

Dějiny sahelu pohledem genetické diverzity jeho obyvatel

Afrika je z biogeografického (a v podstatě rovněž antropologického) pohledu rozdělena do několika horizontálně probíhajících pásem. Sahel, jak označujeme polopouštní krajinný typ mezi saharskou pouští na severu a tropickými savanami na jihu, je neobyčejně pestrým regionem, kde se v souvislosti s měnícími se klimatickými podmínkami potkávali lidé původem ze severní, východní i západní Afriky. Dnes tu kromě městského obyvatelstva žijí usdlí zemědělci a kočovní pastevci tří různých jazykových rodin. Přestože se produkce potravin rozšířila do sahelu poměrně nedávno, najdeme mezi nimi řadu zajímavých genetických rozdílů. Z pohledu současné genetické variability sahelských pastevců a zemědělců tak můžeme vyvozovat závěry o populační historii této rozsáhlé a výjimečné oblasti, která zůstává systematickému výzkumu stále těžko dostupná.

Termín sahel bývá často (a také v tomto příspěvku) používán nejen jako označení polopouštního krajinného typu lemujícího jižní okraj Sahary s izohyetou (linií spojující místa se stejným množstvím atmosférických srážek) do 500 mm za rok, ale i pro tropickou zónu savan s obdobím poměrem kočovných pastevců (obr. 1–5) a usdlých zemědělců (obr. 6 a 7) – směrem k jižnější stromové savaně přibývá zemědělců a ubývá pastevců, kteří tam se svými stády tráví jen období sucha.

Usdlé zemědělce spojuje pěstování prosa (*Panicum*) nebo čiroku (*Sorghum*) a podle dosavadních archeologických výzkumů jsou v sahelu, minimálně v jeho západní části, skupinou relativně mladou, ne starší než 3 000 let. Pastevci se naopak

v Africe zabydleli zřejmě již v době první domestikace hovězího dobytka, k níž došlo možná před 9 tisíci let v povodí středního Nilu (pravděpodobně do značné míry nezávisle na domestikacím centru na Předním východě), a do sahelu pronikli v souvislosti s vysycháním Sahary nejspíše před 6 tisíci let. Sahelští pastevci dnes chovají kromě hovězího dobytka ovce, kozy a v sušších oblastech blíže k Sahaře také velbloudy, někdy i koně (spíše jako prestižní zvíře). Je třeba poznamenat, že mezi zemědělci a pastevci panuje ambivalentní vztah. Vedle příkladů vzájemné spolupráce, např. výměny zemědělských produktů (mléka a másla ze strany pastevců, obilnin ze strany zemědělců), se nezdá setkání i s násilnými střety vyplývajícími ze soupeření o vysychající vodní zdroje.

Kromě výše uvedeného rozdělení sahelských populací podle typu obživy využívají současní antropologové také klasifikaci jazykovou. Lidé zde hovoří jazyky rodiny afro-asijské, nilo-saharské a niger-

-konžské, přičemž každou rodinu reprezentuje několik různých větví. Musíme ale doplnit, že takové rozdělení vychází z lexikálních podobností, které mohou přibuznost populací zkreslovat. V poslední době se objevují snahy o stanovení klasifikace založené na gramatických podobnostech, které by mohly vymezit geografické areály či svazy (Sprachbund) podobně strukturovaných a vzájemně častěji se kontaktujících jazyků. Pro zjednodušení dosud ne zcela jednoznačných výsledků areálové lingvistiky si představme pás sahelu rozdělený Čadským jezerem na západní a východní část, přičemž širší okolí Čadského jezera, tzv. Čadskou pánve, můžeme rovněž považovat za samostatný jazykový svaz. V rámci areálů složených z jazyků různého lexikálního (genetického) původu lze samozřejmě předpokládat také intenzivnější genový tok.

