

Rozložení rozdílů lidských populací

Termínem rasa bývají označovány buďto malé lokální populace nebo větší skupiny, které obývají některý z kontinentů. Do užívání tohoto termínu vnáší chaos také kritéria používaná ke klasifikaci lidí do ras. Jsou to krevní typy, které jsou různoroději rozloženy v naší populaci než třeba barva kůže a tvar těla. Tento termín je také užíván k označení nějaké kulturní nebo politické skupiny (Židé, Arijci, Angličané atd.). Také se tento termín používá ve smyslu lidská rasa, což nemá naprosto nic společného s biologickou klasifikací. Z výše uvedených vět vidíme, že chaotické užívání termínu rasa, svádělo čtenáře takovýchto prací ke zkreslenému chápání tohoto pojmu. Dále různá kritéria pro vytvoření hranic ras nejednoznačnost a zavádějnost tohoto pojmu ještě zvýšila.

Otázka jak můžeme lidskou populaci rozdělit za účelem popisu a studia je velmi obtížně řešitelná. Částečně z toho důvodu, že mnoho rozdílů mezi skupinami lidí je velmi malých na rozdíl od znaků odlišujících druhy a také z toho důvodu, že většinu alel lidského genomu můžeme nalézt ve všech populacích. Tyto faktory spolu se skutečností, že lidstvo podléhá obrovské variabilitě ve všech znacích odradily některé biology od studia lidských ras jako nástroje pro klasifikaci diverzity člověka. Mnoho z těchto znaků jsme si tady demonstrovali. Rozprostření těchto znaků je mnohem širší než je obecně známo a jejich rozložení stírá hranice mezi populacemi.

Existuje obecná shoda že základem lidské variability je adaptace na různá přírodní prostředí. Někteří badatelé považují rasovou klasifikaci za prostředek studia adaptací, jiní rasy neuznávají. Mnoho z nich se domnívá, že znaky by měly být posuzovány samostatně a ne ve skupině. Připouštějí pouze klasifikaci na základě vždy jednoho znaku. Nehledě na všechny tyto definice měli bychom si připomenout o čem jsme se tu bavili již dříve. Neexistuje důvod k předpokladu, že počet lidských ras (nebo skupin do kterých je můžeme roztrždit) je fixní. Pokud bychom tuto myšlenku přijmeme, vyhneme se pasti, do které spadla většina přírodovědců v 19. století: Pokud se rasy mění, jak mohou rasy existovat? Tato nelogičnost poznamenala studium lidské biologie po mnoho generací. Ve skutečnosti nyní začínáme poznávat složitost našeho silně polytypického druhu jehož variabilita je výsledkem série interakcí mezi složkou biologickou a sociální.

Variabilita člověka tak jak ji pozorujeme v čase a prostoru, závisí na mnoha faktorech. Některé z nich jsou stejné jako u všech ostatních živočišných populací. Ale lidé jsou velice mobilní a především jsou schopni ovlivňovat své životní prostředí. Tyto schopnosti ovlivňují vytvoření sociální organizace našeho druhu, která řídí chování, nebo můžeme říci rozmnožovací chování. Vytvoření nějakých abstraktních hranic nebo rozmnožovacích okruhů jak se jim taky říká uvnitř populací spolu s pravidlem o vyloučení neduživých a neschopných množení (aucajdrů) jsou velmi silné faktory, které směřují genový tok a určují tak vznik nové generace a to ne náhodně.

Historie populace – to znamená jak dlouho žije v určité oblasti, jaké síly přírodního výběru na ni působí, jak velký kontakt má s ostatními populacemi, nám pomáhá určit rozdělení variability lidstva. Důsledky evropské kolonizace ukazují na významnost masového pohybu lidí. Menší a postupnější změny se mohou také objevit prostřednictvím styku dvou populací a usazováním, což jsou důsledky přechodu na nové technologie a způsoby zaopatřování obživy jako třeba vznik zemědělství.

Pokud vezmeme v potaz tyto faktory, které ovlivňují rozložení našeho druhu, potom bude zřetelnější, že třídění člověka podle variability do skupin, populací, ras nebo poddruhů je skutečně prováděno pouze pro studium lidské diverzity. Způsob, jakým jsme člověka zařadili do určité skupiny samozřejmě závisí na účelu za jakým to děláme. Musíme mít neustále při tvorbě těchto skupin tento účel na mysli. Např. nesestavíme rasové nebo etnické skupiny na podkladě sociopolitických kritérií a po té jejich existenci neinterpretujeme z biologického

hlediska. Podobně je tomu při vytvoření skupin na základě geografických hranic. Takzvané přirozené hranice nebrání styku populací, i když samozřejmě se vzdáleností genový tok oslabuje.

