

Fulbští pastevci Čadské pánve a západoafrických savan

Viktor Černý

Fulbové (známí jako Fulani, Foulah, Peulh, Peul či Fulbe) tvoří velmi výrazný etnický prvek subsaharské Afriky. Žijí v 17 státech od východního Senegalu po západní Čad v počtu zhruba 30 milionů osob. Většina z nich v současnosti vede usedlý zemědělský způsob života, ale svůj původ odvozují od pravěkých skupin kočovných pastevců dobytka, po nichž se dochovaly malby a rytiny ve středosaaharských skalních masivech. Fulbové jsou z antropologického hlediska velmi zajímavou populací. Zatímco skupina usedlých Fulbů je výsledkem fulbeizace — společenského jevu, při němž se utvářela fulbská identita s různým podílem celé řady vzájemně si více či méně příbuzných etnických skupin žijících v prostoru dnešního fulbského rozšíření, lze současné fulbské pastevce považovat za přežívající populační izolát prapůvodní populace středosaaharských skalních masivů. O původu a příbuznosti jednotlivých skupin dnešních fulbských pastevců jsme se dozvěděli více díky populačně genetickému výzkumu mapujícímu jednotlivé oblasti Čadské pánve, který jsme uskutečnili v minulých třech letech.

Fulbština (jazyk usedlých i kočovných Fulbů) se rozpadá na zhruba 10 vzájemně si velmi blízkých nářečí, takže komunikace mezi jednotlivými skupinami probíhá bez větších potíží. V některých oblastech je fulbština používána dokonce jako dorozumivací jazyk různých vzájemně si nepřibuzných etnických skupin. Z populačně genetického hlediska považujeme ale za významnější rozdíly mezi skupinami dvojí ekonomické orientace. Kočovní pastevci dobytka nazývají M'Bororo nebo také Wodaabe (mírně hanlivá označení poukazující na jejich životní nespoutanost a společenskou nedotknutelnost) udržovali donedávna některé rituální pastevecké obřady vyobrazené na výjevech v alžírském masivu Tassili-n-Ažžer a jsou dodnes téměř výlučně závislí na mléčné produkci hovězího dobytka. Druhá skupina Fulbů tvořená usedlými zemědělci pěstuje tak jako i mnoho ostatních zemědělských společností afrického sahelu obilniny (především čirok nebo dochan) a chová menší domácí zvířata (kozy, ovce, drůbež).

Fulbští pastevci praktikují sezonní migrace, tzv. transhumace (viz obr. na 3. str. obálky). V období dešťů, které se kryje s letními měsíci mírného pásma, se tito lidé vydávají se svými stády na sever a v období sucha, kdy pastviny na jižním okraji Sahary postupně mizí, se vrací zpátky na jih. Během pobytu v jižních částech svých migračních tras budují tábory přímo na polích zemědělců. Těm přítomnost pastevců ostatně nikterak nevádí — trus fulbského dobytka jejich pole totiž dokonale pohnojí. Především právě pro nomády tu jsou vybudovány hluboké studně, z nichž v období sucha čerpají vodu pro svá početná stáda.

Z antropologického hlediska jsou fulbští pastevci poměrně různorodou skupinou. Najdeme zde jedince, kteří vykazují podobnosti s černošskými populacemi subsaharské Afriky, u jiných pak znaky jako světlejší barva pleti, vyšší kořen nosu či tenčí rty ukazují na určité vztahy s populacemi západní Euroasie a severní Afriky. Ve 30. letech 20. stol. byla dokonce vyslovena domněnka, že Fulbové přišli do míst svého současného

rozšíření z východní Afriky; někteří badatelé jim přisuzovali původ egyptský či dokonce blízkovýchodní a některé jazykové teorie je spojovaly i s pyrenejskými Basky. Pozdější antropologické výzkumy založené na klasických genetických polymorfismech (tedy znacích jako jsou krevní skupiny, alozymy či HLA antigeny) ale ukázaly na mnohem užší vazby s některými populacemi západní Afriky. Tím utvrdily představu vyslovenou lingvisty, kteří fulbštinu (fulfulde) zařadili do nigero-konzské jazykové rodiny, o jejímž původu v západní Africe nebylo pochyb.