Jižně od Čadského jezera v severním Kamerunu nás mezi nigero-konžskými a nilo-saharskými etniky zaujali lidé hovořící jazyky čadské větve afro-asijské rodiny. Pro jejich původ bylo vytvořeno několik teorií, založených na lingvistických, ale také archeologických údajích. Na společný původ čadských jazyků Čadské pánve a kúšitských jazyků východní Afriky ukazuje např. podobná terminologie chovu domácích zvířat. Přestože u lidských populací vlivem obecně silné migrační aktivity platí, že je vnitropopulační genetická variabilita vyšší než variabilita mezi populacemi (jinými slovy sekvence/lokusy DNA přítomné v jedné populaci najdeme téměř vždy i v populaci sousední), naše vzorkování v prostředí Čadské pánve ukázalo, že (a téměř výhradně) u čadských populací se nacházejí sekvence jinde se neobjevující mitochondriální (mtDNA) haploskupiny. Fylogeografické šetření ukázalo, že vychází z východoafrické haploskupiny označované L3f, a dobu, po kterou její

1 až 4 Mezi nejpočetnější skupiny sahelských pastevců západně od Čadského jezera patří Fulbové (obr. 1) a východně od jezera Arabové zvaní Baggara, chovající hovězí dobytek, nebo Abbala chovající velbloudy (2). Ze Sahary pronikají do západního sahelu také Tuaregové (3), severně od Čadského jezera a dále až k pohoří Ennedi pak žijí Dazové (4).



mutace v populaci čadských etnik vznikaly, jsme odhadli na 8 tisíc let. Lze si tudíž představit, že tato haploskupina, kterou jsme pojmenovali L3f3, vytváří pomyslnou červenou nit spojující čadská etnika severního Kamerunu a přilehlých oblastí s ancestrální (prapůvodní) populací protočadských pastevců východní Afriky.

Asi nejzajímavější skupinu sahelských pastevců představují Fulbové. Vzorkováním na mnoha místech jejich sahelského rozšíření a analýzou jejich uniparentálních lokusů (mtDNA a nerekombinantní část chromozomu Y, NRY) jsme zjistili, že jde o velmi homogenní skupinu. Jsou si navzájem velice podobní, ať už žijí kdekoli, a zároveň se od svých zemědělských sousedů odlišují (obr. 8). Podíváme-li se navíc na genetickou diverzitu mtDNA fulbských kočovníků pozorněji, můžeme konstatovat, že je u řady jejich geografických skupin redukována. Některé statistické parametry ostatně naznačují, že jejich maternální genom (na rozdíl od NRY) prodělal mírný efekt hrdla láhve (pokles genetické diverzity populace vlivem prudkého snížení počtu jedinců). Podobně jako v případě středoafričských pygmejů se tu setkáváme s poměrně zajímavým jevem asymetrického toku genů, který souvisí s asymetrickým výběrem partnera, kdy se ženy dostávají pouze z jedné společnosti do sousední, ale opačně ne (více viz Živa 2006, 2: 86–88).

Fulbové jsou zvláštní i tím, že nesou ve svém genomu mnoho lokusů eurasijského původu. Kromě mutace -13910*T měníci regulační oblast laktázového genu tak, že je určitý jedinec schopen trávit mléčný cukr i v dospělosti (tzv. laktázová perzistence), jež se ovšem mohla v jejich populaci objevit i nezávisle (viz předchozí článek na str. 238), tu najdeme uniparentální lokusy původem z Eurasie, nebo alespoň severní Afriky. V případě mtDNA jde o U5b1b1b a H1ca1a, v případě NRY o R1b1a. Všechny tyto haploskupiny vykazují holocenní stáří a vypovídají tak o době, kdy se dávní afričtí pastevci a zčásti také předkové současných Fulbů vyskytovali v místech dnešní Sahary. Odtud pocházejí i skalní malby a rytiny dokumentující pastevecký styl jejich tvůrců. Připomeňme, že v období před 6 tisíci let nebyla Sahara díky vlhkému klimatu pouští a středosaharské masivy představovaly vhodné prostředí pro chov domácích zvířat. Lze si docela dobře představit, že právě někdy v tom období mohlo dojít k mísení populací subsaharského a eurasijsko-severoafričského původu, které dříve Sahara rozdělovala.

