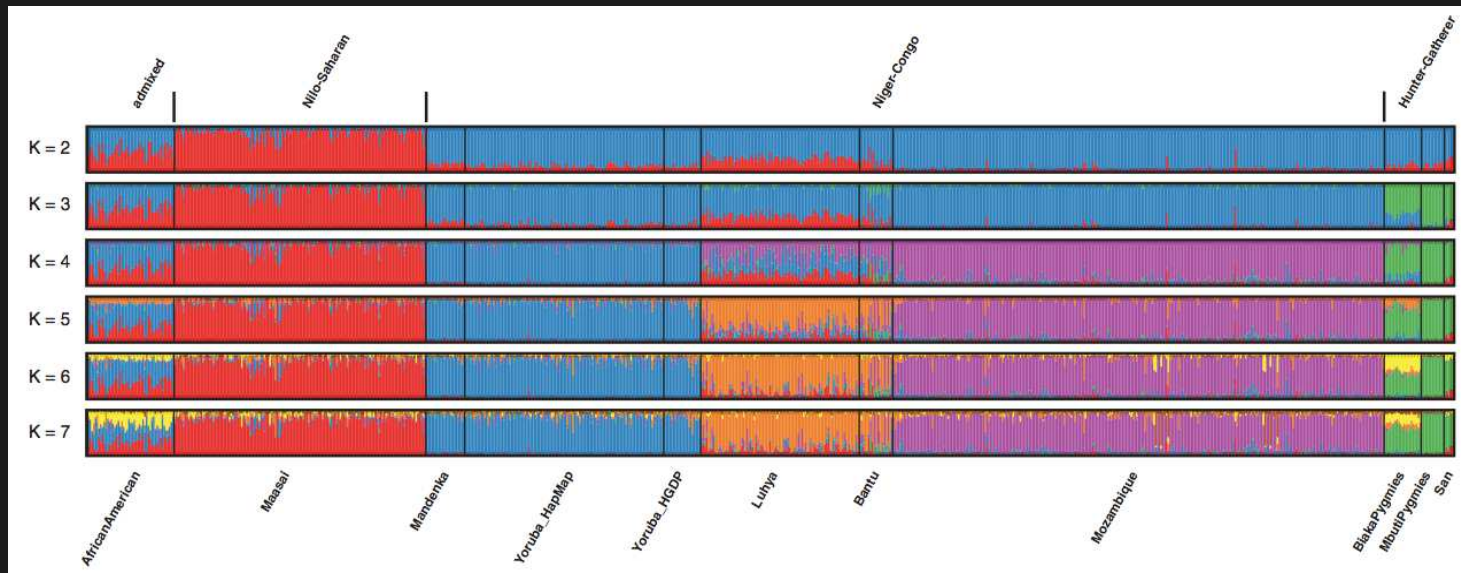
- autochtonní populace nebo recentně vzniklá lovecko-sběračská „kasta“ Bantuů?
- pygmejové se oddělili 50-60 kya, na západní a východní se rozdělili 20-30 kya
- tj. rozdělení starší než příchod bantuských zemědělců (specializace lovců/sběračů: les x savana, fragmentace lesů ~ klimatické změny)
- recentní asymetrický tok genů skrze smíšená manželství pygmejských žen a bantuských mužů (zřídka obráceně)





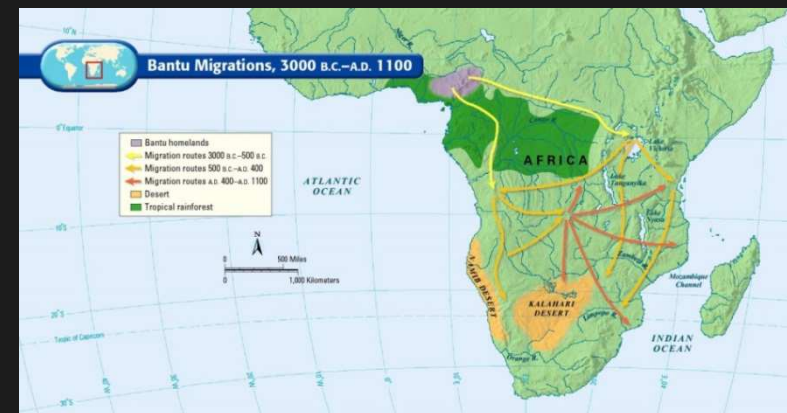
# Další základní lidská populace?

- 2010: 2841 SNP u 12 afrických populací
- zásadní odlišnost **Nilo-Sahařanů** od zbytku **Afriky**
- jednotná skupina „**lovců a sběračů**“
- zcela nová skupina v **Mosambiku** (x Bantuové jazykově i morfologicky)  
← starý kontakt Bantuů s (nyní vymřelou) skupinou?
- Ludovico di Varthema (1505): v horských jeskyních malí lidé se žlutavou pokožkou a mlaskavými jazyky („jako pohaněči mul na Sicílii“)???



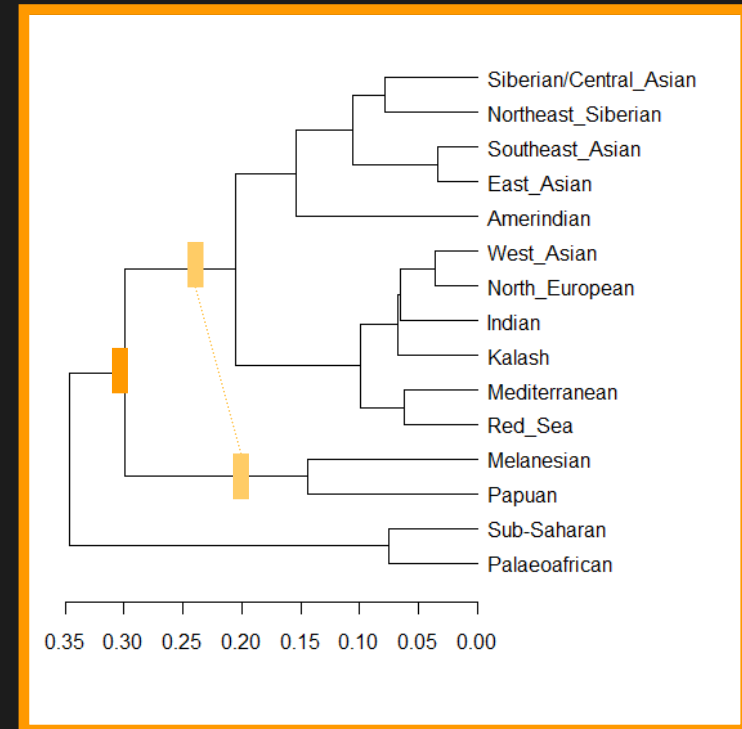
# Bantuská expanze

- Bantuové. z Nigérie 3000 BC, 1500 BC: migrace k okraji konžského pralesa; 500 BC: nová populace kolem Velkých jezer; 300-1000 AD: Bantuové dosáhli jižní Afriky
- zemědělství z Úrodného půlměsíce + autochtonní (Sahel + Z Afrika, Etiopie) + pastevectví z Úrodného půlměsíce (převzali i Khoinové!)
- démická expanze pastevců a zemědělců → polygynie, unilinealita (x Khoisani a pygmejové jsou bilaterální!)
- doba železná v Africe (250 BC)



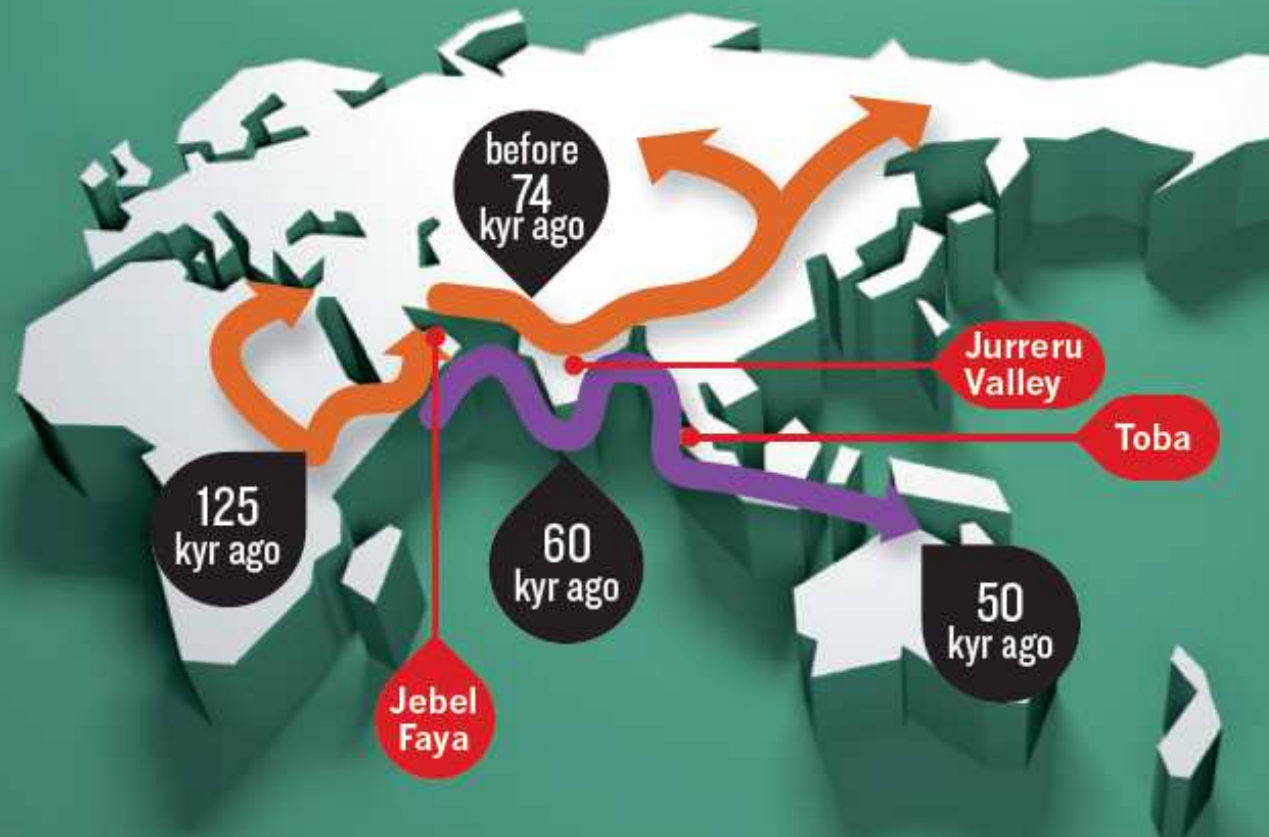
# Out-of-Africa

- nízká diverzita mtDNA i autosomů mimo Afriku
- jedna nebo dvě migrace? (~ 1200 lidí?): M+N na východě, na západě pouze N
- „**jižní trasa**“ (M) přes Bab-el-Mandab do jižní Arábie a dál do JV Asie, Nové Guineje a Austrálie (velmi staré haplotypy v jižní Asii, ale chybějí v Levantě): africké pobřeží Rudého moře bylo exploatováno už ~125 kya (Abdur)
- „**severní trasa**“ (N) přes Sinaj do Levanty (vzácná v jižní Asii, chybí na Nové Guineji x běžná v Austrálii)??? (museli by překonat Saharu – tehdy ještě aridnější!)
- návrat do Afriky z obou linií?



## ASIAN MIGRATION

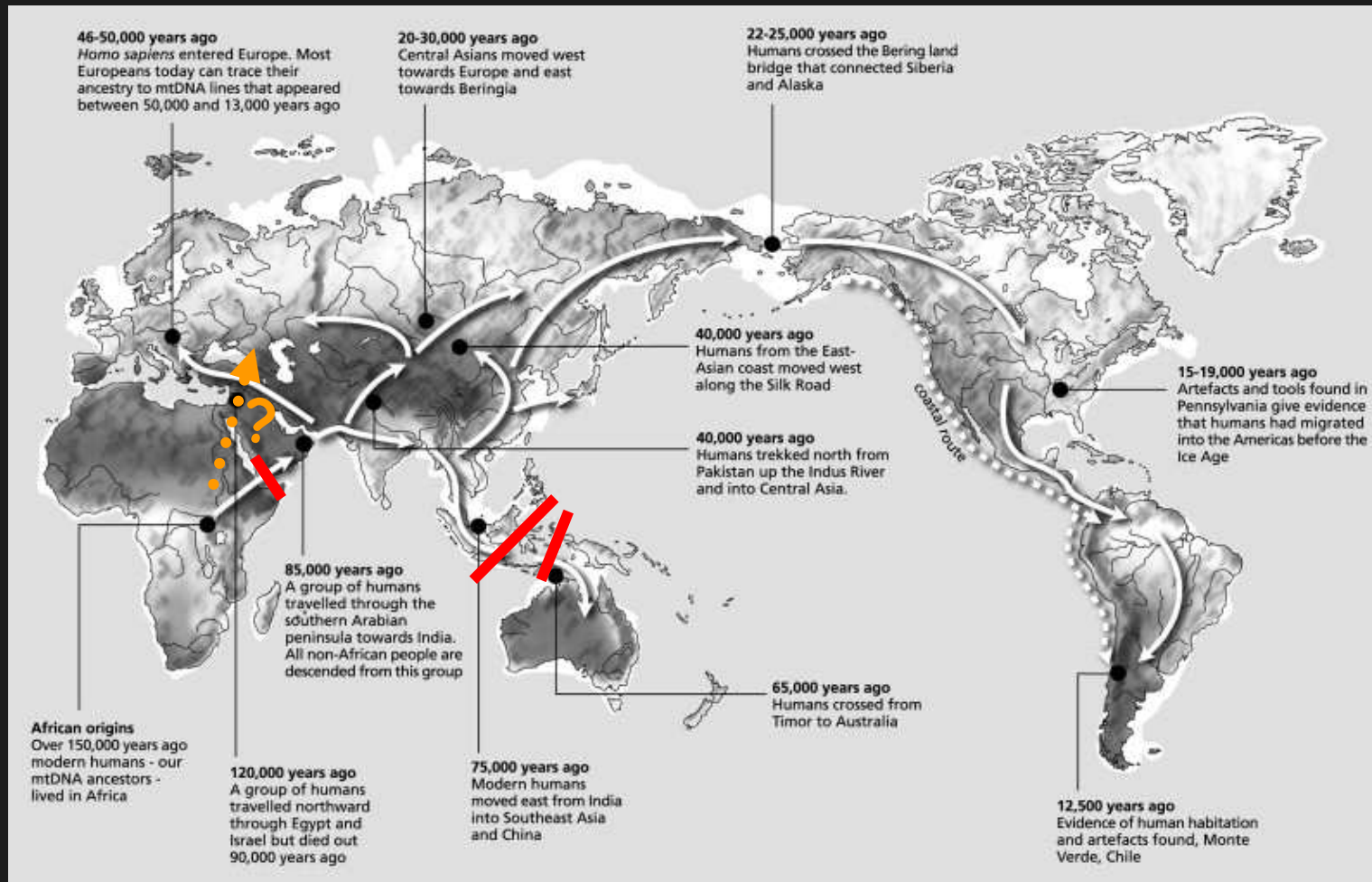
Archaeologists are divided over whether modern humans expanding eastward from Africa followed an early, inland route (orange) or a later, coastal route (purple).





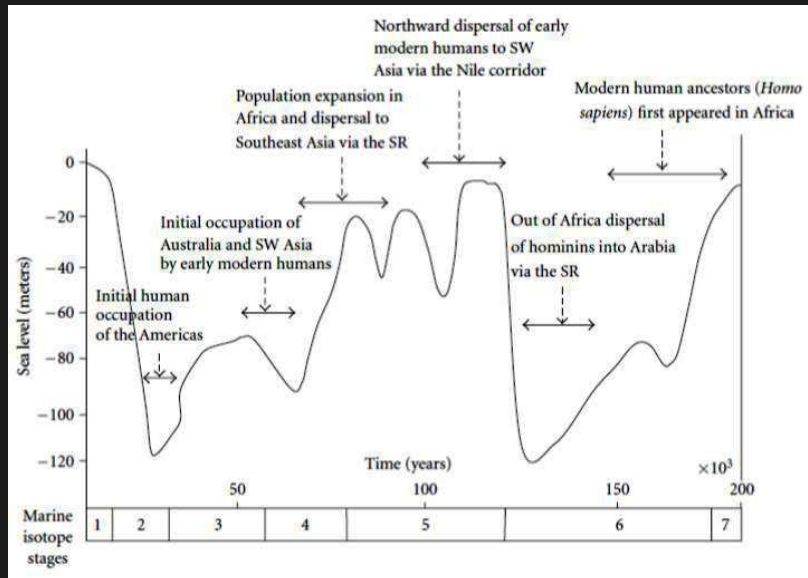
# Out-of-Africa

- jižní „plážová“ trasa
- *beachcombers* (plážoví paběrkovači)



# *Papio hamadryas*

- populace v Z Arábii není recentní, ani nepřišla severní cestou
- ~ přechodné pevninské mosty během LGM v oblasti Bab al-Mandab
- ~ 86-220 kya

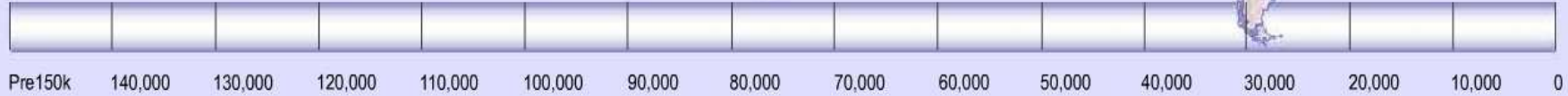


'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003



**African origins**  
Over 160,000 years ago modern humans - Homo sapiens - lived in Africa. The earliest known archaeological evidence of our **mtDNA** and **Ychromosome** ancestors is found in East Africa.

Journey of Mankind  
iLecture Film  
[Click Here To Watch](#)



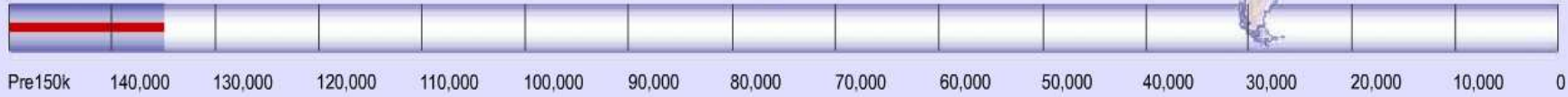


**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



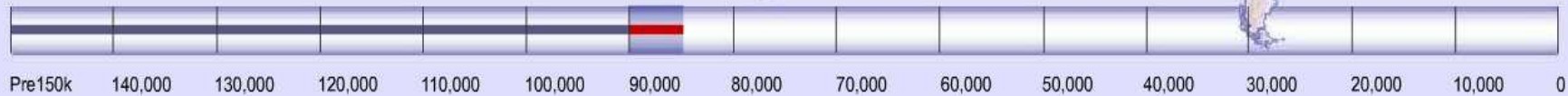
**160,000 - 135,000**  
Four groups travelled as hunter-gatherers south to the Cape of Good Hope, southwest to the Congo Basin and west to the Ivory Coast, carrying the first generation of mtDNA gene types 'L1'.

Journey of Mankind  
iLecture Film  
[Click Here To Watch](#)

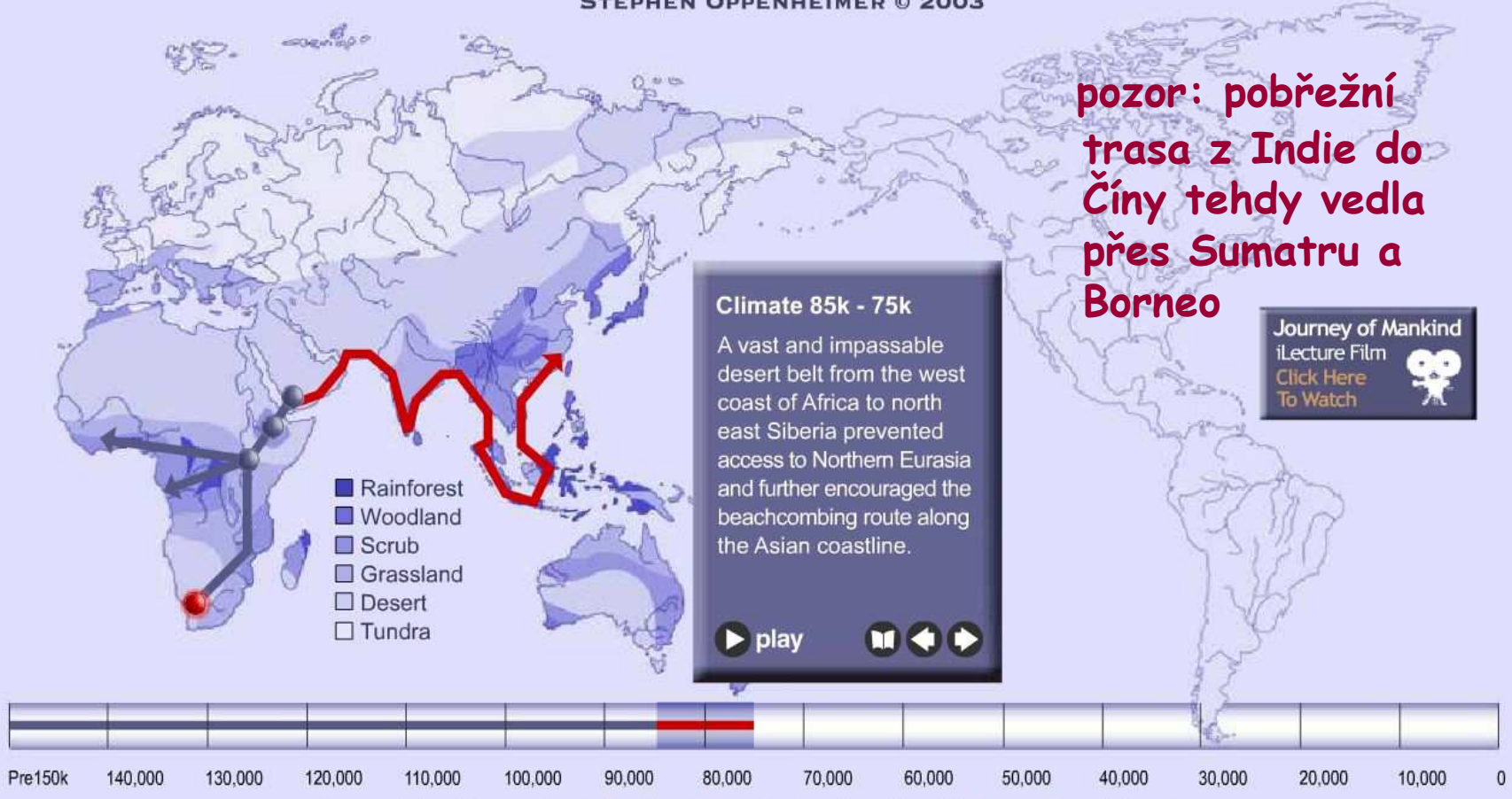




**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**

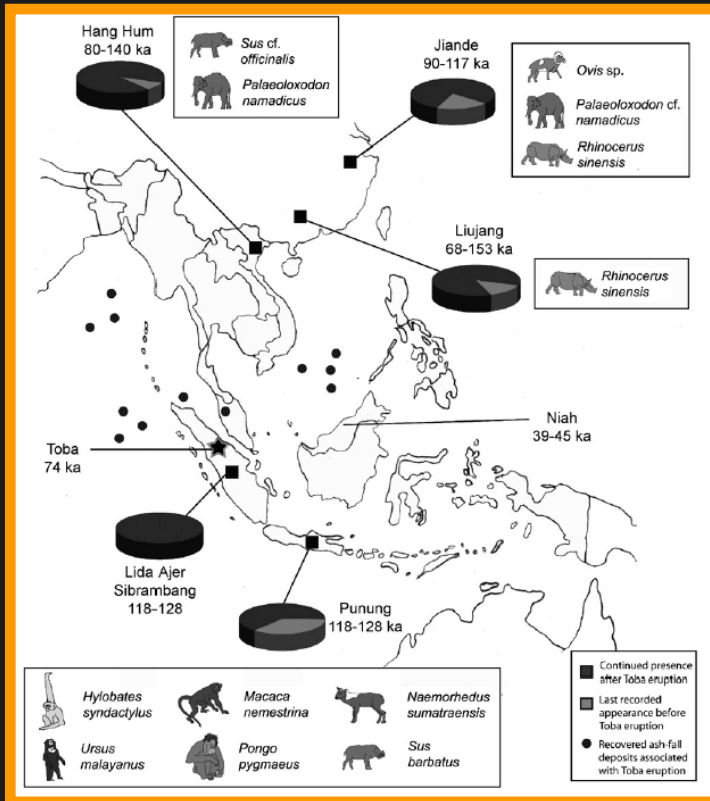


'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003

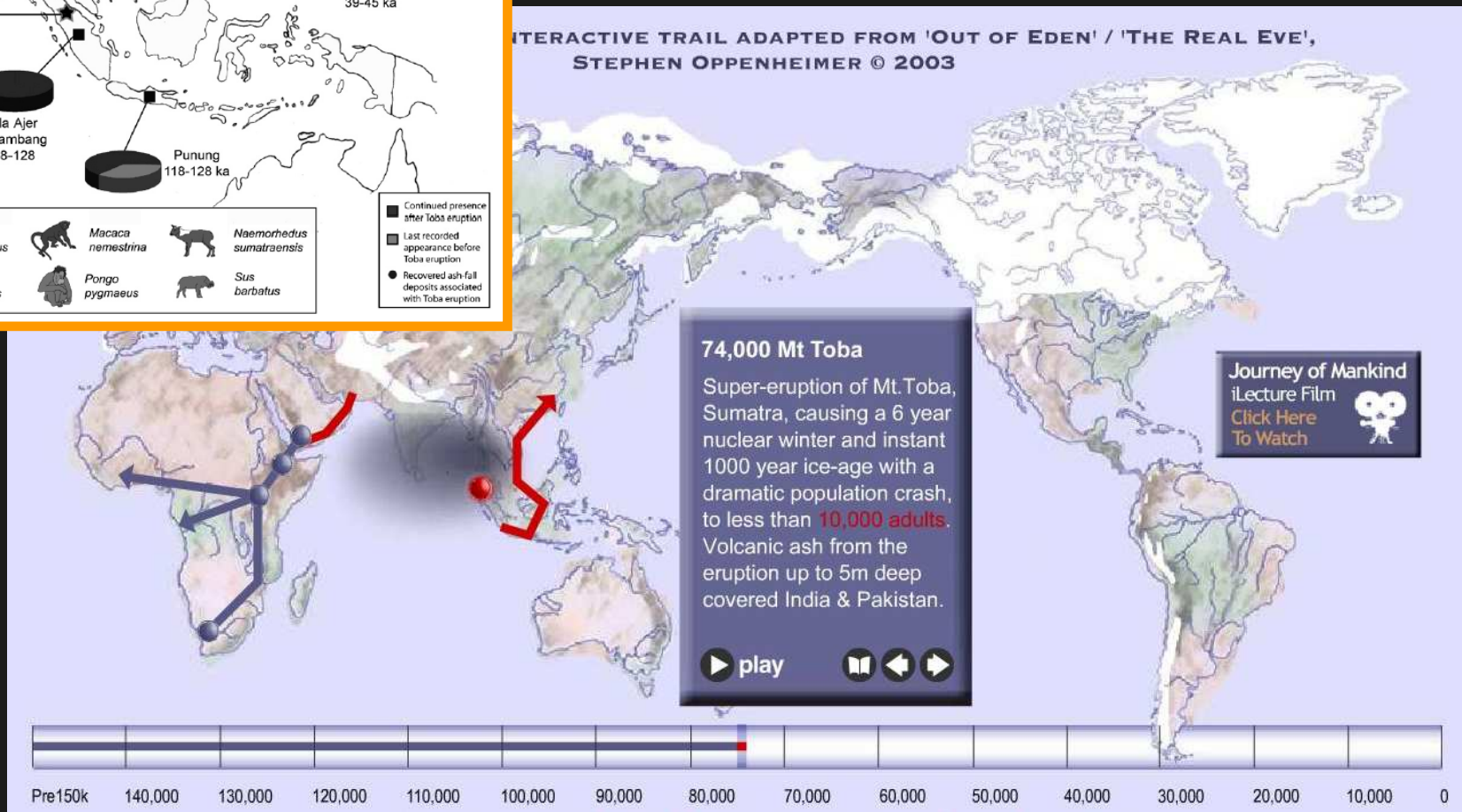


pozor: pobřežní trasa z Indie do Číny tehdy vedla přes Sumatru a Borneo

- exploze supervulkánu Toba na Sumatře (74 kya)
- nepříliš velký vliv na vymírání velkých savců v oblasti (S a V)



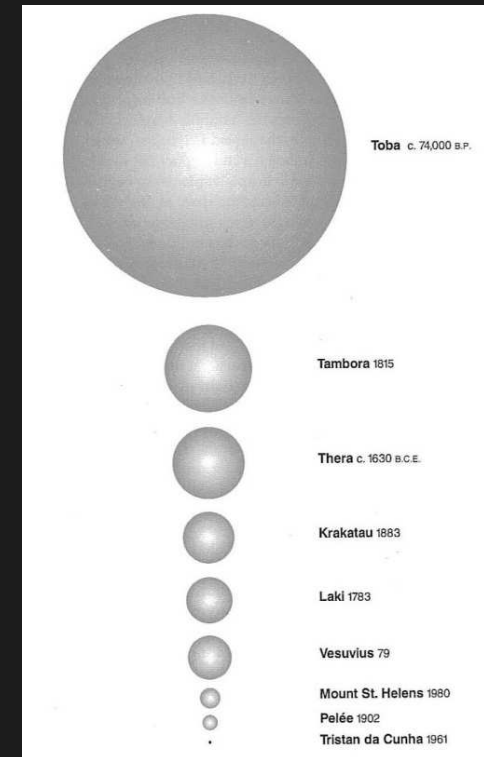
INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003





