

Abstrakt

Přestože je západní Afrika regionem bohatým na kulturní a jazykovou diverzitu, rozložení genetické diverzity nebyly ještě plně objasněny. Většina dosavadních studií populačních vztahů vycházela z variability prvního hyper variabilního segmentu (HVS-1) kontrolního úseku mitochondriální DNA. V této diplomové práci jsem se zaměřil na celý kontrolní úsek s cílem odhadnout příspěvek HVS-2 k haploskupinové klasifikaci a objasnit genetické vztahy v africkém sahelu. Za těmito účely bylo zpracováno 1075 sekvencí kompletního kontrolního úseku mitochondriální DNA, pocházejících z 24 afrických populací (104 sekvencí bylo nově analyzováno v rámci této práce, ostatní byly publikovány již dříve jinými autory). Výsledky naznačují, že HVS-2 má při určování haploskupin zpřesňující význam za předpokladu, že je referenční databáze dostatečně obsáhlá. V populační úrovni jsou z hlediska mitochondriální DNA populace západoafrického sahelu poměrně homogenní a vykazují signifikantní odlišnosti od populací saharských. Zdá se, že na rozložení genetické diverzity mají geografické faktory větší vliv než jazykové. Genetická blízkost subsaharských populací a jejich odlišnost od saharských, naznačuje větší význam migračního koridoru vedoucího podél sahelského pásma.