Variabilita člověka je rozložena v několika zajímavých strukturách po celém světě. Pokud si vezmeme jeden nebo několik znaků zjistíme, že v různých populacích se jejich výskyt silně liší. Celosvětové rozložení znaků jako třeba krevní systém ABO, nebo Rh faktor, abnormální hemoglobin nebo citlivost k fenylthiocarbamidu je velmi různorodé. Faktem ovšem zůstává, že tyto populace vznikly na základě jiných podmínek, než genových frekvencích těchto znaků. Genové kombinace v těchto populacích existují v důsledku sociálních, geografických a kulturních podmínek a právě ty daly vzniknout biologické jednotce, kterou označujeme jako množící se populaci.

Rasa jako biologická jednotka

Vysvětlení variability organismů v přírodě je stejným problémem dnes jako tomu bylo v minulosti. S novými taxonomickými postupy, které využívají počítačů lze získat milionkrát více informací než mohli badatelé v minulosti. Ale spíše než vytvoření a zprůhlednění hranic mezi populacemi tyto nové poznatky otevírají spíše další otázky a často je lepší se spolehnout na mnohem starší taxonomické jednotky.

Problém není v tom jestli starší klasifikace byla správná a přesně popisovala vztahy. Starší metody studovaly biologickou diverzitu z jiného pohledu, především prostřednictvím metrických znaků, které byly považovány za významné. Od vzniku genetické teorie objevu DNA je diverzita studována z jiného pohledu. Skupiny organismů jsou považovány za dynamické jednotky a mnoho jejich znaků se mění v průběhu výměny generací. Průměrní jedinci již dlouho nejsou považovány za vhodné pro popis skupin jedinců, z nichž se populace skládá. Jsou to právě dynamické podmínky, které znesnadňují vytvoření taxonomických jednotek. Starší definice druhu jako základní jednotky, používané pro vytváření skupin živočichů byly dostačující jen v prvním kroku. Popis druhu jako reprodukční jednotky, geneticky izolované má mnoho výjimek pokud živočichy studujeme v nových podmínkách, kdy změnili stanoviště.

Studium lidské diverzity, zvláště pokusy o třídění lidské populace na poddruhy (rasy) troskotá na neshodách některých aspektů diverzity člověka: jednak je to původ diverzity člověka, proč vznikla, dále vazba diverzity lidské populace na životní prostředí a otázka, zda hlavní rasové (skupinové) linie jsou skutečné a evolučně staré. Druhy jsou přirozené biologické jednotky, které jsou udržovány pohromadě genovým tokem, zatím co poddruhy vznikají uměle na základě pochybných kritérií jako je pravidlo 75%, to znamená, že dobrý poddruh je takový, o němž můžeme říci, že 75% zkoumaných jedinců do tohoto poddruhu patřilo. Ovšem počet jedinců poddruhu které nemůžeme nikam zařadit je většinou vyšší než bychom chtěli.

Za poddruhy jsou považovány skupiny jedinců nebo celé populace, které sdílejí určitý počet znaků. Nelze vytvářet poddruhy na základě jednoho znaku. Potom by rasa měla být popsána jako skupina populací, které mají společný původ a byly vystaveny podobným selekčním tlakům. Takovéto podmínky by vedly k vysoké podobnosti mezi genomy těchto populací.

Podle moha biologů koncept rasy by byl mnohem užitečnější, kdyby byl zaměřen především na seskupování populací. V první přednášce jsme si uvedli velké množství definic rasy. Tyto definice zahrnovaly mnoho rozdílů, které vznikaly v závislosti na různých geografických podmínkách každé skupiny. Dobzhansky (1944) řekl: Je jasné, že většina recentních druhů je více méně rozdělena do geografických ras, každá z těchto ras obývá část areálu druhu.

Důležitost geografických podmínek je také zohledňována v definicích ras. Garn v roce 1961 užil prostorovou distribuci lidských populací jako prostředek pro vytvoření rasových skupin. Rozdělil nás do geografických, lokálních a mikroras. Mikrogeografické rasy a lokální rasy jsou menší a zahrnují méně skupin. Můžeme je přirovnat k množící se populaci. Užívá je

mnoho badatelů, kteří lidskou variabilitu studují. Tyto základní jednotky podléhají přírodnímu výběru a jejich velikost je také ovlivněna rozdíly mezi skupinami. Největší skupinou, která také zahrnuje největší množství lokálních populací je geografická rasa. Tato kategorie je však zavádějící, protože často příslušníci geografických ras spolu sdílejí jen několik fyzických znaků. Geografická rasa odpovídá spíše starému popisu základních rasových linií nebo hlavních ras (jak jsme si řekli obvykle byly tři mongoloidní, kavkazská a negroidní). Kromě klasifikace většiny obyvatel určitého kontinentu nám geografická rasa neříká téměř nic o biologické diverzitě, vztazích, vlivu životního prostředí, což jsou faktory, které vyvolávají selekční tlaky působící na populace. Základní linie nás informují jen o kombinaci genů. Geografická rasa je spíše konvenční nálepka aplikovaná moc široce. Při popisu a studiu variability člověka musíme užívat mnohem jemnější třídění, protože jinak nám uniknou důležité znaky.