Molekulárně genetické výzkumy — mitochondriální DNA

Populační genetika se v poslední době zaměřila na studium nerekombinantních DNA polymorfismů, které se z generace na generaci dědí pouze po jedné linii — mateřské (mitochondriální DNA, dále jen mtDNA) nebo otcovské (nerekombinantní část chromozomu Y, dále jen NRY). Mluví se o tzv. haplotypech (konkrétní kombinaci mutací v daném úseku DNA), neboť jednotlivé alely (sekvence) se v diploidním stavu nikdy nenacházejí. Vzhledem k tomu, že diverzitu těchto částí lidského genomu generují mutace, k nimž dochází s víceméně stabilní rychlostí (ale různou pro různé úseky DNA), je fylogenetickými metodami možné nejen rekonstruovat, ale i datovat demograficky významné události, jimiž se dnes pozorované haploskupiny (vzájemně si blízké příbuzné haplotypy) v populaci fixovaly. Již v 80. letech 20. stol. bylo zřejmé, že mtDNA dosahuje nejvyšší — ač vzhledem k nám nejbližší příbuzným šimpanzům ne zase až tak vysoké — diverzity právě v subsaharské Africe, čímž se potvrdila teze o tamním a zároveň poměrně nedávném původu všech současných lidských populací (přínejmenším tedy alespoň našich mitochondrií).

MtDNA subsaharských populací se řadí mezi vývojově velmi starobylé tzv. L-haploskupiny, z nichž lze v celosvětovém měřítku odvodit původ celé plejády dalších haplo-

Zleva: různé typy skarifikací (jizvení obličeje) fulbských dívek. Burkina Faso (vlevo) a Kame-run (uprostřed) ♦ Účes fulbských dívek z pomezí Burkina Faso a Pobřeží Slonoviny; upravo

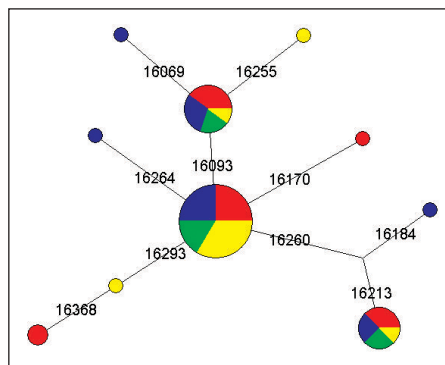




skupin. Např. z východoafrické haploskupiny L3 vznikly větve M a N, jimiž (a pochopitelně i dalšími z nich odvozenými) byla během posledních 80 tisíc let kolonizována nejen celá Euroasie, Oceánie a Austrálie, ale v době posledního zalednění i Amerika. V subsaharské Africe se mezitím rozrůznilo několik desítek (počet se odvíjí od toho, jak vysokého fylogenetického rozlišení dosáhneme) L-haploskupin dělicích se do větví označených L0–L6, jejichž doba vzniku spadá do různých období pravěku (blíže také článek autora ve Vesmíru 2006, 3: 158–163). Do oblastí, kde se vyskytuje největší počet haplotypů zastupujících určitou haploskupinu — obvykle jde o haplotypy fylogeneticky nejstarší — je většinou kladen i původ dané haploskupiny.

Mitochondriální DNA fulbských pastevců dosud studována nebyla. Tito lidé totiž prakticky nevyužívají lékařskou péči a vzhledem ke kočovnému způsobu života jsou i těžko zastizitelní. Díky spolupráci s africkými lingvisty a asistenty se nám ale v poslední době podařilo získat biologické vzorky (stěry bukalní sliznice) od několika skupin fulbských nomádů nejen v prostoru Čadské pánve (Kamerun, Čad), ale i v oblasti západoafrických savan (Burkina Faso). Při studiu jejich mtDNA jsme se zaměřili na rozšíření jednotlivých haplotypů/haploskupin, míru genetické diverzity, genetické vzdálenosti mezi jednotlivými geografickými skupinami a v neposlední řadě i na vztahy se sousedními usedle žijícími populacemi sahelo-súdánského pásma Afriky.

