

Evoluce druhu *Homo sapiens*

Fylogeneze

První linie primátů se rozdělily před více než 70 miliony let, hominoidní linie se však oddělila od starosvětských opic až v období přibližně před 30–40 miliony let.

Do nadčeledi **Hominoidea** se řadí malí lidoopi (giboni) a velcí lidoopi včetně člověka. Velké lidoopy a člověka označujeme jako **hominidy**, člověka a jeho nejbližší příbuzné jako **homininy**.

Evoluční trendy sledovatelné u homininů jsou:

- bipední lokomoce,
- expanze velikosti mozkovny a její zaoblování,
- redukce pohlavního dimorfismu,
- gracilizace chrupu,
- gracilizace muskulatury,
- přítomnost chromosomu 2 (fúzí 2 ancestrálních akrocentrických chromosomů),
- přítomnost druhé pseudoautosomální oblasti PAR2 na koncích dlouhých ramen lidských gonosomů (reprodukční bariéra).

Paleogenomika a molekulární metody fylogeneze hominoidů

V 60. letech 20. století se začala mapovat fylogeneze hominoidů pomocí sérového albuminu. O pár let později se pomocí hybridizace DNA-DNA podařilo zjistit, že nejbližším příbuzným člověka je šimpanz, který má pouze 1–2 % sekvencí rozdílných (vyjádřeno v mutacích by to dělalo cca 30–60 miliónů delecí či inzercí).^[1]

Dnes jsou analýzy zaměřeny spíše na archaickou DNA, se kterou musí být pracováno naprosto sterilně, jelikož je extrémně náchylná ke kontaminacím.

Paleogenomické analýzy prokázaly, že v minulosti probíhaly poměrně velké migrace, které mohly vést ke křížení různých druhů rodu *Homo*. Například se odhaduje, že v současné populaci se nachází něco kolem 2–20 % neandrtálských sekvencí, nejčastěji kolem 2,5 %. Ty ovlivnily vlastnosti kůže, adaptaci na změnu podmínek, sklon ke Crohnově chorobě, sklon k diabetu 2. typu, dokonce i sklon k závislosti na kouření.

Evoluce genomu

Průběh vývoje rodu *Homo* lze dokumentovat i vznikem genů typických pro hominidy. Mezi ně patří geny **FOXP2**, **CA8** či **HERC2**, které mají vliv na specificky lidské vlastnosti, jako je řeč, vzpřímená chůze či pigmentace vlasů a očí. Tyto geny jsou blíže popsány u *Homo neanderthalensis*.

Evoluce čeledi *Hominidae*

Známými vývojovými stupni čeledi Hominidae jsou rody *Ramapithecus*, *Australopithecus* a *Homo*. **Je však důležité si uvědomit, že vývoj nešel postupně v řadě! V mnohých případech šel společně a druhy se mohly setkávat, ba dokonce i křížit!**

Ramapithecus

- Široce rozšířený v Africe, Evropě i v Asii na přechodu miocénu a pliocénu.
- Při vzpřímeném postoji vysoký 100–110 cm, pohyboval se většinou kvadrupedně (po čtyřech, po kotních prstech ohnutých v pěst).
- Plochá mozkovna o objemu asi 350 cm³.
- V tlupách sbíral semena a jinou rostlinnou stravu.

Australopithecus

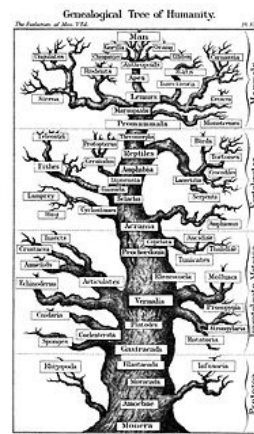
- Rozšířený v Africe na přechodu pliocénu a pleistocénu, bylo jich několik druhů, ale vzájemná fylogeneze je nejasná, k adaptivní radiaci druhů rodu *Australopithecus* došlo před 3 miliony let v Africe.
- Vysoký 115–125 cm, hmotnosti asi 25–35 kg, byl schopen vzpřímené chůze, chodil bipedálně.
- Hlava měla klenutější mozkovnu o objemu asi 490 cm³ a mozková kůra byla bohatě rýhovaná.
- Byl všežravec s převažující masitou stravou.

rod *Homo*

Vznikl pravděpodobně před cca 2 miliony let v Africe. Z hlediska určení druhů je v případě fosilií biologická definice druhu, předpokládající možnost úspěšného křížení za vzniku životaschopných a plodných hybridů jen v rámci daného druhu, neaplikovatelná. Zajímavé poznatky v tomto směru však přináší možnost porovnání genomů fosilních zástupců.

