

Co je nového v archeogenetice Stárnoucí Adam a jeho (ne)zdatní synové

Poslední společný předek (v angličtině Most Recent Common Ancestor, MRCA) je pojem používaný v evoluční genetice k označení předka všech dnes existujících variant jakéhokoli nerekombinantního lokusu DNA. Asi nejznámějším společným předkem se stala „mitochondriální Eva“, kterou již v 80. letech 20. stol. vystopoval tým kalifornských vědců (blíže Živa 2010, 1: 4–6). Zjistilo se, že tato žena žila kdesi v subsaharské Africe zhruba před 200 tisíci let. Pozdější výsledky odhadly její stáří jen o několik tisíciletí nižší a pomocí fylogeografických principů odvodily, že jejím domovem byla střední nebo středovýchodní Afrika. Kdy a kde ale žil náš poslední společný předek po mužské linii – „Y chromozomový Adam“? Na tyto otázky byly nalezeny spolehlivější odpovědi až teprve nedávno.

Zkraje nutno poznamenat, že přiřazování biblických jmen našim posledním společným předkům je sice atraktivní, zároveň ale i zavádějící. Prostřednictvím současné genetické diverzity lze totiž vypočítat, že lidská populace tehdy čítala v efektivním počtu přibližně 10 tisíc osob, byť jejich potomci do dnešní doby nepřežili.

S použitím sofistikovaných metod genealogických rekonstrukcí a odhadů mutační rychlosti různých úseků nerekombinujících lokusů přicházeli badatelé s novými výpočty stáří nejen mitochondriální Evy, ale také „Y chromozomového Adama“. První výsledky ukázaly, že nejstarší větve chromozomu Y (přesněji řečeno nerekombinantní části tohoto chromozomu) mají

podobně jako v případě mtDNA původ v subsaharské Africe, ale odhad Adamova stáří vycházel vždy mnohem nižší (jedna z významných prací ho odhadla na 49 až 140 tisíc let). A tak vznikaly nejrůznější teorie snažící se rozdíl v odhadu stáří obou lokusů vysvětlit – byly založeny např. na předpokladu delší generační doby mužů, větší evoluční rychlosti změn v molekule mitochondriální DNA (mtDNA) nebo naopak vyšší efektivní velikosti populace žen. Snížení efektivní velikosti populace mužů může být způsobeno více faktory. Jedním z nich je vyšší variabilita reprodukční úspěšnosti mužů, tedy skutečnost, že v některých populacích může být otci většiny potomstva v následující generaci

pouze několik mužů, přičemž mnoho jiných se na reprodukci podílí jen málo nebo vůbec a jejich chromozomy Y se tak do dalších generací nepřenášejí. Efektivní velikost snižují ale i další faktory.

Je třeba poznamenat, že zatímco variabilita mtDNA (16 569 párů bází – bp) byla rozpoznána v podstatě již v počátcích výzkumu, analýzy téměř 3,5tisíckrát delší molekuly chromozomu Y (57 227 415 bp) se týkaly mnohem kratšího úseku. Začalo se tedy také uvažovat, do jaké míry rozdíly vycházejí ze zkrácení způsobeného výběrem těchto úseků (ascertainment bias).

Obrat nastal s nástupem nových technik (sekvenování nové generace), schopných analyzovat mnohem delší úsek chromozomu Y. V r. 2013 se díky náhodnému objevu vzácného haplotypu původem z Kamerunu (označeného A00) a pomocí technologií poskytujících mnohem větší objem dat podařilo ukázat, že Adam je minimálně stejně starý jako Eva. Podle výsledků z měřených na fylogeografii subsaharských chromozomů Y to navíc vypadá, že k prvnímu oddělení paternálních linií nedošlo ve střední Africe jako v případě linií maternálních, ale spíše v Africe středozápadní či západní. To ostatně dále podtrhuje nevhodnost srovnání s biblickým rájem, neboť mitochondriální Eva a Y chromozomový Adam by se vlastně ani nemohli potkat.

Problém se stáří Adam a nespočítal ovšem pouze v tom, že nebyla dobře známa variabilita chromozomu Y, ale také v nízké kvalitě odhadu jeho mutační rychlosti. Jedna ze studií ukazuje, že pokud použijeme rychlejší odhad mutační rychlosti, Adam žil před 103 tisíci let, zatímco u pomalejšího odhadu výsledek spadá do období před 165 tisíci let; nutno však dodat, že tyto odhady nepočítaly s divergentním haplotypem A00 zmíněným v předchozím odstavci. Pokud bychom brali za pravděpodobnější pomalejší odhad mutační rychlosti, k oddělení eurasijských chromozomů Y by muselo dojít už před 100 tisíci let, což sice podporují některé archeologické nálezy z jižní Arábie, ale neodpovídají tomu výpočty podle mtDNA, kterým musíme (či chceme) zatím věřit více.

