

Expanze anatomicky moderního člověka

Během posledních několika let byly získány nové poznatky, které populační historii našeho druhu ukazují v docela jiném světle. Patrně již nelze udržet představu, že člověk moudrý (*Homo sapiens*), jehož počátky jsou kladeny do doby zhruba před 200 tisíci let v prostředí středoafriických savan, kolonizoval Eurasii jedinou, biologicky úspěšnou migrací. Starý kontinent začal osídlovat již v období před 120–80 tisíci let, kdy klimatické podmínky vytvořily příznivé prostředí i na území dnes vyprahlého Arabského poloostrova. Při pozdější kolonizaci Asie se setkal s několika archaickými populacemi jiných forem lidí, s nimiž se v menší míře mísil a získal od nich alely, které mu umožnily rychlejší adaptaci na nová prostředí. I velmi vzdálená místa obsadil člověk až s neuvěřitelnou rychlostí. Po delší izolaci některých regionů, jež vyústila v diferenciaci určitých lokálních populací (např. Australců a Papuánců), své kolonizační úsilí po ústupu posledního maxima doby ledové ještě zesílil migrací do Ameriky. Díky novým navigačním technologiím osídlil později i vzdálené ostrovy Tichomoří a během neolitu a zejména průmyslové revoluce mnohonásobně zvýšil svůj nominální počet. Z relativně malé skupiny afrických homininů se během geologicky krátké doby stala populace, která čerpá přírodní zdroje nevídanou měrou. Doufejme, že i naši potomci budou moci prohlásit, že se jejich předkové považovali za člověka moudrého právem.

Lidé a přírodní prostředí pozdního pleistocénu

Podle všech dostupných dokladů vznikl *H. sapiens*, tedy anatomicky moderní člověk (dále jen AMČ), v subsaharské Africe, patrně někde v její centrální části zhruba před 200 tisíci let. Máme-li uvažovat o jeho první úspěšné expanzi mimo Afriku, je třeba předeslat, že v daném období, tedy v pozdním pleistocénu, žily kromě AMČ ještě minimálně čtyři další lidské druhy nebo přinejmenším archaické populace. Zdaleka ne všechny jsou ale známy na základě kosterních pozůstatků. Z fosilních nálezů známe podrobněji vlastně jen neandertálce (*H. neanderthalensis*), kteří se v době posledního interglaciálu rozšířili po rozsáhlém území západní Eurasie. Exis-

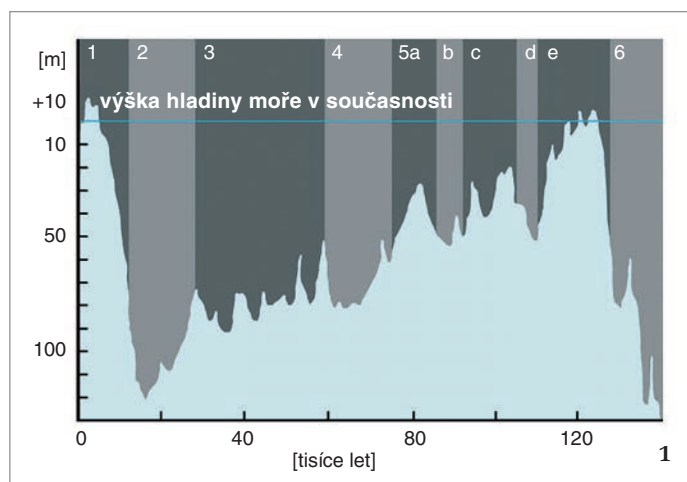
tenci dalších tří druhů člověka dokládají genetické nebo archeologické výzkumy zatím jen se zlomkovitými nálezy částí kostí nebo zubů některých z nich. V samotné Africe žili vedle AMČ také lidé, kteří se od jeho předka oddělili zhruba před 700 tisíci let, jak se zjistilo analýzou genetické diverzity současných afrických populací, v jejichž genomu byly identifikovány stopy mísení s těmito dosud enigmatickými homininy z doby před 35 tisíci let. Na území východní Eurasie byli pak rozšířeni tzv. denisovci (v češtině někdy nesprávně denisované), kteří jsou známi díky analýze archaické DNA (aDNA) několika kostí a zubů nalezených v Denisově jeskyni na Altaji (viz Živa 2014, 2: 53–56). Nelze vyloučit, že další archaická populace člověka