Mnoho znaků se nedrží hranic mezi skupinami, které byly vytvořeny v minulosti. Na to přišel Hooton už v roce 1936: poznamenal: Neexistuje jediný fyzický znak, na jehož podkladě bychom mohli od sebe odlišit rasy. Rasy jsou narušovány sdružením mnohonásobné variability tvaru těla a struktury. Jiný náhled předpokládá, že rasa nebo obdobná kategorie používaná k rozdělení lidstva má pouze abstraktní, informační význam a vlastně je to vědecký nástroj ke studiu biologické variability. Takovéto kategorie (pomocné) nemá jiný význam než jiné obdobné kategorie používané k pojmenování objektů v našem okolí.

Každé seskupování lidstva na geografickém základě zahrnuje množství lokálních populací, které nesou znaky těžko zařaditelné. Co vlastně diverzitu našeho druhu způsobuje? Kdysi se předpokládalo, že rasy jsou velmi starobylé, avšak tento názor postrádá jakékoli archeologické důkazy. Různé populace byly spřízněny prostřednictvím genového toku a tak udržely kontinuitu druhu. Je velmi obtížné najít argumenty podporující vznik nezávislých ras. Jiný názor tvrdí, že tlak přírodního výběru zapříčinil vytvoření relativně vznik odlišných skupin. Před zveřejněním Darwinovy teorie popsalo mnoho autorů vliv podnebí a stravy na člověka a předpokládalo, že tyto faktory přispěly ke vzniku lidské variability. Buffon v roce 1791 napsal: Musely to být tři příčiny, které způsobily vznik variet, které můžeme pozorovat mezi různými národy světa: 1. vliv podnebí, 2. strava, která je na podnebí závislá (je podnebí ovlivněná) a 3. chování, na které má snad podnebí největší vliv.

Ještě bychom k tomu měli přidat čtvrtý faktor: lidská variabilita, zvláště znaky nejčastěji užívané ke tvorbě skupin není tak velká jak se všeobecně myslí. Ve skutečnosti existují větší rozdíly v některých znacích mezi muži a ženami než mezi rasami. Často při studiu lidské variability dochází k chybám. Příklad: předpokládalo se na základě morfologických studií, že na Kanárských ostrovech převládají znaky typické pro černochoy. Nové studie haptoglobinů a dermatoglyfů tento závěr nepotvrdily, že by v této populaci převládaly černošské elementy. Často je přehlížena velká intrarasová variabilita ve velkých geografických rasách. Příkladem je variabilita amerických indiánů. Velmi se liší ve výšce postavy a tvaru těla od vysokých postav po nízkorostlé (tab. 5 -1-). Některé indiánské populace jsou složeny z robustně stavěných lidí náchylných k obezitě, jako kmen Papago z jižní Arizóny. S nimi kontrastují malé gracilní štíhlé postavy obyvatel tropických pralesů střední a jižní Ameriky. Také tvar obličeje je velice variabilní od širokých po úzké obličeje s dlouhými rovnými nosy, také tvar mozkovny se pohybuje u indiánů ve všech kategoriích hlavového indexu. Podobně je tomu s genetickými znaky jako krevní skupiny a chuťová vnímavost. A to jsou indiáni jsou spolu jako potomci přichozích populací přes Beringii před 40 000 lety (18 000 lety) blízce příbuzní. Afričané obvykle řazeni do tzv. černé rasy jsou podobným příkladem. Miliony lidí zde byly nesprávně popisovány jako homogenní geografická rasa. Mezi nimi ovšem existují propastné rozdíly. Proto je třeba pečlivě studovat každou populaci. Některé práce popisující východoafrické populace ukázaly významné rozdíly v krevních skupinách, výšce postavy a tvaru obličeje. Další práce napsané v posledních 50 letech zaznamenaly širokou variabilitu

obyvatel jižní Sahary.

Hlavní důvody pro vznik ras jsou shledávány v izolaci populace, velikosti populace a vlivu přírodního výběru v oblasti výskytu této skupiny. S částečnou izolací populace nebo s redukcí genového toku přichází nový genetický materiál a síly přírodního výběru mají možnost se rozvinout na maximum. Některé genové kombinace se mohou kumulovat. Ovšem někteří biologové tvrdí, že význam genového toku není tak značný. Tabulka 5-2 srovnává čtyři fyzické znaky mezi některými východo- a středoafričtými skupinami. Tyto skupiny byly částečně izolované s nízkým genovým tokem mezi nimi a tak síly přírodního výběru se mohly maximálně rozvinout.

Protože existují polymorfismy, nelze lidstvo rozdělit do skupin, které by měly některý znak ve 100% a jiný v 0% (kromě několika málo monogenně děděných znaků). To samozřejmě komplikuje tvorbu taxonomických jednotek. Mayr popsal rasu jako součást evolučního dění a ne že by evoluce na ni působila. Jiní biologové tvrdí, že klasifikace variability druhu nepřináší nové poznatky, ale jen třídí poznatky již známé. Pokud by tyto postuláty platily co vlastně evoluce ovlivňuje jakou skupinu, co máme studovat, abychom poznali lidskou diverzitu.