Pro první přiblížení genetické diverzity mtDNA fulbských pastevců jsme pracovali se čtyřmi populačními vzorky vzájemně nepříbuzných jedinců, jejichž celkový počet dosáhl 186. První vzorek byl získán ve značně rozptýlených táborech západního Čadu, v povodí řeky Logon představující největší přítok Šari, která se vlévá do Čadského jezera. Druhý vzorek pocházel ze severního Kamerunu, kde jsme kontaktovali nedávno zde uselulé Fulby v oblasti asi 30 km jižně od řeky Benue. Tito lidé se živí chovem dobytka a uchovávají i některé tradice kočovných společností, z nichž asi nejvýraznější je tetování a jizvení obličejů (skarifikace) především u ženské části populace (viz obr.). Třetí skupinu tvořili nomádi z táborů ve východním cípu Burkina Faso u hranice s Beninem, jejichž sezonní migraci na severu limituje řeka Niger. Poslední populační vzorek pocházel také z Burkina Faso, ovšem ze západní části země u hranice s Pobrežím Slonoviny. Posledně jmenovaná skupina Fulbů převzala v minulosti některé kulturní prvky západoafrických společností, jako



Sít haplotypů klasifikovaných do haploskupiny L1b. Velikosti kruhů i výšecí odpovídají početnímu zastoupení jednotlivých sekvencí: červeně Fulbové ze západní části Burkina Faso, žlutě Fulbové z východní části Burkina Faso, modře Fulbové z Čadu a zeleně Fulbové z Kamerunu. Orig. V. Černý

např. typ účesu (viz obr.) a určitá část jejich populace již také zakládá stálá sídliště.

Diverzita mtDNA fulbských pastevců

V získaných populačních vzorcích jsme pomocí amplifikace a sekvenování úseku HVS-I kontrolní oblasti mtDNA, který nese genetickou informaci a je pro antropologické účely populačního studia díky své vysoké mutační rychlosti tím nejvhodnějším nástrojem, identifikovali celkem 58 haplotypů, které bylo možné zařadit do 14 známých haploskupin. Podle očekávání patřila většina z nich podobně jako u jiných populací ze subsaharské Afriky typu L. Nejpočetnější zastoupení měly sesterské haploskupiny L3b a L3d (společně 33,3 %), jejichž původ je jednoznačně západoafrický. Dohromady šlo o 62 sekvencí mtDNA, resp. 12 haplotypů. Druhou velmi dobře zastoupenou a poměrně i dobře diverzifikovanou haploskupinou byla L1b (26,9 %), k níž bylo možné zařadit celkem 50 sekvencí, resp. 10 haplotypů. Rovněž u této skupiny je západoafrický původ prokazatelný. Také méně početné haploskupiny klasifikované jako L2b a L2c vykazují jasně západoafrické rozšíření. Je zajímavé, že nejfrequentovanější subsaharské haploskupiny L2a a L3e jsou u fulbských nomádů zastoupeny poměrně málo (3,8 % a 3,2 %).

Důležitým zjištěním je ale především to, že četnosti všech výrazněji zastoupených haploskupin jsou ve všech čtyřech populačních vzorcích velmi podobné. To znamená, že příchod fulbských nomádů do Čadské pánve migrací (tedy alespoň klasickým

Čerpání vody ze studní v období sucha, jižní Niger; vlevo ♦ Stádo skotu fulbských pastevců, upravo. Snímky V. Černého

typem kolonizace geografické oblasti či ekologické niky) lze vyloučit. V takovém případě bychom totiž měli nalézt tzv. klíny neboli gradienty (početní pokles či naopak vzrůst) haplotypových frekvencí v závislosti na geografickém původu vzorku, jako je tomu např. v případě bantuských populací, které se v minulosti rozšířily ze středozápadní Afriky směrem na jih a východ.

Je třeba také poznamenat, že kromě subsaharských haploskupin typu L jsme v populaci fulbských pastevců zjistili i euroasijské haploskupiny (U5, U6 a J1), které dosahovaly ne zcela zanedbatelných 8,1 %. Vzhledem k tomu, že se tyto haploskupiny vyskytují ve velké míře i u severoafrických populací, není tento výsledek nijak zvlášť překvapivý a může svědčit o dávném původu těchto lidí v severně situovaných skalních masivech centrální Sahary. Důležité je i to, že se tyto euroasijské haploskupiny nevyskytovaly výhradně jen u lidí vykazujících severoafrické morfologické rysy, jak by se dalo na první pohled očekávat, ale i u jedinců s rysy černošskými.