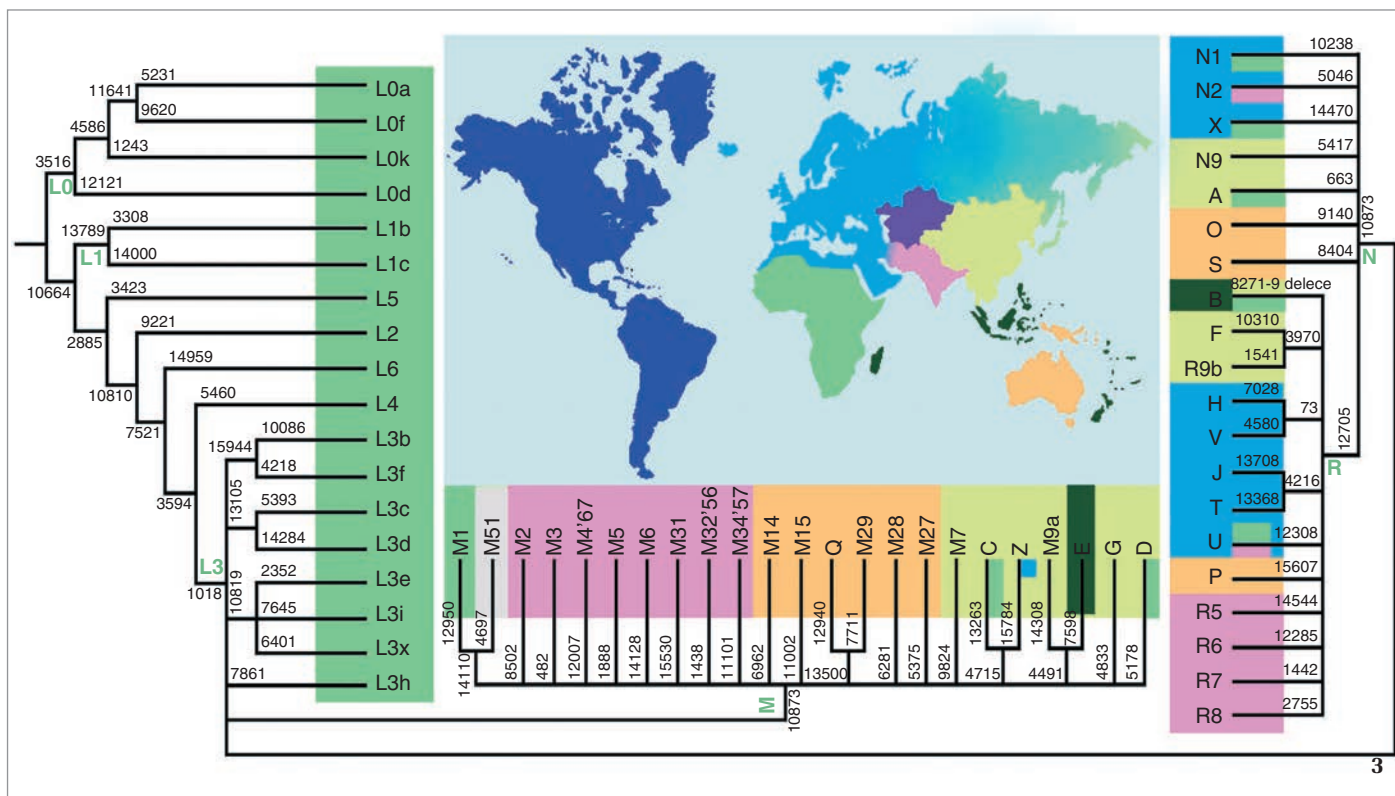
žila v jižní Asii, kde její existenci naznačují archeologické nálezy. Aby byl seznam homininů pozdního pleistocénu úplný, měli bychom zmínit ještě kosterní nálezy člověka trpasličího vzrůstu z ostrova Flores. Toho ovšem někteří badatelé považují za jedince postiženého mikrocefalií a nikoli za zvláštní druh homininů (např. Henneberg a kol. 2014; byť jiní nevyklučují možnost, že se vyvinul z časného zástupce *H. erectus* – např. Kubo a kol. 2013), i když na rozdíl od denisovců byl již formálně popsán jako druh *H. floresiensis*.