# Mt. Toba

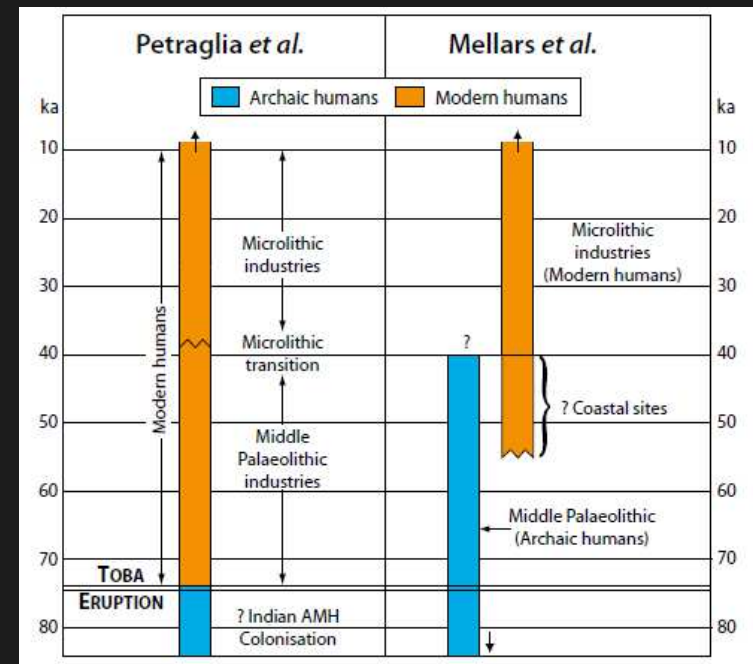
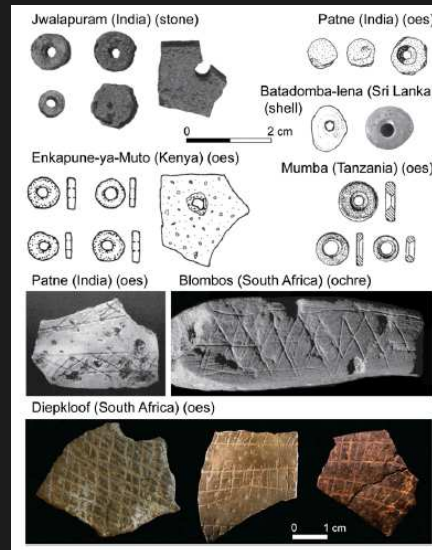
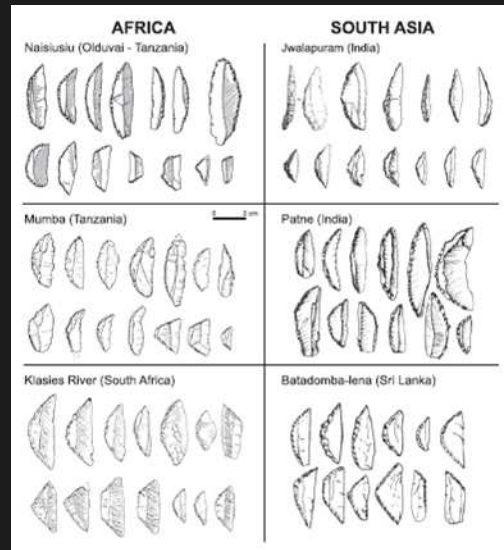
- z Afriky (85 kya) „jižní trasou“ do Číny, Austrálie a na Novou Guineu (~ 60 kya) – reliktní populace, geny a jazyky v J a JV Asii
- erupce Mt. Toba (74 kya): v Indii, Indočíně a Z Indonésii skoro nikdo nepřežil → repopulace Indie ze západu (i z východu), Indočíny a Indonésie ze severu
- migrace do vnitrozemí Eurasie pozdní (oteplení 52 kya)





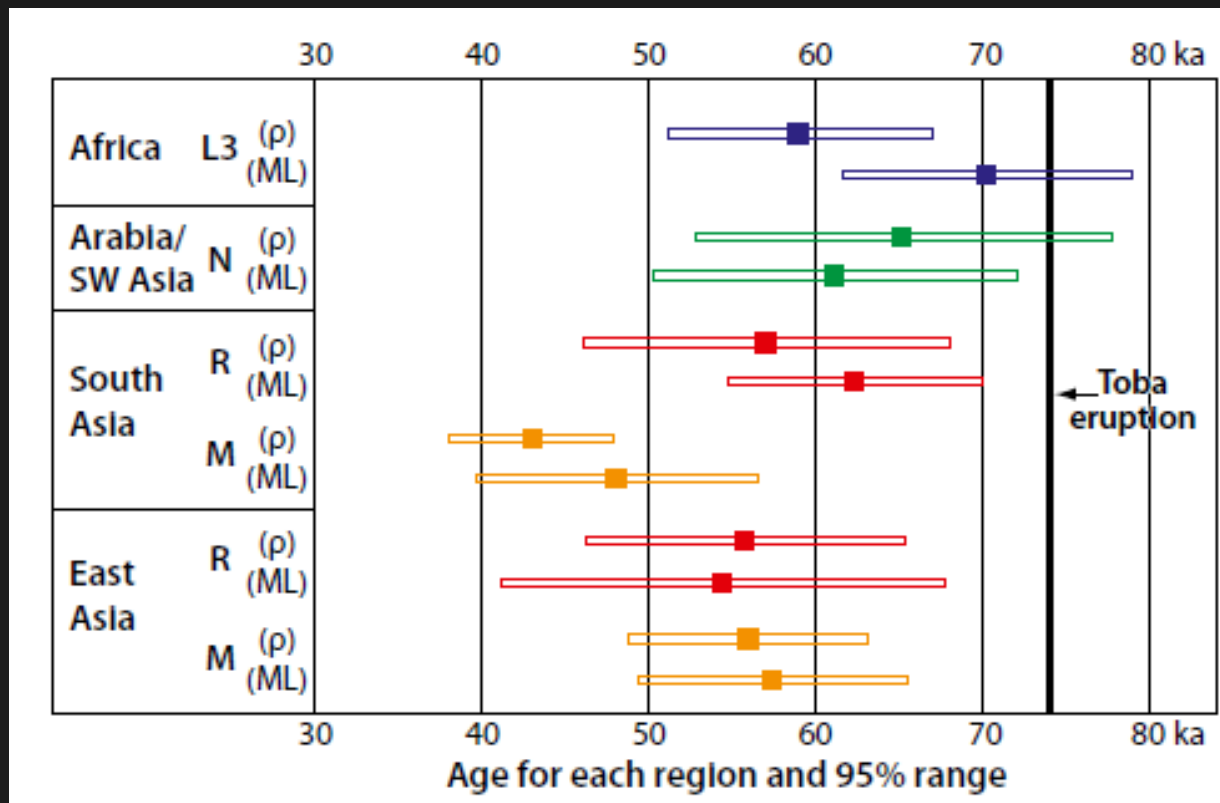
# Mt. Toba a archeologie

- údolí Jurreru (Indie) – velké vrstvy tobského popela
- artefakty před explozí nemají nic společného s núbijskou technologií (tj. AMH nebo archaičtí lidé?)
- komplikované mikrolithické nástroje až po explozi

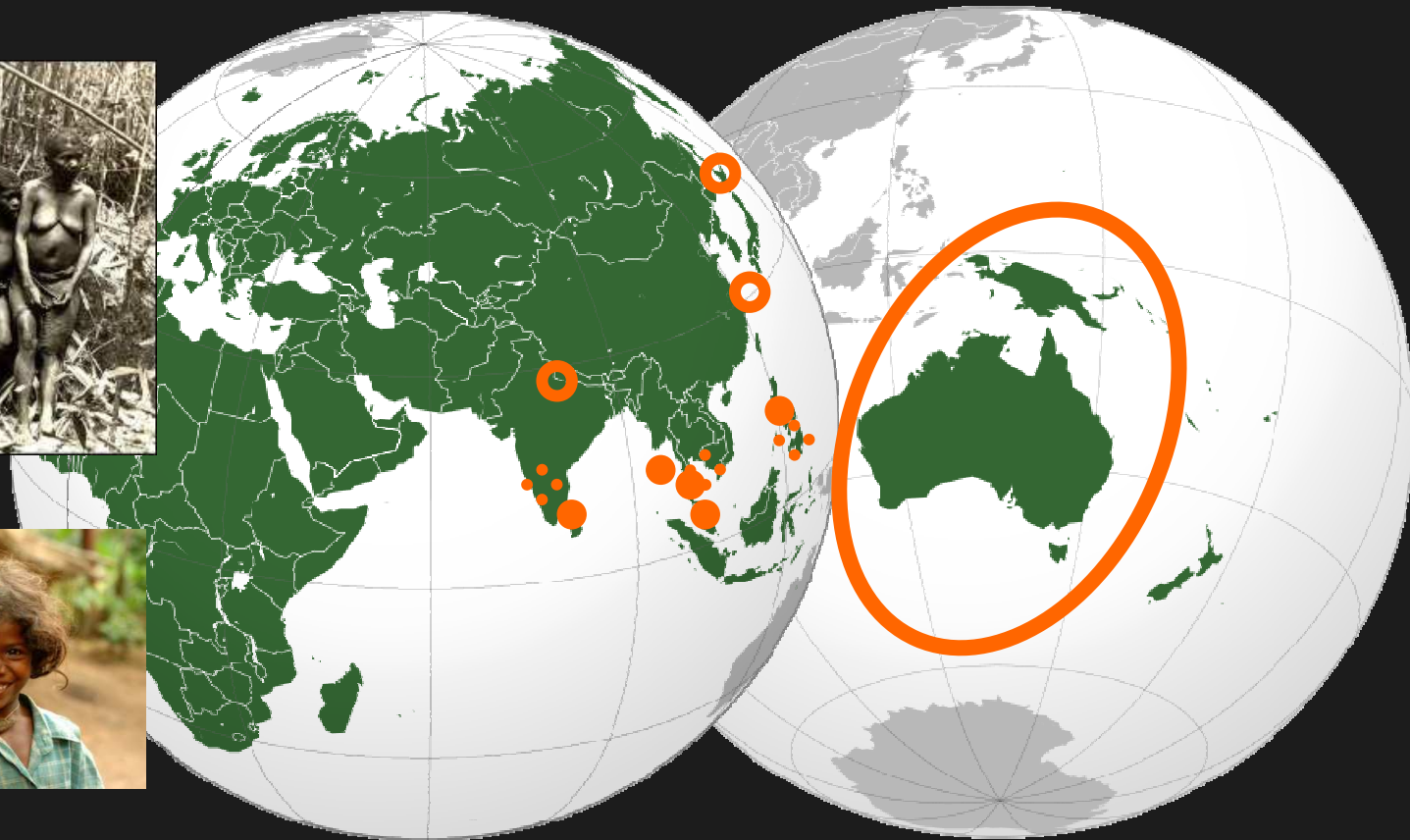


# Mt. Toba a mtDNA

- mtDNA – přítomnost moderních lidí mimo Afriku před Tobou nejasná



# Recentní rozšíření „australoidní rasy“



australské mtDNA haplotypy v Indii, JV Asii a na Filipínách

# Negriti v J a JV Asii



Jarawa (Andamanské ostrovy)



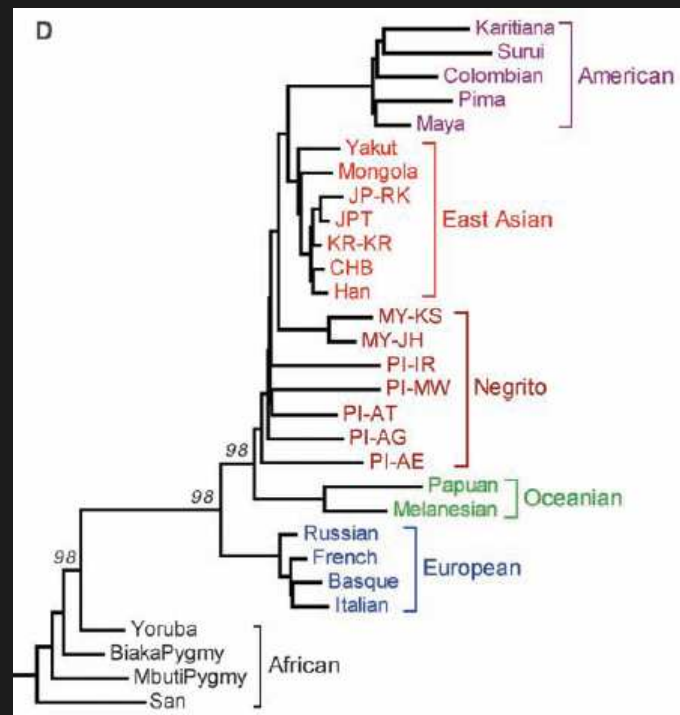
Senoi (Malajsie)



Agta (Luzon)



Mamanwa (Mindanao)

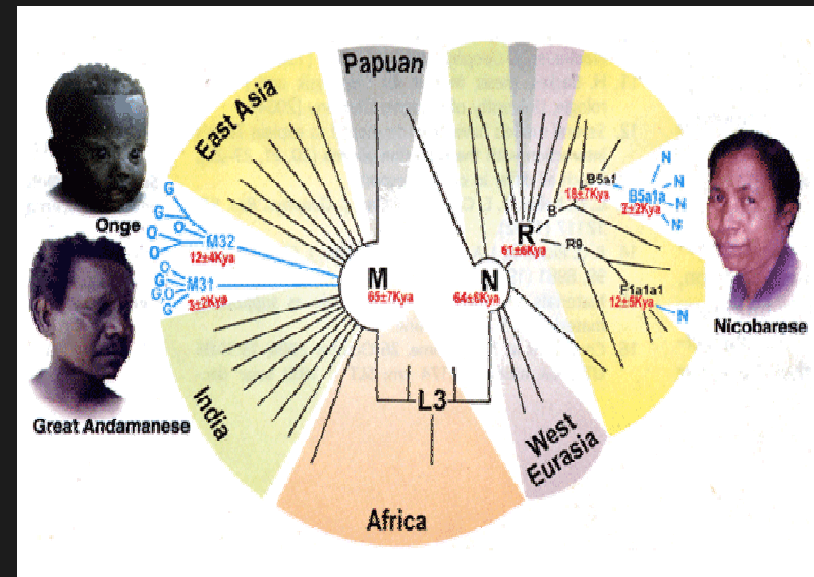
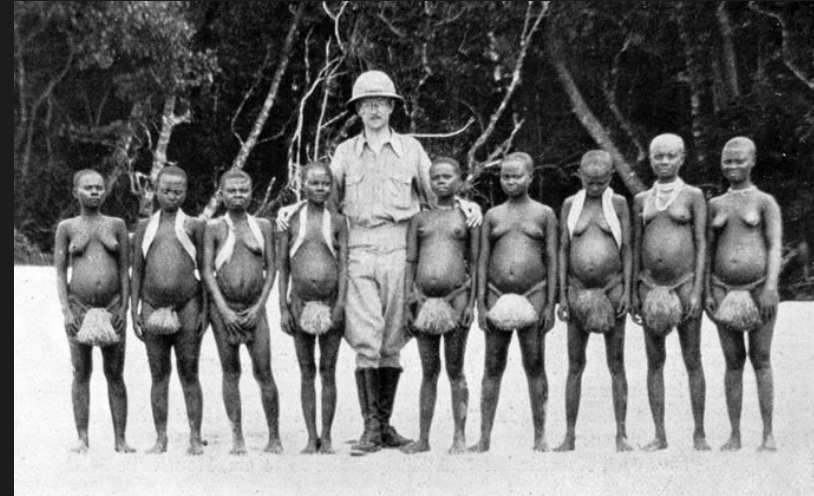


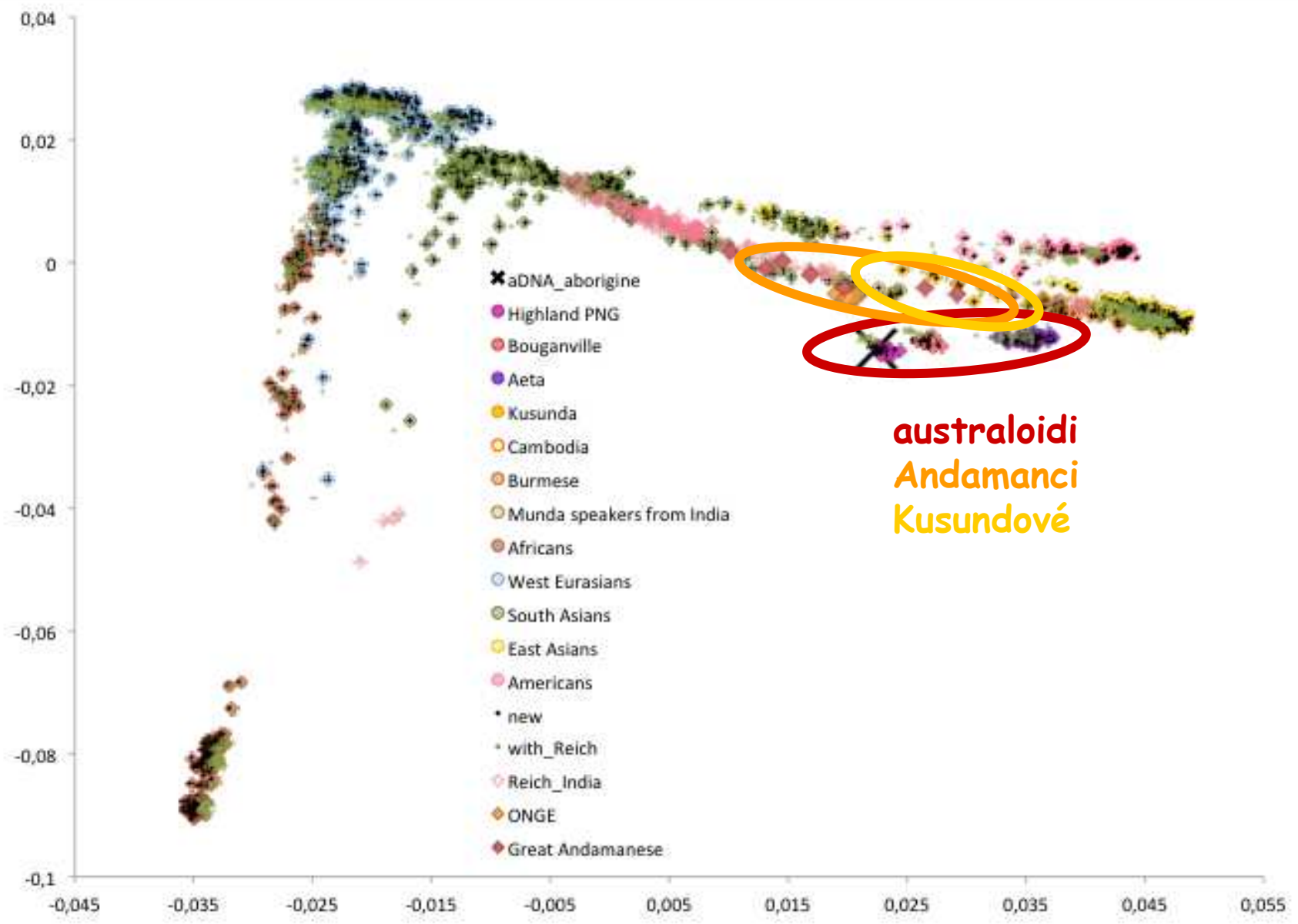
SNP - bazální postavení negritů mezi „australoidy“ a „mongoloidy“ – stopa šíření australoidních populací přes J a JV Asii?



# Andamanci

- LS, izolované (indopacifické?) jazyky
- velmi starý mtDNA haplotyp (50-70 kya) – přímí potomci afrických migrantů?
- x později objeven u Rádžbanšů v Bengálsku (tj. indického původu ~ 30-50 kya)
- koalescence andamanských haplotypů <10 kya, pouze recentní archeologický záznam (x území redukováno zvednutím hladiny)
- ~ reliktní populace v Indii-Barmě, v holocénu osídlila Andamany, na pevnině zanikla
- x sousední Nikobary osídleny recentně z JV Asie

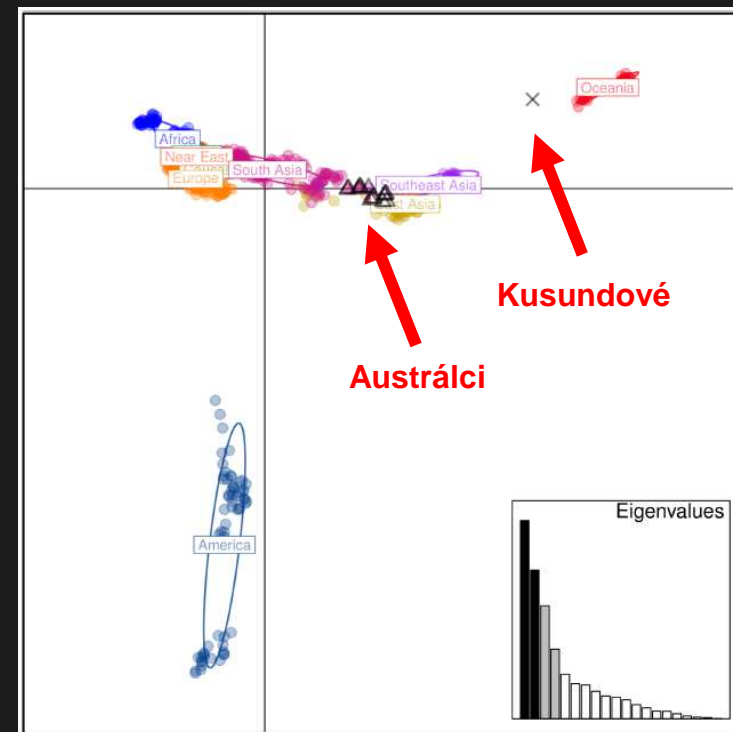




**australoidi**  
**Andamanci**  
**Kusundové**

# Kusundové

- (dodávna) lovci-sběrači z Nepálu
- indopacifický jazyk (?)
- geneticky bližší JV Asii a australoidům než Indům







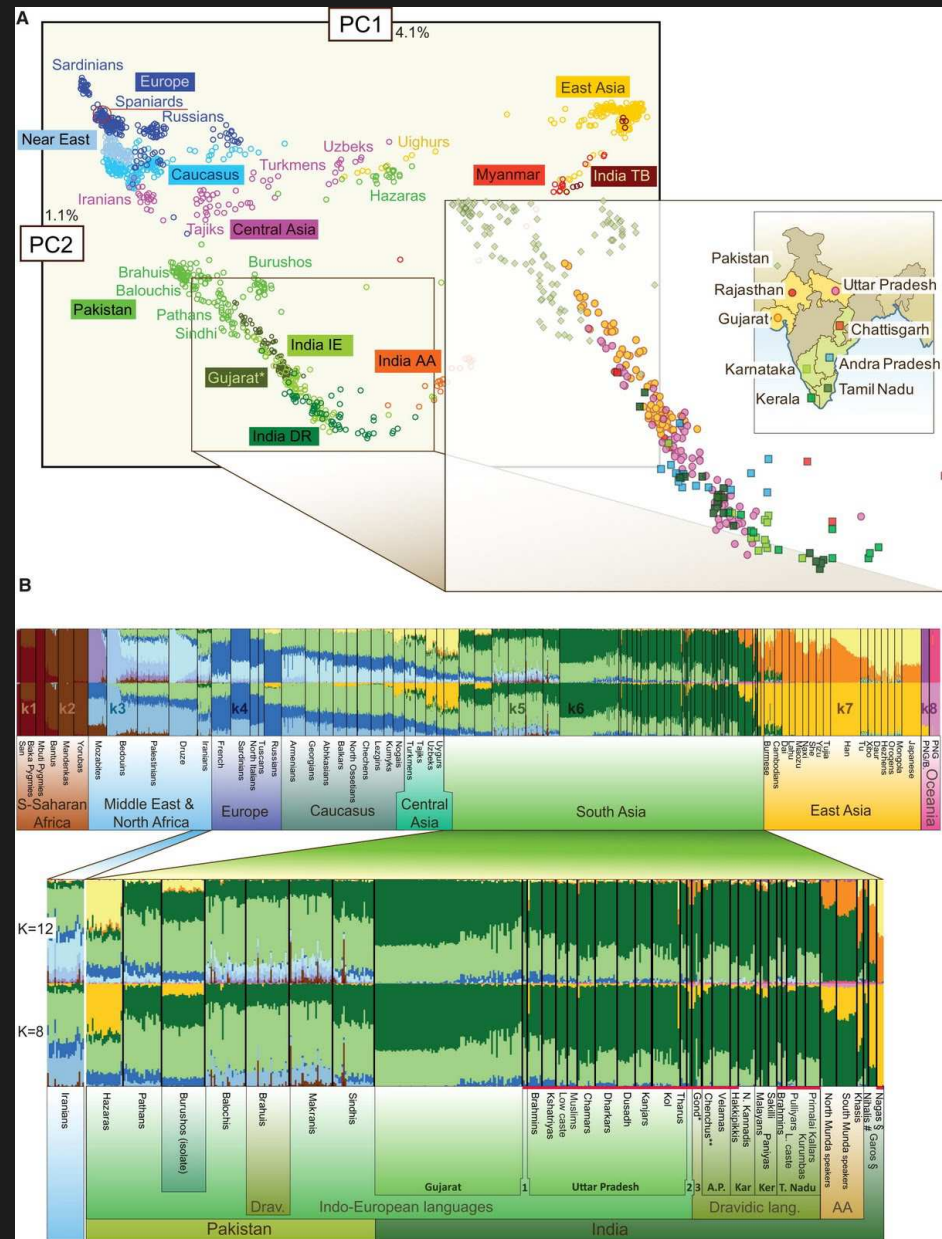
- na jihu stopy „jižní trasy“ (ASI, Andamanci)
- ostrá **západo-východní hranice** (hlavně v SV Indii): antropologická, jazyková i genetická
- haploskupina M: pochází z Indie, po katastrofě se vracela z východu
- haploskupina R (vč. U): z Perského zálivu
- + recentní invaze (např. Alexander Makedonský → Y haplotyp E1b1b1a u Paštunů)
- + východoafrické otrokářství (víc preferovalo ženy) → „negroidní“ Makraniové v Balúčistánu

# Osídlování Indie



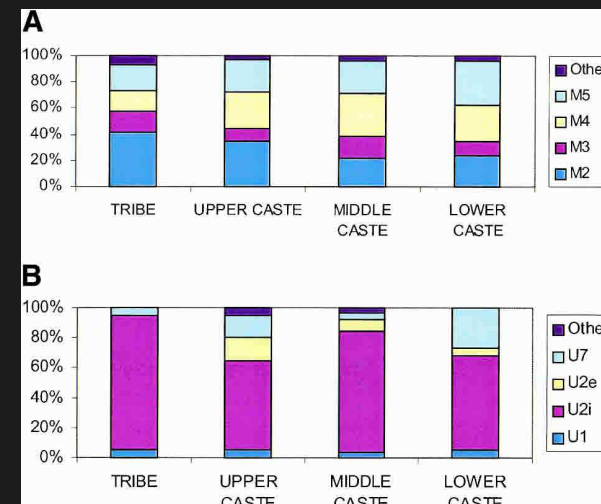
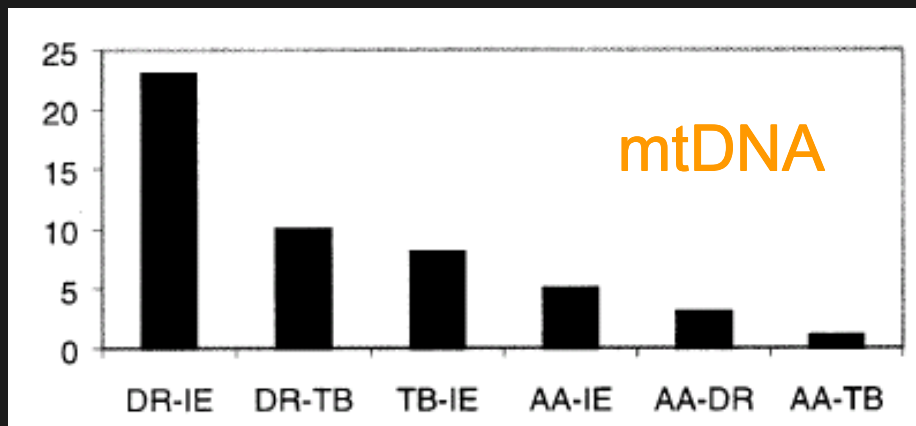
# Jižní Asie

- 2 zdroje:
- 1. specificky indický
- 2. indicko-kavkazsko-JZasijský
- není zjevná korelace s indoevropskými x drávidskými jazyky

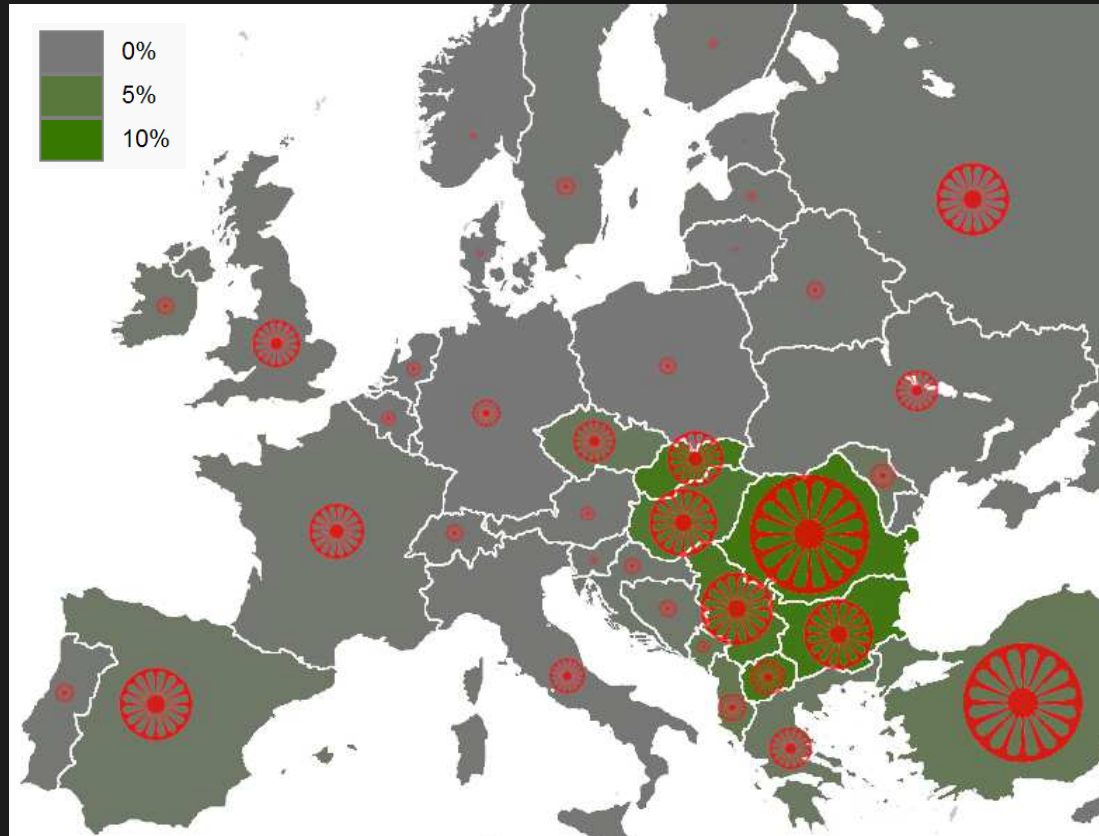


# Osídlování Indie a vznik kast

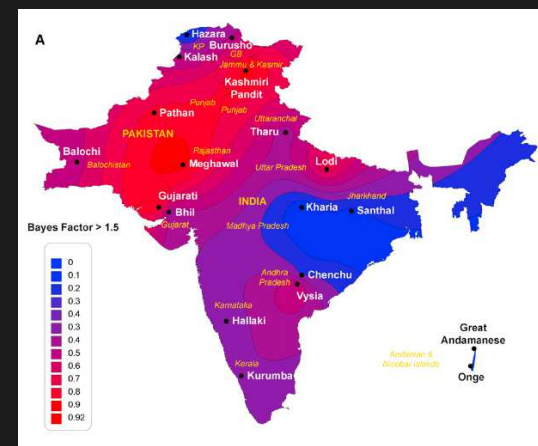
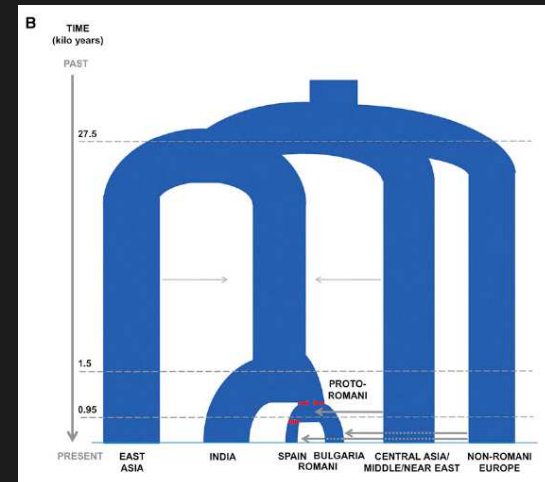
- vznik kast: unikátní socio-ekonomická hierarchie spojená s hinduismem a s šířením indoevropských jazyků (3.5 kya) x severojižní dichotomie (ANI x ASI) je mnohem starší!
- haplotypy z Evropy a Z Asie (ANI, 20-30 %) převládají ve vyšších kastách, nižší kasty jsou často geneticky podobné tribálním populacím
- indoevropská a drávidská etnika v Indii jsou geneticky velmi podobná x disjunktní rozšíření jazyků → stažení Drávidů na jih po genetické výměně a přijetí kastovního systému?