V rámci dobře zastoupené a rozšířené haploskupiny L1b (která je určena ve studovaném úseku HVS-I mutacemi 16126, 16187, 16189, 16223, 16264, 16270, 16278 a 16311) se nám podařilo zjistit i některé dosud nepublikované mutace. Fylogenetická síť L1b (viz obr.) ukazuje, že většina sekvencí mtDNA fulbských nomádů spadá do již dříve popsané podskupiny L1b1, která je určena přítomností mutace 16293 (včetně výše uvedeného motivu L1b). Z tohoto výchozího haplotypu, v našem případě zastoupeného 24 sekvencemi, je odvozen již známý haplotyp s mutací 16093 (reprezentován 10 sekvencemi zjištěnými u všech čtyř populačních vzorků), ale dále od něho jsou pak odvozeny další dva zcela nové a doposud nepublikované haplotypy — jeden s mutací 16069 u jedince z Čadu a druhý s mutací 16255 u jedince z východní části Burkina Faso. Podaří-li se v budoucnu zjistit větší počet podobných haplotypů vytvářejících hvězdicovitě uspořádaní, bude možné tuto novou diverzifikaci označit jako L1b1a. Jestliže by se takové haplotypy mtDNA vyskytovaly pouze (či s mnohem větší pravděpodobností) právě u fulbských nomádů a nikoli u sousedních populací, ukazovalo by to nejen na jejich poměrně starobylý původ (vznik haploskupiny je proces vyžadující přinejmenším několik tisíciletí) ale i na jejich biologickou izolaci (takové haplo-

typy se nedostaly mimo etnickou hranici svého původu).

První výsledky poskytlo i měření genetické diverzity, tedy toho, jak moc se jednotlivé sekvence/haplotypy ve studovaném vzorku od sebe vzájemně odlišují. Index genové diverzity (vyjadřující s jakou pravděpodobností se budou dvě náhodně vybrané sekvence lišit), index nukleotidové diverzity (vyjadřující dva homologní nukleotidy) i průměrný počet párových rozdílů (ukazující kolik odlišností se v průměru nachází mezi dvěma sekvencemi) se pohybují v podobném rozpětí jako u ostatní subsaharské populace. Lze tedy prohlásit, že populace fulbských nomádů jsou velmi silně diverzifikované, srovnatelné s ostatními populacemi subsaharské Afriky.

Nízké hodnoty testu normality distribuce, který v případě fulbského vzorku z východní části Burkina Faso dosahuje dokonce statistické významnosti, ale ukazují, že máme co do činění se sekvencemi podobnými si velmi mnoho anebo naopak velmi málo. Je zajímavé, že testy selektivní neutrality, které lze v případě úseku HVS-I mtDNA považovat za jakési indikátory původní demografické expanze, kterou prakticky všechny lidské populace prošly již v období paleolitu nebo neolitu, statistické významnosti nedosahují. To znamená, že populace fulbských nomádů byla v minulosti výrazně početně redukována a zbylí jedinci nereprezentují původní celek. Podobné výsledky byly popsány i u lovecko-sběračských populací, jako jsou jihoafričtí Khoisané (dříve hanlivě označováni jako Křováci) či středoafričtí Pygmejové, jejichž populace z molekulárně genetického pohledu rovněž zanikají.

Srovnání genetických vzdáleností kočovných Fulbů včetně dalších dříve publikovaných údajů z afrických populací ukázalo, že naše čtyři vzorky se od všech svých sousedů — a to i od etnicky blízkých usedlých fulbských populací — významně liší. Výjimku představují nedávno ušedlí Fulbové z Kamerunu, kteří se statisticky neliší pouze od usedlých populací střední Nigérie (Hausové, Fulbové a Jorubové). Na druhé straně jsme nezjistili ani jednu statisticky významnou vzdálenost mezi jakýmkoli párem z našich vzorků, což ukazuje na velmi blízkou genetickou příbuznost námi sledovaných skupin. To je ale vzhledem k velkým geografickým vzdálenostem mezi fulbskými pastevcí žijícími v Čadské pánvi na straně jedné a těmi, kteří migrují v oblasti západoafrických savan na straně druhé, poměrně překvapivé. Při srovnání genetických vzdáleností celkem 29 afrických populací metodou mnohorozměrného škálování byly odlišnosti fulbských nomádů (včetně víceméně přechodného postavení Fulbů ze severního Kamerunu) dobře patrné. Za povšimnutí zde stojí vzorek populace senegalských Mandenků hovořících jazykem příbuzným fulbštině, která je od fulbských pastevců vzdálena nejméně.