Nejstarší zástupce AMČ objevené na území Eurasie představují fosilie z izraelských lokalit Qafzeh a Skhul, datované do období posledního interglaciálu před 120–80 tisíci let. Tyto nálezy ukazují, že se AMČ sem mohl šířit přes severní Afriku, kterou ostatně jak známo osídlil ještě předtím. V poslední době se však objevila řada archeologických dokladů naznačujících, že se během posledního interglaciálu do Eurasie, konkrétně na Arabský poloostrov, začal AMČ šířit přímo z východní Afriky přes jižní část Rudého moře, pravděpodobně někde v místě úžiny Báb al-Mandab. Vyplývá to z výzkumů archeologických lokalit na nalezišti Džabal Faja ve Spojených arabských emirátech, jejichž nejstarší vrstvy byly datovány do období před 125 tisíci let. Tyto nálezy mají totiž docela zřetelné vazby na východní Afriku a nikoli Přední východ. Kromě nich byl rovněž nedávno v ománském Zufáru objeven tzv. núbijský kulturní komplex, dříve známý ze severovýchodní a východní Afriky rovněž z období před 120 tisíci let. Datování

1 Kolísání mořské hladiny během pozdního pleistocénu a holocénu. Čísla v horní části odpovídají mořským izotopovým stupňům (MIS), které odrážejí poměry izotopů kyslíku ($^{18}\text{O}/^{16}\text{O}$) zjištěné ve schránkách odumřelých mikroorganismů na dně moří – vypovídají o změnách teploty a tání ledovců, které ovlivňovaly výšku mořské hladiny. Je patrné, že dnešní hladina dosahuje zhruba úrovně před 120 tisíci let.

2 Model sériového efektu zakladatele. Diverzita dceřiných populací je ožehena o některé alely – znázorněné barevnými body – rodičovských populací. Blíže v textu. Orig. M. Chumchalová (obr. 1 a 2). Upraveno podle: N. A. Rosenberg a J. T. L. Kang (2015), s laskavým svolením Genetics Society of America





zulfárských nálezů z lokality Ajbút ukazují na stáří 106 tisíc let, tedy opět z období posledního interglaciálu.

Teplé a vlhké podnebí posledního interglaciálu minimálně na 60 tisíc let vystřídalo období chladnější a sušší. Vzhledem k celosvětovému ochlazení narostly na pólech ledovce a hladina moří klesla pod dnešní úroveň; během posledního maxima doby ledové před 20 tisíci let dokonce o více než 120 m (obr. 1). Následkem toho se vynořil kontinentální šelf, který podél jižní části Arabského poloostrova a především přímo v Perském zálivu vytvořil plochy nové pevniny. Perský záliv – mělkou vodní plochu hlubokou v průměru jen několik desítek metrů – tedy v době před 80–20 tisíci let nezaplavovala mořská hladina, ale vtékalo sem několik řek (Eufrat, Tigris, Kárun a Wádí Bátin), z nichž po zaplavení zálivu zhruba před 15 tisíci let zbyl pouze jejich horní tok v širším prostoru Mezopotámie. Tyto vodní toky se spojovaly v praereku zvanou Ur-Šatt, rozlévající se na dolním toku do velkého sladkovodního jezera. O Perském zálivu, který musel být pro tehdejší lovce-sběrače atraktivní nejen díky přítomnosti zvířete a rostlin, ale i kamenných surovin vhodných pro výrobu nástrojů, se nedávno začalo uvažovat jako o možném glaciálním refugiu, odkud se AMČ šířil do dalších oblastí Eurasie.