Množící se populace

Dříve byla populace definována jako skupina množících se individuí. Tato obecná definice platí pro většinu pohlavně se množících organismů, ale *Homo sapiens* je z mnoha důvodů jedinečný. Naše sociální organizace a kulturní chování činí lidskou populaci zvláštní. Je to výsledek mnoha biologických a behaviorálních (chování) sil. V důsledku lidského chování je celý genom našeho druhu rozprostřen v prostoru a seskupen do jednotek. Lidské rozmnožovací vzorce určují, jací jedinci vzniknou v příští generaci. Složitě sociální vztahy a tabu určují sexuální vztahy a vytvářejí základ pro rodinný život, dále pro příbuzenské vztahy, klany, kastovní systémy a náboženskou příslušnost. To jsou kulturně vytvořené hranice, které ovlivňují genovou kombinaci příští generace.

Příkladem jak sociální systém určuje frekvenci genů je případ recesivního genu vázaného na X chromozóm, který zapříčiňuje deficienci G6PD. V patrilokálních – patriarchálních společnostech, kde muži zůstávají ve své rodině a přivádějí si nevěsty od jinud, je mnoho genů vázaných na X chromozóm ztraceno. Protože dvě třetiny X chromozómů v každé populaci patří ženám. Giles ukazuje prostřednictvím matematického modelu, že G6PD deficientní gen je patriarchální komunitě méně frekventovaný, protože dcery G6PD deficientních otců se vdávají pryč a svoje geny si nesou sebou a ženy, které se do této společnosti přivádějí mohou pocházet z rodin, kde tento recesivní znak chybí. Přesný opak bychom mohli pozorovat v matriarchální společnosti, kde muži se žení a odcházejí z rodiny. V tomto případě, by frekvence tohoto genu vázaného na X chromozóm byly méně ovlivněny. Tyto příklady ukazují jak může společnost ovlivnit výměnu genů a tak vlastně může měnit genové frekvence v populaci. Proto je při studiu genetického složení populace zvláště důležité pochopit její sociální organizaci.

Další důležitá věc je geografická vzdálenost, která také omezuje rozmnožovací možnosti.

V prehistorických dobách a mezi přírodními národy dodnes hraje vzdálenost hlavní roli při omezování genového toku. Brierley zjistil, že na anglickém venkově v 19. století si muž hledal nevěstu max. ve vzdálenosti 600 yardů od své usedlosti. Po té co byl vynalezen bicykl, tato vzdálenost se zvýšila na 1600 yardů. S vynálezem automobilu se tato vzdálenost mnohonásobně zvětšila. Ovšem ještě mezi roky 1940 a 1960 více než polovina snoubenců od sebe žila ve vzdálenosti menší než jednu míli. S moderními transportními prostředky se mobilita populace dále zvyšuje a proto je předpokládána mnohem větší výměna genů. Dříve byly malé komunity, které se mezi sebou množily dány ekonomickými podmínkami, politickým systémem nebo geografii byly vlastně omezeny na jednotlivé vesnice, dnes se vzdálenosti zkrátily a proto je genofond populací mnohem bohatší.

Vliv rozmnožovacích zvyků, vzdálenosti a velikosti populace na genové frekvence je graficky ukázán na moderní italské populaci v okolí Pramy. Která se nachází v severní části střední Itálie, zde můžeme nalézt zemědělské vesnice různé velikosti a několik měst. Na úpatích a v okolí hor se nachází několik malých izolovaných vesnic, osídlených od prehistorických dob. Zde po několik let studoval Cavalli Sforza genetické složení obyvatel těchto vesnic.

Sedentární povaha těchto populací, různý stupeň izolace a dostupnost matrik vytvořily ideální podmínky pro sběr dat a následné studium genových frekvencí v této populaci.

Výsledky ukazují korelaci mezi velikostí vesnice a rozdílech v genové frekvenci. Horské vesnice byly menší než vesnice v nižších polohách. Tento úbytek lidí ovlivňuje genetický drift, který ukazuje spojení mezi hustotou populace a genetickou variabilitou (obr 5-1a). níže položené vesnice ukazovaly mnohem méně genetických rozdílů. Genetická variabilita mezi vesnicemi byla ovlivněna malou migrací obyvatelstva. Většina svateb se odehrával mezi příslušníky jedné farnosti a další svatby potom maximálně mezi osobami z vesnic vzdálených 8 km (obr. 5 - 1b). Na základě těchto faktorů v těchto vesnicích bylo možné pozorovat vysoké procento příbuzenských sňatků. Pro mnoho párů církev vystavovala výjimky pro svatbu mezi bratrance a sestřenicemi. Jak bychom předpokládali, izolace, malá populace a malá migrace omezují možnost výběru partnera.