# Evropští Romové



cca 11 M v Evropě (400 K v ČR),  
1 M v USA





# Evropští Romové

- lingvistika: indo-árijská větev indoevropských jazyků, prvky sanskrtu v romském jazyce
- genetika: zakladatelská populace v severozápadní Indii (Kašmír, Rádžasthán;  $\pm 1500$  let), do Evropy přes Balkán ( $\pm 900$  let), následovalo několik nezávislých migračních vln
- výrazný bottleneck a následná dlouhodobá genetická izolace, lišící se míra exogamie v jednotlivých populacích

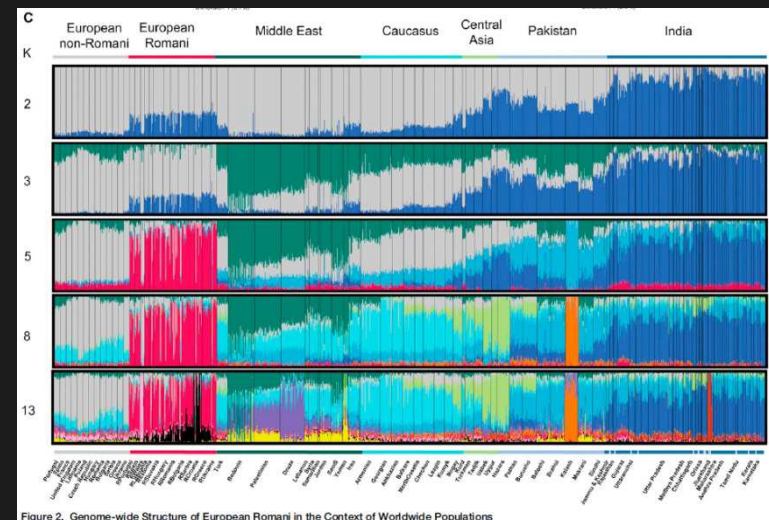
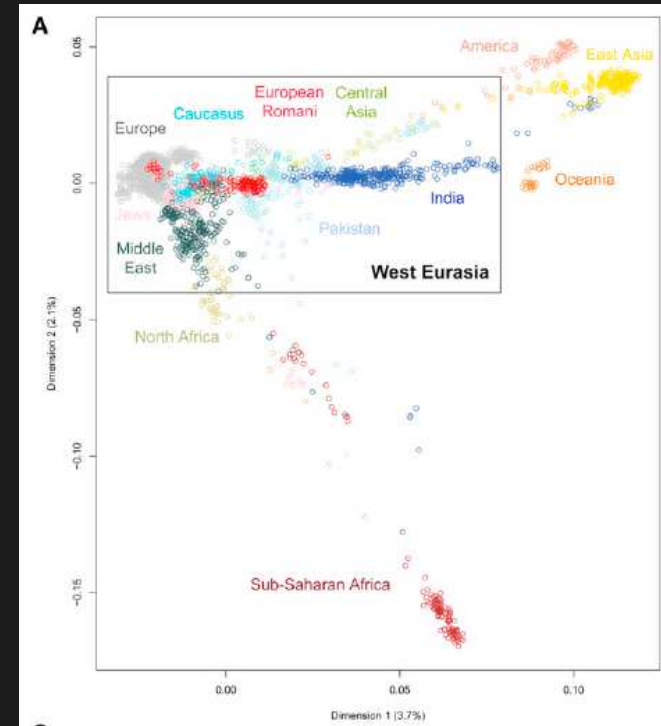
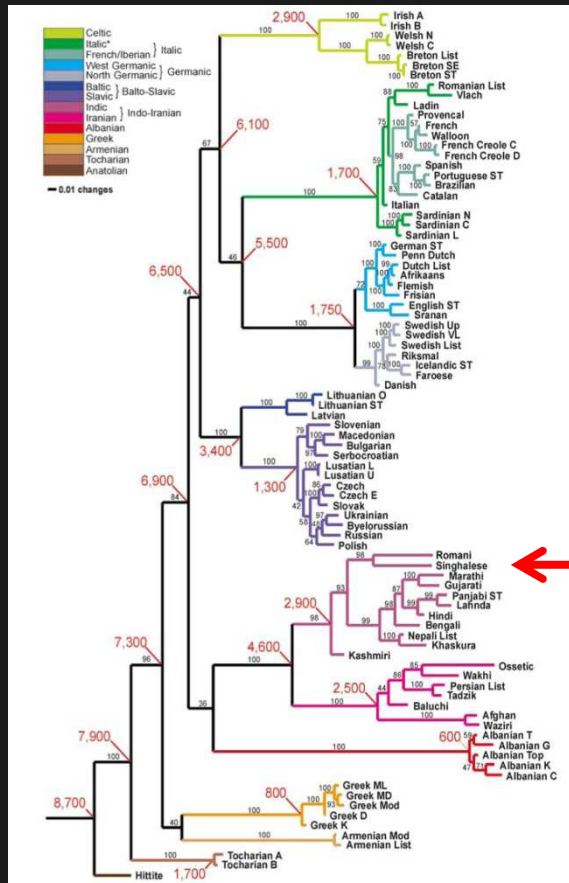
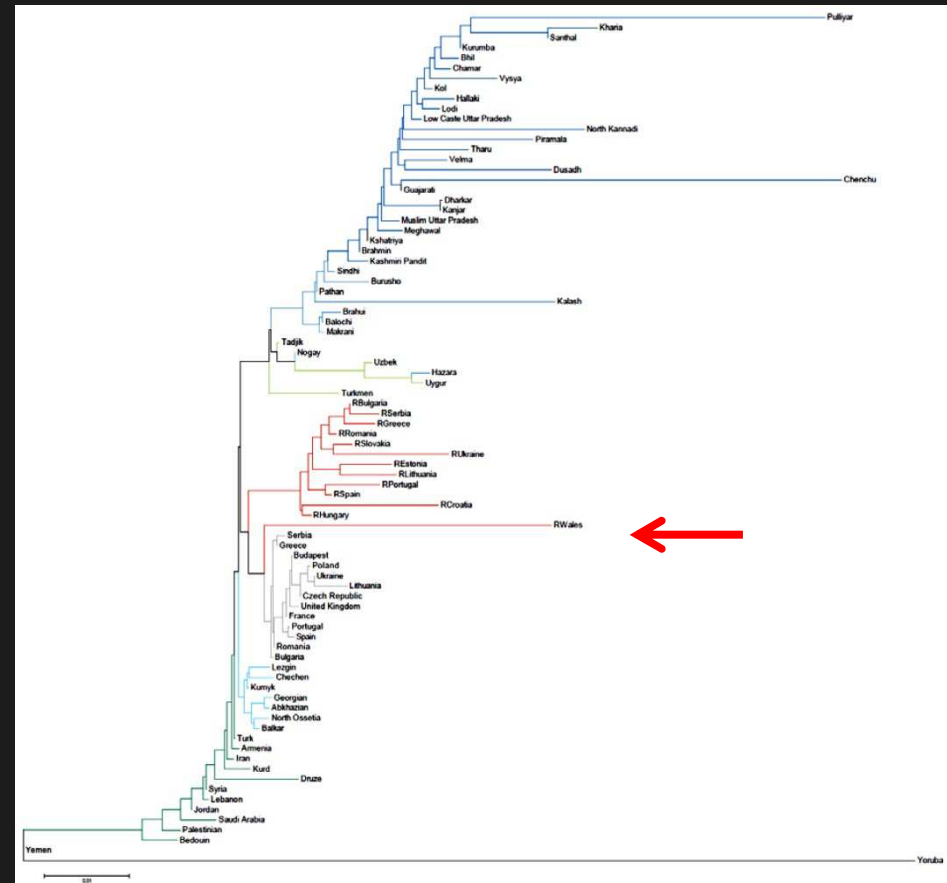


Figure 2. Genome-wide Structure of European Romani in the Context of Worldwide Populations

# Evropští Romové



jazyky



genomy (SNP)

**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



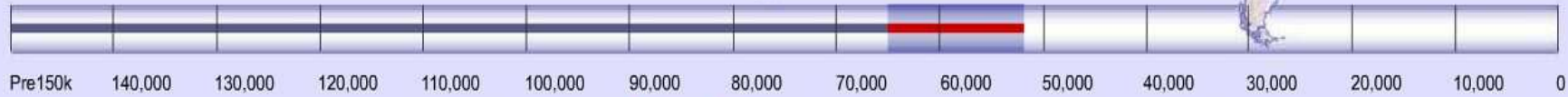


**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



**65,000 - 52,000**  
Dramatic warming of the climate 52,000 years ago meant groups were finally able to move north up the Fertile Crescent returning to the Levant. From there they moved into Europe via the Bosphorus from 50,000 years ago.

**Journey of Mankind**  
iLecture Film  
[Click Here To Watch](#)



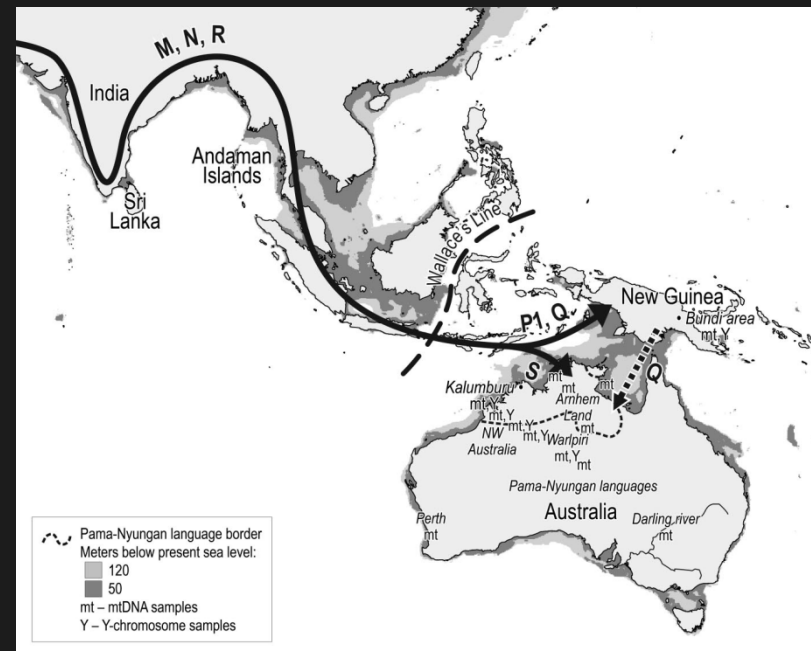
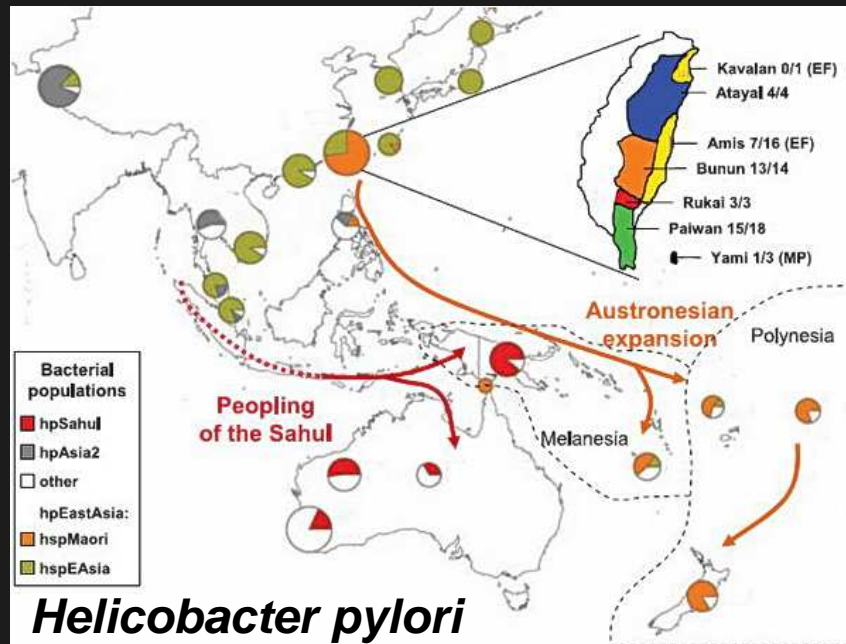


# Migrace do Austrálie, N. Guineje a Melanésie



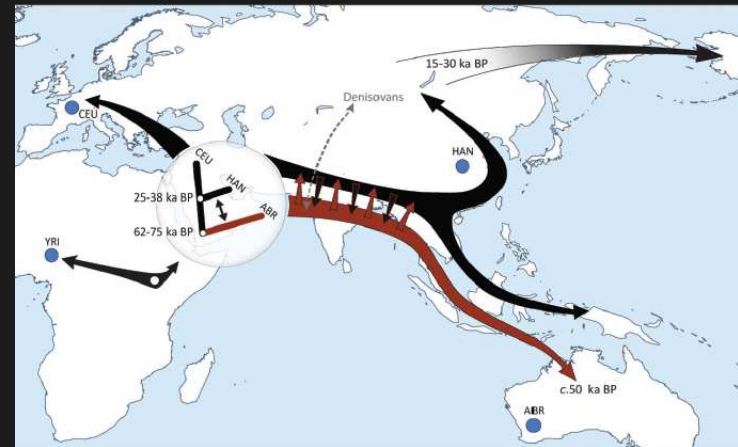
# Migrace do Austrálie, N. Guineje a Melanésie

- patrně jediná linie (Indie → Sundaland → překonání Wallaceovy linie)
- (nezávislá a mnohem pozdější migrace z Číny do Oceánie)



# Migrace do Austrálie, N. Guineje a Melanésie

- stará migrace (75-50 kya) promíchaná s Denisovany
- dlouhodobá izolace od ostatních populací kolem Indického oceánu (x staré australské mtDNA haplotypy nalezené v Indii)
- minoritní sekundární kontakty mezi Austrálií a N. Guineou (před 8 kya) a Indonésií





# Austrálie

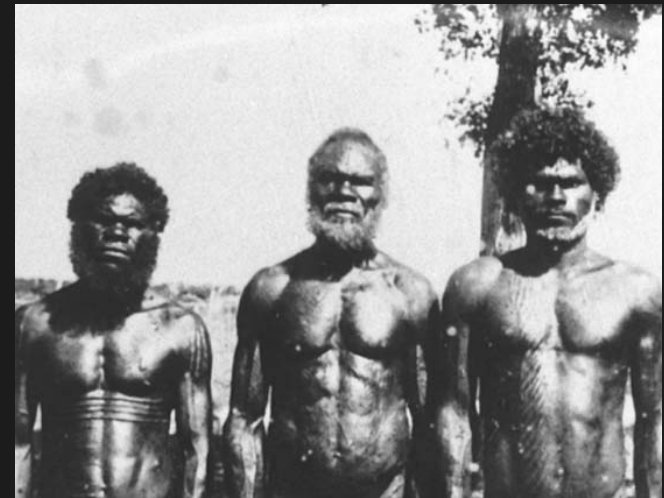
- paleontologie: dvě vlny osídlení – „moderní“ lidé (příchod 40-55 kya) od Willanderských jezer (*Mungo Man*) a mnohem robustnější („erectoidní“) lidé z Kow Swamp (13-9 kya) – nejasný časový překryv
- možná jenom velikostní variabilita a sexuální dimorfismus (větší vzorky obsahují oba typy u Willanderských jezer)

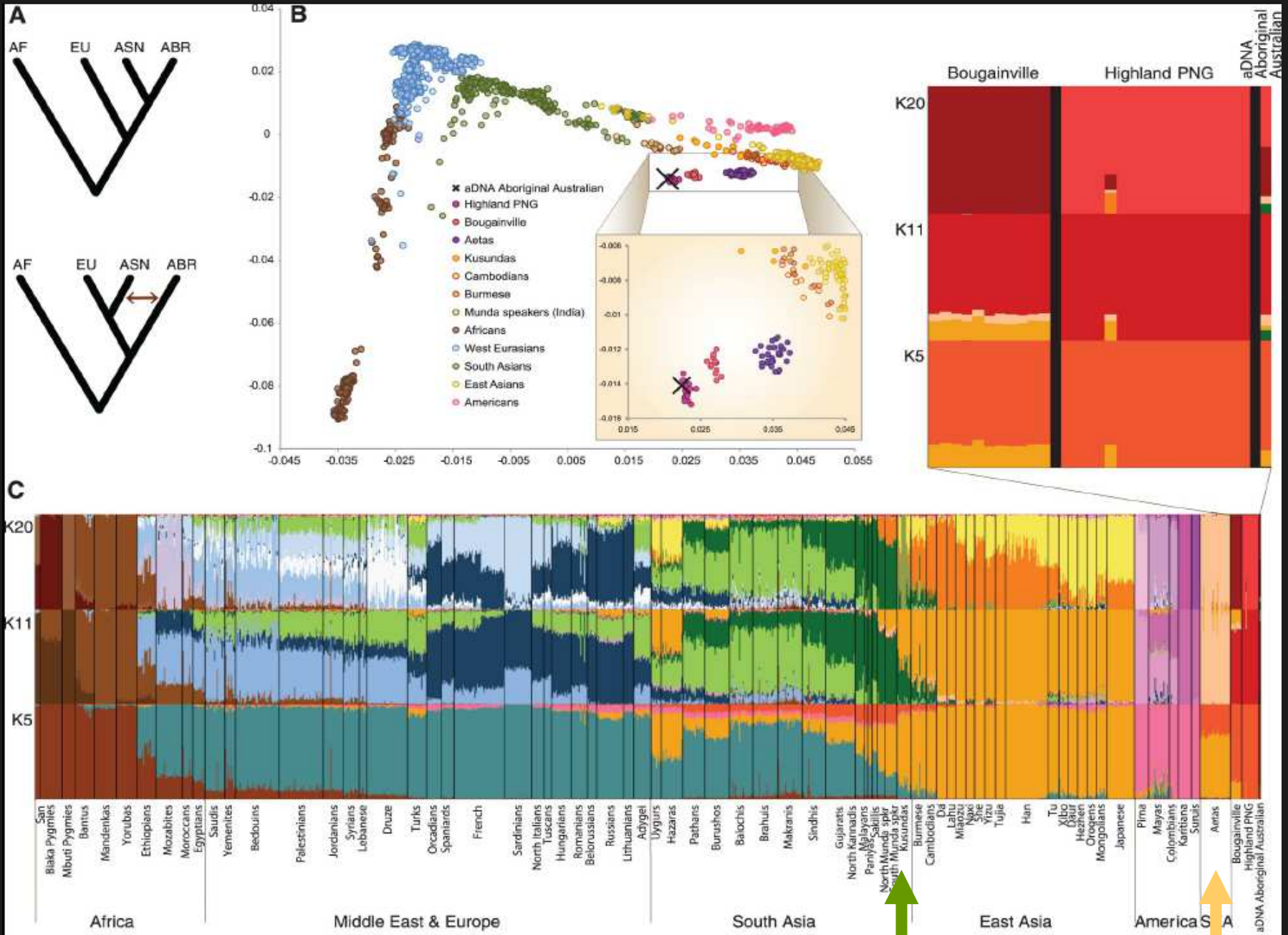




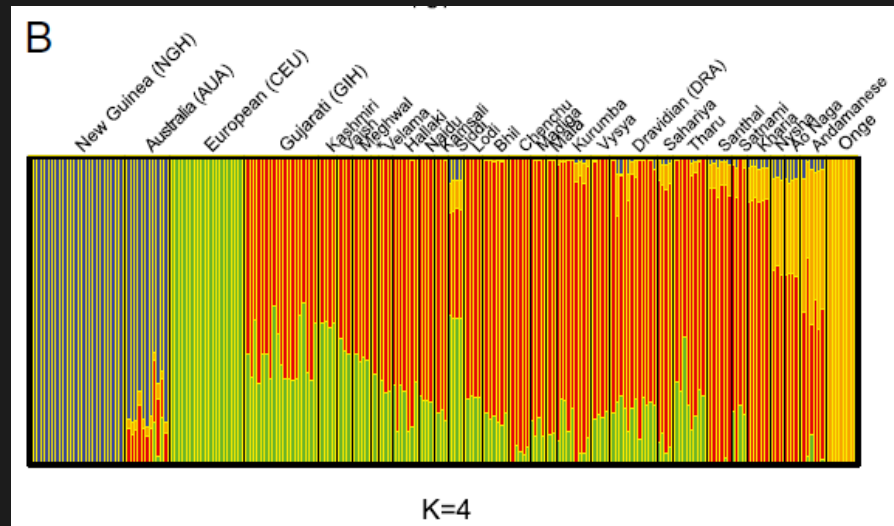
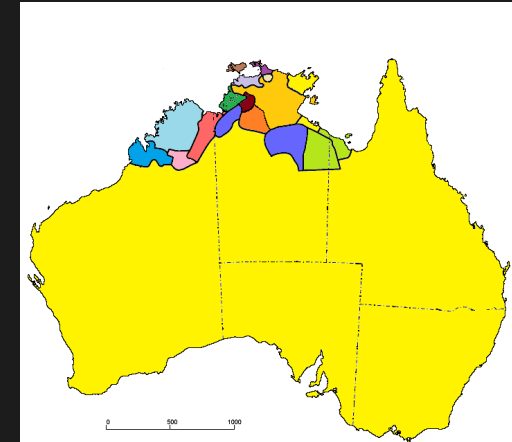
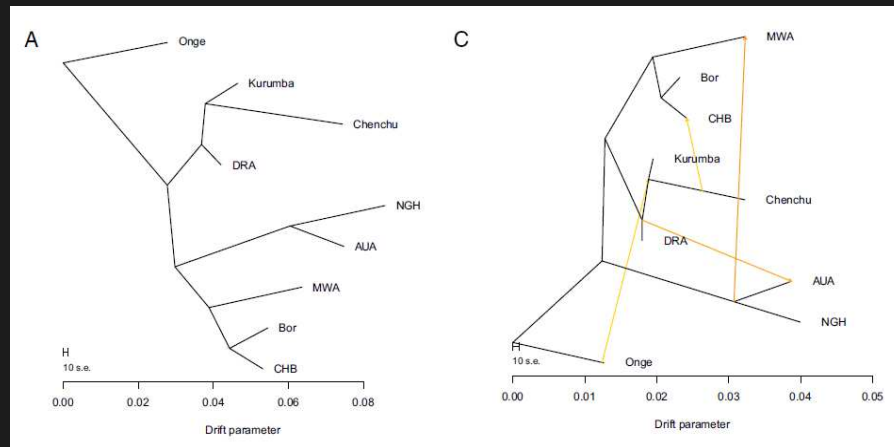
# Migrace do Austrálie

- stará teorie o 3 migracích (1. „negriti“ přežili v N Queenslandu, 2. „murrayové“ v JV a JZ Austrálii, 3. „carpenterové“ v S Austrálii, Tasmánci = 1+2)
- neodpovídá ani paleontologii, ani genetice (jedna heterogenní zakladatelská populace ~40-65 kya???)



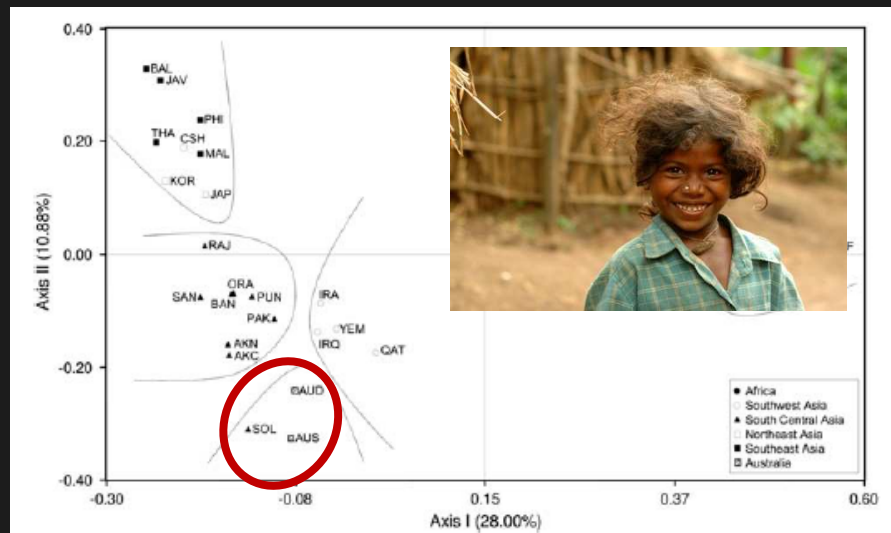
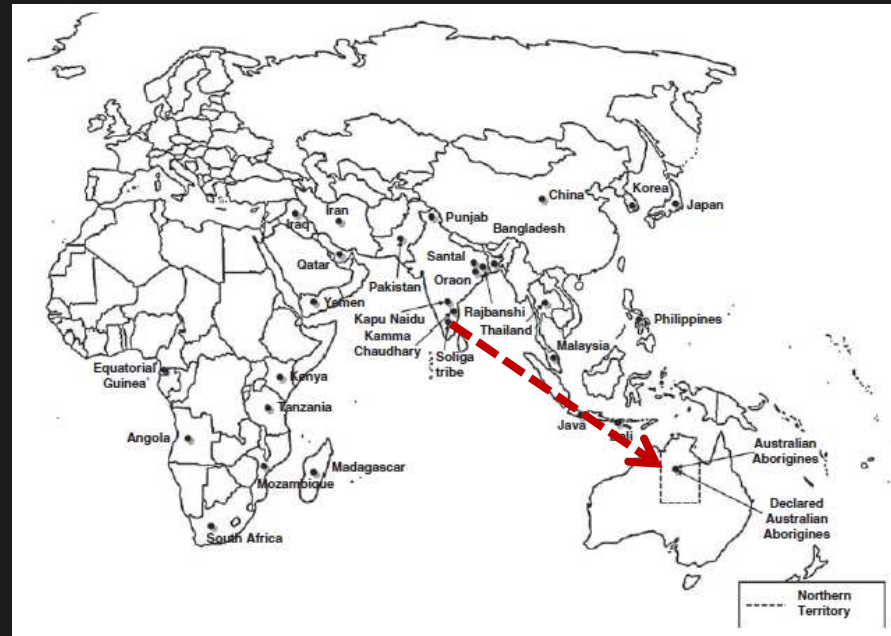
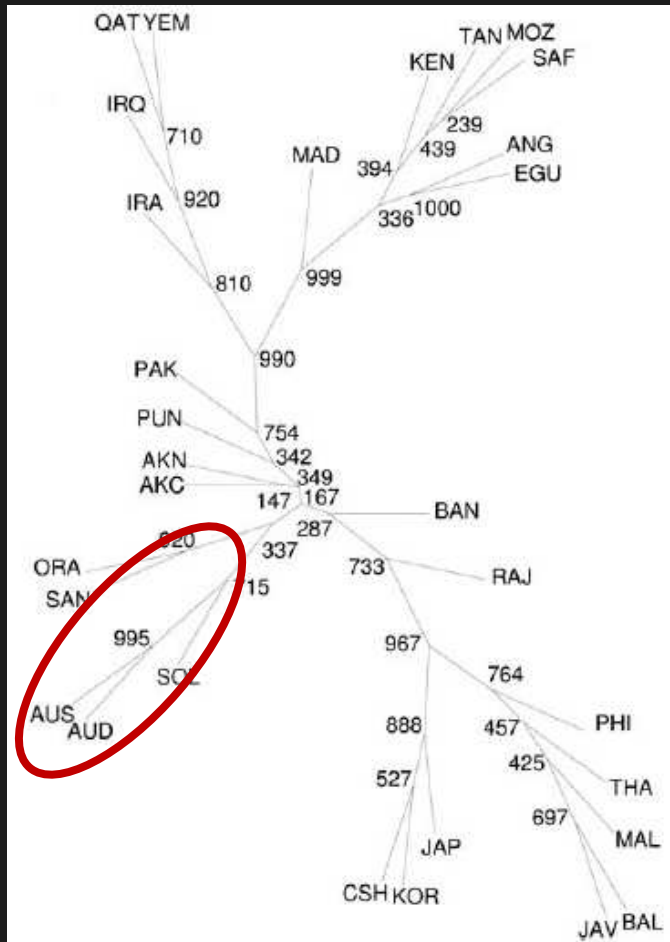