Genetická diverzita současných populací

Již výzkumy týmu slovného stanfordského genetika italského původu Luigiho Lucy Cavalli-Sforzy v 80.–90. letech 20. stol., založené na početné databázi alelických frekvencí klasických genetických markerů, ukázaly, že v rámci Asie nejvyšší podíl genetické variability (celkem 35,1 %) odpovídá poledníkovému gradientu. To bylo vysvětlováno rozdíly mezi kavkazskými populacemi na západě a asijskými na vý-

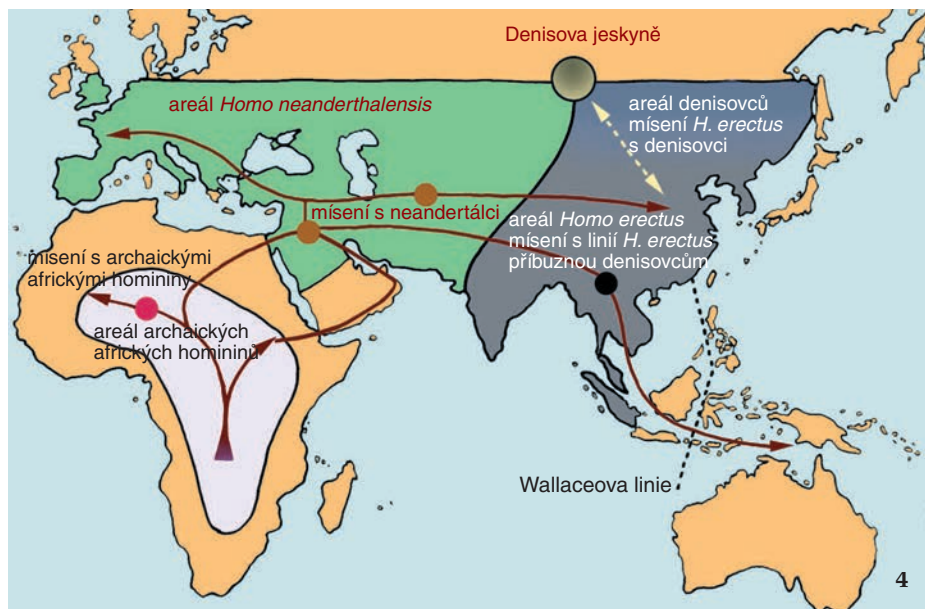
chodě Asie. Na tyto výsledky navázaly výzkumy polymorfismů DNA (viz Živa 2011, 6: 262–263) dokládající, že pokles genetické diverzity koreluje nejlépe se vzdáleností od východní Afriky. To je v podstatě důsledek tzv. sériového efektu zakladatele, jenž vznikl poté, co část africké (nebo přímo východoafrické) populace založila novou subpopulaci v jihozápadní Asii, pak novou subpopulaci v jižní Asii, její část další subpopulaci v jihovýchodní Asii atd. (obr. 2). Tímto způsobem se genetická diverzita AMČ (dlužno dodat, že mluvíme o selektivně neutrálních polymorfismech, které nejsou vystaveny přímému tlaku vnějšího prostředí) postupně snižovala. Není bez zajímavosti, že pokles genetické diverzity od východní Afriky směrem na východ byl pozorován také u některých lidských parazitů a komezálů, kteří opustili Afriku spolu s AMČ. Jako příklad bychom mohli uvést bakterii *Helicobacter pylori* (kolonizující žaludeční sliznici – jde o velmi rozšířenou infekci), jejíž genetická diverzita odpovídá vzdálenostní izolaci a se vzdáleností od východní Afriky podobně jako u lidí klesá.

Velká pozornost byla v posledních 30 letech věnována diverzitě uniparentálních genetických lokusů, tedy těch, které se dědí skrze jedno pohlaví – přes matky mitochondriální DNA (mtDNA), přes otce nerekombinantní část chromozomu Y (NRY). Tyto části našeho genomu nepodléhají crossing-overu (rekombinaci částí chromozomů při meiotickém dělení, i když v případě mtDNA to nelze zcela vyloučit), takže jejich variabilita narůstá jen novými mutacemi. Pomocí nejruznějších metod pak můžeme rekonstruovat poslední společného předka po ženské, resp. mužské linii a odhadnout kdy a kde žila „mitochondriální Eva“, resp. „Y chromozomový Adam“ (viz Živa 2015, 4: 153–154).