U přírodních národů přírodní prostředí spolu s absencí dopravních prostředků je hlavním důvodem izolace těchto společností. Lidé z těchto vesnic se mohou ženit a vdávat pouze s obyvateli sousedních nedalekých vesnic a to jen v případě že jsou příslušníci stejného kmene. Horský terén v západním Bengálsku ve východní indii izoluje velké množství populací. Jedna z těchto skupin Phirové je příkladem takovéto izolace. Tento kmen čítá 1400 lidí, kteří žijí loveckosběračským způsobem života v malých osadách rozprostřených na rozloze asi 300 čtverečních mil. Jejich kmen je rozdělen do takových tří skupin. Každá z těchto skupin je endogamní jednotkou, kde příměs cizích genů je velmi malá. Např. ve třech generacích většina dětí měla rodiče z jedné skupiny. Podle indického antropologa Batsua tato endogamie vyústila ve významné rozdíly ve frekvencích genů kódujících krevní skupiny ABO a chuťovou vnímavost. I když se vlastně jednalo o členy stejného kmene, tyto malé jednotky (osady) se skládaly z odlišných populací. Proto musíme být opatrní při hodnocení genových frekvencí velkých populací, národů, států, kmenů. Práce popisující genové frekvence některých kmenů afrických Bantuů, Laponců, Angličanů nebo amerických indiánů mohou být zcela chybné, pokud je vzorek složen ze zástupců pocházejících z jedné populace, která se množí mezi sebou. Např. v jedné politické jednotce. Je to velmi nesnadná situace, ale velice důležitá pokud chceme porozumět lidské variabilitě.

Distribuce genových frekvencí v některých alelách jako jsou krevní skupiny již byla zjištěna pro obrovské množství lidí. Boyd tento znak užil jako kritérium v pokusu o rozdělení lidstva do skupin. Tyto frekvence vidíme v tabulce 5 - 3. Jednalo se o skupiny z rozsáhlých oblastí světa, zahrnující množství populací. Některé z nich ukazují na homogenitu, kde ve skutečnosti žádná neexistuje.

V mnoha složitě sociálně organizovaných společnostech s kastovou stratifikací a množstvím odlišných ekonomických, náboženských a politických skupin hraje velkou roli také sociální rozdíl, podobně jako jsme v Evropě mluvili o rozdílech geografických a vzdálenostních. Aristokracie ve středověké Evropě měla tendenci k izolovanému množení na poměrně malém prostoru. Podobnou situaci můžeme najít ještě dnes v Latinské Americe, kde mezi jednotlivými skupinami existují velké sociální rozdíly, nebo v Indii, kde dodnes přetrvává kastovní systém. V Indii nedotknutelní nemají šanci na sňatek s příslušníkem vyšší kasty Bramánů, pro příslušníka Brahmánské kasty by to znamenalo rozsáhlé náboženské sankce. Náboženské příkazy jsou velmi efektivním prostředkem k izolaci určité části populace od okolních členů stejné komunity. Přísné sankce trestající sňatek s člověkem z venku jsou právě příčinou jen slabého genového toku. Sekty Amishů a Dunkerů žijících v Pensylvánii

dosud jsou příkladem izolovaných populací na náboženském základě. Zde můžeme najít významně odlišné genové frekvence v krevních skupinách. Kolonie Hutteriů v jižní Dakotě a Kanadě představují další takový příklad.

Většina Hutteriů a žije jich dnes na 10 000, může svůj původ vystopovat o 91 osob zpět, tito předkové přišli z Ruska ve skupině čítající 422 lidí, kteří se usadili v jižní Dakotě v letech 1874 až 1877. Měli vysoký počet dětí (Průměr byl 10,6 dítěte na rodinu). To způsobilo růst osady do její současné velikosti bez toho, aby se sem dostali jiní lidé z venčí. Protože genový tok do jejich společnosti je zvenku je prakticky nulový, ponechali si dodnes unikátní kombinace znaků. Zvýšil se u nich výskyt krevní skupiny A, zatím co frekvence skupiny B se snížila na minimum. A z některých osad zcela vymizela. Rychlý růst populace z jen několika zakladatelů je příkladem genetického driftu a jevu zakladatele.

Dalším takovým příkladem jsou Amishové v Pensylvánii, kteří jsou potomky 200 kolonistů, kteří se do Pensylvánie přistěhovali v letech 1720 až 1770. Z těchto 200 lidí dnes jejich populace čítá 45 000 příslušníků (1960). Takovýto růst populace z několika předků zapříčiňuje křížení mezi příbuznými. 80% rodin ze dvou Pensylvánských okresů se jmenuje jen asi 8 jmény. V důsledku toho se v jejich populacích objevují ve vysoké míře recesivně děděné znaky.

