

Za účelem popsání vztahů mezi genetickou, jazykovou a geografickou diverzitou v Africe byl v rámci diplomové práce sekvenován HVSI segment mitochondriálního genomu u 81 jedinců ze dvou západoafrických populací odlišných jazykových rodin. Získané sekvence byly porovnávány s obdobnými daty publikovanými jinými autory. Interpopulační analýza zahrnovala celkem 4550 sekvencí HVSI segmentu mtDNA 101 populačních celků reprezentujících hlavní geografické regiony a jazykové skupiny Afriky. AMOVA dokládá, že variabilita mtDNA mezi jednotlivými skupinami je vyšší, pokud jsou populace tříděny na základě jednotlivých regionů (9,85 %;  $p < 0,001$ ) než podle jejich jazykové příslušnosti (4,09 %;  $p < 0,001$ ). Také graf MDS založený na hodnotách  $F_{ST}$  odhaluje korelaci mezi genetickou a geografickou nikoli však jazykovou vzdáleností zkoumaných populací. Úloha jazykových faktorů nevzrůstá, ani pokud jsou odstraněny skupiny vnášející do analýzy největší podíl heterogenity (nigerokonžská a khoisanská jazyková rodina). Výsledky naznačují, že komplikované vztahy mezi jazykovou a genetickou diferenciací jednotlivých populací mohly být v minulosti ovlivněny jednostrannou výměnou partnerů a jazykovými výpůjčkami mezi expandujícími bantuskými zemědělci a místními lovecko-sběračskými skupinami během uplynulých 3000 let. Jisté stopy poměrně nedávných demografických událostí jsou z tohoto pohledu patrné i v dalších částech Afriky.