# Recentní migrace z Indie ~ 4 kya





# Soligové

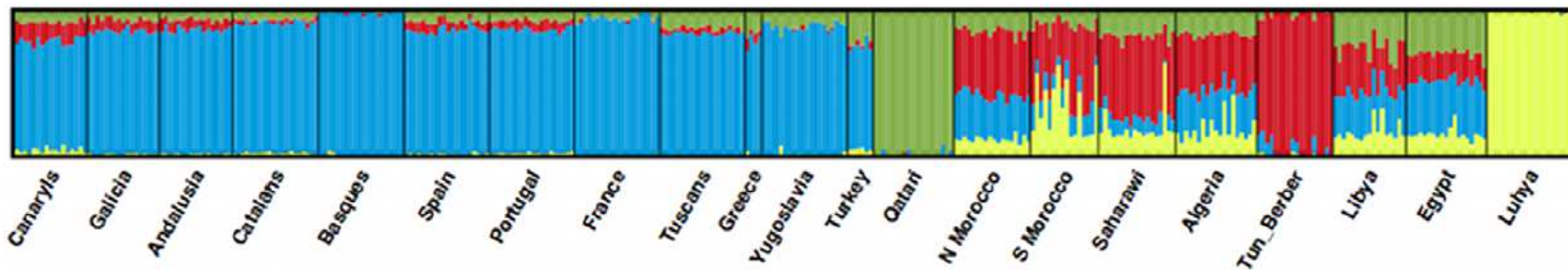


15 hypervariabilních autosomálních fragmentů



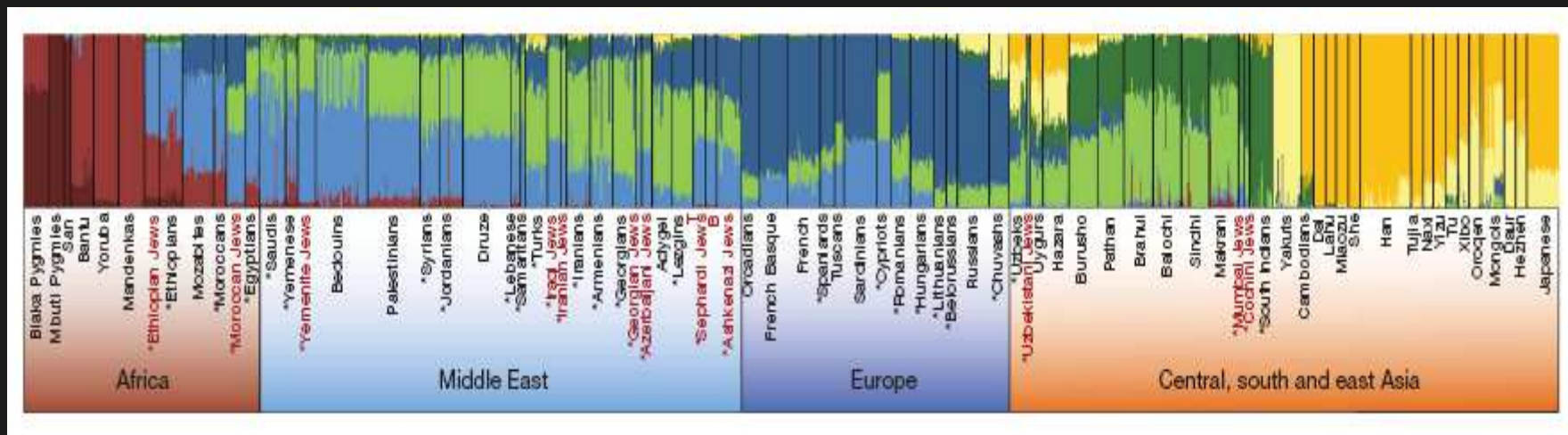
# Severní Afrika

- severní Afrika antropologicky blízká západní Eurasii, ne subsaharské Africe!
- geneticky směs afrických a západoeurasijských populací (+ staré haplotypy u Berberů) – dnešní populace odrážejí děje po LGM (cca 15 kya)
- afroasijské jazyky afrického původu
- x některé afroasijské jazyky přimigrovaly z Asie (arabština, etiosemitské jazyky) – *Back-to-Africa* (tok genů 50 kya)



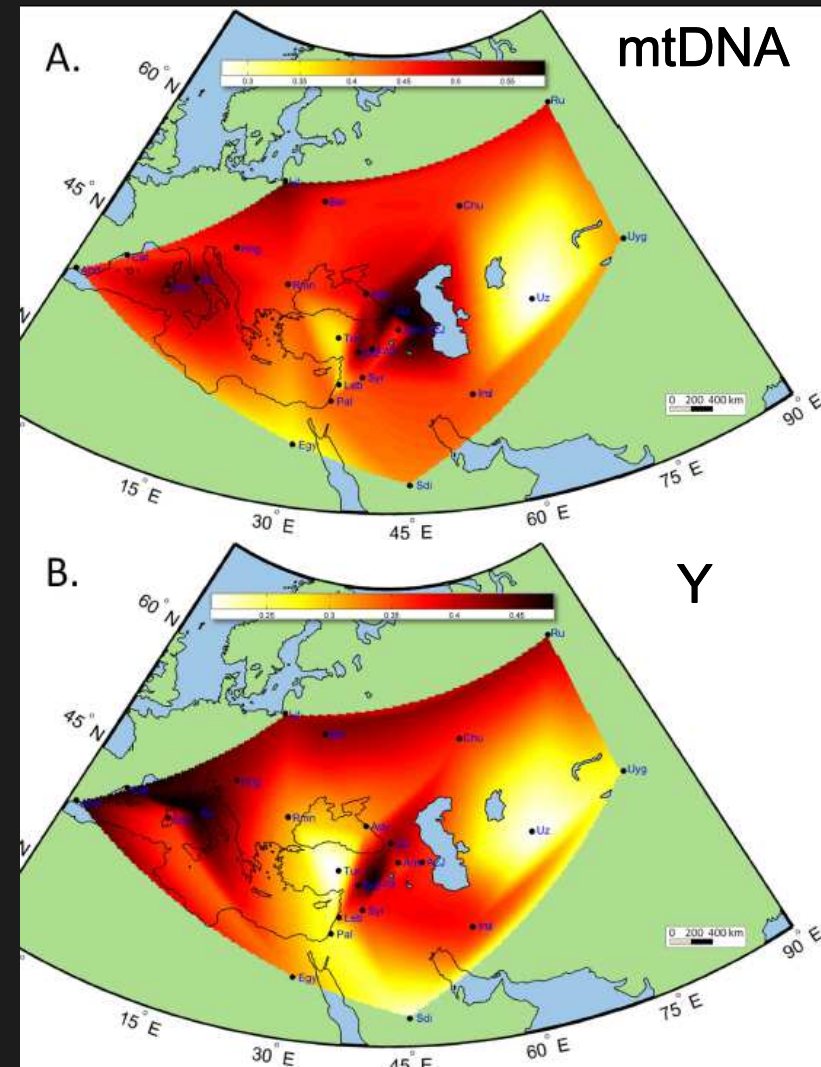
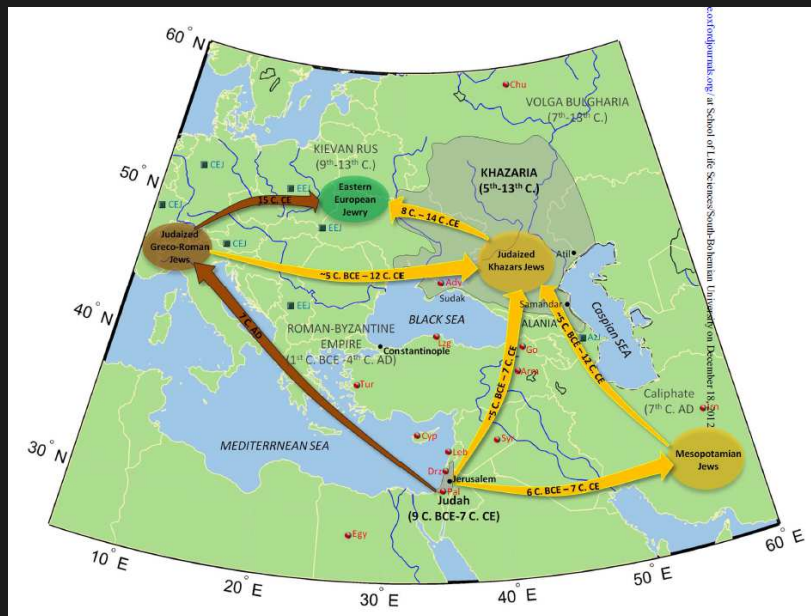
# Židé

- komplex etno-religiózních komunit se společným vědomím původu – různé studie ukazují genetickou příbuznost židovských populací (Aškenázové, Sefardové, blízcí Drúzům a Kypřanům, ale ne ostatním levantským populacím), nebo příbuznost okolním nežidovským populacím (Etiopie, Indie x patrilineární vztah indických Bene Israel k Levantě)
- nápadný rozpor mezi matri-, patrilineární a biparentální informací: např. kněžský kmen (*Kohanim*) patrilineárně odvoditelný od předka 3 kya („Y-chromosomový Aaron“)



# Židé

- původ středo- a východoevropských Ž/židů (Aškenázů) – největší židovská skupina (dnes 90 %, před WW2 90 % evropských Židů):
- **rýnská vs. chazarská hypotéza**
- genetika: částečně kavkazský (~ chazarský?) původ Aškenázů



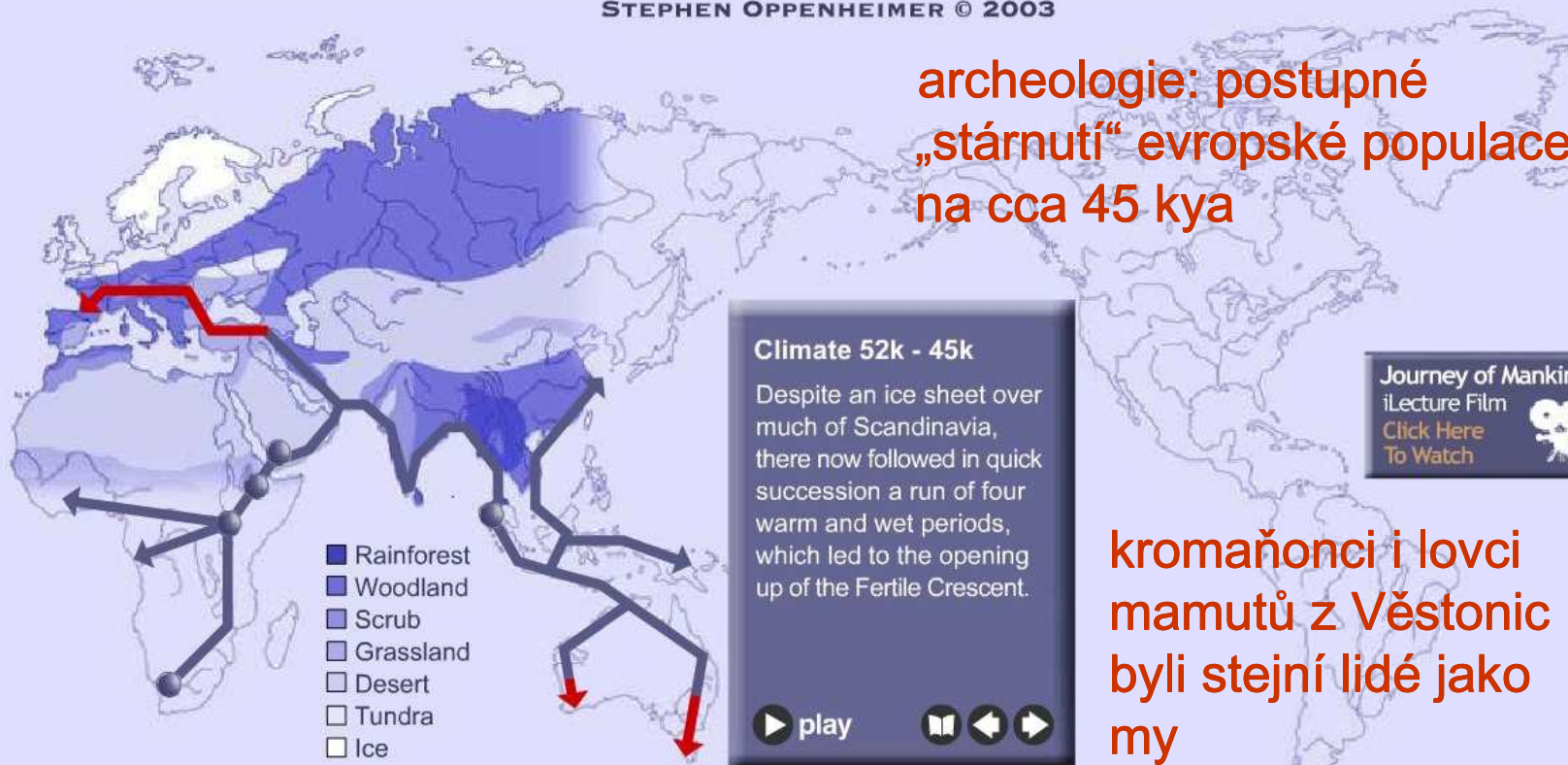


# Evropa





'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003



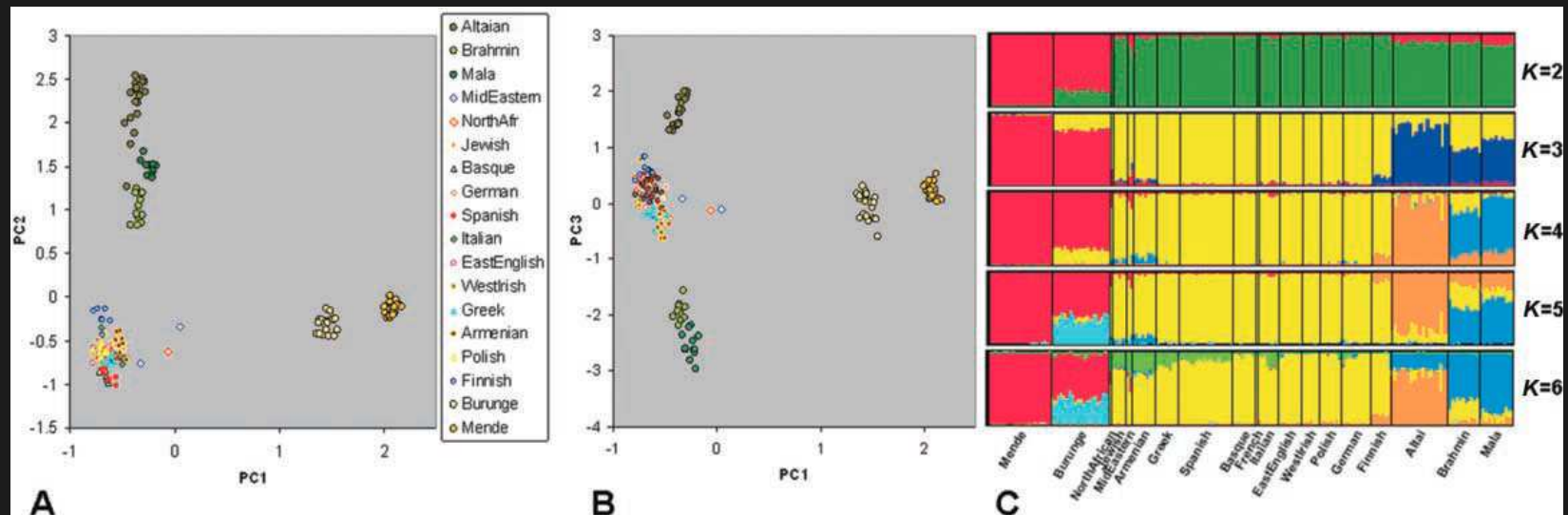
archeologie: postupné  
„stárnutí“ evropské populace  
na cca 45 kya

Journey of Mankind  
iLecture Film  
[Click Here  
To Watch](#)

kromaňonci i lovci  
mamutů z Věstonic  
byli stejní lidé jako  
my

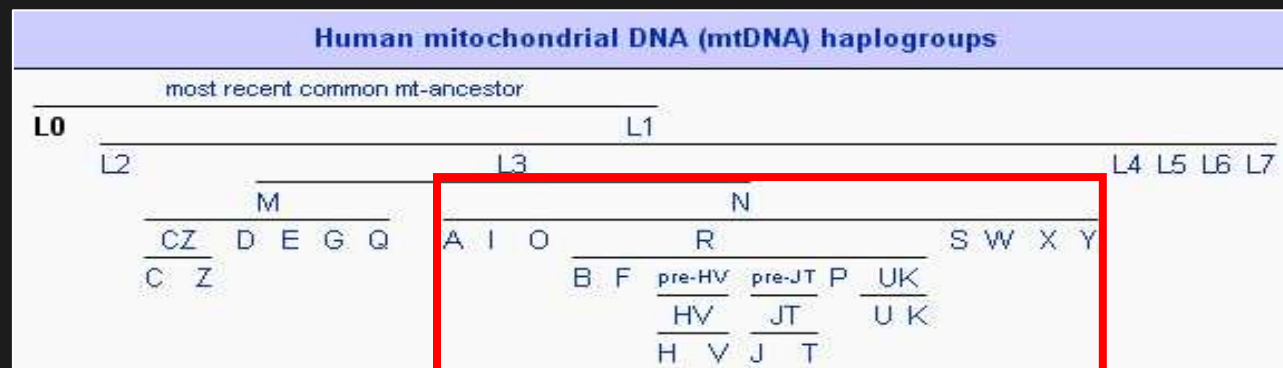
# Původ evropské populace

- stará paleolitická populace: „evropský klan“ (U) čekal v J Asii → 50 kya se otevřelo okno na severozápad (Levanta, Turecko) – nejdelší a nejteplejší interstadiál (5000 let)
- šíření zemědělství: kulturní (~mtDNA) nebo démická (~NRY) difúze? (kranioetrie starých populací ~ démická difúze)



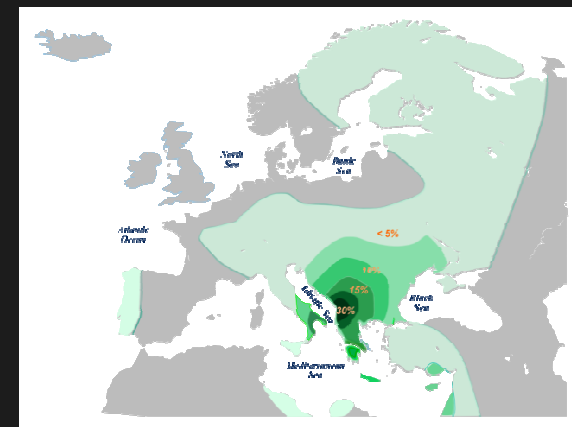
# Sykes: *Sedm dcer Eviných*

- všechny patří do západoeurasijské haploskupiny N (*Naomi* = *Nasreen*) a většinou do podskupiny R (*Rohani*)
- *U (Uršula)* – 50 kya (11 % Evropanů, nejvíc Skandinávie, Británie): „evropský klan“
- *K (Kateřina)* – 15 kya (10 %, hlavně J a Stř Evropa)
- *H (Helena)* – 20 kya (41 %)
- *V (Velda)* – 17 kya (4 %, Z a S Evropa, Baskové, Saamové)
- *T (Tara)* – 17 kya (10 %, Z a J Evropa)
- *J (Jasmina)* – 8.5 kya (z Blízkého východu se zemědělstvím, 12 %)
- *X (Xenie)* – 25 kya (7 %) → Amerika („solutréenská hypotéza“)



# Osídlení Evropy

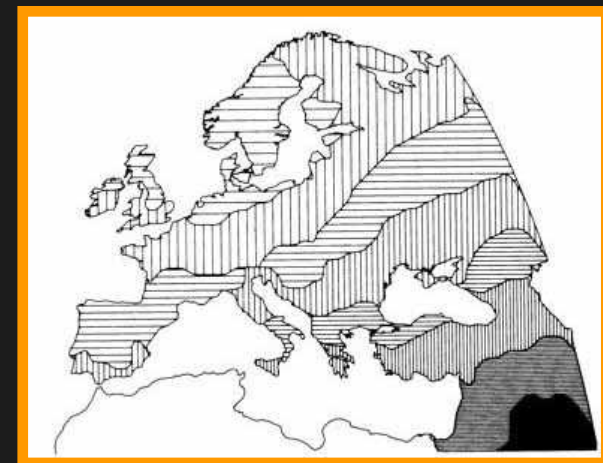
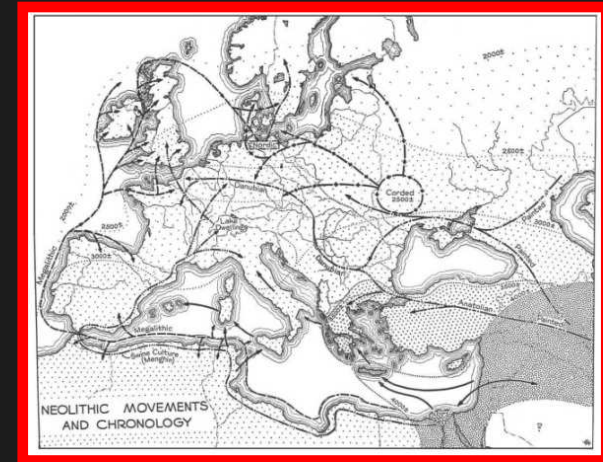
- NRY: 3 hlavní haplotypy, nejstarší cca 40 kya, z Blízkého východu a Střední Asie + V Evropy (~50 %)
- mtDNA: několik skupin haplotypů (nejstarší 50 kya)
- ~ aurignacienská kultura (40-26 kya: např. **Cro-Magnon**) → gravettienská kultura (28-22 kya: **D. Věstonice**)
- 25 kya: LGM – několik refugií (balkánské, italské, ukrajinské, franko-kantabrijské) → většina populace: postglaciální reexpanze
- + neolitická expanze (~ 9 kya): ~ 10-20 % mtDNA diverzity v Evropě
- + migrace ze S Afriky (Sinaj) – nejasného původu a stáří (mezolit, neolit?)
- + migrace bronzové a železné technologie (indoevropské jazyky ~ 7 kya) + Římské impérium





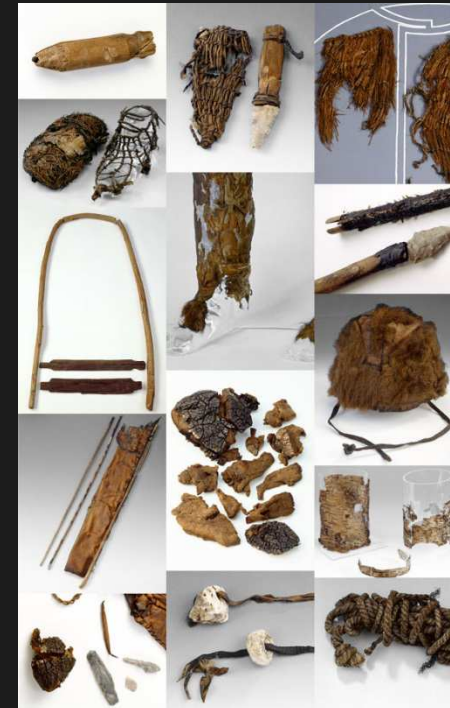
# Osídlování Evropy a vznik zemědělství

- **migracionismus**: dálkové výsadky kultur odjinud
- **démické difúze**: geny imigrantů se šíří mísením s původními populacemi
- **akulturace**: lidé se nemění, jenom se opičí po susedech
- šíření zemědělství: kulturní (~mtDNA) nebo démická (~NRY, kranioetrie) difúze?
- archeologie: rychlé šíření zemědělství, žádné „přechodné kultury“, dlouhodobá (2000ky) koexistence neolitiků a LS (x změny technologií během 20 let)



# Ötzi

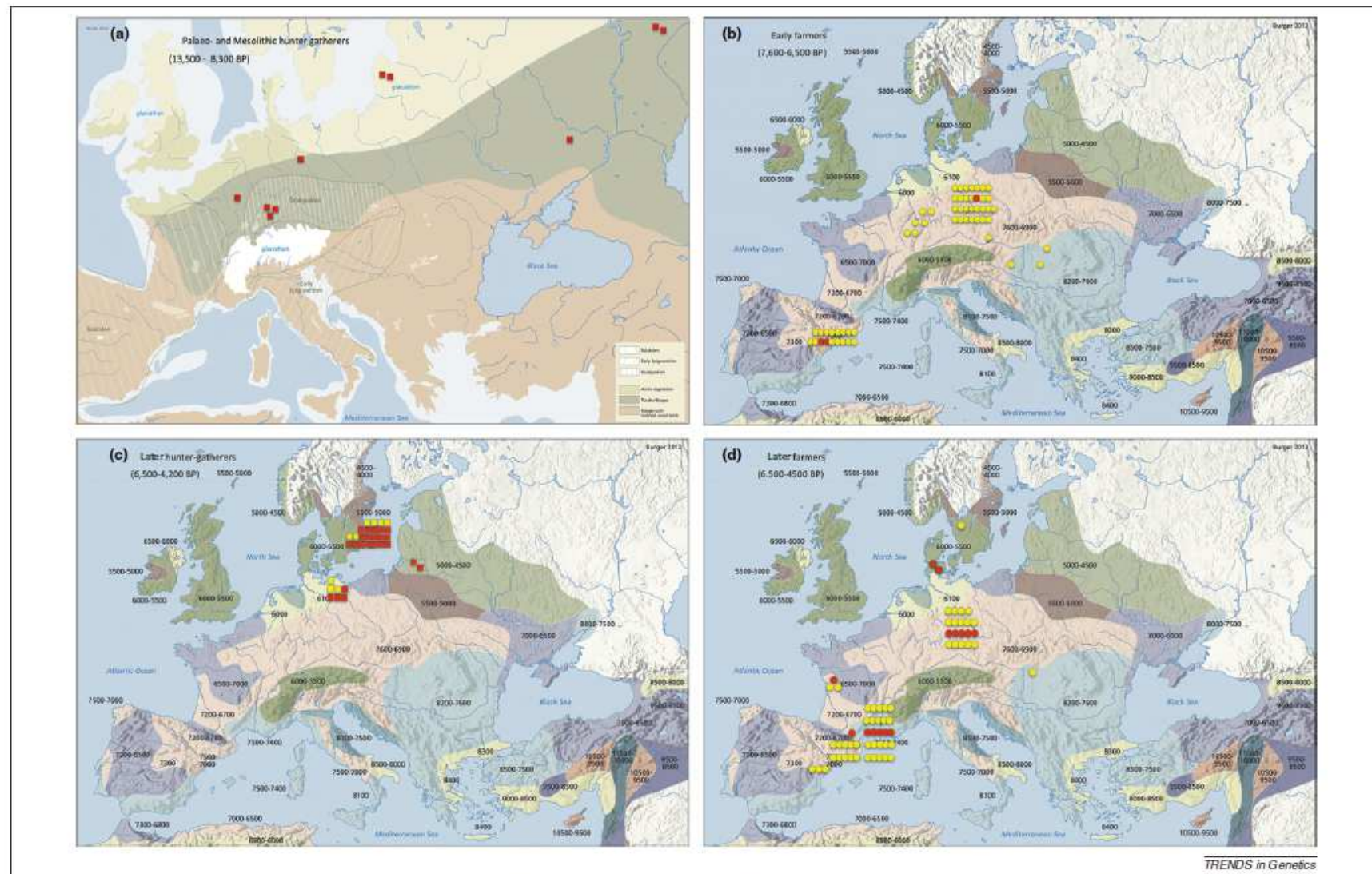
- jediný evropský high-coverage genom
- starý 5300 let (~ neolit), Jižní Tyroly
- příbuzný obyvatelům tyrhénských ostrovů
- víc neandertálských genů než dnešní populace – tj. víc než všichni dnešní Eurasiaté! – týká se to především „LS“ (tj. „severních“) oblastí jeho genomu



# Paleogenetika

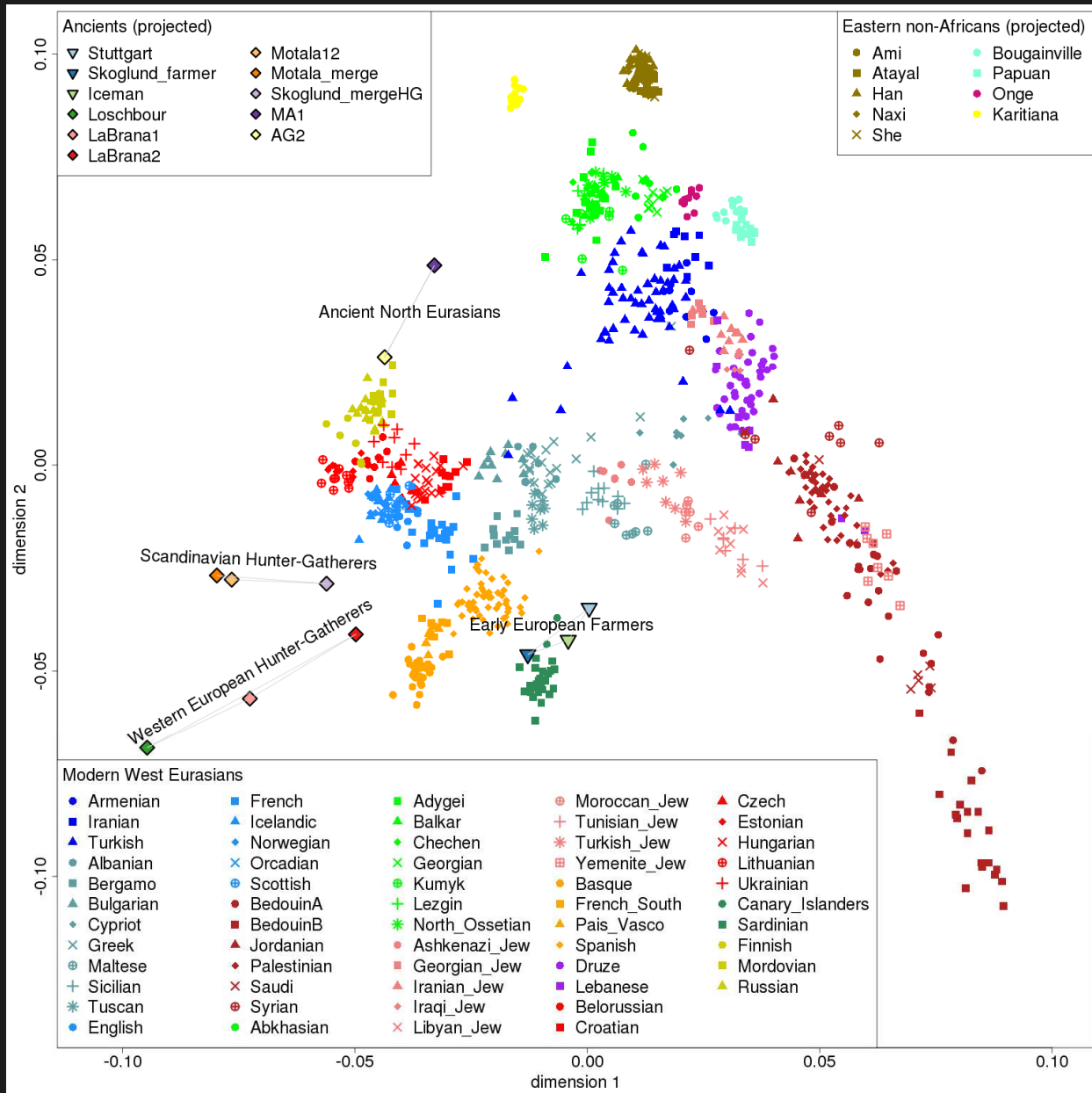
- krátké úseky, dnes několik kompletních genomů (Saqqaq, Ötzi, LS z neolitické Skandinávie)
- *a*-mtDNA: haplotyp U (dnes výrazný v SV Evropě, hlavně u Saamiů)
- genomika: LS příbuzní dnešní S Evropě, zemědělci dnešní J Evropě → dnešní evropská diverzita pochází ze 2-3 zdrojů (+ staří LS se nepodobají žádnému dnešnímu Evropanovi)
- kontinuita mezi starými LS a dnešní genetikou není, zdrojem LBK zemědělců patrně severní Balkán (~ oblast intenzifikace zemědělství dle paleogenetiky skotu + zdroj perzistence laktázy)
- přechod lokálně specifický



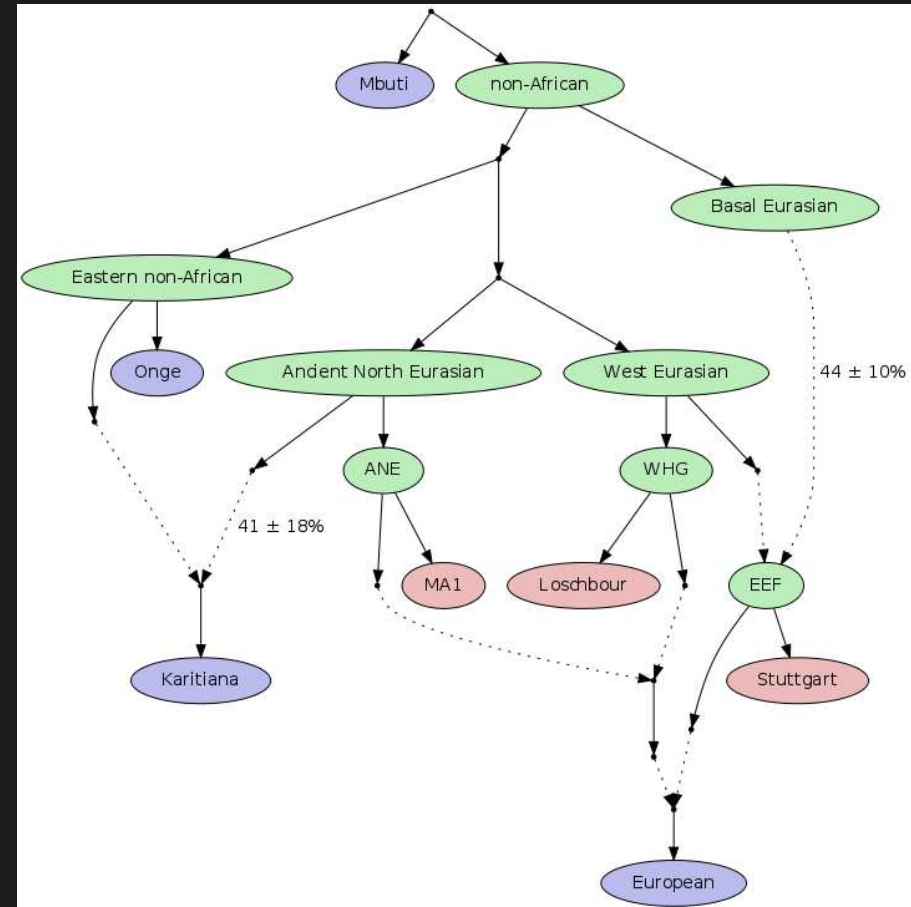


**Figure 1.** Maps showing Europe in times slices and depicting the locations from which ancient mitochondrial DNA (mtDNA) sequences were retrieved. Squares represent hunter-gatherer individuals and circles represent farming individuals. Lineages belonging to the U-clade are shown in red. Other lineages are shown in yellow. (a) Paleolithic and Mesolithic hunter-gatherers 13 500–8300 BP (plotted on a map of Europe during the last glacial maximum ca 22 000 BP). All Pleistocene hunter-gatherers analyzed to date carry mitochondrial lineages that belong to one of the U-clades: U2, U4, or U5. (b) Early farmers 7600–6500 BP. The map illustrates the approximate arrival times and duration of the earliest Neolithic cultures (in years BP). Very few of the early farmers belong to one of the U-clade mtDNA haplotypes, indicating discontinuity between Paleolithic/Mesolithic hunter-gatherers and early farmers [48,64]. (c) Later hunter-gatherers 6500–4500 BP. Whereas early hunter-gatherers carry exclusively mitochondrial U-lineages, later hunter-gatherers show additional lineages that are also present in early farming groups (b), pointing to a possible admixture between the groups or a change in lifestyle of former farmers back to hunting-gathering in Northern Europe. (d) Later farmers 6500–4500 BP. Compared to the period of the first appearance of farmers, late farmers have a significantly higher frequency of U-lineages. This can be explained by increasing rates of admixture between farmer and hunter-gatherer groups during this period and by the adoption of a farming lifestyle by hunter-gatherers. The maps are adapted from [69] and show datapoints from [46,48,51,54–56,61,62,64,70,71]. Abbreviation: BP, before present.