Jeden z dalších výzkumů sahelských populací jsme zacílili na genetickou variabilitu enzymu arylamin N-acetyltransferázy 2, jehož varianty jsou dány mutacemi genu *NAT2*. Tento enzym produkován buňkami jater a střev napomáhá metabolizovat xenobiotika, tedy cizorodé látky dostávající se do našeho těla především s potravou. V podstatě lze říci, že detoxikace organismu tímto enzymem probíhá u všech lidí téměř stejně, varianty enzymu se liší jen rychlostí acetylace (katalýzy přenosu acetylových skupin), která je daná právě mutacemi ve výše uvedeném genu.

Předchozí výzkumy poukázaly v celosvětovém měřítku na významné rozdíly v distribuci rychlosti acetylace mezi lov-



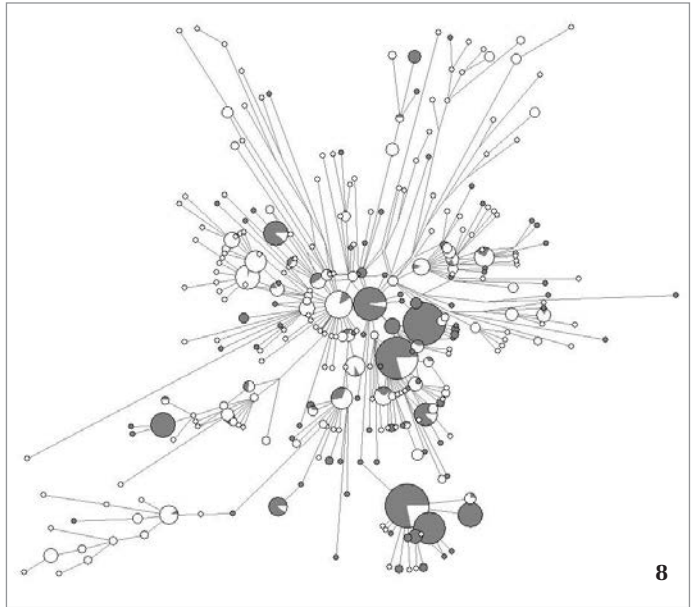
ci-sběrači na straně jedné a zemědělci na straně druhé – u první skupiny se totiž mnohem častěji objevují mutace kódující rychlou acetylaci, mezi zemědělci nalezneme naopak mnohem více osob, jejichž organismus rozkládá xenobiotika relativně pomalu. Jedním z vysvětlení rozdílů je uvolnění selekčního tlaku, který působil ve prospěch rychlé acetylace u lovců-sběračů, v jejichž stravě se objevovaly mírně jedovaté látky přece jen častěji než v poněkud jednotvárném, ale bezpečnějším jídelníčku zemědělců. Jiné teorie operují s poměry v příjmu masa nebo kyseliny listové. Doplňme, že genetická variabilita *NAT2* je rovněž předmětem zájmu farmakogenetiky, neboť zmíněný enzym se podílí také na biotransformaci léčiv.

Položili jsme si tedy otázku, zda existují nějaké rozdíly v polymorfismu *NAT2* mezi populacemi sahelu, jehož přírodní zdroje pastevci a zemědělci využívají různou měrou. Ačkoli pastevci od zemědělců vykupují proso a jiné obiloviny, které konzumují možná ve stejné míře, najdeme v jídelníčku obou skupin určité rozdíly. Pastevci mají např. omezený příjem čerstvé zeleniny a jejich strava obsahuje více tuků – nejen z masa, ale také z mléka, jež díky vyšší četnosti laktázové perzistence konzumují ve větším množství.