Genetickou strukturu sahelu-súdánských populací subsaharské Afriky jsme vyhodnotili analýzou molekulárního rozptylu (AMOVA). Ta nabízí různé typy seskupování geograficky (či etnicky) různě vzdálených populací za účelem zjištění toho, které skupiny (populace) vykazují nejvyšší míru genetické diferenciace a jsou zároveň složeny z jednotlivých vzájemně si relativně blízkých populací. Když jsme seskupili fulbské nomády podle jejich současného geografického rozšíření (Čadská pánve a západoafrické savany) a všechny ostatní africké popula-

ce do sedmi následujících geografických skupin — východní sahel, centrální sahel, západní sahel, nilské údolí, Etiopská vysočina, střední Afrika a guinejské pobřeží (seskupení A) — bylo geografickým skupinám přiřčeno 3,85 % genetické variance a 2,90 % způsobily rozdíly mezi populacemi stejných geografických oblastí. Je třeba poznamenat, že tyto relativně nízké počty jsou u lidských (biologicky mladých) populací běžné, většina variance se totiž nachází uvnitř jednotlivých populací. Když jsme všechny fulbské pastevece zařadili do jedné skupiny (B), variance skupin vzrostla na 4,02 % a rozdíly mezi populacemi uvnitř těchto skupin poklesly na 2,78 %. Nejvhodnější seskupení (C) se ale ukázalo být takové, při němž byl výše zmíněný vzorek senegalských Mandenků ze skupiny západního sahelu vyňat a hodnocen jako samostatná skupina. V takovém případě vzrostly rozdíly mezi geograficky definovatelnými skupinami na 5,96 % a rozdíly mezi populacemi uvnitř těchto skupin poklesly dokonce až na 0,99 %. Tyto výsledky prokazují nejen homogenitu mtDNA fulbských pastevců, ale i poměrně komplexní povahu genofondu současných populací západní Afriky. Přestože etnicita (jazyková či kulturní příslušnost) nehraje obvykle v biologických analýzách tak velký význam jako geografický původ, odlišnosti Mandenků od ostatních populací západního sahelu naznačují, že jejich etnogeneze by mohla mít odlišný genetický (mtDNA) podklad.

S ohledem na problematiku původu fulbských nomádů jsme dále provedli analýzu míšení, pomocí níž lze odhadnout procentuální příspěvek vybraných populačních celků, které můžeme z pohledu etnogeneze těchto nomádů považovat za rodičovský (parentální). Vycházeli jsme přitom ze stejné databáze jako v předchozí analýze molekulárního rozptylu (ze seskupení C), přičemž mutační rychlost (tedy vznik nových mutací při evoluci populace) byla nastavena na 0,00005 mutací za rok, což odpovídá běžné představě mutability HVS-I úseku mtDNA. Dobu, kdy ke vzniku populace fulbských nomádů mělo dojít, jsme odhadli na 4 000 let před dneškem, což odpovídá představě vycházející z nezávislého studia archeologických nálezů středosaaharských skalních masivů, kde tato populace nejspíše vznikla. Výše uvedená analýza ukázala, že se na formaci populace fulbských pastevců podstatně nepodílela žádná ze studovaných populací. Poměrně překvapivého výsledku ale dosáhly v tomto ohledu populace nilského údolí, jejichž rodičovský příspěvek do genofondu fulbských pastevců byl v tomto ohledu nejvyšší (zdaleka ale nikoli převládající).

Populaci fulbských nomádů lze tedy považovat za velmi diverzifikovanou, svěbytnou, původní a nemíšenou populaci, která byla v minulosti (patrně nedávno) vlivem své společenské izolace výrazněji početně redukována.