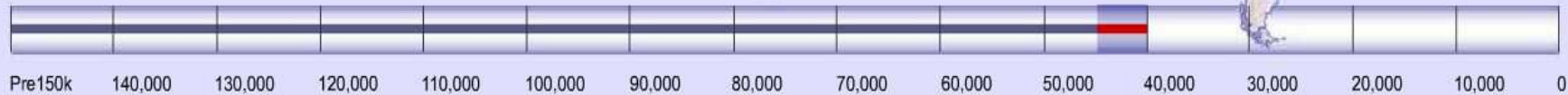
- aDNA z doby přechodu k neolitu cca 8 kya (HG i zemědělci)
- současná Evropa ze 3 zdrojů
- **ANE (ancient North Eurasians)** – příbuzní paleolitickým Sibiřanům (a předkům Američanů)
- **WHG (West European HG)** – v dnešní Evropě, ale ne na Blízkém východě
- **EEF (early European farmers)** – z Blízkého východu (částečně odvození od **bazálních Eurasiatů**, ještě před Z/V rozdělením – Levanta? núbijská technologie?)



# Studium aDNA

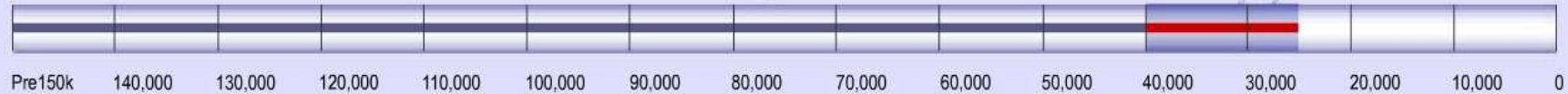
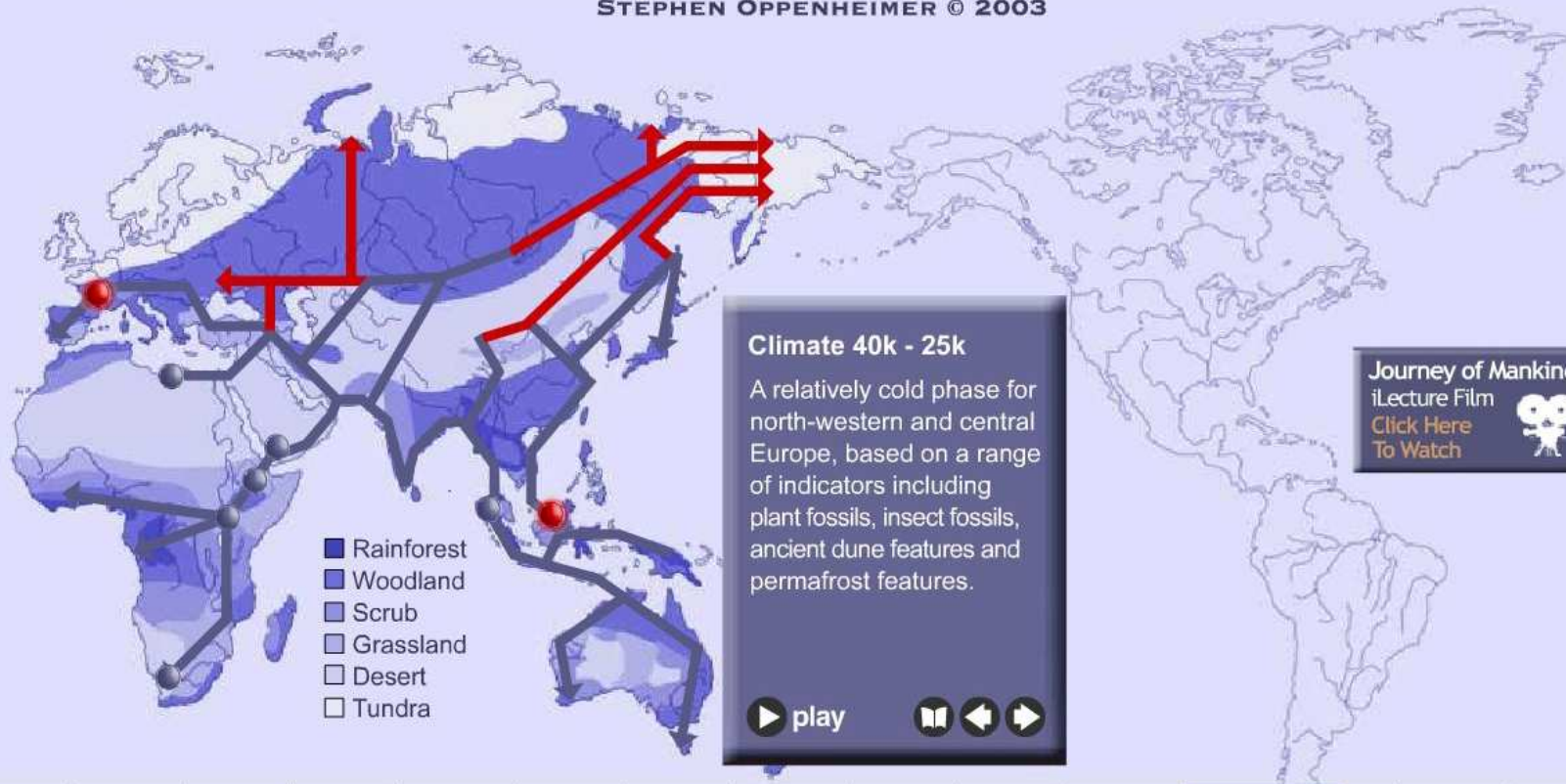
- dnešní populace *nejou* potomky populací, které žily na stejném místě před pár tisíci let
- „*The people best preserving the genetic legacy of central European Neolithic farmers can be found on the island of Sardinia; of west European hunter-gatherers in the shores of the Baltic; of Upper Paleolithic Siberians in the jungles of the Amazon; of Middle Paleolithic Siberians in Papua and Australia.*“

**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



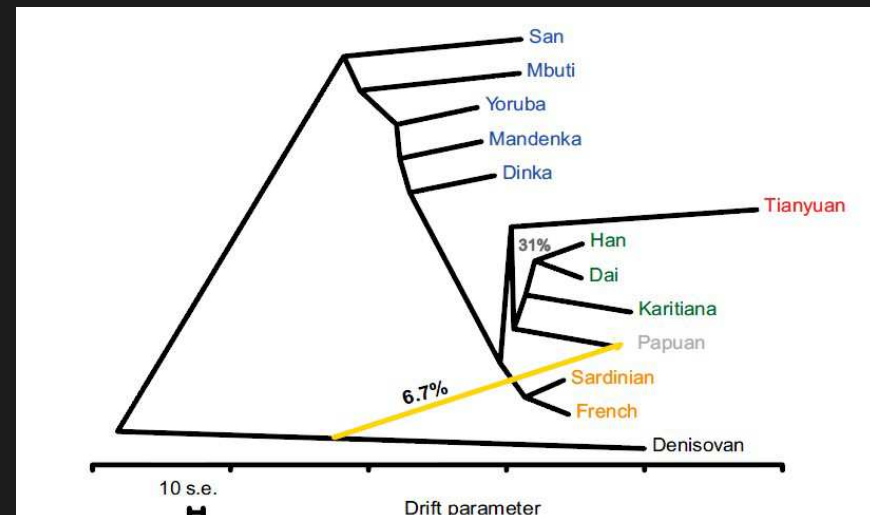
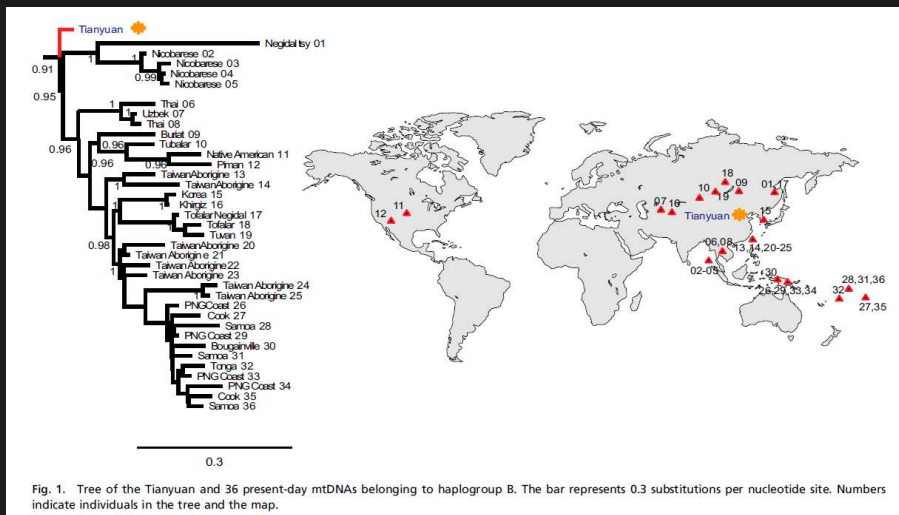
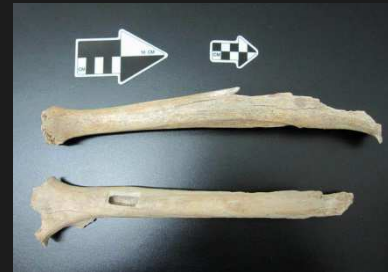


**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



# Tianyuan (40 kya)

- mt DNA + chromozom 21
- bazální Východoasiat (bez denisovských genů)



# Východní Asie

- dávný vznik zemědělství, metalurgie, státu
- postupné vytlačování **austrických** etnik na jih, dominance **čínsko-tibetských** etnik (Chanové) → trvá dodnes
- dlouhodobě konfliktní vztahy se stř. Asií (**Mongolové**, **Mandžuoové** → dynastie Qing 1644-1911)

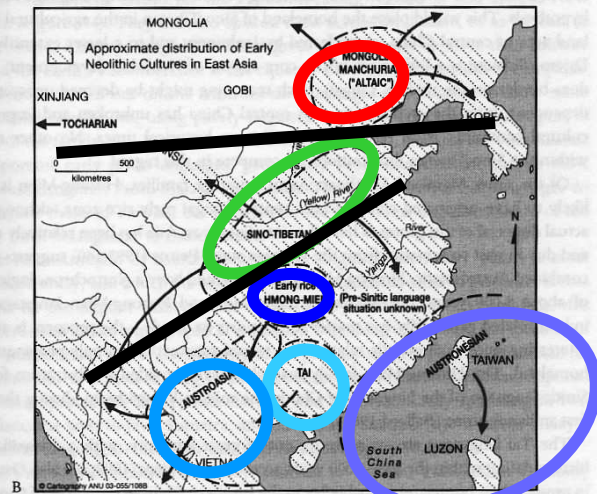
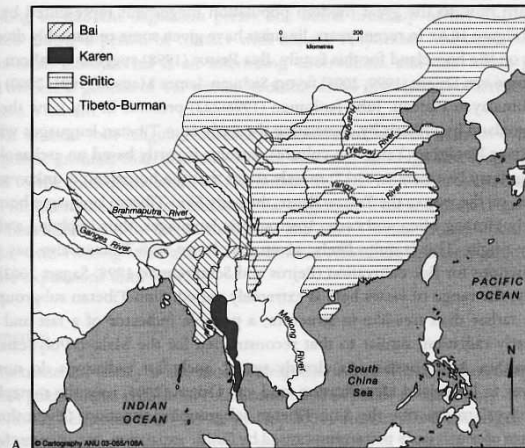


Figure 10.8 A) The distributions of the major subgroups of the Sino-Tibetan language family, after Ruhlen 1987. B) Suggested homelands for the major language families of China and Southeast Asia.



# Ainové





# Ainové

- izolovaný (austrický???) jazyk
- etnologické vztahy k JV Asii (otrávené šípy, tkalcovské stavy) i k V Asii (kult medvěda)
- Y: D (Japonsko, Tibet, Andamany) a C3 (V Asie)
- mt: Y (Nivchové, V a JV Asie) a M7a (V Asie)
- Džómoni (16-6 kya) – geneticky příbuzní Ainům + ochotská invaze z SV Asie
- Jajojové (900-500 BC z Koreje): zatlačili Džómony na sever

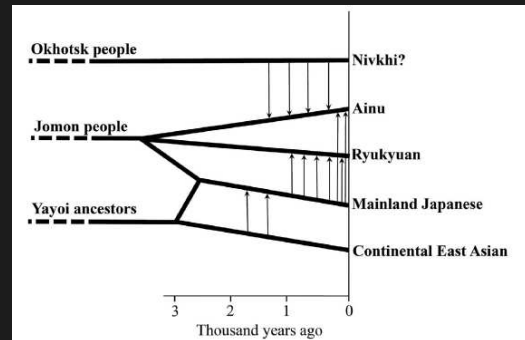


Figure 5 A scenario of the evolutionary history of the human populations in the three regions of the Japanese Archipelago based on the results of this study and archeological evidences.<sup>52</sup> The Northern, the Central and the Southern populations, corresponding to the Ainu, the Mainland Japanese and the Ryukyuan in the present day, were assumed to diverge simultaneously, sometime during the Jomon period, although we do not have a precise time estimate. The admixture of the indigenous Jomon people and Yayoi migrants was assumed to occur sometime after the Yayoi period started 3000 years ago.<sup>76</sup> Vertical arrows designate gene flows in historical times, but their timings and frequencies are rather speculative.

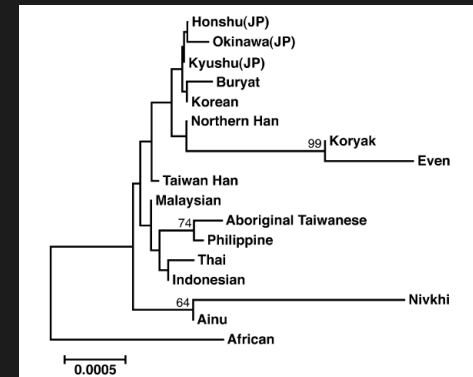


Fig. 3 Neighbor-joining tree for the 16 Asian populations, on the basis of  $d_A$  distances estimated from the nucleotide sequences of 482-bp fragments of the D-loop region (positions 16129–16569 followed by positions 1–41 in the reference mtDNA sequence of Anderson et al. 1981) with the Kimura's two-parameter correction (Kimura 1980). This tree is rooted with African population (Horai and Hayasaka 1990; Vigilant et al. 1991) as an outgroup. Bootstrap probabilities (over 50%) are attached to the internal branches. The scale for genetic distance is shown below the tree.

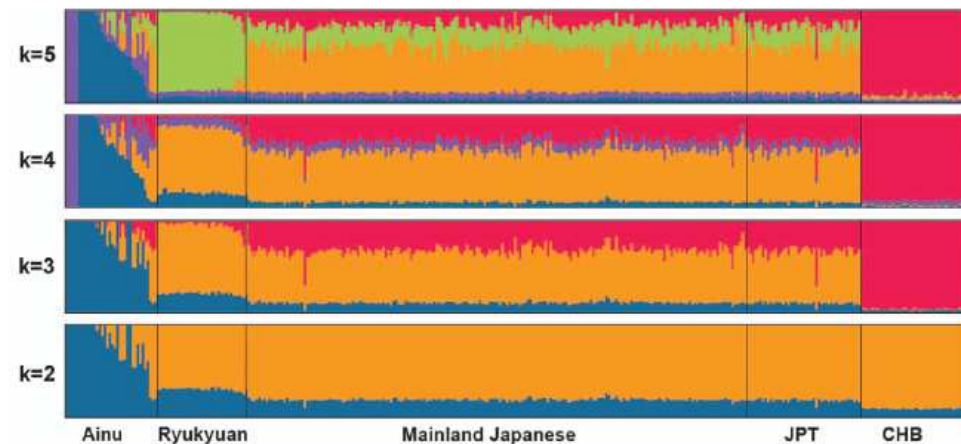
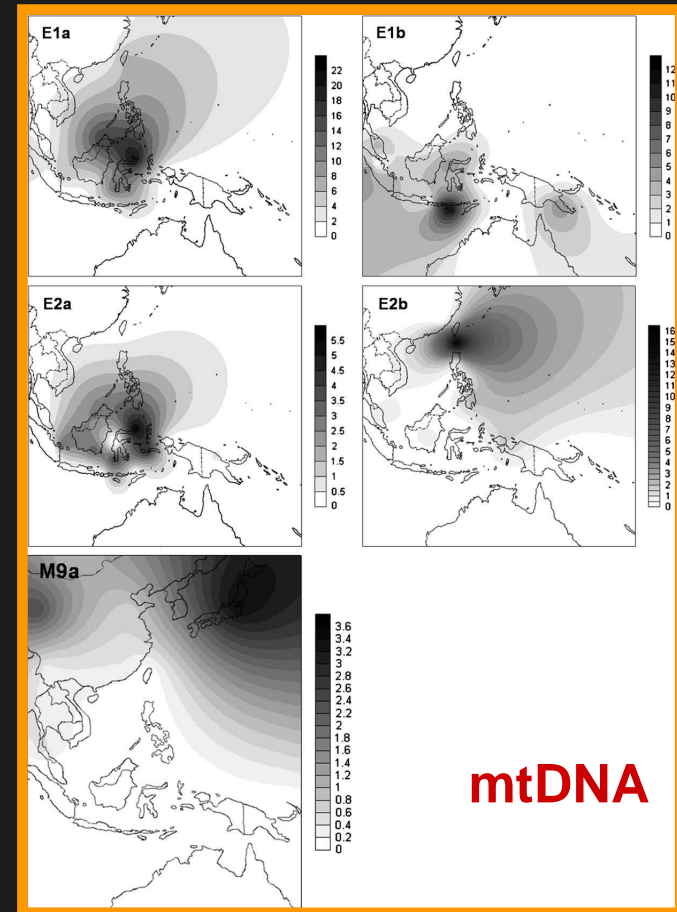


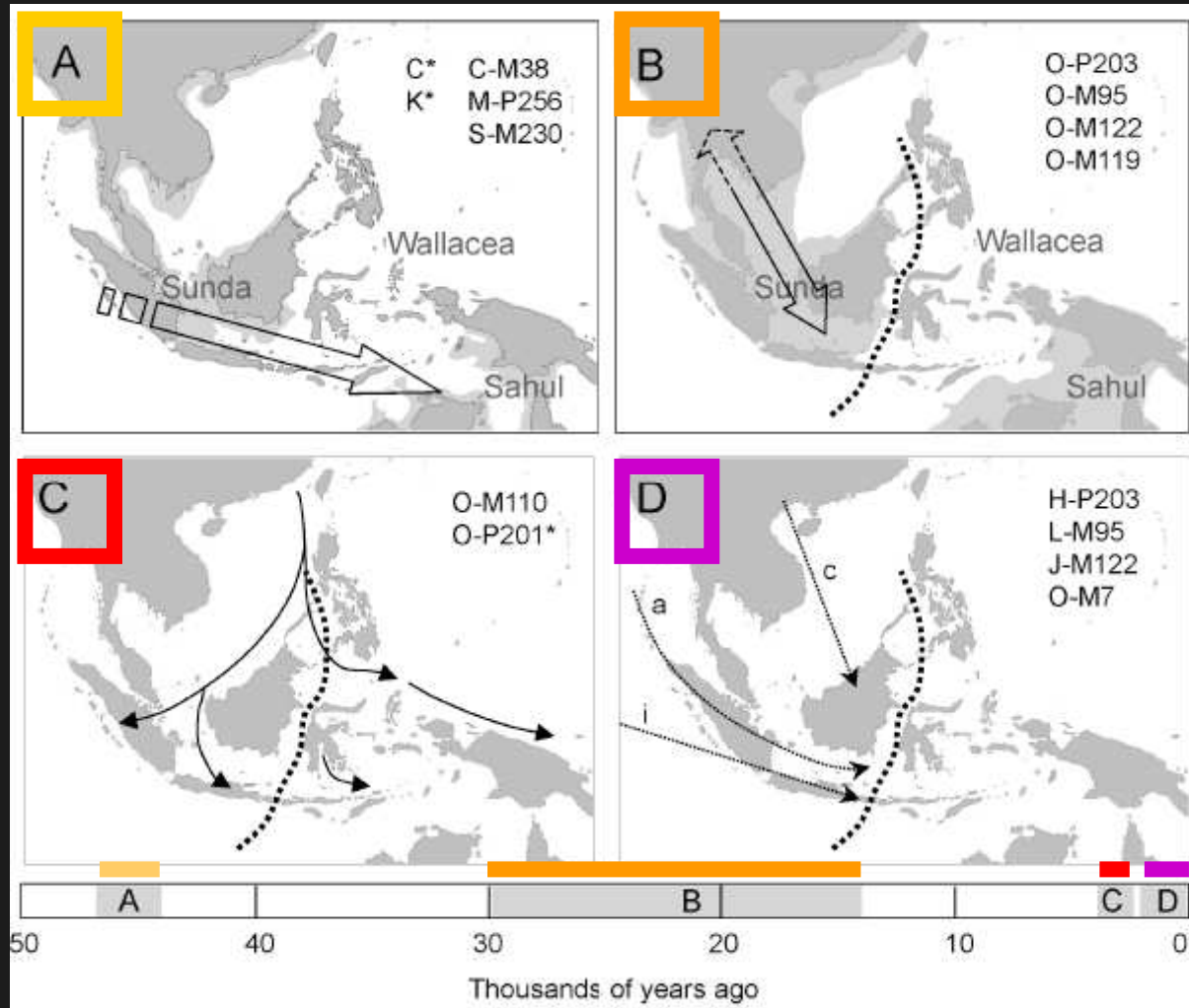
Figure 2 The result of frappe analysis from  $k=2$  to  $k=5$  for the same individuals of five populations used for the PCA analysis shown in Figure 1a.

# Čína a jiho- východní Asie

- démická expanze zemědělců z jižní Číny: matrilinearita (→ jazyky a mtDNA jsou v lepší korelaci než NRY x lépe korelují NRY a indoevropské, afroasijské a nigersko-kordofanské jazyky)
- později expanze Chanů do jižní Číny a ovlivnění Vietnamu apod.: přechod k patrilineární kultuře (ale zůstávají ostrovy matrilineární kultury a austrických jazyků v jižní Číně a Indočíně)
- JV Asie: dvě mtDNA linie – kontinentální („čínsko-americká“) a ostrovní („malajsko-polynéská“): expanze pobřežních populací spojená s postglaciálním rozpadem Sundalantu (Taiwan uvnitř JV-asijské diverzity!)