Kromě uvedených Fulbů jsme do výzkumu genetické variability *NAT2* zařadili i vzorky nilo-saharských pastevců Daza a také řady zemědělských populací včetně dat z již publikovaných databází, kde figurovaly i skupiny lovců-sběračů, jako jsou středoafričtí pygmejové nebo jihoafričtí Sanové. Přestože jsme detekovali nové, dosud neznámé haplotypy, genetická variabilita *NAT2* není u sahelských pastevců s ohledem na ostatní africké populace nijak vysoká, což může v případě Fulbů souviset s demografickou historií vyplývající již ze studia mtDNA. U pastevců jsme ale zjistili signifikantně vyšší podíl jedinců s pomalou acetylací a zajímavé výsledky poskytla analýza populační struktury. Doložila totiž, že stejně jako způsobem obživy (subsistencí) je podíl pomalých versus rychlých acetylací určen nezávisle i klimatem (obr. 9 a 10). Lidé s mutací způsobující pomalejší acetylaci žijí spíše v suchších oblastech sahelu než ve vlhkých tropech a tato vazba se ukázala být stejně významná jako způsob jejich obživy.

Srovnáme-li naše genetické výsledky s tím, jak populační dějiny sahelu odkrývá archeologie, pak jedním z vysvětlení může být, že některé původně pastevecké populace mohly přijmout zemědělskou technologii poměrně nedávno. Jako příklad





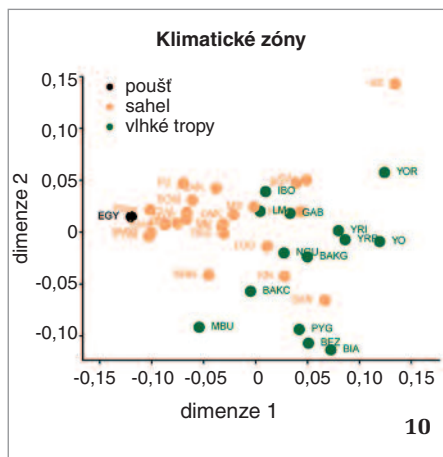
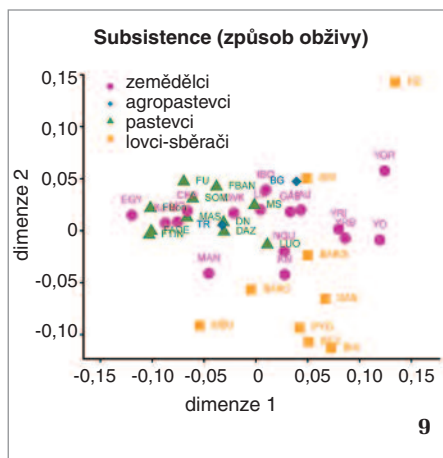
5 Společným rysem sahelských pastevců je chov velkého počtu domácích zvířat a především starost o jejich každodenní napojení.

6 Sahelští zemědělci jsou v drtivé části subsaharského původu. Spojuje je pěstování plodin jako proso (na snímku), čirok a v poslední době také importovaná kukuřice, představujících hlavní rostliny sahelského zemědělství.

7 Nezanedbatelnou roli ve výživě zemědělců má ovšem také ovoce a zelenina, kterou prodávají na místních trzích.

8 Síť haplotypů prvního hypervariabilního segmentu mitochondriální DNA (mtDNA). Haplotypy jsou znázorněny kruhy, jejichž velikost odpovídá četnosti haplotypu. Délka čar spojujících haplotypy je dána počtem mutací. Sekvence fulbských pastevců označeny šedě, bíle jsou ponechány sekvence zemědělců. Obě skupiny sdílejí pouze často se objevující haplotypy, zemědělci se mezi sebou liší větším počtem mutací.