Za nomáda se neprovdáš

Vratme se ještě k tomu, proč většina fulbských pastevců nedosahuje významných hodnot v testech selektivní neutrality indikující stopu populačně demografické expanze, jíž prošla celá lidská populace, a proč hodnoty indexu normality dosahují tak nízkých hodnot (viz výše). Kočovní (lovecko-sběračské a pastevecké) populace se liší od usedlých (zemědělských) výběrem

partnera. V Africe to bylo pozorováno mezi Pygmeji a sousedními zemědělskými společnostmi. Zatímco pygmejská dívka se poměrně často provdá do rodiny zemědělce, není znám případ, kdy by byla dívka zemědělce provdána do rodiny Pygmeje. Toho si povšiml český antropolog Pavel Šebesta ve 30. letech 20. stol. u Pygmejů v konžském Ituri, kde toto pozorování zhruba o dvě generace později potvrdily studie amerických antropologů. Jestliže k tomuto asymetrickému výběru partnera mezi dvěma společnostmi různé ekonomické orientace docházelo po řadu generací, byl tím pygmejský genofond mtDNA jistě výrazně redukován a některé typy sekvencí mtDNA se mohly výrazně rozšířit a některé mohly zcela zaniknout. Pygmejové mají v převážné míře haploskupinu L1c, která je u ostatních subsaharských skupin poměrně vzácná. K ještě výraznějšímu omezení diverzity mtDNA došlo u jihoafrických Khoisanů nesoucích starobylé haploskupiny L0d a L0k. Převažování haploskupin typu L1b a L3b/d u fulbských pastevců by mohla být důsledkem podobného reprodukčního chování.

Genetické rozdíly mezi pasteveckými a zemědělskými populacemi subsaharské Afriky poznáme i ze srovnání některých fyziologických charakteristik, např. laktázové perzistence. Afričtí pastevcí (na rozdíl od zemědělců) totiž tráví mléčný cukr (laktózu) i v dospělosti. Je třeba předeslat, že enzym laktáza, vylučovaný do epitelu buněk tenkého střeva, se u všech savců po ukončení kojení již netvoří. Produkce takového enzymu by ostatně byla zbytečnou ztrátou energie. Mutovaný gen aktivující tvorbu enzymu v dospělosti lze považovat za adaptaci na mléčnou produkci skotu či jiných domácích zvířat. Jde o dominantní znak, který se může v populaci poměrně rychle rozšířit, je-li selekční tlak dostatečně silný. Vzhledem k tomu, že využití mléčné produkce skotu je z hlediska evoluce člověka jev poměrně nedávny, byl i selekční tlak na předky afrických nomádů v tomto ohledu patrně dosti silný. Vazba na mléčnou produkci a pití čerstvého mléka je u fulbských pastevců ostatně zřetelná dodnes.

Genetické vztahy subsaharských populací odhalené naší studií mtDNA a zejména pak rozdíly mezi fulbskými pastevcí a dalšími západoafrickými populacemi se poněkud odlišují od výsledků srovnání klasických genetických polymorfismů, které uskutečnil v první polovině 90. let tým amerického populačního genetika L. L. Cavalli-Sforzy. Jeho studie konstatovala významné rozdíly mezi senegalskými a nigerijskými Fulby. Vzorky byly ale získány nejspíše od populací žijících usedlým způsobem života. Senegalský vzorek Fulbů byl bližší Wolofům a Sererům, kteří žijí rovněž v Senegal, a vzdálenější Mandenkům, kteří vykazovali podobnosti s populacemi severní Nigérie včetně tanních Fulbů. Podobnosti mezi senegalskými Fulby, Serery a Wolofy byly v této studii dokonce tak velké, že tyto tři skupiny tvořily samostatný shluk, což je v rozporu s našimi výsledky, které poukazují na velmi významné odlišnosti fulbských nomádů od dvou výše uvedených senegalských skupin a naopak právě na užší vztah s Mandenkami. Je třeba si ale uvědomit, že klasické genetické polymorfismy mají jiný typ dědičnosti, mohou být pro své nositele v tom či onom ohledu selekčně výhodné (či naopak nevýhodné) a bývají tedy i stopou poněkud jiného evolučního příběhu.