# Osídlování Indonésie





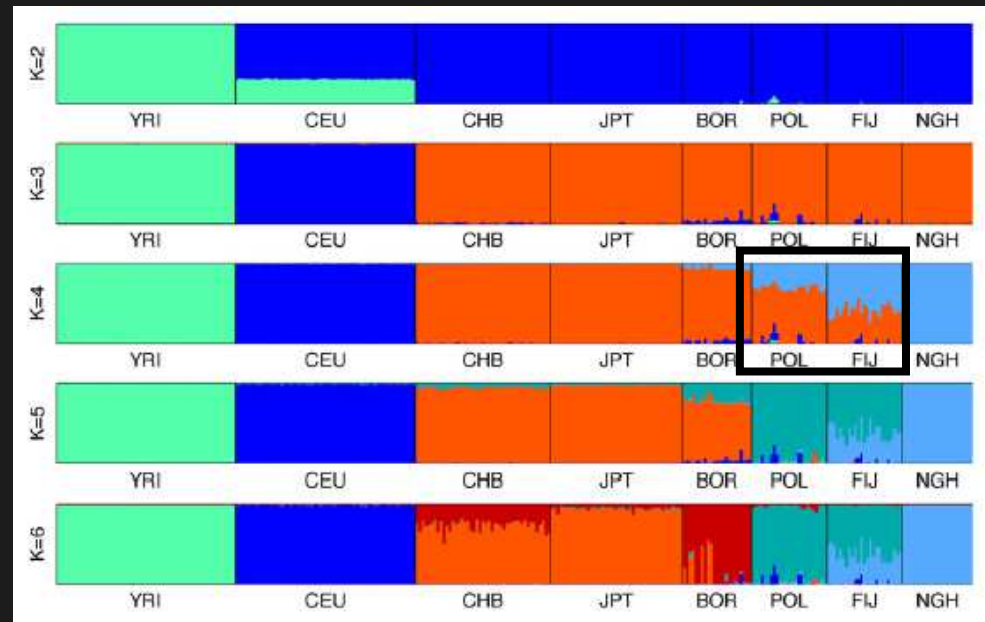
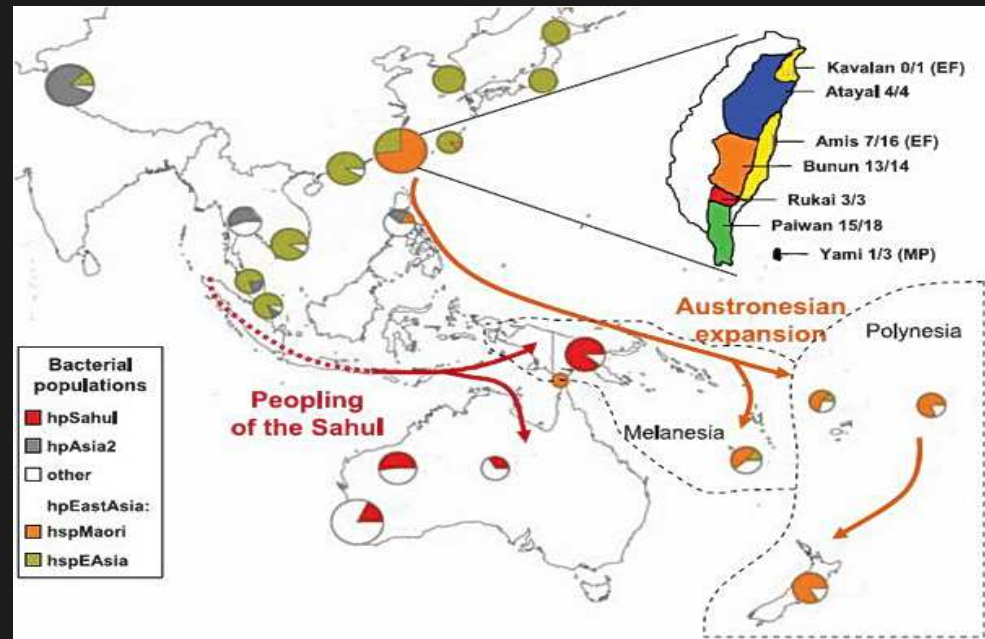
# „Vzdálená“ Oceánie





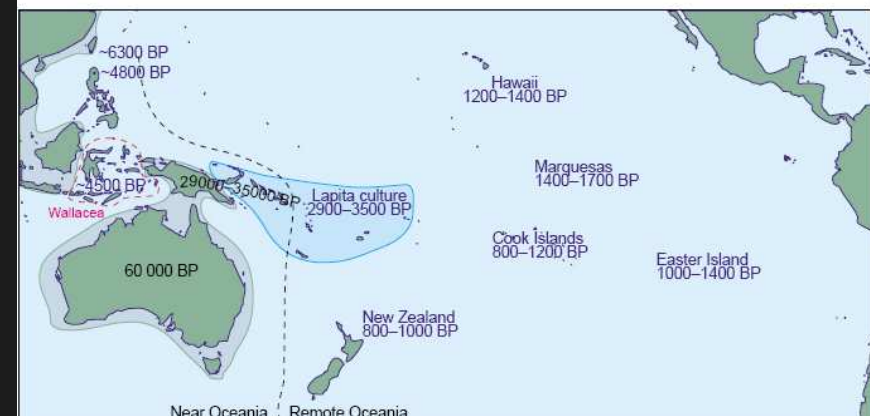
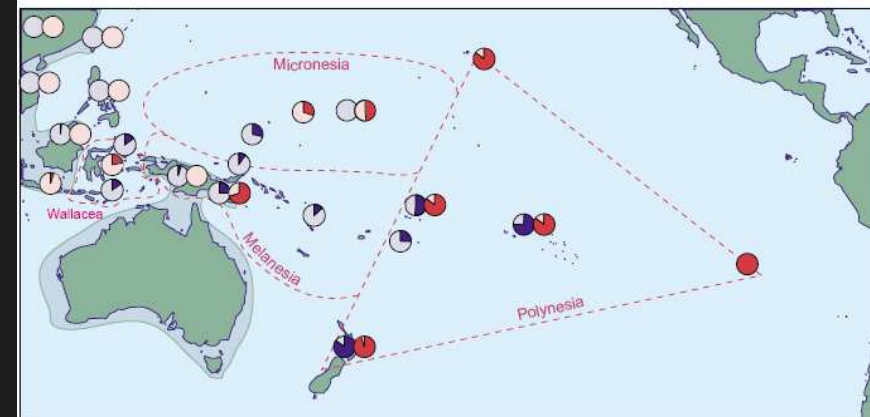
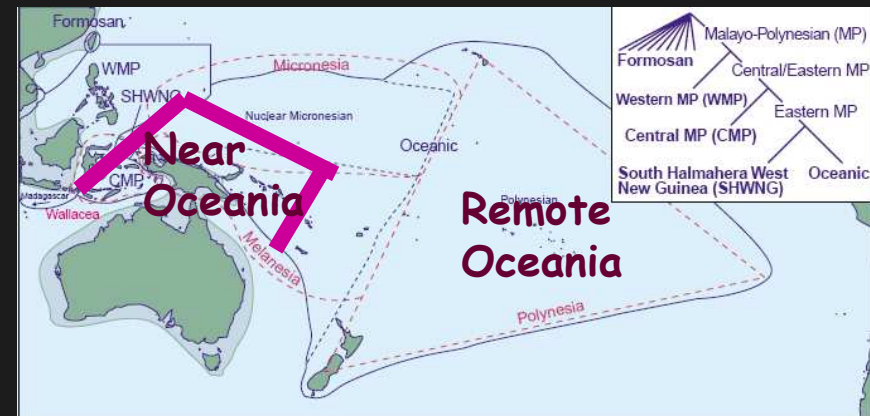
# Dvě migrace do Oceánie

- australsko-novo-guinejsko-melanéská vlna (pleistocén)
- asijská vlna (holocén)



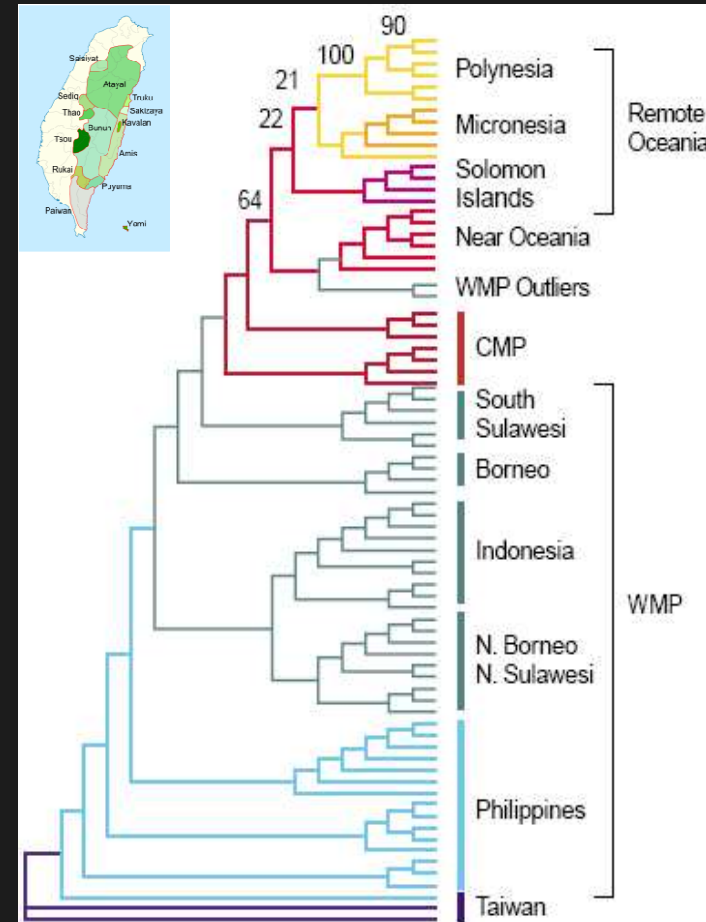
# Kolonizace Oceánie

- staré osídlení Austrálie, Nové Guineje (55-60 kya) a přilehlých melanéských ostrovů (29 kya)
- 3,3-3,5 kya: lapitská kultura → **Austronésané** (z JV Číny a Taiwanu): velmi rychlé osídlení Filipín, Indonésie a „blízké Oceánie“ + během 200 let osídlili celou „vzdálenou Oceánií“
- kongruence jazykových a (částečně) archeologických dat (x Lapita je míň stromovitá než jazyky)
- x jihočínská a malajsko-pohnéská zemědělská technologie se zásadně liší (rýže, *Sus scrofa* x *S. celebensis*)



# Fylogeneze austronéských jazyků

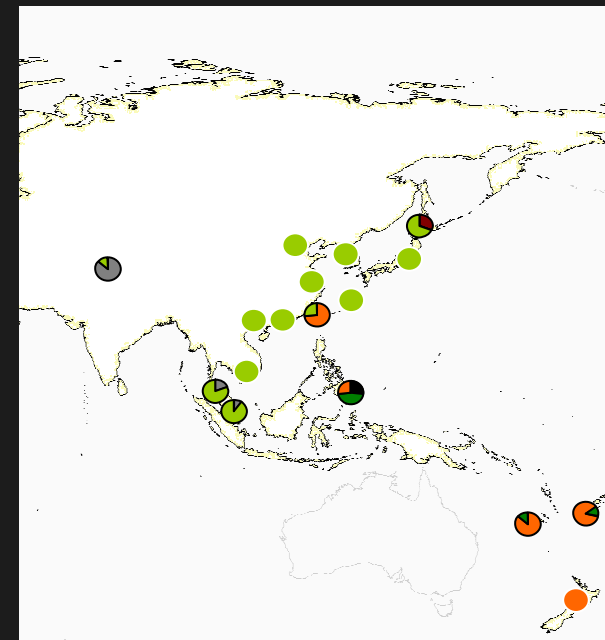
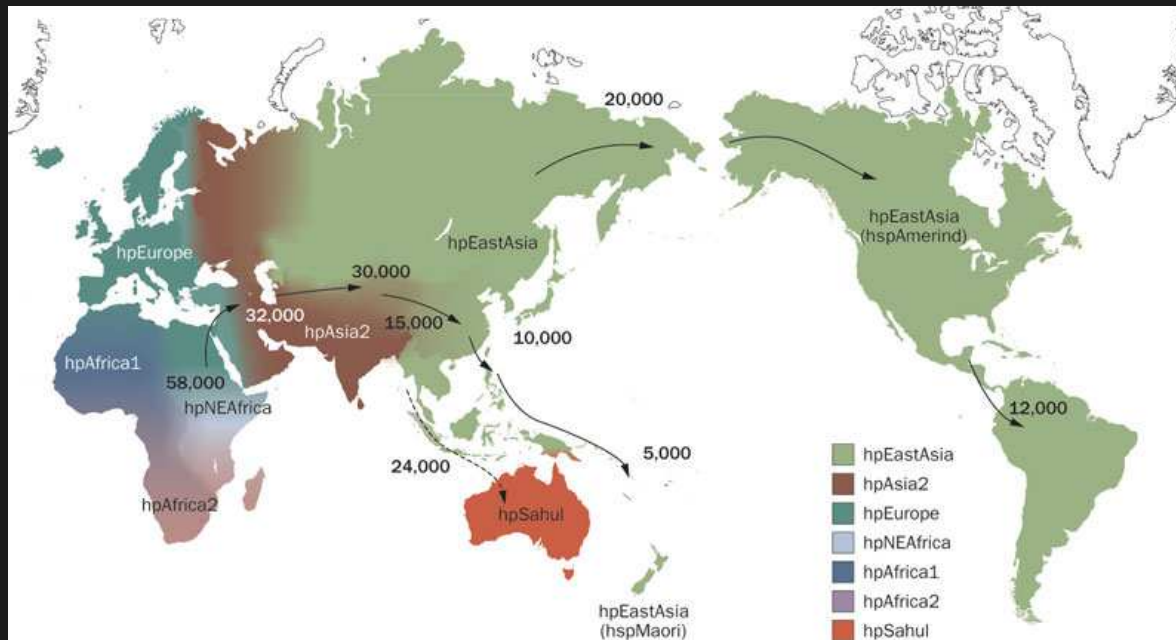
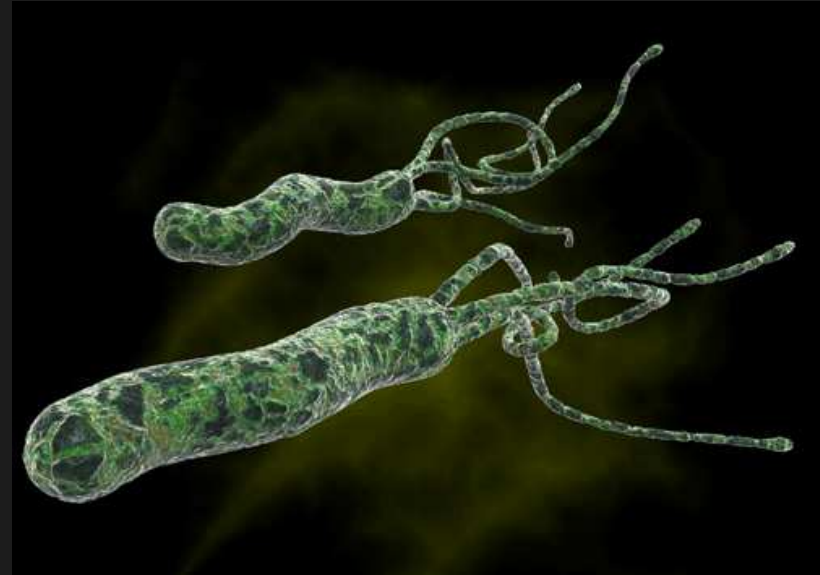
- z Taiwanu do celé ostrovní oblasti od Filipín a Indonésie po Madagaskar, Havaj a Nový Zéland
- „rychlý člun“ („*express train model*“) + výrazná komunikace po usazení



9 jazykových skupin na Taiwanu, desátá od Madagaskaru po Havaj



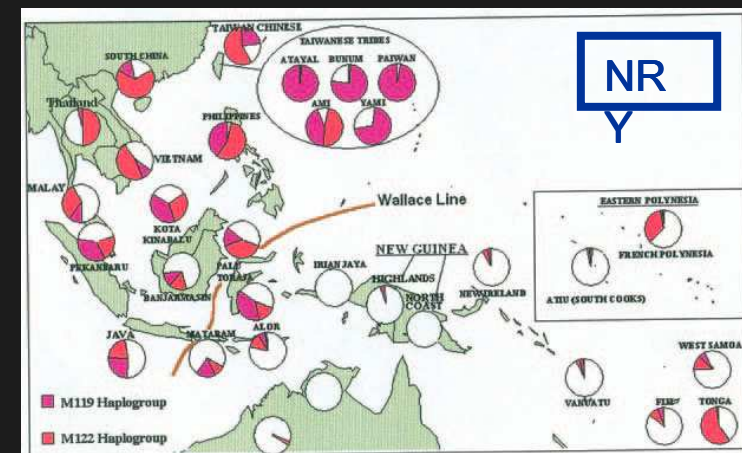
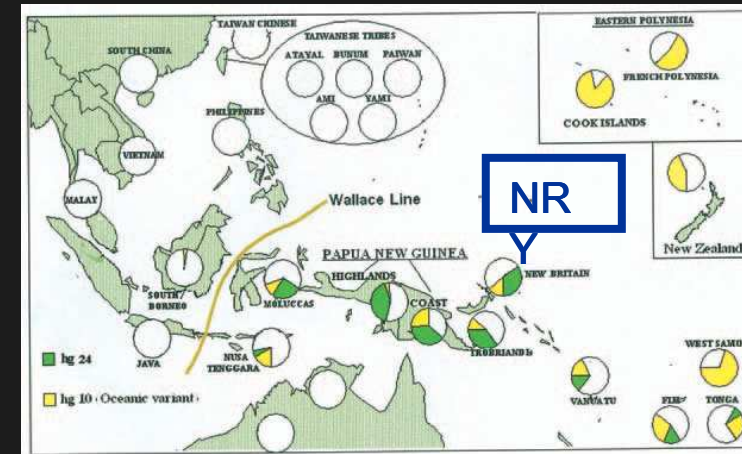
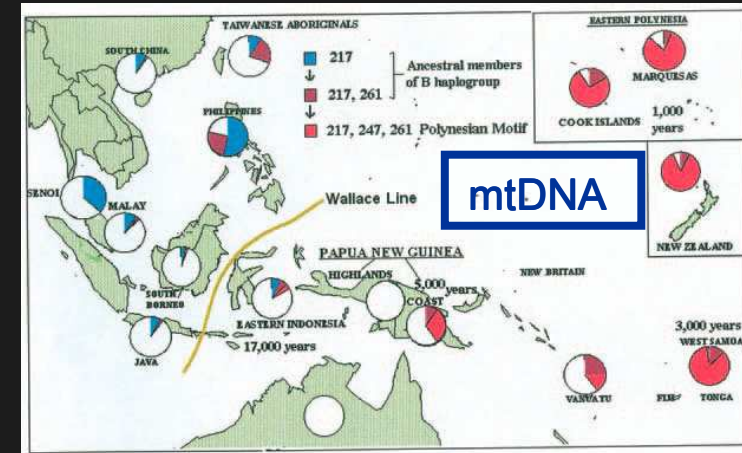
# *Helicobacter pylori*





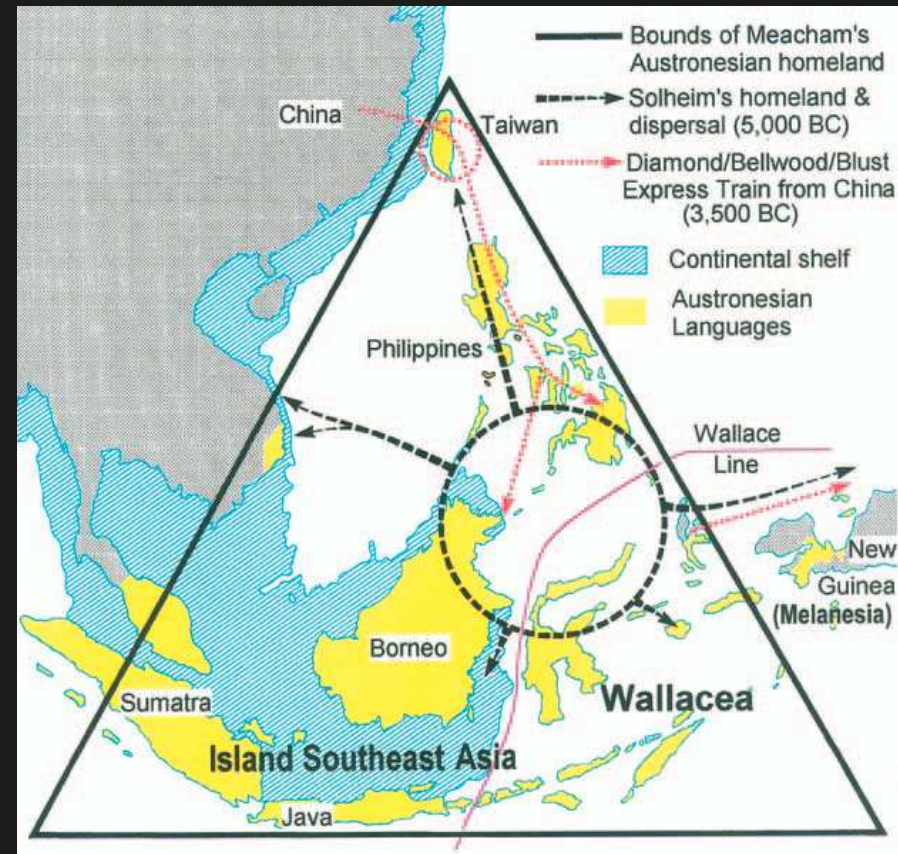
# Kolonizace Oceánie

- genetika: málo evidentní shoda, taiwanský původ nejasný
- Vs. původ na jižních Filipínách a Sulawesi, mnohem delší a pomalejší evoluce
- rozpor ~ matrilokalita a matrilinearita? v „Blízké Oceánii“ mísení asijských (austronéských) žen a místních („australoidních“?) mužů
- autosomy: austronéská etnika v Polynésii a Mikronésii mají výrazný původ ve V Asii (vč. Taiwanu)



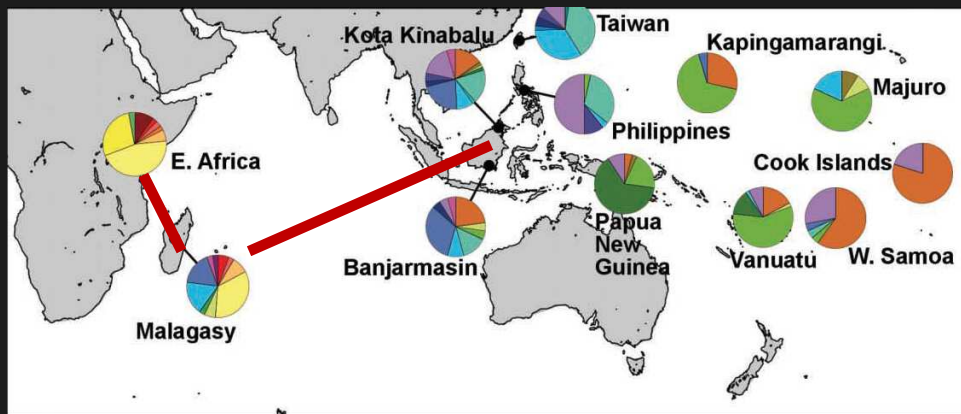
# Kolonizace Oceánie

- žádná genetická souvislost mezi Taiwanem a Polynésií x starý (pleistocénní?) genetický koridor mezi Wallaceou a „Blízkou Oceánií“
- rychlé šíření kultury (austronéské jazyky, lapitská kultura, částečně i zemědělství) nebylo spojeno s masivní migrací lidí
- → „pomalý člun z Asie“



# Madagaskar

- malá zakladatelská populace: před 1200 lety cca 30 žen (z 93 % indonéského původu)
- ~ Y chromosom
- nejasný způsob kolonizace – dálková plavba? (žádné známky na pobřeží Afriky)





# Beringie a Amerika





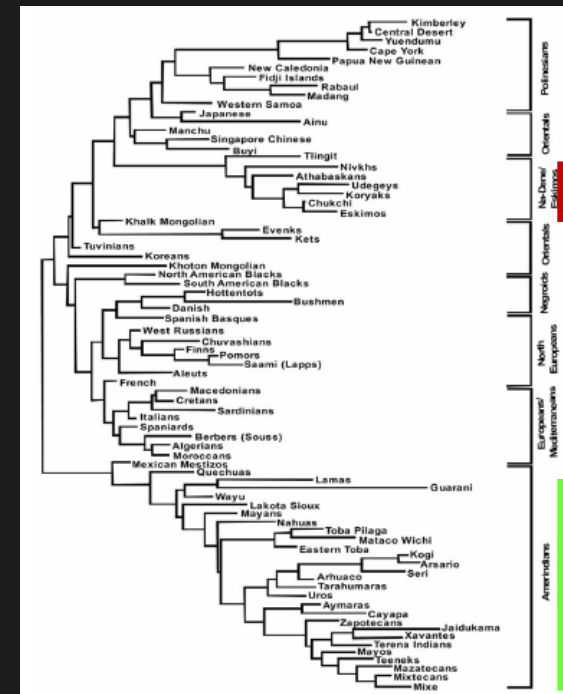
# Amerika - populace

- málo zalidněné kontinenty (téměř 1/3 povrchu pevniny, ale jen asi 14 % lidské populace)
- krátká, ale komplexní historie původního obyvatelstva (lovecko-sběračské kmeny i zemědělské státy)
- zdecimování populace původních obyvatel (nemoci, války, otroctví, mísení obyvatelstva) → bottlenecky
- dnes: potomci evropských imigrantů >50%, potomci otroků ~20%, míšenci ~20%, původní obyvatelé ~5%



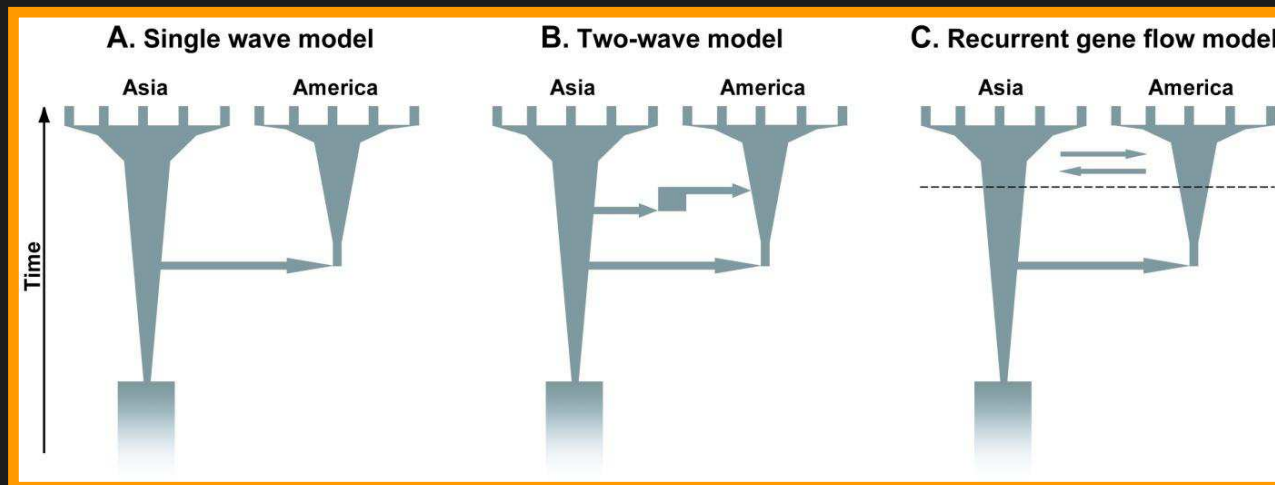
# HLA a původ Američanů

- Amerindové izolováni od zbytku světa (důsledek pandemických bottlenecků?), Eskymáci a Na-Dené blízcí sibiřským a pacifickým populacím
- propojení Asie a Ameriky přes Pacifik (→ Amerindové), ostatní přes Beringii

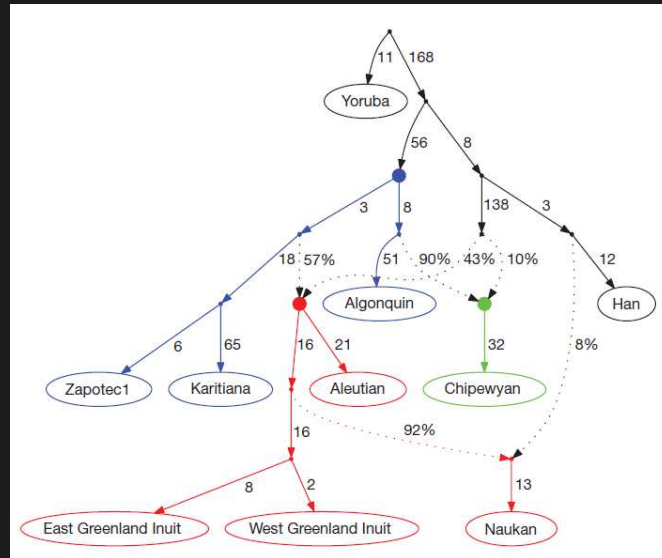


# Kolonizace Ameriky

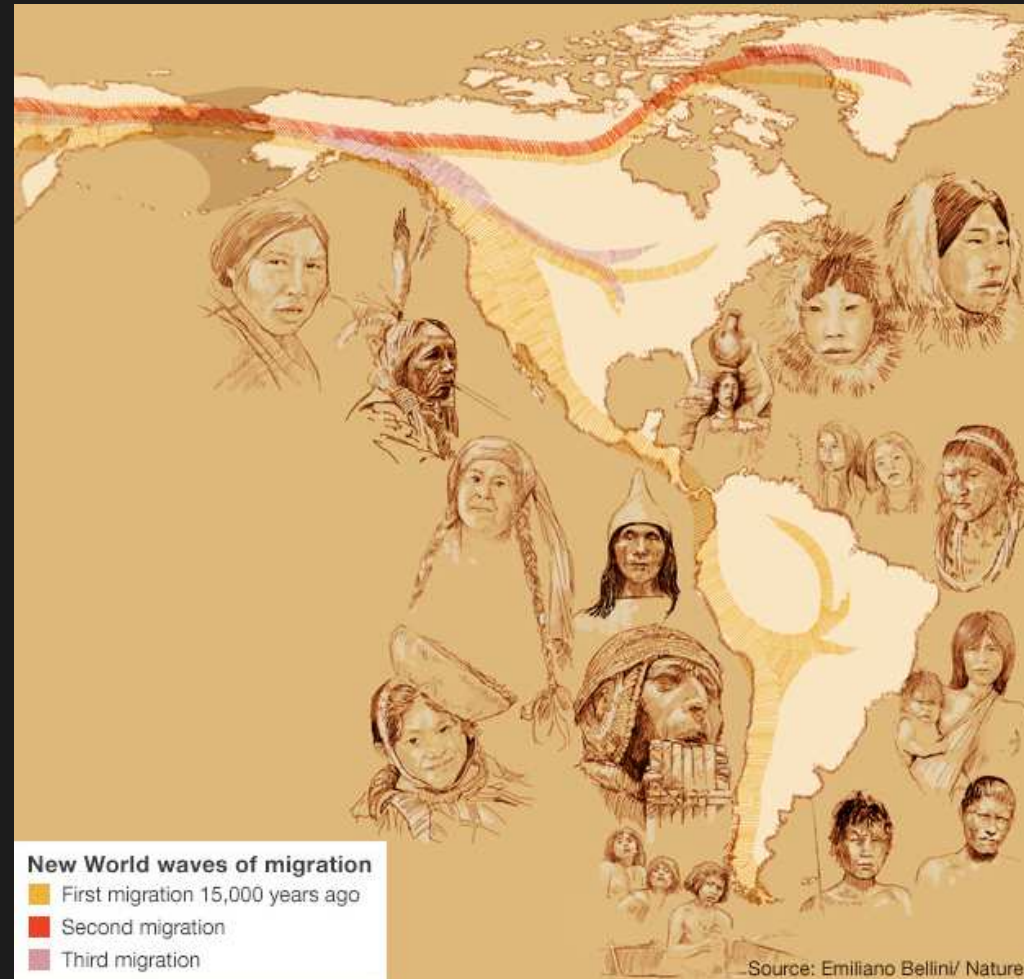
- ze SV Asie: jednou nebo víckrát? + zpátky do Asie?
- nejasná příbuznost amerických jazyků, eskaleutské jazyky snad vzdáleně příbuzné eurasijským jazykům, jazyky Na-Dené blízce příbuzné jenisejským a vzdáleně i čínsko-tibetským → nejméně tři kolonizace
- mtDNA: pět zakladatelských haplotypů
- + neortodoxní hypotézy (polynéská, solutrénská, africká???)
- jak je staré osídlení Ameriky? (15-17 kya, nebo až 40 kya?)