K tomu zakladatelé těchto populací byli často vyselektovanou skupinou. Nebyli to lidé, kteří by byli reprezentanty oblasti ze které se vystěhovali. Hulse (1957) ukazuje, že většina anglických imigrantů z Anglie do Ameriky pocházela pouze z určitých oblastí Britských ostrovů. To znamená, že tito lidé si nesli určité charakteristické fyzické znaky. Podobnou situaci Hulse pozoroval u skupin amerických emigrantů pocházejících z italské části Švýcarska. Migrantní skupiny byly těžší a vyšší než lidé, kteří zůstali doma. Měli bychom tedy shrnout skupiny jako Amishové, Hutteriové, Dunkerové odvozují svůj původ od předků, kteří nebyli reprezentanty populace odkud se přistěhovali do Ameriky. tyto faktory mohou ovlivnit distribuci některých znaků které nesou jejich moderní potomci. Tyto znaky řadíme k tzv. jevu zakladatele. Zakladatelská skupina mohla s sebou náhodou přinést recesivní geny, které mohly po mnoha generacích zvýšit frekvence. Livingston říká:

Letální geny jsou eliminovány v poměrně malém množství ve velkých populacích. Ale většina světových populací za posledních 1000 let se rapidně zvětšila, zvýšení variability letálních genů (nebo neletálních) může být důsledkem zmnožení se původní populace.

Jakmile je jednou skupina vytvořena a stane se z ní množící se populace, hraje zde velkou roli velikost rozmnožovací se jednotky, protože určuje složení každé z následných generací. Genetický drift někdy také nazývaný Efekt Seewalla Wrighta pojednává o náhodných událostech, které mění genové složení malé populace. Tento efekt je zesilován, protože do příští generace přenáší své geny málo jedinců. Ve velkých moderních populacích jedna pětina nebo šestina příslušníků je rodiči asi poloviny následující generace. V malých relativně izolovaných skupinách je samozřejmě rodičovská skupina mnohem nižší. A skutečnost, že méně mužů je otcí většiny dětí může mít vliv na fixaci určitých genů v následující generaci. Izolovaná populace Dunkerů v západní Pensylvánii je příkladem genetického driftu. Genové frekvence krevních skupin u této náboženské skupiny ukazují významné rozdíly mezi touto izolovanou populací a rodičovskou populací v na západě Německa a také samozřejmě od okolní americké populace. Glass vysvětloval tyto rozdíly na základě malé velikosti jejich populace. Jeho a další novější studie ukazují, že genetický drift je důležitým faktorem, možná dokonce zásadním faktorem při formaci genetické variability kmenů, vesnic, klanů nebo jakékoli jiné sociálně definované množící se jednotky.

Když badatelé studovali takovéto izolované skupiny jako jsou třeba sekty Amishů, Dunkerů nebo Hutteriů, potřebují k tomu matriční zápisy, obsahující údaje o zakladatelích těchto skupin a samozřejmě rodokmeny studovaných osob. Ovšem přírodní národy jako třeba indiáni

obývající amazonský prales nebo na Nové Guineji a kteří neužívají písmo a tudíž žádné matriky nevedou, maximálně zde je možné sehnat kusé záznamy prováděné misionáři nám nemohou pomoci při sestavování rodokmenů těchto populací. Identifikace takovýchto vztahů v primitivních populacích je tvořena na základě jazykových podobností. Základním předpokladem zde je, že kmeny, které mluví stejným jazykem jsou spolu geneticky příbuzné a měly by mít společného předka. Často jsou také porovnávány rozšíření jazyků a genů v určité oblasti jestli jsou rozšířené podobně nebo nejsou. Jak jsem řekla na začátku jazyk není dědičný. Někteří badatelé ovšem jazykové skupiny používají jako by to byly geneticky podmíněné fenotypy a dialekt podle nich určuje příbuzenskou skupinu.

Příkladem je srovnání frekvencí krevních skupin v některých vesnických populacích v horách na Nové Guineji. Livingstone objevil významné rozdíly ve frekvencích genů mezi jednotlivými vesnicemi, i když všichni tito lidé mluvili stejným jazykem a měli společný původ. Na základě jeho výsledků bylo jednoznačné, že jazyk a krevní skupiny nejsou spolu nijak spojené. Tyto genetické rozdíly jsou snad zapříčiněny kombinací genetického driftu a jevu zakladatele.

Srovnáním genových frekvencí a mezi dvěma a více populacemi nejsou spolehlivými důkazy o příbuznosti a společném původu. Ale tyto skupiny byly od sebe odděleny do dvou rozdílných skupin mohlo se tak stát v nedaleké minulosti a přesto mohou mít odlišné frekvence genů. Osady jihoamerických indiánů Yanomama a Xavente žijící v údolí amazonky se mezi sebou dělí, aby mohly založit nové vesnice a to vždy v okamžiku, kdy mateřská vesnice dosáhne určité velikosti. O tom kdo patří ke které skupině se rozhoduje na základě rodinné příslušnosti a novou skupinu vytvářejí vždy celé rodiny. Výsledkem je vznik populací, kde se genové frekvence mezi vesnicemi výrazně liší, ačkoli jsou jejich obyvatelé mezi sebou blízce příbuzní. Tento jev popsal poprvé James Neel v roce 1970 a nazval ho liniový efekt.