Homo erectus

- Postava adaptovaná na chůzi, na základě toho proporce pro opuštění Afriky a migraci do jiných koutů světa (Indonésie, Čína).
- Uměli vyrábět nástroje, komunikovali.
- Měli plochou tvář, kulovitou mozkovnu, nadočnicový val, na lebkách je typické postorbitální zúžení (lze vidět na tomto obrázku (<http://s.hswstatic.com/gif/evolution-skull.jpg>)), kapacita mozkovny činila cca 1100 cm³.
- Žil a lovil ve stepních krajinách s řídkými lesy, bydlel v jeskyních, z kamenů vyráběl hrotnaté pěstní klíny, sekery a škrabadla, znal oheň.



Historická a dnes již zastaralá představa o vývoji rodu *Homo*, E. Haeckel, 1877

Homo habilis

- Žil ve střední a východní Africe již ve starém pleistocénu.
- V řadě somatických znaků byl vyspělejší než Australopithecus (průměrná lebeční kapacita asi 750 cm³, měl typický lidský chrup a vzpřímenou postavu).
- Bipedální chůzi odpovídala i klenba nožní, prsty zakončeny nehty.

Homo floresiensis

- Ostatky kostry a další menší nálezy v Indonésii ukazují na možnost existence samostatného druhu s poměrně malou mozkovnou.
- Byl malý vzrůstem (výška 1m, váha 25 kg, „hobit“ z Floresu, kde žil ještě před 18 tisíci lety).
- Kolem jeho uznání však panují mnohé kontroverze^[2].

Homo neanderthalensis

- Robustní, k chladnému počasí adaptovaný druh člověka, evolučně navazuje na nálezy evropských fosilií Homo heidelbergensis.
- Ve fosilním záznamu doložen před 220 až 35 tisíci lety, byl tedy současníkem H. sapiens, se kterým se křížil.
- Lebka s nadočnicovými oblouky, kapacita mozkovny 1400–1450 cm³, žil a lovil v tlupách, znal a pečlivě udržoval oheň, vyráběl kamenné nástroje z odštěpků pazourků kostěné i dřevěné nástroje opracovával poměrně složitě. Vytvořil prvobytně pospolnou společnost, hlasové projevy se postupně vyvíjely v jednoduchou řeč – u geneticky zkoumaných fosilií byla nalezena stejná varianta genu FOXP2 jako u dnešních lidí.
 - FOXP2 je gen, který ovlivňuje schopnost naučit se jazyku, nachází se na chromosomu 7. V případě, že je tento gen mutován, pacienti nejsou schopni artikulované řeči, dochází k nedostatečnému vyvinutí příslušných nervových center. U neandertálců i děnisovců byla nalezena stejná varianta tohoto genu jako u moderních lidí.
- Měl pravděpodobně systém kultů a rituálů, pohrřbával své mrtvé v centru jeskyní. Doloženy jsou první osobní ozdoby.
- **Gen HERC2**
 - Molekulárně genetický výzkum fosilií *Homo neanderthalensis* vedl k nálezu variant genů, které u dnešních lidí spoluodpovídají za modrookost, světlou pleť a ryšavost. U zkoumaných fosilií byl nalezen stejný SNP (single nucleotide polymorphisms) v genu HERC2, který u dnešních lidí podmiňuje modrookost. Produkt HERC 2 genu se sám na pigmentaci nepodílí, SNP v jeho sekvenci však ovlivňuje transkripci genu OCA2 (mutace v tomto genu způsobují okulokutánní albinismus typu 2), jeho funkce je pro charakter pigmentace duhovky zcela zásadní.