Genetické výzkumy uniparentálních lokusů u lidských populací shodně poukázaly na největší rozdíly mezi lidmi žijící-

mi v subsaharské Africe a menší rozdíly v rámci ostatních neafrických populací. Je to dáno tím, že ve starší populaci – za delší časovou jednotku – vzniklo mezi jedinci relativně více mutací. Důležitým místem ve fylogenetických stromech sestavených z jednotlivých sekvencí těchto lokusů je větev, z níž vycházejí neafrické sekvenční. V případě mtDNA jde o skupinu označenou L3, která dala zhruba před 70 tisíci let vzniknout 7 dalším podskupinám, z nichž pouze dvě, nesoucí označení M a N, založily (díky migraci AMČ) eurasijskou „populaci“ mitochondriální (obr. 3). Zvláštní pozornost byla věnována starší z obou sesterských linií, skupině N, jejíž molekularní stáří se odhaduje do období před 65–55 tisíci let. Ukázalo se, že největší nukleotidová diverzita hlavních větví této skupiny mitochondriální se nachází u populací žijících poblíž Arábie, tedy nedaleko od místa, kudy AMČ do Eurasie pronikal, a kde novou a nejstarší neafrickou populaci založil. Otázka, zda naši první eurasijské předkové překonali Rudé moře někde v úrovni Báb al-Mandab, nebo na severu v místě Sinajského poloostrova, není ale dosud zcela jednoznačně zodpovězena.

Je třeba poznamenat, že genetické stopy prvních kolonistů na Arabském poloostrově převrstvily pozdější migrace. To lze vidět nejen na úrovni mtDNA, ale i v genetické diverzitě jaderných polymorfismů současných arabských populací. Zjistilo se, že k takovým migracím docházelo především po ústupu posledního maxima doby ledové zhruba před 16 tisíci let, dále pak těsně před vznikem a šířením zemědělství před 13 tisíci let a v neposlední řadě docela nedávno před necelými 2 000 let zřejmě v souvislosti s obchodem otroky. K migracím docházelo ale už mnohem častěji mezi regiony jihozápadní Asie, méně často pak mezi Arábií a Afrikou. Ukazuje se tedy, že Arábie byla křižovatkou mnoha migračních cest, čemuž se s ohledem na



3 Prostorové rozložení jednotlivých větví fylogenetického stromu mitochondriální DNA (mtDNA) lidských populací. V rámci každé z větví jsou vyznačeny hlavní mutace, podle nichž mohou být tyto populace diagnostikovány. Upraveno podle: T. Kivisild (2015), s laskavým svolením autora

4 Cesta anatomicky moderního člověka (AMČ) ze subsaharské Afriky a mísení s archaickými homininy. Hnědě jsou označeny pravděpodobné trasy našich dávných předků z Afriky a kruhy značí pravděpodobná místa hybridizace. S neandertálci (*Homo neanderthalensis*) se AMČ míšil sice na Předním východě, pozdějšími migracemi však byla tato příměs zanesena nejen po celé Arábii, ale v menší míře zpětně i do Afriky. Upraveno podle: R. Veeramah a M. Hammer (2014). Orig. M. Chumchalová

její polohu mezi důležitými civilizačními centry ani nelze divit. Jen z arabského starověku, který máme dnes alespoň v hrubých rysech prozkoumaný, vysvítá význam karavenních království, která obchodovala s aromatickými pryskyřicemi (kadidlo a myrha) a dalším zbožím dováženým z Indie a Afriky, jež se právě v jihoarabských přístavech překládalo na karavany a rozvázelo po mnoha místech Předního východu.