Dalším příkladem genetické odlišnosti můžeme pozorovat u indiánů kmene Yanomama. Tito lidé vedou nepřetržitou válku se svými sousedy. Např. unášeli mladé ženy ze sousedního kmene Mairitare. Tyto ženy jsou velice plodné a rodí v průměru 7,3 dětí, kdežto ženy z kmene Yanomama rodí jen 3,8 dětí v průměru. Chargon a jeho spolupracovníci v tomto obyčeji vidí důsledek velkého rozšíření genu Diego mezi příslušníky kmene Yanomama.

V minulosti byla velice preferovaná polygamie a to může být důležitým faktorem pro produkci následujícího generace. V některých moderních společnostech kde se polygamie proaktívuje dodnes, příkladem mohou být právě Yanomamové, 70 - 80% potomků pochází z polygamiálních spojení. Protože někteří muži jsou schopni uživit více než jednu ženu chudší mužové pak mají nedostatek žen a pak mají mnohem menší šanci na reprodukci a tak předání svých genů do další generace. Někteří mužové mají ve společnosti dominantní postavení, mohou být vůdci kmene nebo příbuzní vysoce postavených osob. Tito muži také přispívají ke vzniku dalších generací více než ostatní. Tato redukce genového toku působí stejně jako jev zakladatele a rozšiřuje se ve společnosti vlastně jen určitá kombinace genů. Polygamie mohla být důležitou silou v evoluci člověka, zvláště v obdobích kdy si silnější a úspěšnější lovcimohli vzít více žen. Např. Eskymáci byli velmi praktičtí v péči o vdovy a sirotky. Rodina právě zemřelého muže se přestěhovala do domácnosti nejúspěšnějšího lovce, jeho povinností bylo oženit se s vdovou jako se svojí druhou nebo třetí ženou a děti vychovávat jako by byly jeho.

Náhody, nebo záměrné akce (jako třeba migrace) hrají velmi důležitou roli při růstu populace, její izolaci a tak zasahují do genového složení populace. Např. tajfun zničil většinu populace na ostrově Puka Puka v jižním Pacifiku, kde tento tajfun přežilo jen 17 lidí. Jednalo se o příslušníky nižší sociální vrstvy polynézké společnosti. Lidé z nižších vrstev jsou v Polynézii obecně menší než ze tříd vyšších. Shapiro ukázal, že menší postava současné populace je důsledkem tohoto náhodného jevu. Hladomor a nemoci také často decimují populace a

ponechávají jen několik jedinců, kteří jsou rodiči následné generace. Jejich potomci pak často mají kombinace znaků zcela odlišné od původní populace. Když genetik studuje určitou skupinu lidí, měl by být dobře obeznámen s její historií.

Také výhodné přírodní prostředí, kde populace žije je důležitým faktorem podílejícím se na diverzitě populace a její velikosti.

V případě náhodných událostí je jev zakladatele hlavním faktorem ovlivňujícím genom populace. Když v prehistorických dobách byla populace druhu *Homo sapiens* velmi malá právě jev zakladatele vytvořil variabilitu těchto skupin. Nebezpečný život často decimoval tyto malé skupiny a jen silní a odolní jedinci byli schopni přežít a tak udržet populaci. Pokud *Homo sapiens* žil loveckosběračským způsobem života, byly změny velikosti populace prostřednictvím náhodných jevů velmi časté, což vedlo k malým roztroušeným společnostem. Byla jen malá možnost, pro vytvoření velké homogenní množící se populace. Tato možnost nastala až s nástupem neolitu.

Klinální distribuce znaků

Nyní budeme hovořit o jiném způsobu rozložení znaků v lidské populaci. Klinální distribuce nebo variace kopíruje geografické rozšíření fenotypických a genotypických znaků našeho druhu a předpokládá, že jsou rozšířeny určitým způsobem. Klíny umísťují znaky, geny na mapu podobným způsobem jako tlak nebo teplotu jak to činí mapy pro předpověď počasí. Klíny vyjadřují znaky které se liší postupně, graduálně v jejich projevu od jedné geografické oblasti ke druhé. Příkladem je variabilita v barvě kůže va světové populaci. Obr. 1 - 11 na tomto obrázku hustota melaninu v kůži ukazuje korelaci se zemskou šířkou. Čím severněji tím je pigmentu v kůži méně. Obr. 5-2 ukazuje rozložení krevní skupiny B v Evropě.

Geografická variabilita našeho druhu je jednoznačná, jak jsem už řekla dříve. A často je dáována do vztahu s životním prostředím a jeho různorodostí. jako je teplota, vlhkost nebo intenzita slunečního záření. Zde je patrná kovariance některých znak a podnebí. Lidé žijící v chladnějších oblastech mají určitý tvar těla. Tvar nosu je v úzkém vztahu s tlakem vzduchu a jeho vlhkostí, samozřejmě barva kůže vykazuje korelaci s množstvím slunečního záření. Klinální rozdělení znaků prochází mnoha populacemi a je naprosto nezávislé na hranicích, kterísi vytvořil člověk svými vzorci rozmnožovacího chování. Ovšem prostorová distribuce populací zapříčiňuje graduální sérii genových nebo fenotypových frekvencí. Pokud tyto frekvence (stejně frekvence) spojíme čarou, dostaneme klin. Skutečnost, že rozmístění populací vytváří klíny, znesnadňuje vysvětlení rozšíření jednotlivých genů , i když někteří badatelé tento přístup obhajovali. Livingstone (1964) napsal: Variabilita ve frekvenci genu může být zmapována stejným způsobem jako na předpovědní mapu vynášíme teplotu. Ovšem tato metoda není bez problémů.