Homo denisoviensis

- Druh člověka pojmenovaný jako děnisovec podle místa nálezu fosilií (Děnisova jeskyně na Altaji).
- Popsán jen na základě molekulární analýzy genomu z fosilií (prstní článek a stolička).
- Ve fosilním záznamu před 48 až 30 tisíci lety, byl tedy současníkem jak neandertálců, tak moderních lidí.
- Výzkumy ukazují, že přispěli 4–6 % svého genomu do genofondu dnešních Melanésanů.^[3] Jedná se tedy o jeden z **důkazů o křížení různých vývojových větví rodu *Homo***.

Homo sapiens

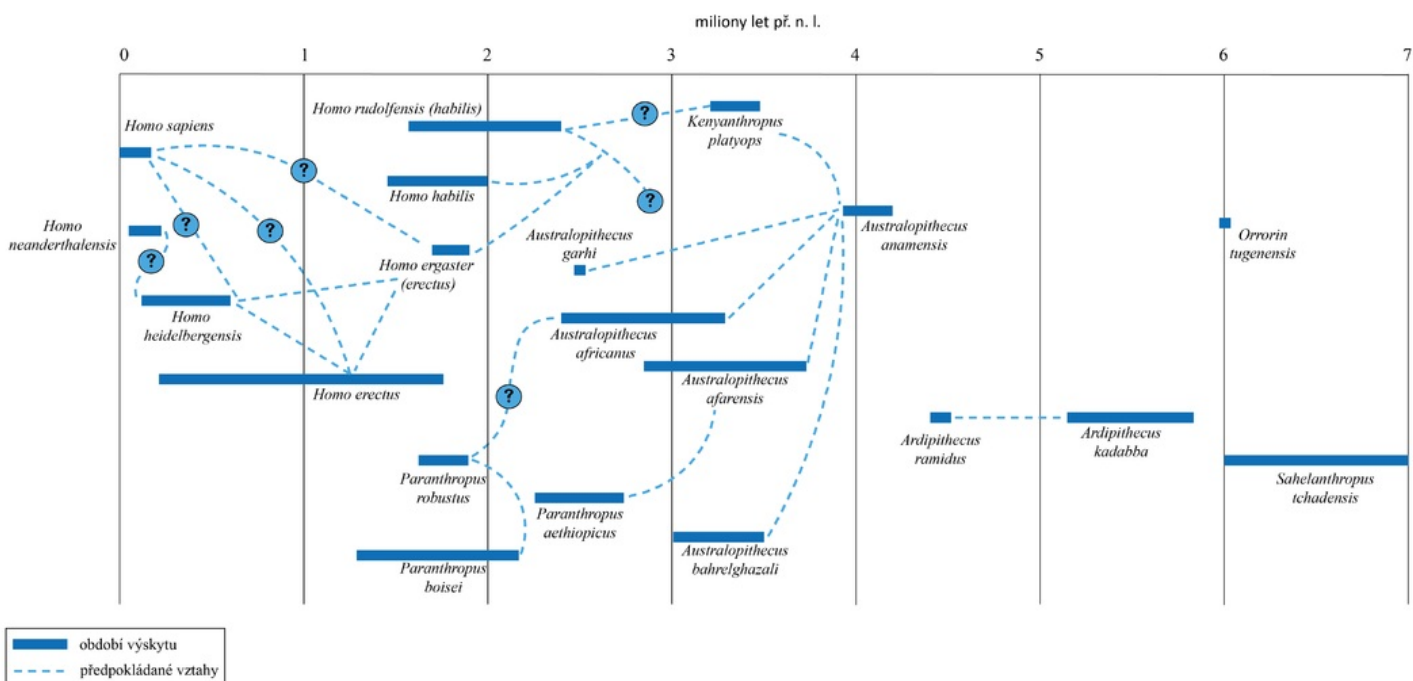
První zástupci tohoto druhu se objevili před cca 200 tisíci lety ve východní Africe, tělesnou konstitucí (vysoká štíhlá postava) byli nejbližší dnešním Masajům. Průměrný objem mozku u nalezených fosilií byl 1500 cm³, lovili velkou zvěř. V Evropě a na Sibiři po jejich osídlení doložena první obydlí (zemljanky). Jako první se odívali (kůže), komunikovali pomocí artikulované řeči. K adaptaci na chladné podnebí mohlo přispět křížení s neandertálci, kteří chladné oblasti severu obývali před příchodem moderního člověka (viz níže). V době před 40 tisíci lety došlo ke vzniku výtvarného umění, což je považováno za první revoluční čin v dějinách lidstva, který umožnil komunikaci prostřednictvím zástupných hmotných symbolů.