Relativně méně byla pozdějšími migracemi zasažena jižní Asie. Podle genetické diverzity mtDNA indických populací se dalo vypočítat, že jejich zakladatelé jsou v podstatě stejně staří jako zakladatelé arabských populací. Podél pobřeží Indického oceánu tedy musela přibližně před 60 tisíci let proběhnout poměrně rychlá migrace, která se zastavila, jak uvidíme, vlastně až na Nové Guineji a v Austrálii. Výzkum jaderných polymorfismů jihoasijských populací naznačil, že se zakladatelská populace v dosud ne zcela určené době rozdělila na severní a jižní skupinu, přičemž od té jižní se krátce poté oddělila část, která dala základ populaci Andamanských ostrovů. Zdá se, že uvedené populační skupiny žily v podstatě dlouhou dobu izolovaně a teprve před 2–4 tisíci let

se začaly částečně mísit. V Indii tyto genetické rozdíly dnes docela dobře reflektují jazykovou příslušnost – jazyky indoevropské na severu, drávidské na jihu, andamanské na Andamanských ostrovech. Pro úplnost dodejme, že na severovýchodě Indie dnes žijí ještě lidé hovořící jazyky austroasijskými, jejichž předkové sem pronikli až později z východní a jihovýchodní Asie; mimořádně analýzou genetické diverzity uniparentálních lokusů (mtDNA a NRY) bylo zjištěno, že se na této migraci podíleli především muži, kteří si brali místní indické dívky.

Rychlá migrace AMČ podél Indického oceánu poměrně brzy překročila Wallaceovu linii, kde se AMČ setkal s australskou faunou a flórou (blíže viz Živa 2014, 1: 19–22). Archeologické doklady ukazují, že do této části světa pronikl před více než 50 tisíci let, s čímž v podstatě souvisí i genetické rozdíly mtDNA a NRY mezi melanéskými populacemi (Austrálci, Papuané a Melanéšané v jihozápadním Tichomoří) na straně jedné a populacemi Starého světa na straně druhé. Genetická struktura jaderných polymorfismů ukazuje, že podobně jako jižní a severní Indie také Austrálie a Nová Guinea byly na dlouhou dobu izolovány, takže vývoj zakladatelských populací těchto regionů probíhal v podstatě do doby před 4 000 let nezávisle. Teprve poté byla Austrálie kontaktována lidmi z Indie a Nová Guinea austronéskou migrací pocházející z Tchaj-wanu nebo jižní Číny. Austronéská migrace patří mimořádně k nejpozoruhodnějším expanzím, již AMČ osídlil nejen tisíce kilometrů vzdálené ostrovy v Tichomoří, ale pronikl i podél Indického oceánu směrem na západ až na Madagaskar. Není bez zajímavosti, že dnešní Polynésané mají vlastní dvojí původ – analýzami uniparentálních lokusů se zjistilo, že více NRY zdědili od Melanéšanů a naopak více mtDNA od populací asijských.

Byla-li pro čtenáře rychlost kolonizace podél břehů Indického oceánu před 60 až 50 tisíci let a austronéská expanze v Tichomoří před 4–2 tisíci let udivující, musí být kolonizace Ameriky přímo šokem. Podle všech dostupných údajů pronikl AMČ z východní Sibíře přes Beringii, spojující asijskou

skou a americkou pevninu před zatopením vodami Tichého oceánu, do Nového světa před necelými 16 tisíci let a během zhruba jednoho tisíciletí urazil více než 14 tisíc km! To je vzdálenost od pobřeží Aljašky vzdušnou čarou k lokalitě Monte Verde v jižním Chile, kde byly nalezeny kulturní vrstvy staré 14,5 tisíce let. Novější datování posouvají tuto hranici dokonce na 18 tisíc let, což by ale znamenalo, že je třeba přehodnotit dosavadní datování nejstarších severoamerických nálezů, nebo že Jižní Amerika byla kolonizována z jižního Tichomoří. Tato cesta je však dost těžko představitelná, neboť jak víme, Polynésie byla osídlena až mnohem později. Šlo tedy o ještě starší migraci, o které nemáme prozatím žádné doklady? Pokud nebereme v potaz 11,5 tisíce let starou lebku pokřtěnou Luzia Woman z Brazílie, jejíž rysy ukazují podle některých badatelů na podobnost s melanéskými populacemi, ocitáme se již na půdě spekulací. Na základě současných genetických výsledků musíme konstatovat, že dnešní populace amerických indiánů je výsledkem mísení tří zakladatelských populací z východní Asie a že v Severní Americe demograficky expandovaly na úkor lovené populace bizonů. Extrémní sever Ameriky včetně Grónska zasáhly dvě migrační vlny – první před 4,5 tisíci let a druhá před 1 000 let, přičemž dnešní Inuité jsou potomky až té druhé.