Poslední ze studií globální geneologie uniparentálních linií, publikovaná v dubnu 2015 kolektivem 101 autorů zastupujících 67 institucí v prestižním časopise *Genome Research*, ukazuje, že Adam může být dokonce až 254 tisíc let starý a že mimoafrická populace vznikla až před 47–52 tisíci let. Studie se zakládala na 456 sekvencích chromozomu Y, přičemž 320 jich potom bylo ještě spolu se sekvencemi mtDNA stejných lidí analyzováno za účelem zjištění změn efektivní populační velikosti. Oba uniparentální lokusy celkem shodně ukázaly na populační růst v období před 40–60 tisíci let, kdy došlo k expanzi z Afriky do Eurasie, Austrálie a blízké Oceánie. Rozdíly byly ale mezi pohlavími – žen by mělo být v efektivním počtu až dvojnásobně víc! Poznamenejme, že efektivní počet není nominální (skutečný počet všech osob tvořících populaci) a ve velké míře ho určují způsoby reprodukce.

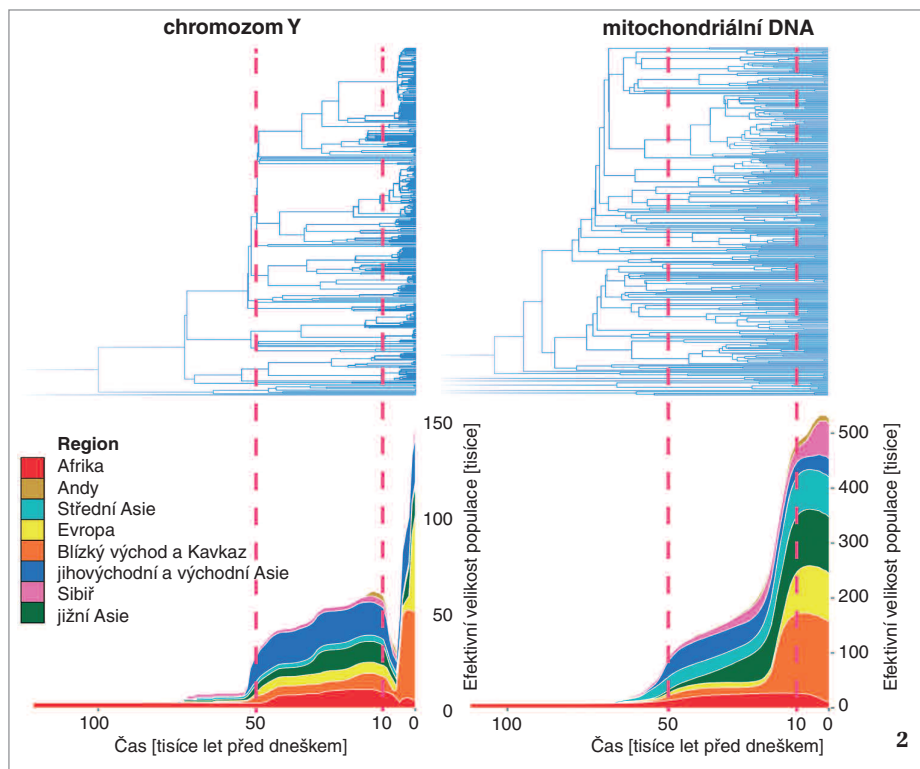
1 Na afrických tržištích se zvířaty dominují muži. Linguère, Senegal. Foto V. Černý



Další populační růst nastal podle výše uvedené studie po ústupu posledního maxima doby ledové, ale opět jen v ženské části populace. U mužů je naopak podle genetické diverzity chromozomu Y patrný výrazný pokles efektivního počtu před 4–8 tisíci let, který podle autorů není výsledkem selekce, ale souvisí s rozšířením zemědělství. Byli to totiž právě muži, kteří předávali novou kulturu (pěstování obilovin a chov dobytka), čímž zároveň zvýšili variabilitu své reprodukční úspěšnosti (platí, že čím je tato variabilita vyšší, tím je efektivní velikost populace vzhledem k reálné populaci nižší).