Celosvětové rozšíření druhu H. sapiens je vysvětlováno 2 hypotézami:

1. **Multiregionální model lidské evoluce** – ke vzniku nedošlo pouze v Africe, ale nezávisle i v Evropě a v Asii. Tato hypotéza je kritizována hlavně kvůli nestejnorodým podmínkám pro (speciální). Předpokládá rozšíření Homo erectus z Afriky a jeho křížení s populacemi na nově dosažených lokalitách. Moderní podoba této hypotézy předpokládá (genový tok) mezi populacemi a rozšiřování znaků, které vznikly na jednom místě.
2. **Uniregionální hypotéza** – přechod k novým formám nastal na jednom místě a z toho se tyto formy rozšířily na ostatní kontinenty. Tato hypotéza nevylučuje (genový tok) mezi populacemi.
 - Podpora této hypotézy je i ze strany genetických studií. Příkladem je studie 2 neutrálních polymorfismů na **lokusu CD4** na chromosomu 12, kde frekvence haplotypů byla nejvyšší v Africe a nejnižší v Americe a Pacifiku. Fylogenetické analýzy mitochondriální DNA a Y chromozomálních haplotypů též ukazují na vznik druhu *H. sapiens* v Africe.

Dnes je přijímán názor, že moderní člověk (Homo sapiens) vyšel z Afriky před cca 135–115 tisíci lety přes Arabský poloostrov, kde zřejmě došlo k prvnímu křížení s neandertálci, kteří jej obývali. Migrace probíhala i směrem zpět do Afriky. V době asi před 85 tisíci lety došlo k velké migraci z Afriky a postupnému osídlování jak Evropy, tak Indonesie a Sund cestou přes Indii, severní cestou. Oba americké kontinenty byly osídleny jako poslední přes asijský kontinent a přes Beringovu úžinu.

Souhrn časové souvislosti vývoje druhů (dle Encyclopedia Britannica)



Odkazy

Související články

- Vznik a vývoj druhů
- Mutace

Reference

1. EBERSBERGER, Ingo, et al. Genomewide Comparison of DNA Sequences between Humans and Chimpanzees. *American Journal of Human Genetics* [online]. 2002, roč. 70, vol. 6, s. 1490–1497, dostupné také z <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC379137/>>. ISSN 0002-9297. PMID: PMC379137 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/PMC379137>).
2. BAAB, K. L.. *Homo floresiensis: Making Sense of the Small-Bodied Hominin Fossils from Flores* [online]. Nature Education, [cit. 2017-01-08]. <<http://www.nature.com/scitable/knowledge/library/homo-floresiensis-making-sense-of-the-small-91387735>>.
3. , R.E. GREEN a M. KIRCHER, et al. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* [online]. 2010, roč. 468, no. 7327, s. 1053-60, dostupné také z <<http://www.nature.com/nature/journal/v468/n7327/full/nature09710.html>>. ISSN 0028-0836. PMID: 21179161 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21179161>).DOI: 10.1038/nature09710 (<http://dx.doi.org/10.1038/nature09710>).

Použitá literatura

- ŠTEFÁNEK, Jiří. *Medicína, nemoci, studium na 1. LF UK* [online]. [cit. 11. 2. 2010]. <<https://www.stefajir.cz/>>.
- PANCZAK, Aleš, et al. *Lékařská biologie a genetika : 3. díl*. 1. vydání. 2013. ISBN 978-80-246-2415-0.
- NCBI. *HERC2 HECT and RLD domain containing E3 ubiquitin protein ligase 2 [Homo sapiens (human)]* [online]. [cit. 2016-12-19]. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/8924>>.
- MACHOLÁN, Miloš. *Paleogenetika člověka - způsobí analýza archaické DNA revoluci v pohledu na lidskou evoluci?* [online]. Academia, ©2014. [cit. 2016-12-19]. <<http://ziva.avcr.cz/files/ziva/pdf/paleogenetika-cloveka-zpusobi-analyza-archaicke-dn.pdf>>.
- SVOBODA, Jiří A.. *Předkové. Evoluce člověka..* 1. vydání. Academia Praha, 2014. ISBN 978-80- 200-2324- 7.