

## TISKOVÁ ZPRÁVA

Praha 14. října 2021

Akademie věd ČR  
Národní 1009/3, 110 00 Praha 1  
www.avcr.cz

## VIRUS HEPATITIDY B TRÁPIL UŽ PRAVĚKÉ LIDI. JEHO VÝVOJ MÁ VLIV I NA DNEŠNÍ DOBU

---

**To, jak se viry šířily a měnily v minulosti, má spojitost i s jejich aktuálními variantami. Nejnověji to dokazuje studie, která vystopovala vývoj viru hepatitidy B z pravěku až po současnost. Naznačuje, že všechny známé nynější varianty pocházejí z linie, která trápila už první Američany. Na výzkumu je ale také vidět, jak důležitá je mezioborová spolupráce – a že i archeologie může přispět ke studiu zákeřných nemocí.**

Kvůli viru hepatitidy B (HBV) zemře ve světě milion lidí každý rok. Nedávné studie archaické DNA prokázaly, že se s ním lidstvo potýká už po tisíciletí. Nicméně až nový výzkum, jehož výsledky zveřejnil časopis *Science*, popsal také vývoj tohoto viru a cesty, kterými se po světě v průběhu milénií šířil.

### Vstup archeologů

Výzkumníci z celého světa v rámci studie zkoumali genomy virů od 137 pravěkých obyvatel Evropy, Asie a původních Američanů, kteří žili před 10 500 až 400 lety. I když větší část výzkumu měli na starosti jiní odborníci, vzorky pro data získali díky archeologům.

*„Naším úkolem je zejména vytipovat dobře datované lokality, zajistit vzorky, určit, které jsou pro naše kolegy ty pravé a správné,“ vysvětluje Michal Ernée z Archeologického ústavu AV ČR, Praha, který se spolu s dalšími kolegy ze stejné instituce na studii podílel. „Potom musíme vyzkoumané závěry zasadit do kontextu doby a toho, co o ní víme, jestli vše odpovídá.“*

Výsledky této studie zmapovaly cesty, kterými se virus v pravěku šířil, i jeho změny, přičemž oboje zrcadlí známé migrace a další demografické události. Zároveň ale odhalily nečekané vzorce i přesah do dnešní doby.

Kontakt pro média: **Eliška Zvolánková**  
Divize vnějších vztahů AV ČR  
press@avcr.cz  
+420 739 535 007

**Jaroslav Řídký**  
Archeologický ústav AV ČR, Praha  
ridky@arup.cas.cz  
+420 734 445 333

## Virus hepatitidy B v Americe i pravěké Evropě

Současné varianty HBV se dělí do devíti genotypů, z nichž dva jsou typické především pro potomky původních Američanů.

” Naše data naznačují, že všechny známé genotypy HBV pocházejí z jedné linie. ”

*„Naše data naznačují, že všechny známé genotypy HBV pocházejí z jedné linie, která se šířila mezi prvními Američany a jejich nejbližšími eurasijskými příbuznými zhruba v době, kdy se tyto populace rozdělily,“ říká Denise Kühnerová, vedoucí výzkumné skupiny a supervizorka studie.*

Výsledky ale také vypovídají o tom, že virus se v Evropě vyskytoval už před 10 000 lety, tedy předtím, než se zde začalo šířit zemědělství (ve střední Evropě polovina 6. tis. př. n. l.).

*„O mnohých lidských patogenech si myslíme, že se objevily poté, co se začal využívat a šířit zemědělský způsob života, ale HBV očividně ovlivňoval už pravěké populace lovců-sběračů,“ dodává Johannes Krause, ředitel Oddělení archeogenetiky z německého Max Planck Institutu.*

Po rozšíření neolitického způsobu života se v Evropě objevily nové typy HBV, zřejmě od prvních zemědělců, a nahradily ty původní – v souladu s genetickou změnou u obyvatel Evropy. Ty pak v Eurasii převládaly po dobu téměř čtyř tisíc let, a to navzdory tomu, že se výrazně změnil genetický profil obyvatel Eurasie v souvislosti s expanzí pasteveckých populací ze stepí východní Evropy zhruba před pěti tisíci lety.

### Kolapsy a „znovuzrození“ pravěké HBV

Výsledky přinesly také překvapení: ve druhé polovině druhého tisíciletí př. n. l. náhle poklesla rozmanitost variant HBV v západní Eurasii. Stalo se tak v období velkých kulturních změn zahrnujících kolaps vyspělých společností doby bronzové ve východním Středomoří. Proč k tomu došlo, bude předmětem dalšího zkoumání. Ukazuje to na důležitou změnu epidemiologické dynamiky na obrovském území.

Všechny pravěké varianty HBV, které se poté objevily v západní Eurasii, patří k novým liniím, které v tomto regionu převládají dodnes. Zdá se ale, že jedna z původních pravěkých variant přetrvala – vyvinula se ve vzácný genotyp, který se „znovuzrodil“ zřejmě během šíření viru HIV. Proč? Také tato otázka čeká na odpověď v dalším výzkumu.

Více informací: **Mgr. Michal Erné, Ph.D., DSc.**  
Archeologický ústav AV ČR, Praha  
e-mail: [ernee@arup.cas.cz](mailto:ernee@arup.cas.cz)