Skutečnost, že rozdíl v reprodukční zdatnosti mužů a žen mohou skutečně ovlivnit variabilitu chromozomu Y, byla již dříve ukázána na historickém příkladě – na území bývalé Mongolské říše se dnes v neobvykle vysoké frekvenci (ca 8 %, tedy asi 16 milionů osob) objevuje haploskupina označovaná C3*, jejíž stáří spadá do doby vlády Čingischána na začátku 13. stol. A podle autorů výše citované studie lze podobné „harémové“ chování připisat i mužům, kteří kdysi zakládali zemědělské kolonie na nových územích. Počkejme si, k jakým dalším zjištěním se analýzami genetické diverzity uniparentálních linií dospěje, až budou z jednotlivých světových regionů výsledky analýz srovnatelného množství vzorků.

Seznam použité literatury najdete na webové stránce Živy.



2 Bayesovské panoramatické grafy zachycující nárůst efektivního počtu mužů (vlevo) a žen (vpravo) v jednotlivých regionech. Zatímco u mužů došlo zhruba před 10 tisíci let ke snížení efektivního počtu a poté k dramatickému nárůstu,

ženy expandovaly od období ca před 50 tisíci let stále. Grafy mají jiná měřítka na ose y – efektivní velikost počtu žen je tedy mnohem vyšší než u mužů. Blíže v textu. Podle: M. Karmin a kol. (2015), se svolením vydavatele, upraveno

Jan Toman

O pohlavním rozmnožování a jeho paradoxech 1.

Pohlavní rozmnožování bývá označováno jako královna všech evolučních problémů. Od vydání Darwinova díla O původu druhů a začátku moderní éry evoluční biologie uplynulo více než půl druhého století, ale stále s jistotou nevíme, proč tento způsob rozmnožování mezi eukaryotickými organismy zcela převažuje.

Proč je tak paradoxní?

Pohlavní rozmnožování si můžeme definovat jako proces sestávající z redukčního dělení – meiózy, kterou vznikají haploidní (s polovičním počtem chromozomů oproti dospělému diploidnímu jedinci) pohlavní buňky, a splynutí (syngamie) dvou těchto pohlavních buněk pocházejících zpravidla od dvou různých jedinců stejného druhu. Jako savci si už ani neuvědomujeme, jak je existence pohlavního rozmnožování vlastně paradoxní. Ve skutečnosti představuje jednu z nejzáhadnějších vlastností živých organismů – přináší totiž s sebou mnoho naprosto očividných nevýhod. Jednou z nej-

markantnějších je tzv. dvojnásobná cena sexu neboli dvojnásobná ekologická cena samců. Populace nepohlavních jedinců, např. partenogenetických samic, jež ztratily schopnost pohlavního rozmnožování, by za ideálních podmínek prostředí a dostatku živin mohla růst dvojnásobnou rychlostí v porovnání s populací, která musí neustále vyšetřovat samce. Už ne tak zjevná, ale o to důležitější je tzv. cena meiózy neboli dvojnásobná genetická cena samců. Pohlavní jedinec předá každému ze svých potomků právě polovinu své genetické výbavy. Nepohlavní potomstvo oproti tomu sdílí se svými rodiči, s výjimkou vzácně

vznikajících mutací, naprosto všechny geny v totožných variantách – alelách. Pohlavní rozmnožování spojené s vyhledáváním partnerů je také velmi náročné na energii a čas, které by nepohlavní jedinec mohl vložit přímo do vytváření potomků. Nejruznější způsoby lákání nebo vyhledávání partnerů navíc výrazně zvyšují riziko parazitace a predace pohlavního jedince, o pohlavním styku nemluvě – stačí si vzpomenout, kolik patogenů se přenáší pohlavní cestou. Genetický aparát zodpovědný za meiózu je v porovnání s mitózou mnohem komplexnější, což zvyšuje pravděpodobnost jeho poškození v důsledku mutací a následnou neplodnost či sníženou plodnost jedince. Meióza je také energeticky a hlavně časově náročnější než mitóza. Jedinec, který se dožil pohlavní dospělosti, navíc dokázal svou životaschopnost, a kombinace alel v jeho genomu je tudíž v daném prostředí výhodná. V průběhu meiózy se ale náhodně namíchá a potomkovi předá jen z jedné poloviny. A to jsme zatím nezmiňovali zvýšenou mutační rychlost samců nebo Alleeho efekt, tedy náchylnost pohlavních druhů, v nichž se partneři pro úspěšnou produkci potomstva musejí nejprve vyhledat, ke zmenšení populace. Pokud klesne hustota populace pod určitou úroveň, druh vymře.

O kolik jednodušší by byla prostá nepohlavní reprodukce, kterou vidíme u prokaryot. Nebo alespoň druhotně nepohlavní rozmnožování občas se vyskytující u eukaryotických organismů. Přesto ale pohlavní rozmnožování mezi eukaryotickými druhy naprosto převažuje. Jaké zásadní výhody