# Kolonizace Ameriky

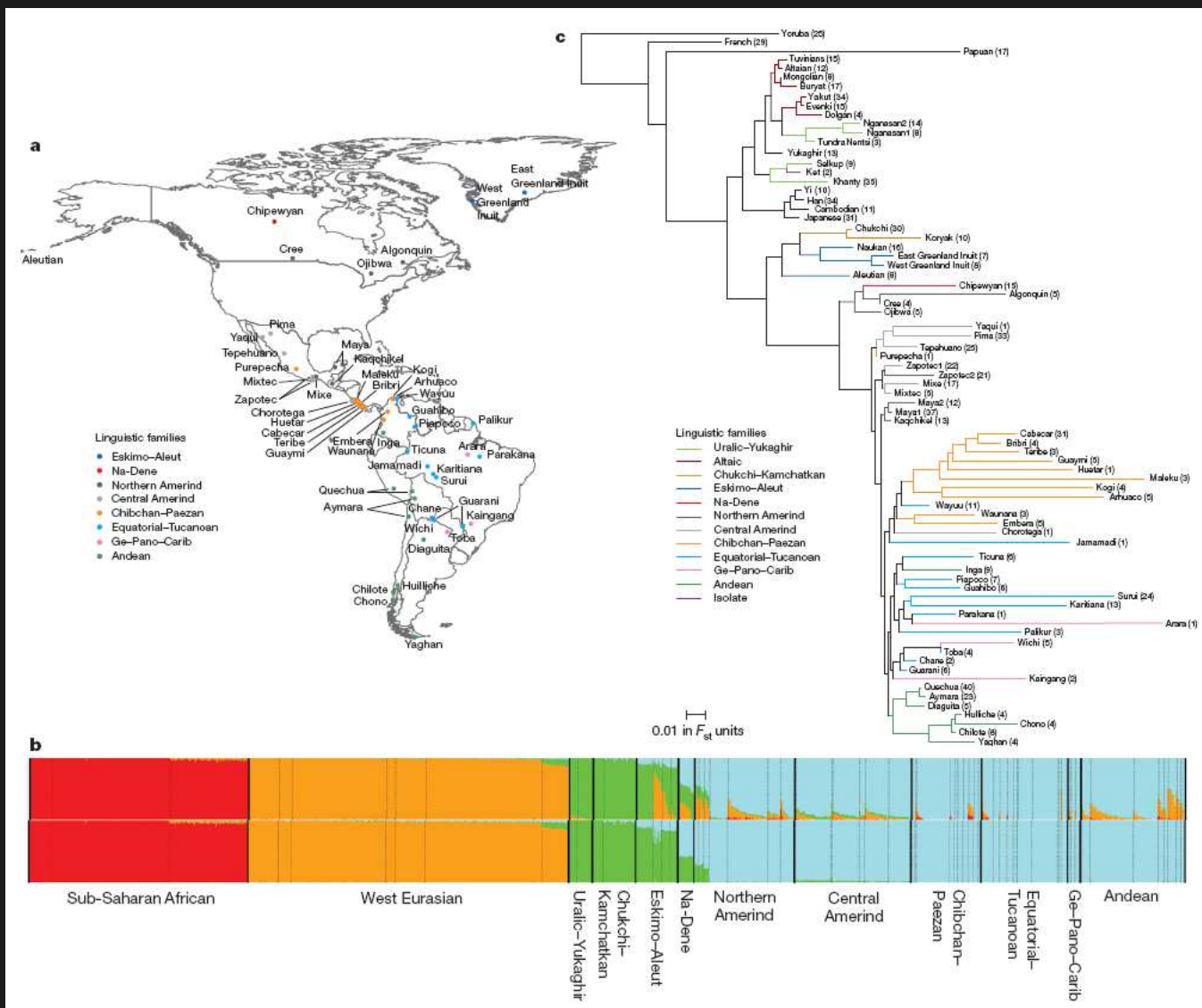


- Amerindové
- Eskimo-Aleuti
- Na Dené





# Kolonizace Ameriky

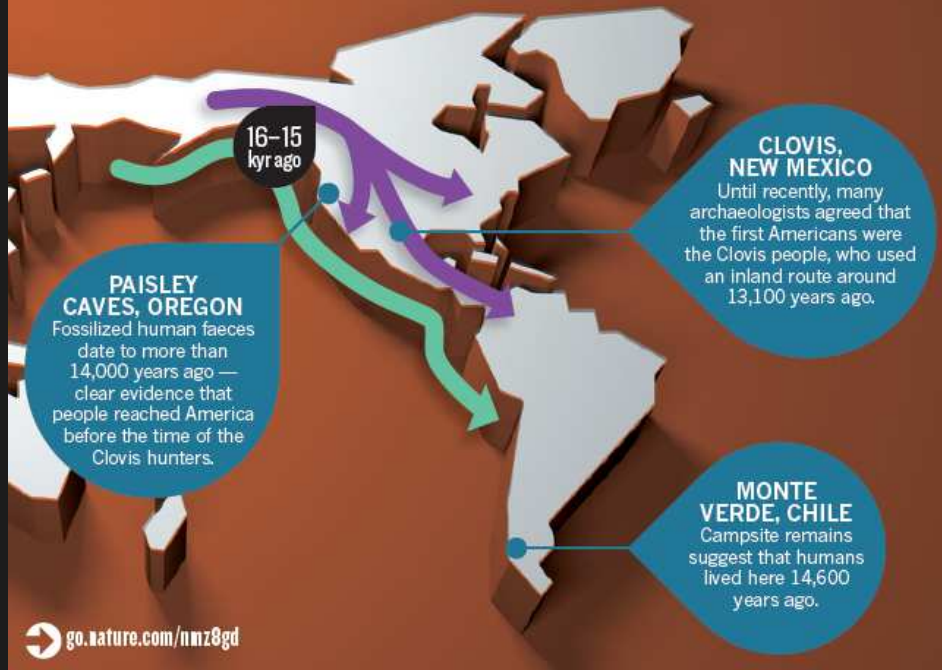


# Kolonizace Ameriky



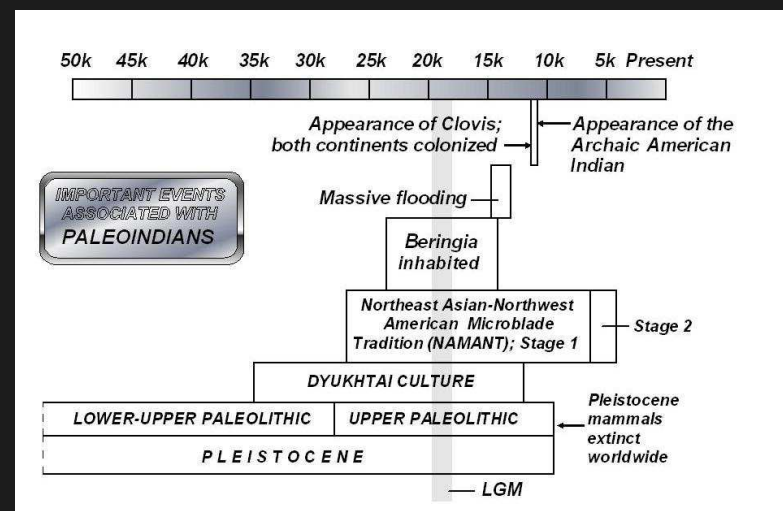
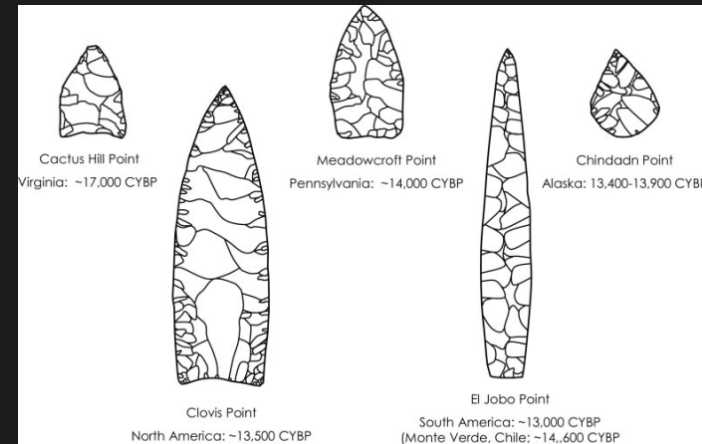
## ROUTES TO A NEW WORLD

Using archaeological remains and genetic sequences, researchers are trying to reconstruct how and when modern humans reached the Americas. The debate centres on whether people walked down through central Canada (purple) or skirted the coast in boats (light green).



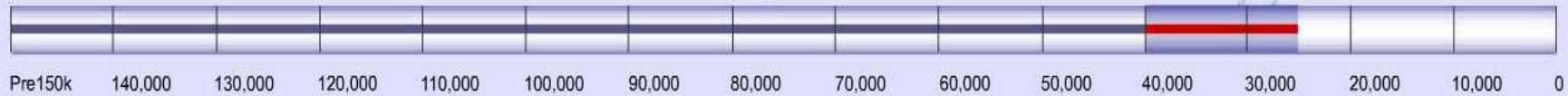
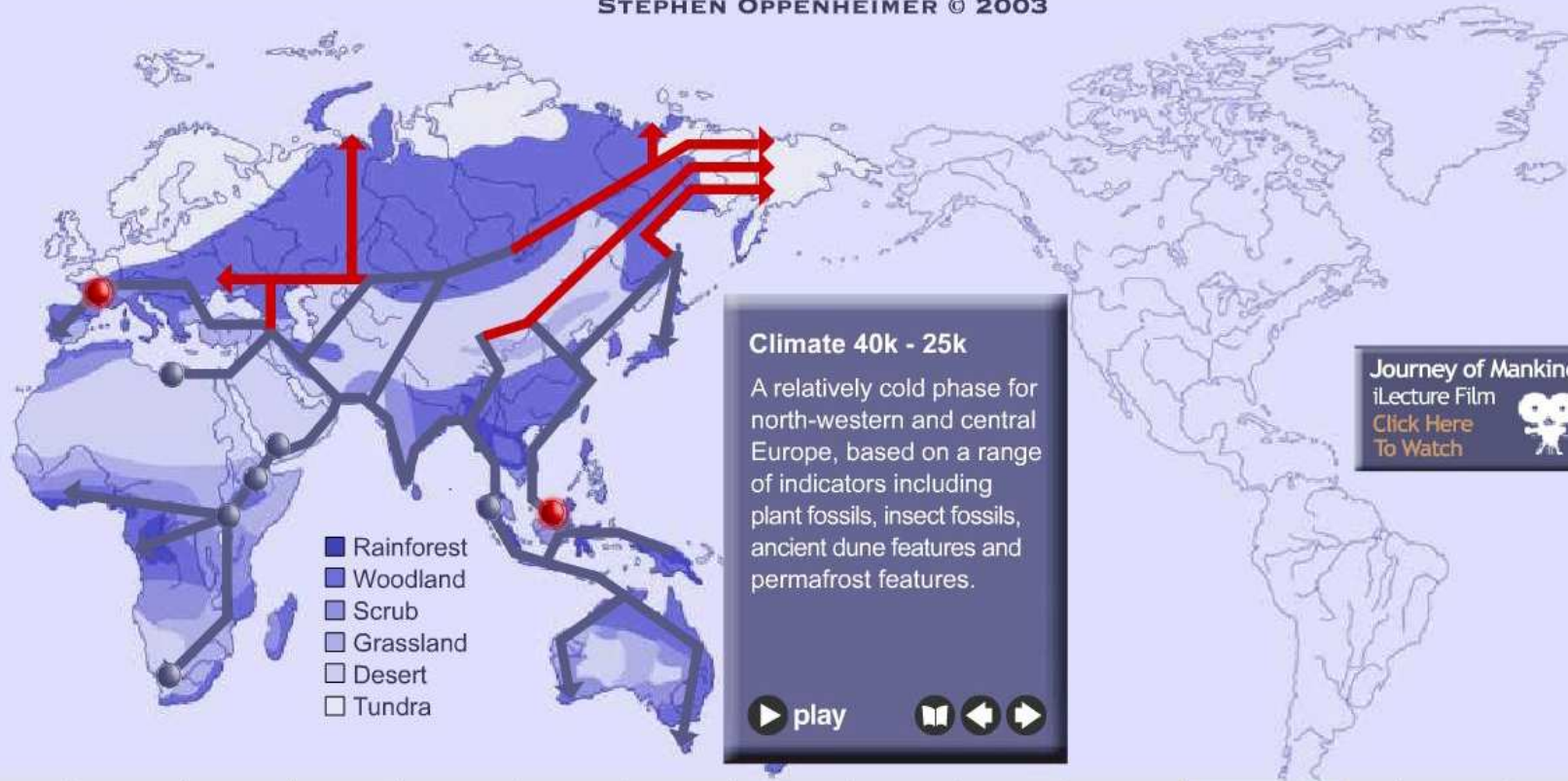
# Osídlení Ameriky

- **cloviská kultura** v Severní a Střední Americe (odvozená od aljašských kultur): cca 11-13 kya
- Monte Verde (Chile): cca 14 kya, Meadowcroft (Pennsylvánie): 16 (19?) kya  
→ vstup do Ameriky 16-20 kya
- starší nálezy spíš nevěrohodné x molekulární hodiny naznačují starší oddělení amerických haplotypů od asijských (ale kde?)



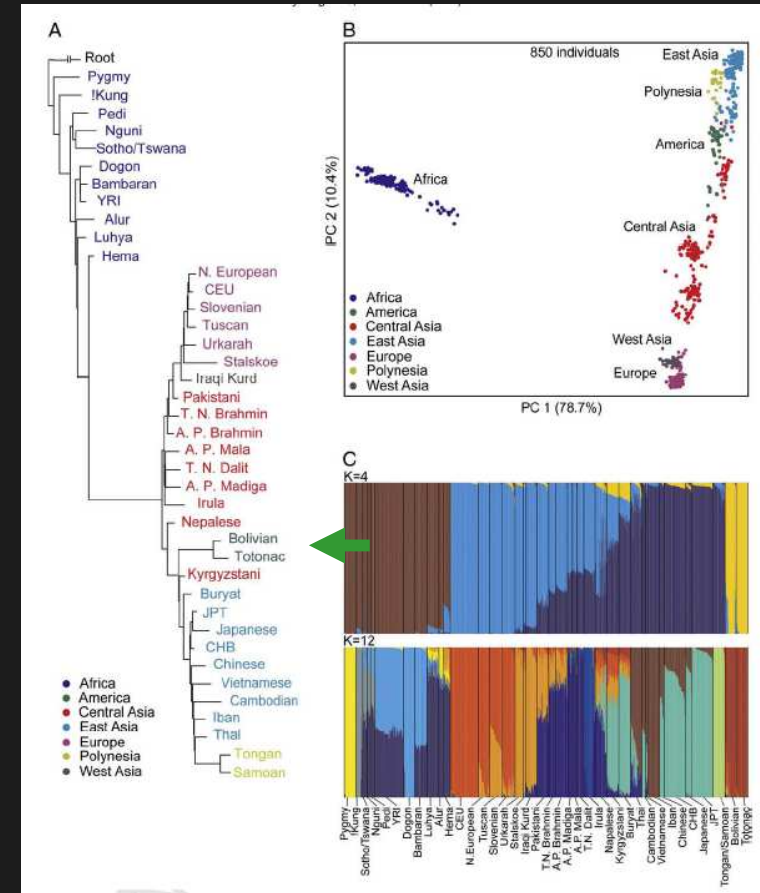


**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**





# Asijský původ Amerindů

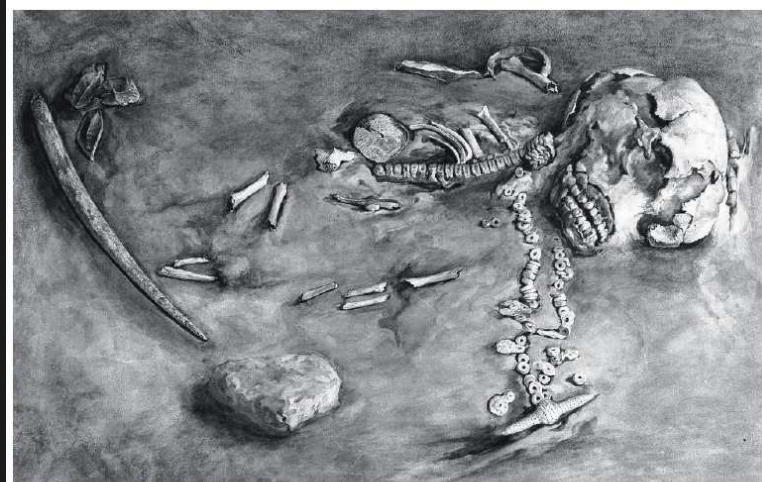


- původ pre-cloviského obyvatelstva: Beringie (refugium během LGM)
- kranologie i genetika nacházejí příbuzné Amerindů leckde na J Sibiři (Altaj), v Mongolsku, v S Číně – tj. ne přímo v SV Asii

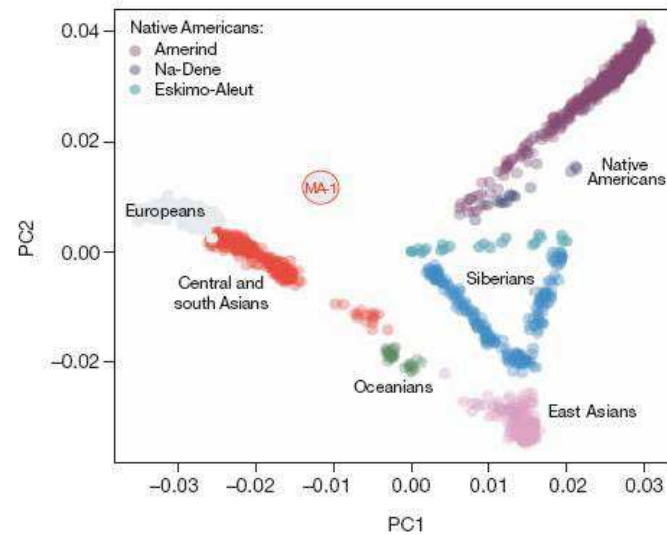
# Mal'ta (24 kya)



Headed east. The Mal'ta boy was related to people who later migrated across Beringia to the Americas.

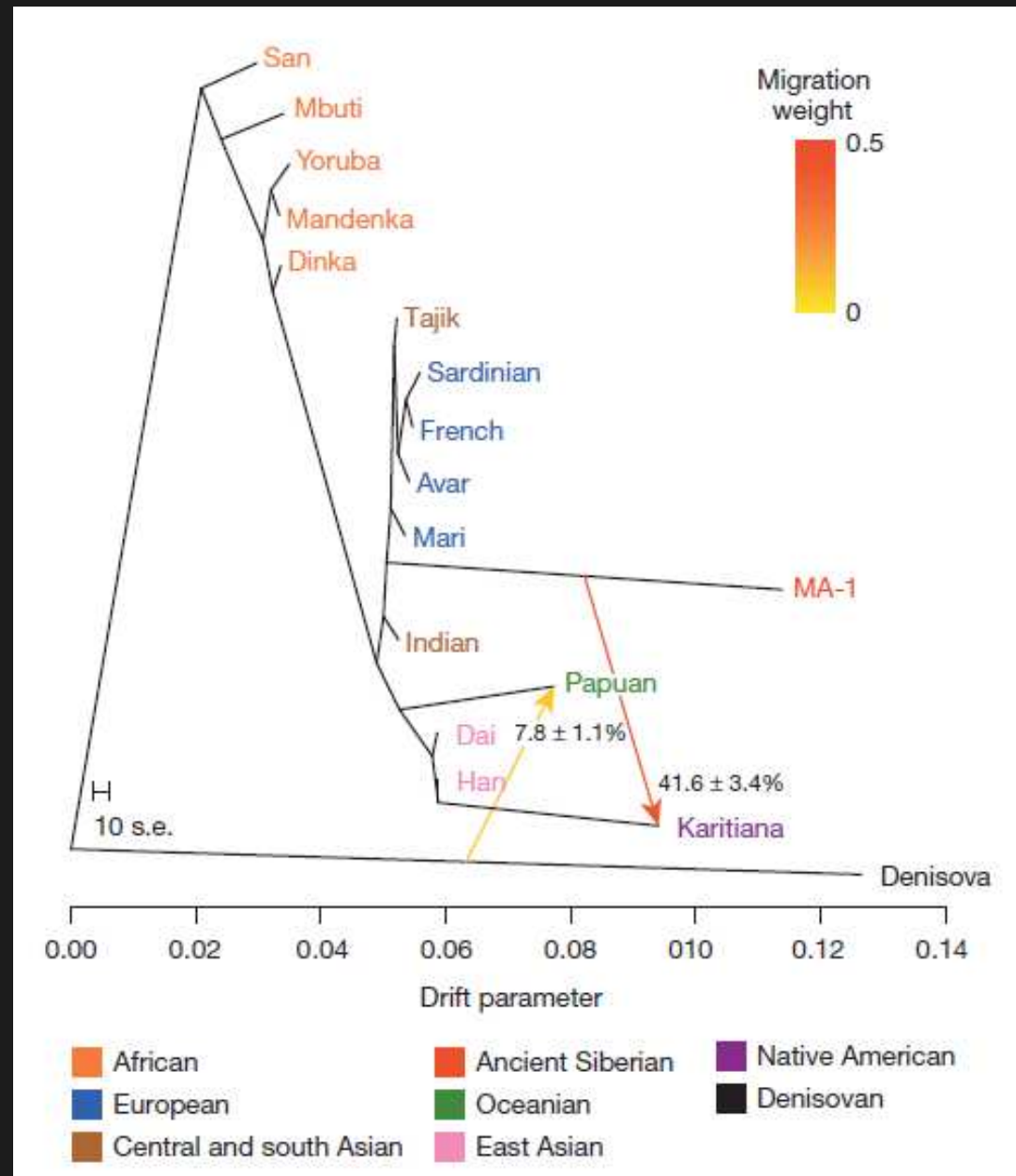


Boy's bones. DNA from this ancient Siberian skeleton offers clues to the first Americans.



# Mal'ta (24 kya)

- afinita k západní Eurasii i k Americe, ale ne k východní Asii

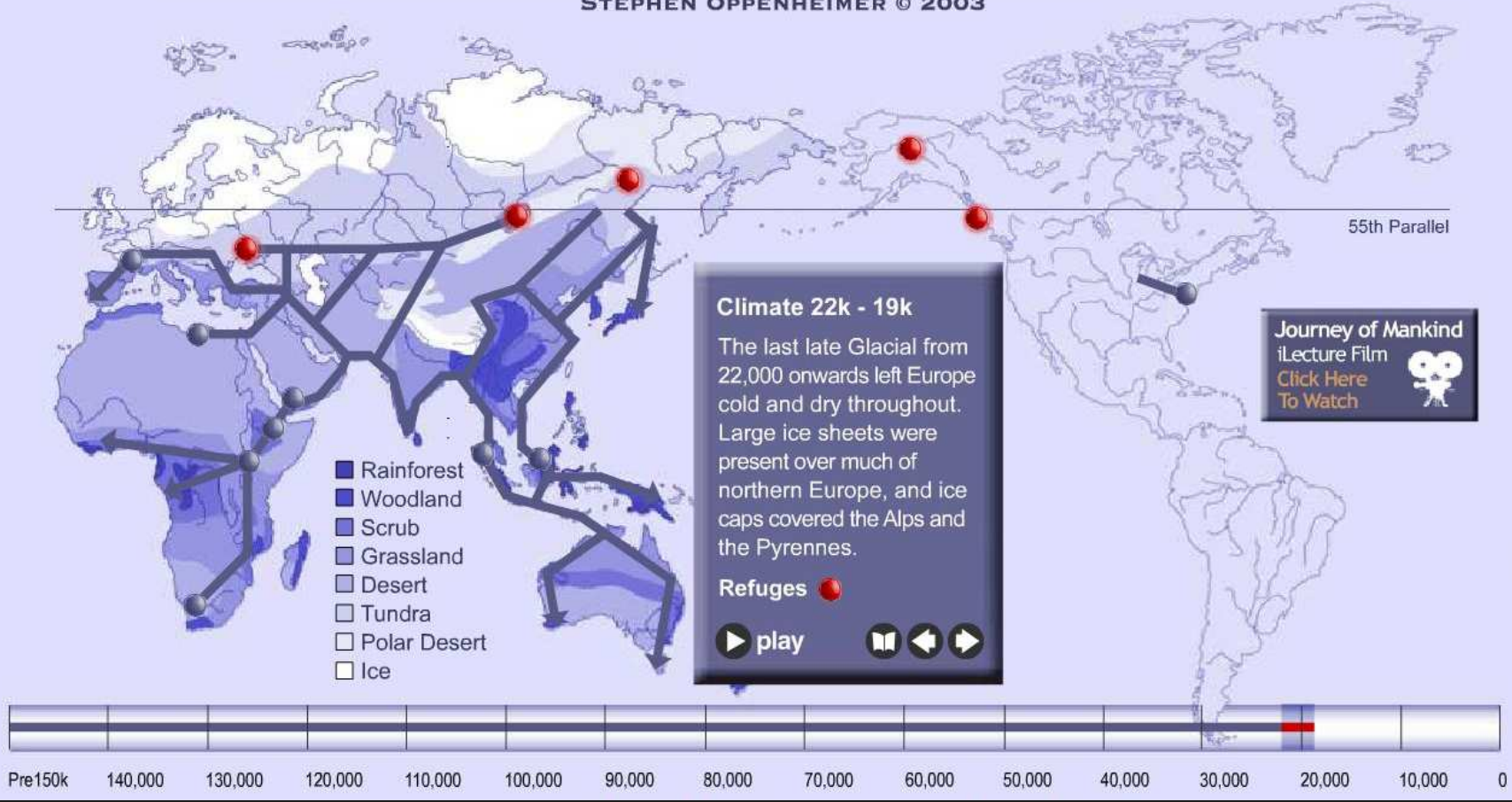


'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003

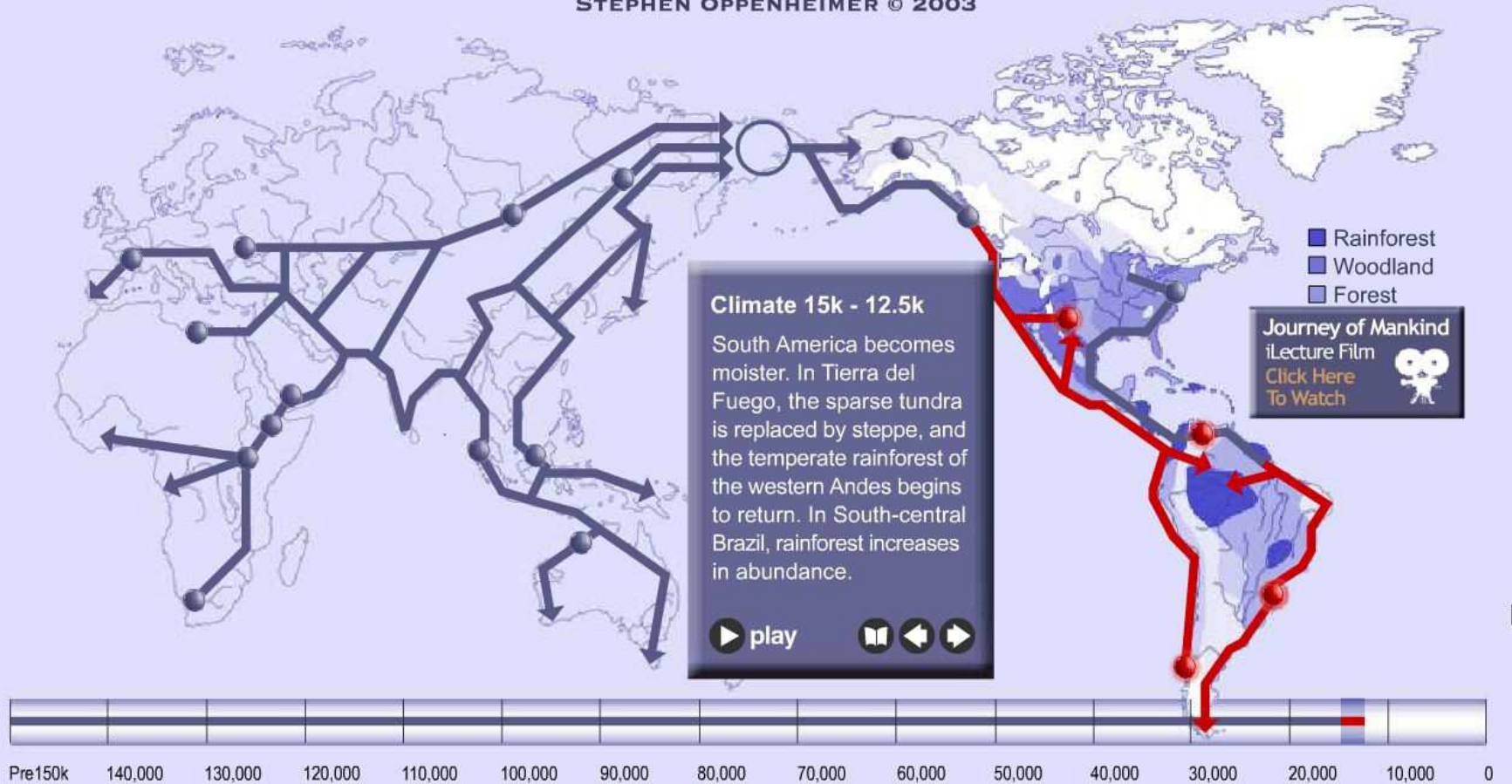




'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003

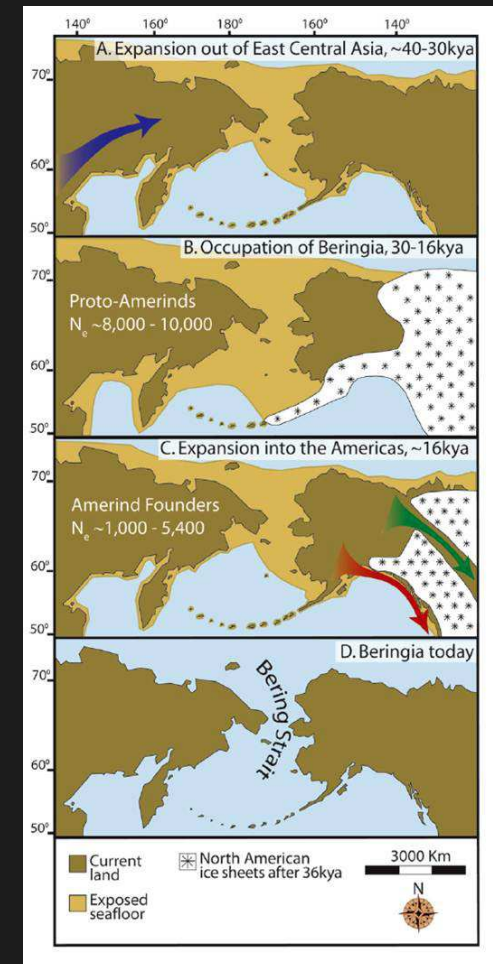
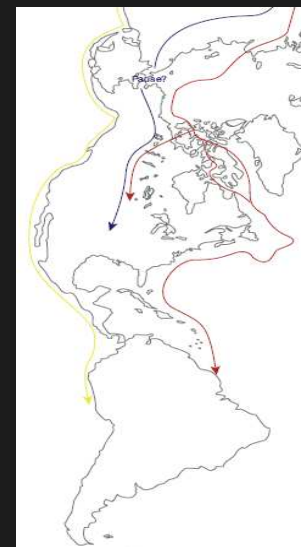
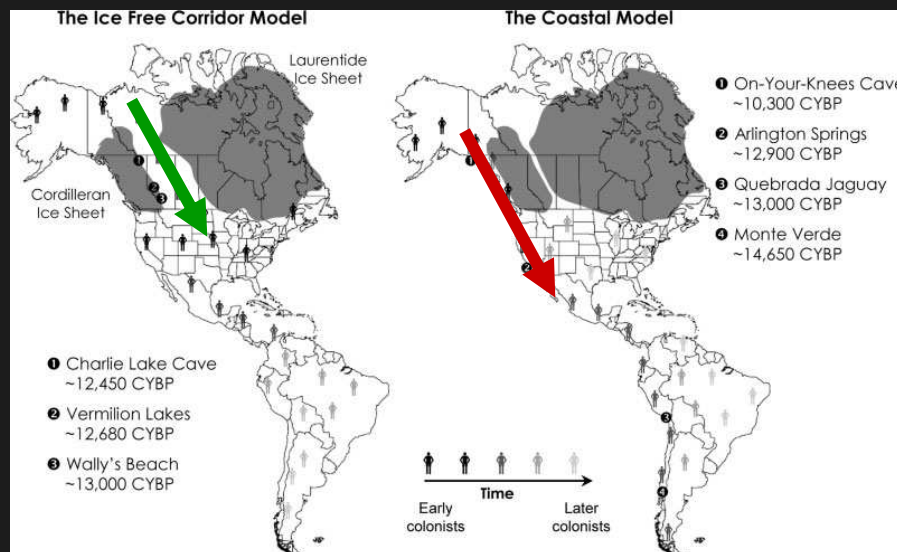