9 a 10 Analýza vícerozměrného škálování (jedna ze statistických metod založených na redukci vícerozměrného prostoru) párových genetických vzdáleností 38 afrických populací; zátěžový faktor 0,071 (vyjadřuje míru nepřesnosti redukce vícerozměrného prostoru – čím je bližší nule, tím je nepřesnost menší). Oba grafy se liší pouze zvýrazněním způsobu obživy (subsistence, nahoře) a geografické lokalizace (dole) zkoumaných populací. Snímky a orig. V. Černý



vedme zemědělce Kanembu žijící severně od Čadského jezera, jejichž populace vykazuje vyšší podíl pomalých acetylací podobně jako fulbské pastevců. Je zajímavé, že právě i Kanembu mají určitý podíl haploskupiny L3f3, jež u čadských (původně rovněž pasteveckých) populací vykazuje vazbu na východní Afriku. Mimochodem podobně jako v případě mtDNA jsme ani na úrovni NAT2 nezaznamenali mnoho rozdílů mezi sahelskými a východoafrickými populacemi, a pokud mohou prozradit něco z dosud nepublikovaných poznatků, pak takové vazby lze doložit u Fulbů i prostřednictvím *Alu* inzercí (sekvencí o délce asi 350 párů bází, které se vyskytují v lid-

ském genomu v počtu 1–1,5 milionu kopií). Vzhledem k poměrně nízké četnosti transpozice jsou jedinci, kteří *Alu* inzerce v určitém lokusu sdílejí, spíše příbuzní, než kdybychom je vyhodnocovali jinými, rychleji mutujícími polymorfismy – např. podle krátkých tandemových repetitiv (STR, Short Tandem Repeats). Je to tedy právě případ sahelských Fulbů a východoafrických populací, které ukazují na vazbu výše uvedených regionů.

V současné době nabízejí molekulárně-genetické technologie dříve netušené možnosti analýz polymorfismů (též článek na str. 213 a Živa 2011, 6: 262–263) napříč celým genomem. Jde např. o DNA čipy, jejichž prostřednictvím můžeme získat

informaci až o 2,5 milionu jednonukleotidových polymorfismů (SNP, Single Nucleotide Polymorphism). Pro takovou analýzu jsme vybrali 171 vzorků reprezentujících jak zemědělské, tak pastevecké skupiny sahelu i s ohledem na zastoupení různých jazykových skupin, a analyzovali je spolu s publikovanými vzorky z ostatních částí Afriky, Předního východu i Evropy. Z mnoha nových výsledků zde zmíním přítomnost eurasijských alel v genech *TAS2R* u fulbských pastevců. Je zajímavé, že tyto geny ovlivňují vlastnosti chuťových receptorů, jsou důležité např. pro detekci přírodních alkaloidů jako chininu, strychninu ad. Ukazuje se také, že tyto alely byly u Fulbů pod silným selekčním tlakem, který způsobil, že se v jejich populaci rozšířily možná podobně jako výše uvedená mutace -13910*T. Důvodem, proč se tak stalo, by snad mohl být i po hlavní výběr. Nigerijští etnologové popisují jeden z dodnes živých iniciačních rituálů zvaný šaro, který podstupují mladí muži před vstupem do dospělosti. Jde o veřejné bičování, při němž nesmějí ukázat žádné projevy bolesti. Před rituálem proto pijí narkotizující nápoj s rozemletými semeny durmanu metelového (*Datura metel*), který obsahuje velké množství alkaloidů. Chlapci schopní pozřít neobyčejně hořký nápoj procházejí obvykle testem dospělosti dříve a mohou i dříve založit rodiny. Zda se ale taková teorie potvrdí, zjistí až další výzkum genetických stop migrací a kulturních adaptací afrického sahelu.

S postupným poznáváním populační historie sahelu se přesvědčujeme, jak málo o lidech žijících v této části Afriky a jejich minulosti víme nebo chceme vědět. Možná někdy zapomínáme, že Afrika není jen kolébkou lidstva, ale především dynamicky se rozvíjejícím a specifickým kontinentem, který si zaslouží v dnešním klimaticky nestabilním světě mimořádnou pozornost.

Výzkum je financován z podpory Grantové agentury České republiky (projekt 13-37998S-P505).

Použitá literatura uvedena na webu Živý.