Klíny představují distribuci genů v rozsáhlých oblastech, které často mají zvláštní a hlavně ostré rozdíly ve frekvenci genů se sousedními populacemi. Pokud použijeme větší vzorek lokální populace, tyto rozdíly se zvýrazní a je třeba přepracovat klinální mapu tohoto znaku jako na obrázku 5-3. Tento obrázek ilustruje situaci, kdy došlo ke zlepšení poznatků o rozložení genů v populaci, což donutilo badatele předělat klinální mapu znaku. Porovnjente obrázky 5-2 a 5-3 a uvidíte ten rozdíl.

Existuje několik možných vysvětlení klinální distribuce znaků. Nejčastější vysvětlení je to, že klíny odrážejí efekt přírodního výběru. To znamená, že odrážejí historii změny genového toku mezi populacemi. Livingstone předpokládal, že klíny ba odrážejí genetické výhody výhodných genů nebo genový tok mezi populacemi s různými genovými frekvencemi v určitém znaku. Obr. 5-4 ukazuje geografické rozložení genu kódujícího srpkovitý hemoglobin ve starém světě, zakreslené do mapy rozšíření malarického plasmodia. Jak to tak vypadá, tento gen představuje selektivní výhodu v malarickém prostředí. Povšimněte si, že srpkovitý gen není vázán jen na Afriku, ale objevuje se i v jiných oblastech s množstvím

různorodých populací.

Populace versus klíny

Existuje jedna překážka, která znesnadňuje užívat populace jako jednotky při studiu variability člověka. Někteří badatelé se domnívají, že nejlepší metodou pro studium variability člověka je studium jednoho znaku a jeho rozšíření po světě. To co chceme dosáhnout není vytváření taxonomických jednotek, ale zjistit rozdělení znaků v lidské populaci a jejich variabilitu.

Část variability je ukázána na obrázku 5-5. Tato se shoduje s působením některých selekčních sil a také s masivní migrací lidí. Přítomnost klinu tmavě pigmentovaných lidí v severní Americe a přítomnost srpkovitého hemoglobinu je důsledkem migrace africké populace do Ameriky v 17 a 18 století. To ukazuje proč moderní populace nám nemohou nic říci o evoluční historii. Ačkoliv rodění genu *cde*, kódujícího Rh negativní genotyp v Evropě a severní Africe by mělo ukazovat dřívější kontakt mezi populacemi z těchto oblastí. (okupace španělska severoafričany v 7 a 8 století).

Klíny ilustrují brázky, které popisují distribuci jak monogenně tak polygenně děděných znaků. Morfologické fenotypy jako je barva kůže nebo výška těla se mění postupně a každá populace nebo skupina plynule přechází v jinou, to znamená, že v těchto znacích nejsou žádné ostré přechody patrné. To je tzv. hladká forma klinální distribuce. V případě monogenně děděných znaků se používají genové frekvence znaků uvnitř populací k vytvoření klinů. Tyto frekvence se rychle mění a to i v jednotlivých generacích. Jednoduché srovnání mezi rozložením znaků a sil přírodního výběru není vždycky možné.

Pokud vezmeme v potaz tyto faktory, které zapříčiňují změny genových frekvencí to znamená“

1. mutace, 2. přírodní výběr, 3. genetický drift, 4. migrace, 5. rozmnožovací chování, potom zjistíme, že faktory 1 a 2 působí na některé alely zvláštním způsobem. Faktor 2 přírodní výběr je určen přírodními podmínkami je rozložen geograficky. Samozřejmě, že často působí přes hranice populací. Ostatní faktory mají také silný vliv na frekvence genů, ale jedná se o faktory ovlivněné chováním a mají tudíž vliv na frekvenci genů jen v určité generaci. Geny nepřecházejí po jednom v čase ani rozmnožovací zdatnost jedince neovlivňuje jeden gen. Jsou přenášeny jako skupina a fitness je dána interakcí působení všech genů jedince.

Genový tok je často považován za hlavního činitele klinální variace znaků, ale nepopisuje aktuální události, protože genový tok teče dokola v prostoru. Geny jsou předávány jako skupina, kterou obsahují chromozómy a způsob jejich předávání a jejich kombinace vytváří další generace. Tohle ovšem je určeno společností. Tyto faktory jsou podporovány rozmnožovací strategií populace.

Klinální přístup má svůj význam, ale jen tehdy je-li užit ve spojení s populací, což je základní jednotka na které studujeme rozšíření znaků.