



Přestože je práce Ivy Kulichové, jak napovídá její název, zaměřena na genetickou variabilitu a fylogeografii populací afrického sahelu, v převážné většině se zaměřuje na populace Fulbů, a to z pohledu dvou typicky eurasijských haploskupin mitochondriální DNA (mtDNA). Fulbové jsou jedním z největších pasteveckých etnik světa (podle některých autorů dokonce největším), přestože v současnosti většina žije buď ve městech, nebo usedle na venkově. Jsou geneticky odlišní od okolních etnických skupin, což je demonstrováno jejich nápadnými evropskými rysy, a jak se lze dočíst v dostupných encyklopediích, mají i odlišné zvyky, kulturu, životní styl i organizaci společnosti. Genetický výzkum jejich populací v západoafrickém sahelu a vyvozování jejich původu a historie je tedy navýsost zajímavým tématem. K tomuto účelu autorka zvolila analýzu sekvence jednoho ze dvou hypervariabilních úseků kontrolní oblasti mtDNA (HVS-I), a to u 544 vzorků získaných ze slin nebo bukalních stěrů nepříbuzných fulbských jedinců (včetně dvou Songhájců) z Nigeru, Burkiny Faso, Čadu, Senegalu a Mali. Tyto vzorky byly srovnány s více než 5500 publikovaných sekvencí původem z Afriky a Blízkého východu. Vzorky nesoucí haplotypy náležející do obou sledovaných euroasijských haploskupin byly posléze podrobeny sekvenování celého mitochondriálního genomu. Přes některé přetrvávající nejasnosti se zdá, že kolébka současných Fulbů leží na Pyrenejském poloostrově, zřejmě ve frankokantaberském refugiu, s datem vzniku mezi pozdním glaciálem a první polovinou holocénu. Odtud následně migrovali přes Gibraltarskou úžinu do severní Afriky a na Saharu a konečně ve druhé polovině holocénu s postupující aridizací do pásma sahelu. Převažující zastoupení západoafrických haploskupin u dnešních Fulbů pak naznačuje, že jádro migrujících populací tvořili muži, kdežto značná část žen pocházela z lokálních subsaharských populací.

K vlastní práci nemám žádné vážnější připomínky, až na několik drobných nepřesností je napsaná přehledně a čtivě. Snad jen v přehledu materiálu jsem poněkud tápal, ale tabulka v příloze vše napravila. Vůbec popis použitých metod by mohl být výstižnější. K větší přehlednosti by zřejmě přispělo i zařazení některých obrázků, např. mapky sahelu nebo výsledný fylogenetický strom (byť třeba ve zjednodušené podobě). Vzhledem k tomu, že se jedná o vnitrodruhovou genetickou analýzu, do budoucna bych doporučoval použít místo fylogenetických metod spíše metodu založenou na teorii koalescence. Trochu matoucí může být i struktura úvodní části, kde po krátkém Úvodu následují Cíle práce a po nich znovu úvodní kapitoly, ale to je koneckonců věc osobního vkusu. Celkově práce ukazuje, že se autorka ve studované problematice dobře orientuje, o čemž svědčí i rozsáhlý soupis citovaných pramenů čítající více než 150 položek.

Na autorku mám několik otázek:

1. Na str. 47 je uvedena mutační rychlost synonymních substitucí (1 mutace/7884 let) – platí to jen pro HVS-I? Jsou obě mutační rychlosti vztaženy na 1 bp?
2. Na téže straně nerozumím větě „Jelikož se jednalo o datování mladých haploskupin, byly použity pouze vybrané sekvence z fylogenetického stromu a ne celý strom.“

3. Proč byly z analýzy odstraněny inserce/delece? Jde o nekódující oblast, tudíž indely nevyvolávají posun čtecího rámce a jsou tedy mnohem více tolerovány než v kódujících oblastech. Nevidím proto důvod k jejich odstranění.