Osídlení Evropy AMČ byla na stránkách Živy věnována již značná pozornost (např. 2011, 6: 262–263; 2013, 1: 5–6; 2016, 1: 2–3), proto zde jen v hrubých rysech připomeňme, že náš kontinent zasáhla řada migrací z Asie i Afriky, které zakladatelskou populaci mladého paleolitu do značné míry pozměnily. Dosah těchto migrací byl ale více či méně omezený, a tak genetická struktura současných evropských populací docela dobře odpovídá geografické poloze; jinými slovy genetické vzdálenosti mezi Evropany korelují velmi dobře se vzdálenostmi geografickými. Záleží samozřejmě na tom, jak kvalitní genetická data máme k dispozici, nicméně za použití zhruba 0,5 milionu jednonukleotidových polymorfismů (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) lze 50 % Evropanů lokalizovat do okruhu 310 km a 90 % do okruhu 700 km od jejich místa narození. Výsledky také ukazují, že jazyková příslušnost souvisí s našimi geny rozhodně méně. Např. často citovaní Baskové hovořící zcela nezařaditelným a izolovaným jazykem, kteří byli dříve považováni za potomky původních lovců-sběračů, se od svých sousedů geneticky zase tak moc neliší.

Genetická diverzita archaických populací

Jak bylo uvedeno už na začátku tohoto příspěvku, AMČ nebyl jediným druhem hominina, který v době pozdního pleistocénu žil na Zemi. V subsaharské Africe, místě svého vzniku, se podle genetických výzkumů míšil s dosud neznámým druhem archaického člověka, jehož kosterní pozůstatky zatím nebyly přesně identifikovány, byť se uvažuje o poněkud zvláštní lebce z nigerijského Iwo Eleru a několika dalších fosiliích z Konga jakožto možných zástupců těchto hominínů.

Co ale notoricky známí neandertálci, s těmi se přece musel AMČ při expanzi do Eurasie potkat, mísil se s nimi? Dřívější výzkumy sice naznačovaly, že některé alely jsme mohli zdědit právě po neandertálcích, ale dostalo se jim minimální pozornosti. Mnohem větší důležitost byla připsána až první studii neandertálského genomu (tehdy ještě draft čtyř miliard nukleotidů složený ze tří koster), který byl porovnán s pěti genomy současných lidí (Green a kol. 2010). Analýza sdílení alel napověděla, že k mísení, či snad lépe řečeno hybridizaci, obou populací stojících patrně na samé hranici reprodukčních bariér skutečně asi proběhlo, byť šlo o relativně nevýznamnou a krátkodobou záležitost, která se v genomu současných lidí odrazila zhruba jen 1–3 % neandertálské DNA. Z logiky věci vyplývá, že lidé žijící krátce po této hybridizaci museli mít ve svých genomech poměrně delší úseky neandertálské DNA, neboť v dalších generacích docházelo přirozeně vlivem rekombinace k jejich rozpadu. Studium délky těchto úseků u dosud nejstarší, asi 45 tisíc let staré fosilie AMČ z Ust-Išim na Sibiři ukázalo, že ke spojení obou homininů došlo přibližně před 52–58 tisíci let. Je zajímavé, že ve srovnání s Evropany nesou Asiaté relativně větší neandertálský příspěvek. Podle všeho tedy k mísení s neandertálci došlo dvakrát – poprvé po oddělení eurasijských, ale ještě před divergencí západoeurasijských populací AMČ na území Předního východu, a podruhé s předky východoasijských populací patrně někde ve Střední Asii.

