

ABSTRAKT

Archeogenetika se zabývá aplikací molekulárně-genetických metod na otázky evoluce člověka a šíření jednotlivých lidských populací. Díky svým vlastnostem je ve středu zájmu převážně mitochondriální DNA (mtDNA). Přes důležitou polohu Jemenu – spojnice mezi Afrikou, Blízkým východem a Asií – nebyla diverzita mtDNA v této oblasti systematičtěji studována. Tato diplomová práce prezentuje analýzu 150 nových sekvencí HVS-I mtDNA ze tří oblastí Jemenu – Al-Achkúmu, Tihamy a Hadramatu. Díky regionálnímu postupu při sběru dat jsme byli schopni odhalit rozdíly v diverzitě mtDNA v různých oblastech Jemenu včetně jejich vztahů k dalším populacím Afriky a Blízkého východu. Soubory Al-Achkúm a Tihama se v populačně genetickém srovnání s okolními populacemi blíží populacím Blízkého východu, zatímco populace z Hadramautu spadá blíže populacím východní Afriky. Kromě vlastních závěrů nabízí diplomová práce postup pro budoucí výzkumy genetické diverzity populací jižní Arábie.