4. Str. 48: do jaké míry lze brát spolehlivost 69,9 % za „spolehlivou“? Do jaké míry je podobná hodnota v „branži“ obvyklá? Navíc je tam skupina sekvencí, které se nepodařilo přiřadit k žádné ze známých haploskupin. Lze to přičíst nepříliš velké délce sekvence?

Dále si dovoluji uvést několik dílčích nepřesností, na které není třeba reagovat:

str. 8 dole: snazší dostupnost sekvenování třetí generace – asi myšleno NGS? 3. generace zatím moc dostupná není (také str. 21)

str. 9: „Zařadit nově zjištěné výsledky do dosavadních poznatků o Fulbech zjištěných analýzami mtDNA, Y chromozomu a ostatních autozomů“ ... mtDNA ani chromozom Y nejsou autozomy

Atlantický oceán správně Atlantský oceán

zemědělství je v práci považováno za strategii alternativní vůči pastevectví (např. str. 10, 15, 17, 18, 22), ale ve skutečnosti i pastevectví patří k zemědělství

str. 19: reumatizmus – správně revmatismus (zde se pravděpodobně projevují slovenské kořeny autorky, stejně jako v případě názvů bází v seznamu zkratk (adenín, tymín atd.))

str. 19: *Fasciola hepatica* se dá napsat i česky, jde o známou motolici jaterní

str. 26: obávám se, že rozdíl mezi koalescencí a fylogenetikou je jiný, než prezentuje autorka – oba přístupy jsou založeny na předpokladu jedné evoluční „cesty“, alternativní dráhy zohledňují evoluční síť (v DP nesprávně označované za mediánové – na mediánech je založena jen jedna z metod konstrukce sítí)

str. 26: v dnešní době už nejčastěji používanou metodou pravděpodobně není MP, ale bayesovská analýza (i kniha o základech fylogenetické analýzy zastarává!); není jasné, proč zařazena pasáž o MP, když dále použita ML

str. 28: délky větví ML stromu nejsou totéž co genetické distance, navíc likelihood není pravděpodobnost, ale věrohodnost; obecně platí, že ML vypočítá délky větví v jednotkách očekávaných substitucí – genetické distance by v tomto případě byly HKY distance (ale jejich výpočet by zde neměl smysl)

str. 30: O africkém původu mitochondriální Evy nesvědčí jen větší diverzita afrických populací, ale i to, že všechny nejstarší fylogenetické linie jsou africké; očekával bych zde starší citaci, než Behar et al. (2008).

str. 45: Věta „Gelová elektroforéza je založená na tom, že nukleové kyseliny mají záporný náboj, který je přímo úměrný délce jejich fragmentů.“ je poněkud nepřesná – náboj NK je sice přímo úměrný délce fragmentů, ale při elektroforéze se fragmenty rozdělují na základě své velikosti, ne velikosti náboje (kdyby to bylo jak autorka popisuje, větší fragmenty by migrovaly dál, ve skutečnosti migrují méně)

str. 48: „Další L1b, který obsahuje mutace 16213A a 16260T, má u Fulbů 25 nositelů.“ – správně by mělo být „ve zkoumaném vzorku Fulbů“; podobně „Kromě haploskupin typu L jsou Fulbové nositeli i haploskupin s eurasijským původem. Ty se ale objevují méně, v našem případě je jich 47...“ – působí dojmem, že číslo 47 se vztahuje k haploskupinám, ne jedincům.

Tabulky 9 a 12: ML metoda neposkytuje intervaly spolehlivosti (*confidence intervals*), ale tzv. „support limits“ (kde 2 jednotky těchto limitů zhruba odpovídají 95% konfidenčnímu intervalu)

Závěrem mi nezbývá, než znovu vyzdvihnout kvalitu předložené diplomové práce i její přínos k poznání původu a historie sahelských Fulbů. **Plně ji doporučuji k obhajobě** a navrhuji známku **v ý b o r n o u**.

V Brně 20. 5. 2016

Prof. RNDr. Miloš Macholán, CSc.