**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



# Kolonizace Ameriky

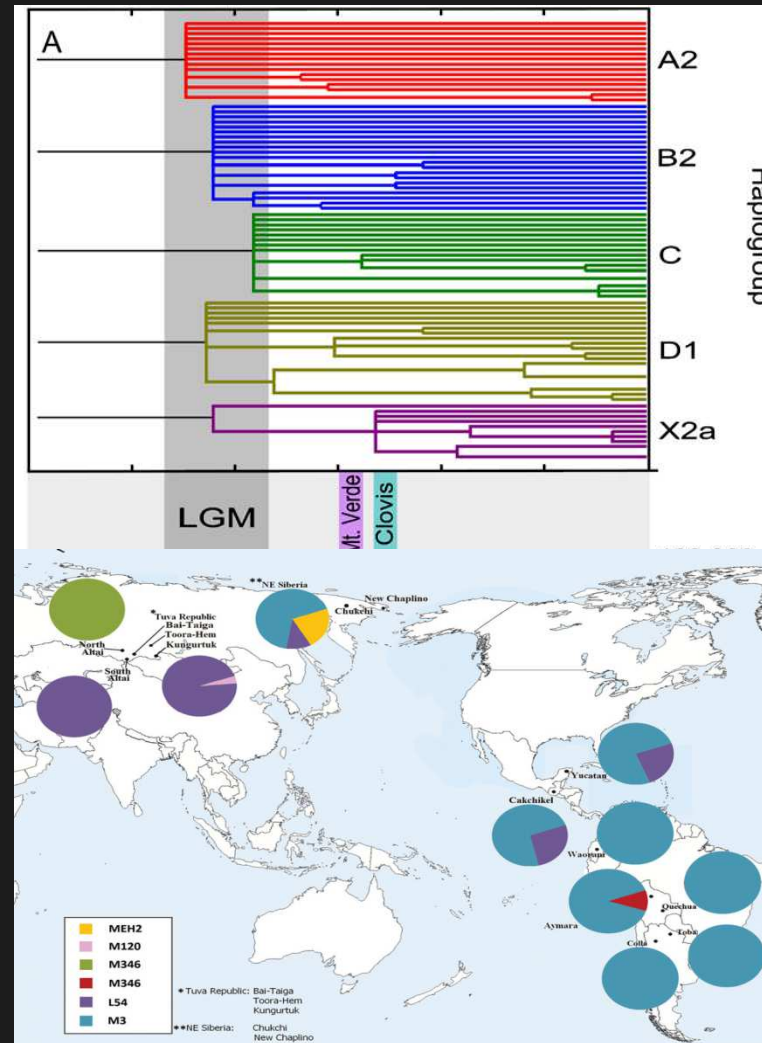
- ~40 kya oddělení předků Amerindů, 15-20 kya vstup do Ameriky
- dva migrační koridory – pobřeží a/nebo nezaledněné vnitrozemí mezi cordillerským a laurentidským ledovcem,  $N_e \sim 1000-5400$  (nebo ještě mnohem méně?)
- jazyková diverzita na západě





# Kolik amerindských kolonizací?

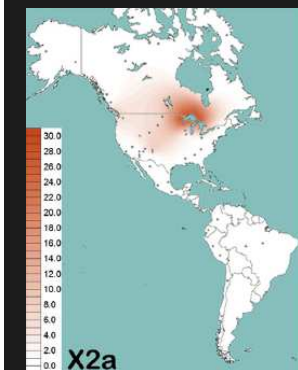
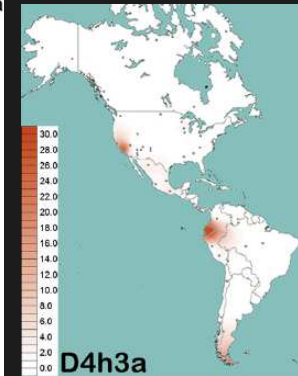
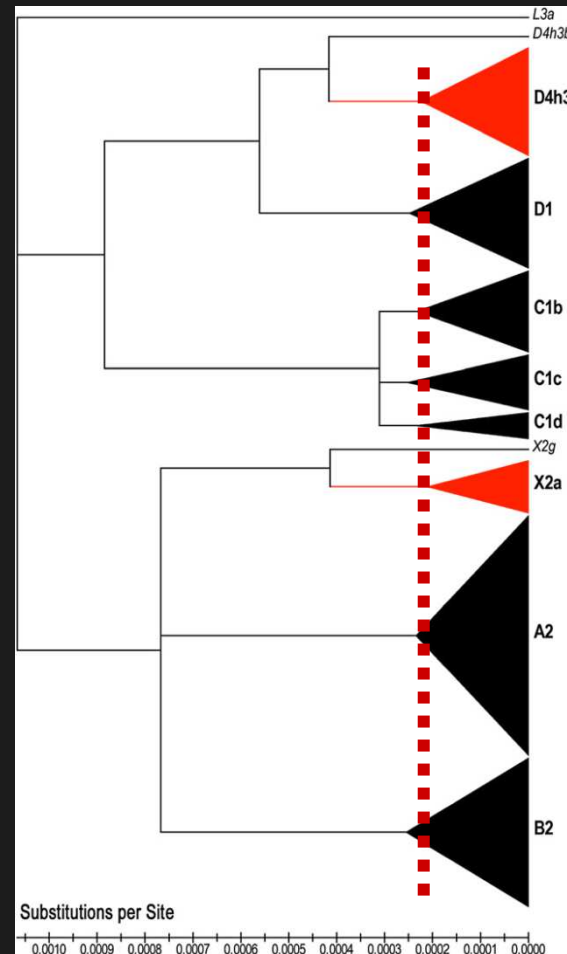
- **jedna?** – diverzifikace amerindských mtDNA haploskupin spadá do jednoho období (cca 20 kya)
- stáří odpovídá pobřežní migraci (glaciální koridor se otevřel až ~14 kya)
- ~ Y chromosom



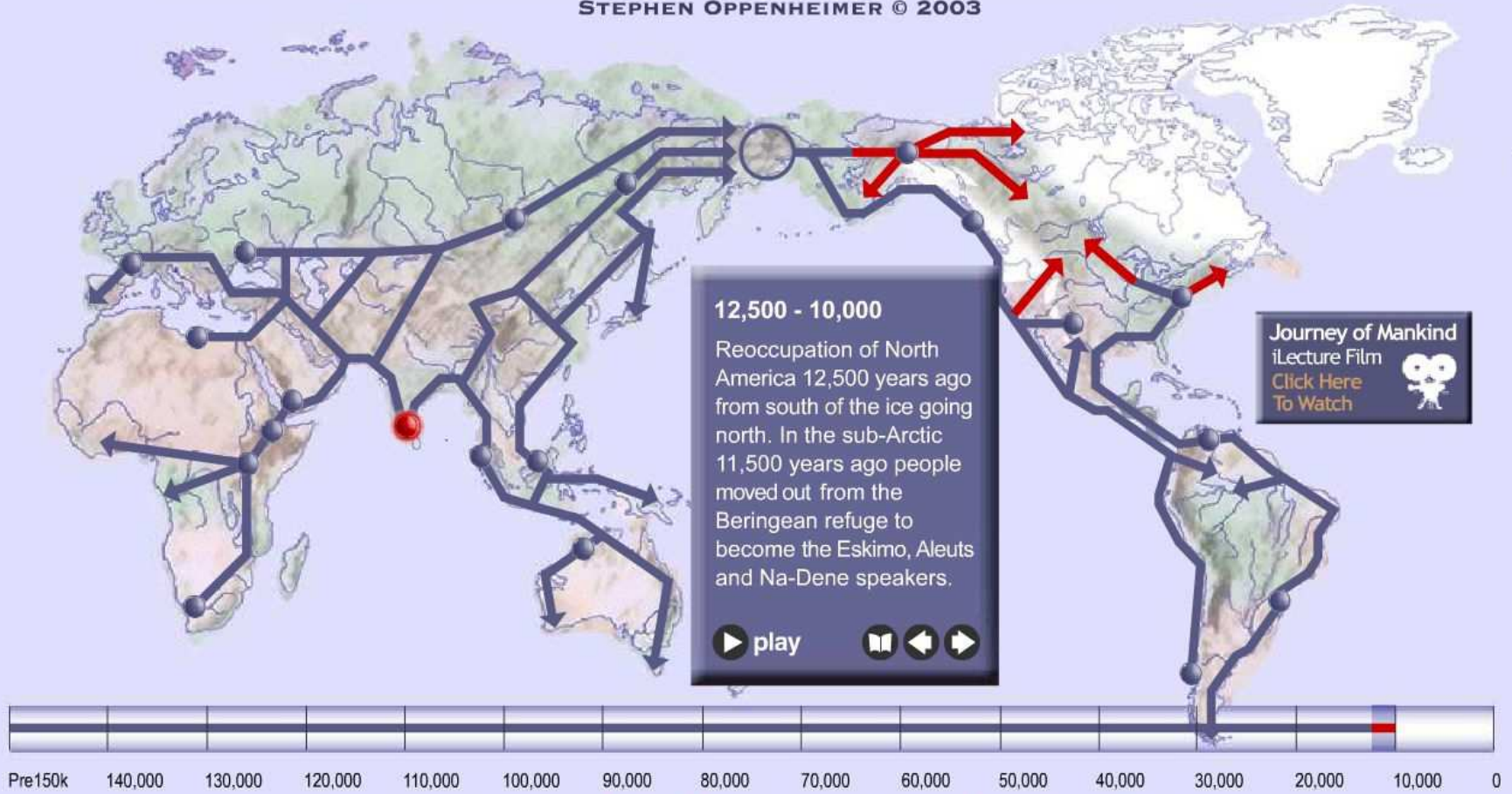


# Kolik amerindských kolonizací?

- **dvě!** – vzácné haploskupiny X2a a D4h3, stejně staré
- x zásadně odlišné rozšíření – D4h3: pacifické pobřeží x X2a: SV Severní Amerika (ostatní haplotypy nepoužitelné, široce rozšířené, ale X a B vypadají mj. na pobřežní trasu)
- → synchronní expanze po pobřeží i glaciálním koridorem
- nebo **tři?** (+ transarktiko-atlantská větev)

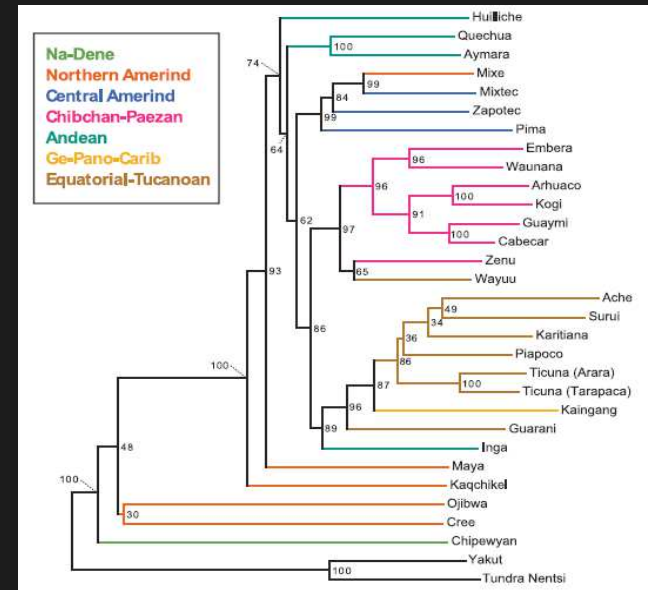
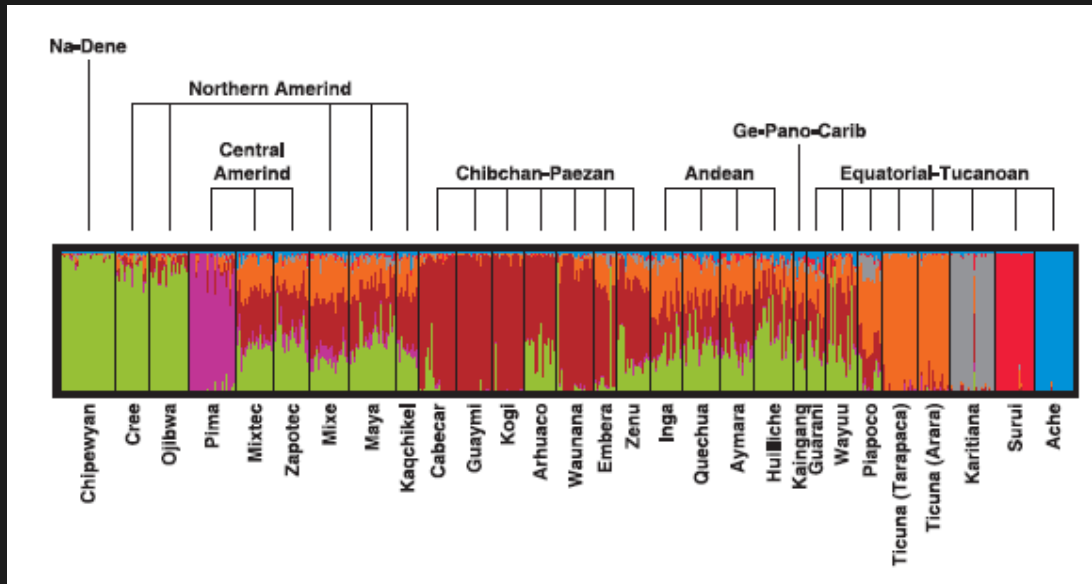
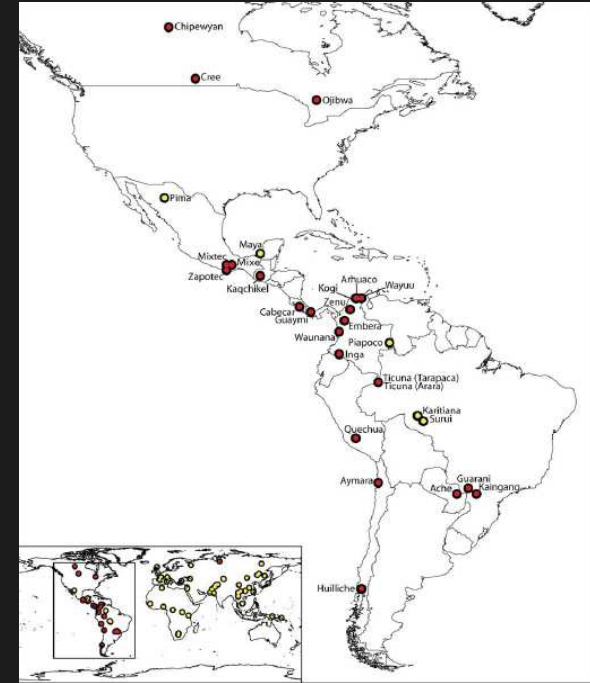


**'JOURNEY OF MANKIND' INTERACTIVE TRAIL ADAPTED FROM 'OUT OF EDEN' / 'THE REAL EVE',  
STEPHEN OPPENHEIMER © 2003**



# Amerindové

- relativně jednotná populace
- pokles heterozygosity S-J a Z-V (~ pacifická trasa)
- slušná korelace genetických a jazykových vztahů



- na-dénská kolonizace pozdější (pod 10 kya)
- Beringie, 11-25 kya: izolované refugium travnaté tundry, izolované ledovci od Asie i Ameriky
- přežila tu část prvních migrantů do Ameriky (A, D) → další postglaciální migrace do Ameriky (Na-Dené, Eskaleuti)
- jazyky východoasijského původu (Ketové, dené-jenisejská rodina v rámci dené-kavkazské velkorodiny)
- severní Na-Dené: silný matricentrismus mezi dvěma patricentrickými kulturami (severoeurasijská a amerindská)

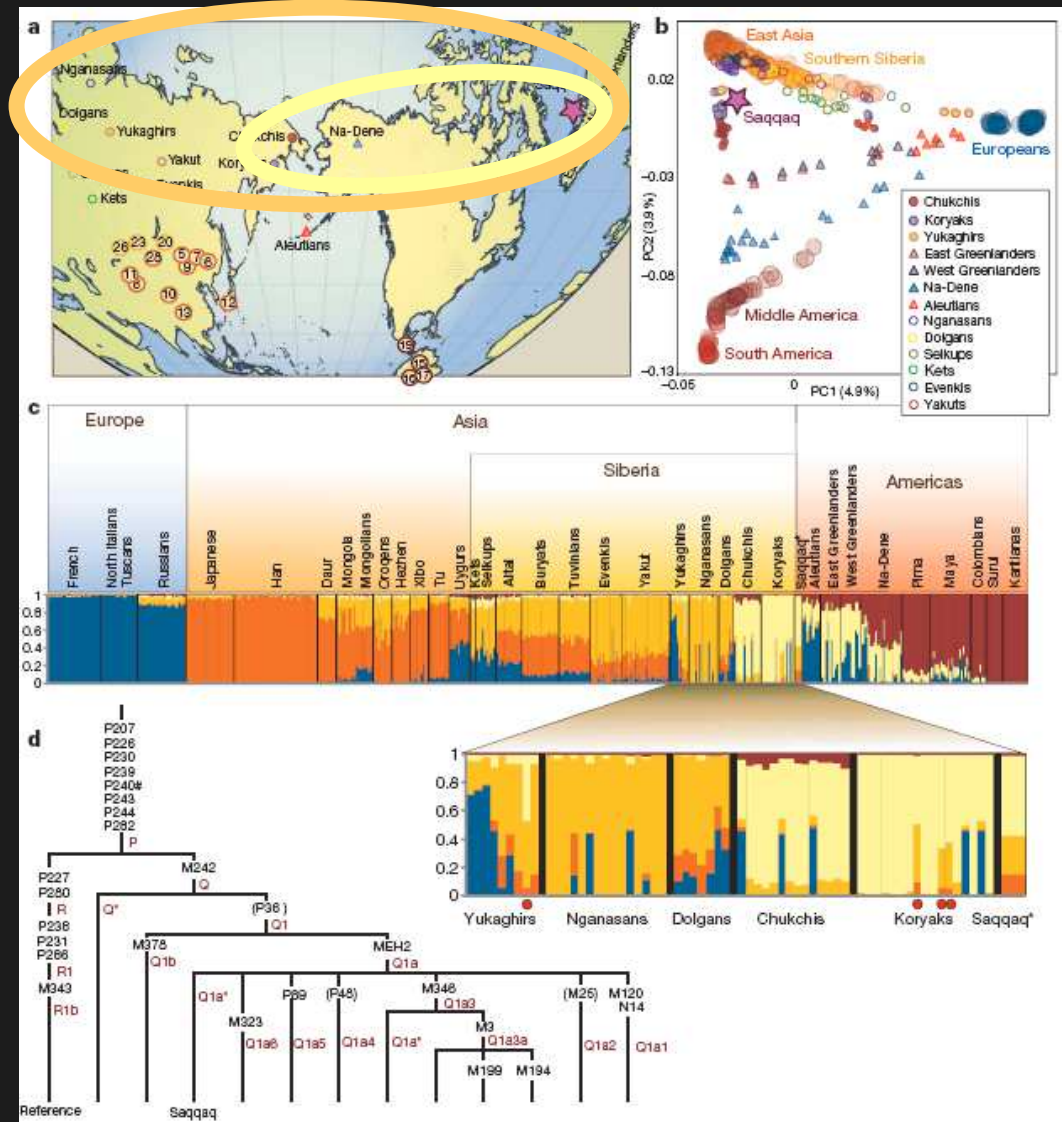
# Na-Dené





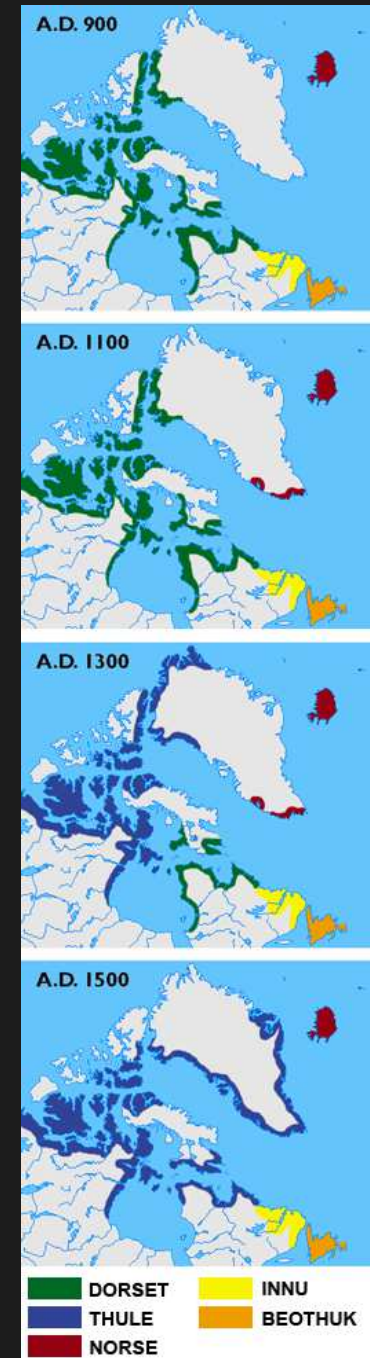
# Paleoeskymáci: Saqqaq

- stará DNA z vlasu 4 kya (z Grónska)
- Saqqaq bližší Čukčům a Korjakům než dnešním Inuitům (ti jsou blízcí americkým populacím – míšení? společný původ?)
- v rámci východní Asie 3 genetické typy „čínský“, „americký“ a „sibiřský“ (s „arktickým“ subtypem – ten přechází přes Grónsko k Na-Dené = „arktický + americký typ“)



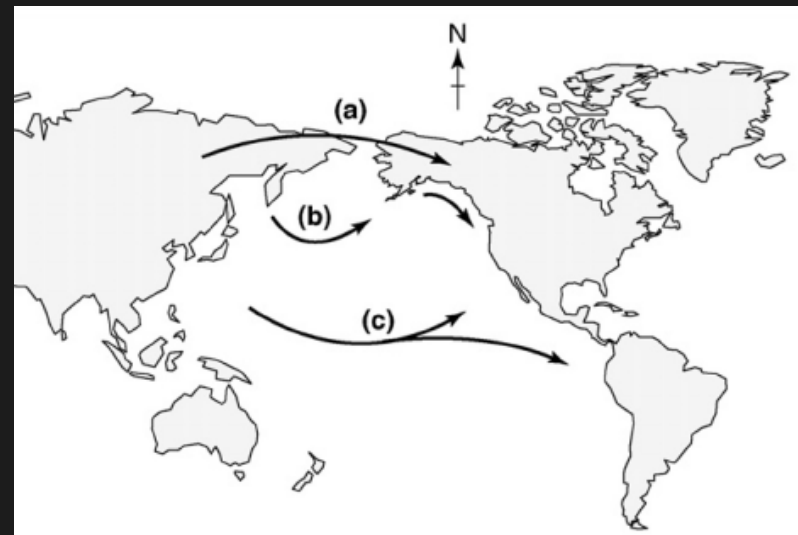
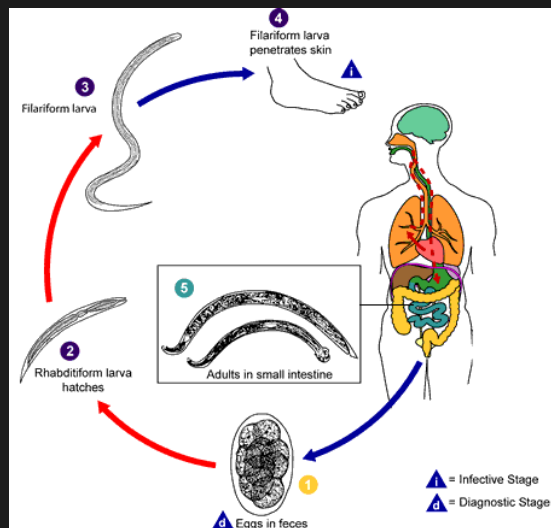
# „Eskymáci“ a Aleuti

- z Beringie (1-4 kya), nejstarší kultura v Grónsku: Saqqaq (2500-800 ya)
- paralelní kolonizace Arktidy v historické době (kultura Thule = proto-Inuiti, 1000 AD), předcházela jí kultura Dorset (500 BC, populace i kultura přežila na ostrovech v Hudsonském zálivu až do 1902: Sadlermiutové)
- Inuité: nejmladší ekologicko-ekonomický typ
- Aleuti: geneticky bližší Čukčům (jazyk unanganština blízký eskymáckým)



# Osídlení Ameriky a paraziti

- *Helicobacter* – ze Sibiře
- Nematoda – paraziti známí i z Nového světa (vč. prehistorických nalezišť)
- záleží na vývojovém cyklu: *Enterobius* se mohl šířit přes Beringii, *Trichuris*, *Strongyloides* a *Ancylostoma* ne (~ subtropičtí: stadia ve vlhké teplé půdě)





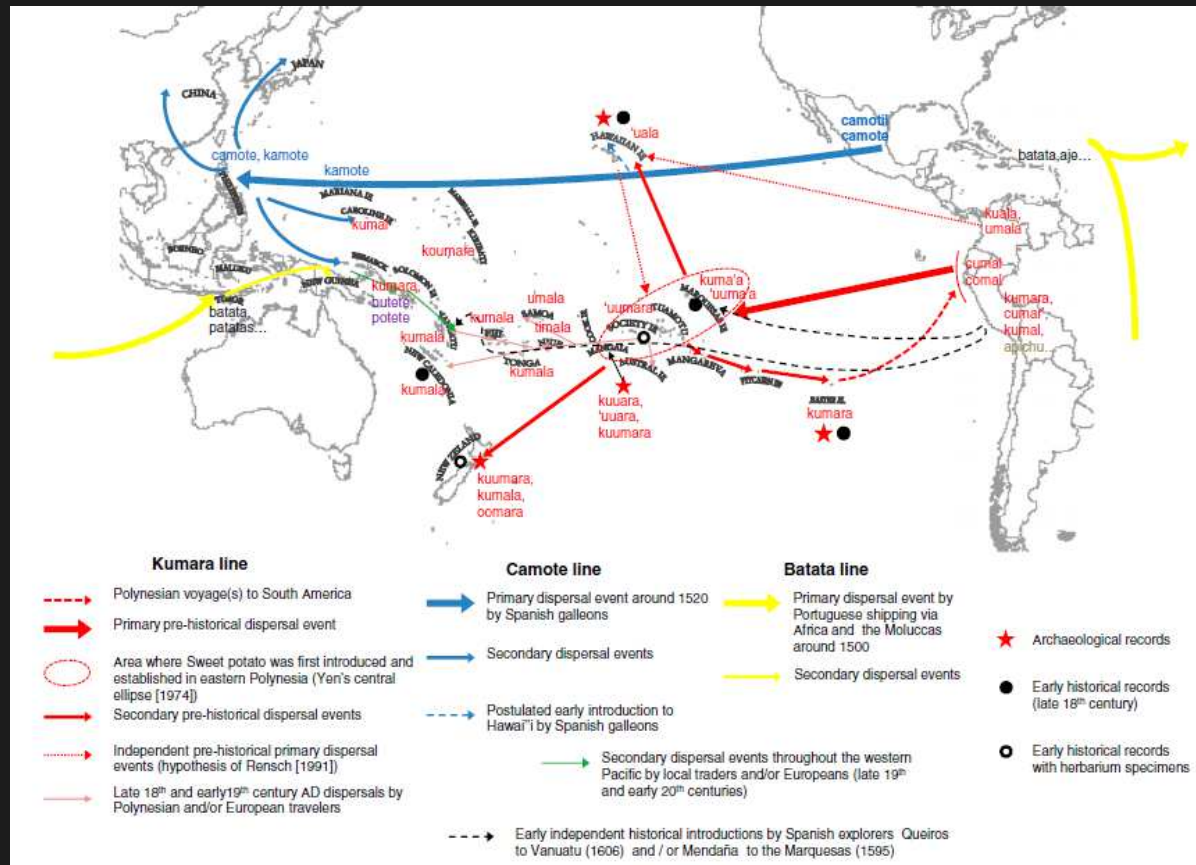
# Do Ameriky z Polynésie?

- staré osídlení (Monte Verde) v Chile
- kulturní shody
- mapučské slepice (Chile)  
polynéského původu??? (nebo evropského?)
- *kumala* (*kuumara*, *'umala*, *'umara*) v polynéských jazycích = batáty = *kumar* v kečujštině (Peru)
- *Ipomoea batatas* původní v Jižní Americe, do Polynésie se rozšířila před příchodem Evropanů
- ale pozor: jde o kontakty sice předkolumbovské, ale po 1200 AD (osídlení Rapa Nui ze západu)!!!





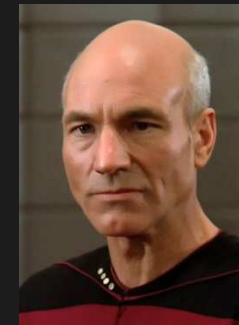
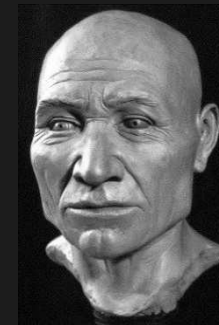
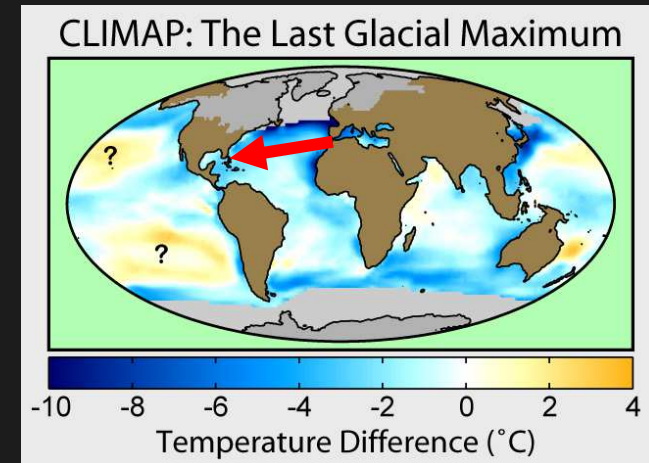
# *Ipomoea batatas*



- podle historických sběrů
- překryto recentními migracemi a lokálními rekombinacemi

# Do Ameriky z Evropy?

- **solutréenská hypotéza**: evropská kultura (21-17 kya) ovlivnila cloviskou kulturu (přechodné formy: Cactus Hill, Virginie)
- kolonizace podél jižního okraje ledovce během posledního glaciálu (~ Inuiti)
- **mtDNA haplotyp X** v Z Eurasii (po stř. Sibiř), S Africe a S Americe (hlavně SV – Algonkinové)
- „**kennewický člověk**“ (Kennewick, Washington, cca 9 kya) ~ europoidní vzhled? (x DNA: nejbližší V Asii, možná Ainům)
- zřejmě nesmysl archeologický (solutréenská kultura nebyla přímořská), paleoklimatologický i genetický → **Mal'ta!**



???



# Z Ameriky do Evropy

- předkolumbovské kontakty Evropy a Ameriky (Grónsko, Newfoundland, Labrador – Leif Ericson, „Vinland“: vesnice L'Anse aux Meadows – cca 990-1010 AD)
- trvalé osídlení selhalo („Skrælingové“), ale kontakty cca 400 let
- mtDNA haplotyp C1 na Islandu (0.26 %): trofejní manželky dovezené Vikingy?