Kromě neandertálců se AMČ na své cestě Asii setkal s dalšími archaickými homininy, konkrétně denisovci. Ukázalo se, že jejich jaderný genom se od AMČ liší stejně jako od genomu neandertálců – jinými slovy, že denisovci byli vlastně sesterskou skupinou neandertálců. K přesnějšímu časovému ukotvení, byť prozatím jen v úrovni mtDNA, stáří posledního společného předka AMČ, neandertálců a denisovců napomohla analýza DNA izolované z kostí středopleistocenních homininů starých přibližně 430 tisíc let ze španělského naleziště Sima de los Huesos. K divergenci neandertálců a denisovců došlo tedy nejspíše před 381–473 tisíci let, přičemž jejich společný předek se od linie vedoucí k AMČ oddělil zhruba před 550 až 765 tisíci let. Asi nejzajímavějším výsledkem genetického výzkumu denisovců bylo, že i tito lidé přispěli do genomu AMČ. K hybridizaci, která v našem současném genomu zanechala zhruba 4–6 % denisovské DNA, došlo ale později až v jihovýchodní Asii – jednoznačně nejvyšší podíl denisovských alel byl zjištěn u dnešních Australců a Papuánců.

Výše uvedená pozorování se dají vysvětlit tak, že se AMČ vydal východním směrem ve dvou migračních vlnách – během první se již smíšený s neandertálci setkal někde na území jihovýchodní Asie s blíže neurčenou populací homininů blízkou denisovcům (snad skupina člověka vzpřímeného – *H. erectus*), od níž získal denisovské alely, a s těmi překročil Wallaceovu linii. Pozdější migrace AMČ vycházející rovněž z Předního východu získala další příměs od neandertálců ve Střední Asii,



5 Kromaňonský lovec (člověk moudrý – *Homo sapiens*), Předmostí III. Orig. P. Modlitba

6 Výroba sošek (*H. sapiens*). Orig. P. Modlitba, z knihy J. Maliny Mluvící prahrnec a jiné prapříběhy (Akademické nakladatelství CERM, Brno 2012)

ale záhadnou, denisovcům příbuznou populaci v jihovýchodní Asii již nezastihla, nebo jen velmi omezeně (obr. 4). Do takového scénáře ve své podstatě zapadá i nedávný nález více než 80 tisíc let starých zubů AMČ v jižní Číně. Naznačuje dokonce, že první migrace mohla být starší, než by se zdálo podle molekulárního datování. Otázkou je, zda se u těchto nálezů (pokud

v nich bude DNA zachovaná) zjistí neandertálská, případně denisovská příměs. Pokud ne, šlo by o jedince reprezentujícího ještě starší vlnu migrace AMČ, která se s neandertálci nasetkala.

Expanze mimo Afriku znamenala pro AMČ pobyt v novém prostředí, na které se musel přizpůsobit. Mísením s neandertálci však získal některé vhodné alely, např. v genech řídících tvorbu keratinových filamentů v kůži, vlasech a nehtech, některé schopnosti imunologické reakce ad. Ale každá mince má dvě strany, a tak od nich zdědil také náchylnost k některým chorobám, jako je cukrovka 2. typu, lupus erythematosus nebo Crohnova nemoc.

Tito moderní lidé expandovali po světě nevídanou měrou, přispěli k vyhubení velkých zvířat a pronikli i do těch pro život nejméně vhodných oblastí. Např. genetickou adaptací na život ve velké nadmořské výšce, kde hrozí hypoxie (zhruba nad 4 000 m n. m. je ve vzduchu přibližně 40 % kyslíku ve srovnání s oblastmi u moře), řešily jednotlivé populace různým způsobem. O to překvapivější je zjištění, že Tibeťané zdědili některé alely umožňující fyzickou aktivitu vysoko nad úrovní moře od denisovců.

Ať už genetickými, nebo jen kulturními adaptacemi anatomicky moderní člověk během poměrně krátké doby osídlil prakticky všechny světové regiony a stal se živočichem s patrně nejširší ekologickou valencí. Otázkou zůstává, zda v jeho nesporném úspěchu při dobývání světa (a později možná i vesmíru), neklíčící semínko sebezničení vlivem nešetrného využívání přírodních zdrojů a tvorby skleníkových plynů přispívajících k destabilizaci klimatu, na němž byla naše populace vždy závislá.

Seznam použité a doporučené literatury najdete na webových stránkách Živy.

