



Popularizace vědy / Popularization of Science

Globetrekker – nový nástroj ke studiu lidské fylogeografie

Vít Erban

Katedra filosofie a religionistiky, Teologická fakulta Jihočeské univerzity v Českých Budějovicích, Kněžská 8, 370 01 Česká Budějovice, e-mail: erban@jcu.cz

GLOBETREKKER – A NEW TOOL FOR THE STUDY OF HUMAN PHYLOGEOGRAPHY

ABSTRACT In 2023, the private American genetic genealogy company Family Tree DNA, after developing a methodology to calculate the age of Y-DNA mutations and estimate the time to the most recent common ancestor of different paternal lineages (TMRCA), released a phylogeographic tool called Globetrekker, which allows tracing likely paternal ancestral migration routes from prehistory (more than 200,000 years ago) to the present. The program features an interactive user interface and an interdisciplinary methodology that incorporates findings from genetic genealogy, archaeogenetics, anthropology, environmental history and climatology, and is constantly being updated and refined as Y-DNA samples are added. This paper introduces this program in the current context of genetic genealogy, presents its basic features, introduces the methodology of its algorithm, and reviews its options and limits. It considers this tool as an example of beneficial collaboration between the larger and expert community and highlights its potential for popularizing science.

KEY WORDS genetic genealogy; Y-DNA testing; anthropology; archaeogenetics; phylogeography; migration

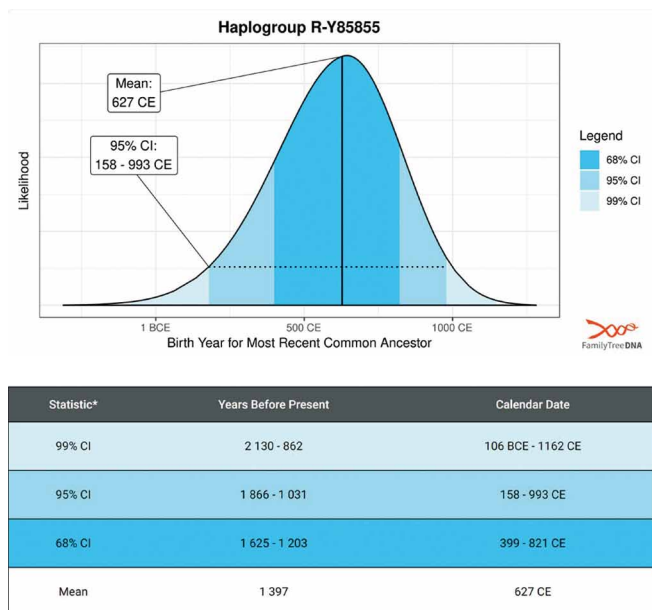
ABSTRAKT V roce 2023 soukromá americká genetickogenealogická společnost Family Tree DNA, poté, co vypracovala metodiku výpočtu stáří Y-DNA mutací a odhad času k poslednímu společnému předkovi různých otcovských linií (TMRCA), spustila fylogeografický nástroj zvaný Globetrekker, který umožňuje sledovat pravděpodobné migrační trasy otcovských předků od prehistorie (cca více než 200 tisíc let) až do současnosti. Tento program se vyznačuje interaktivním uživatelským prostředím a interdisciplinární metodikou, jež zahrnuje poznatky z genetické genealogie, archeogenetiky, antropologie, environmentální historie a klimatologie, a stále se s přibývajícími Y-DNA vzorky aktualizuje a zpřesňuje. Článek uvádí tento program do současného kontextu genetické genealogie, představuje jeho základní funkce, přibližuje metodiku jeho algoritmu a zhodnocuje jeho možnosti a omezení. Pokládá jej za příklad oboustranně prospěšné spolupráce mezi širší a odbornou veřejností a zdůrazňuje jeho potenciál pro popularizaci vědy.

KLÍČOVÁ SLOVA genetická genealogie; Y-DNA testování; antropologie; archeogenetika; fylogeografie; migrace

NÁSTROJ GLOBETREKKER V KONTEXTU TESTOVÁNÍ DNA

Hlavním cílem genetické genealogie, ale též populační genetiky a archeogenetiky, je odpověď na otázku, kterou genetik David Reich vetkl přímo do názvu své knihy *Who We Are and How We Got Here* (2019), jež jako první shrnula možnosti současné „genomové revoluce“ ve studiu lidské minulosti. Spolu s analýzou celého genomu (WGS), která v současnosti převládá, si i nadále udržuje svůj potenciál i analýza chromo-

zomu Y, který tím, že v jednotlivých generacích nerekombinuje, ale předává se v nepřetržité linii z otce na syna a postupně hromadí více či méně pravidelné mutace, poskytuje průhled do původu a šíření jednotlivých, stále se větvících (ale také vymírajících) mužských linií po tisíce generací za posledních více než 200 tisíc let. Tento potenciál chromozomu Y byl rozpoznán už v 80. letech 20. století, v rámci tzv. Genografického projektu (2005–2019) zkušebně aplikován a dále byl rozvíjen až k současným možnostem (srov. Manco 2018; Erban 2022; Estes 2024, 24–96; Vance 2024).



Obr. 1a, b. Pravděpodobnostní graf výpočtu doby nejmladšího společného předka (TMRCA) dosud testovaných nositelů Y-DNA haploskupiny (mutace) R-Y85855. Hodnota CI (konfidenční interval) označuje míru spolehlivosti daného časového rozmezí, Mean stanovuje střední hodnotu. (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/Scientific Details/Age Estimate, online)

Zatímco WGS analýza se pro účely archeogenetiky a populační genetiky rozvíjí v několika špičkových laboratořích, analýzu chromozomu Y poskytuje pro účely genetické genealogie řada soukromých společností.¹ Většina z nejznámějších (např. MyHeritage, 23andMe, Living DNA, AncestryDNA) se specializuje na komerčně nejžádanější testy autozomální DNA, byť u některých z nich je zahrnuto i určení základní Y-DNA haploskupiny. V oblasti testování Y-DNA patří k lídrům Family Tree DNA (dále FTDNA), jež na základě NGS (Next-Generation Sequencing) technologie a analýzy STR markerů vytváří nejen nejrozsáhlejší a veřejně přístupný fylogenetický strom Y-DNA linií, který k datu dokončení článku čítá přes 87 tisíc větví, 752 tisíc identifikovaných SNP mutací na základě více než 667 tisíc vzorků (Y-DNA Haplotree, online), ale spolu s vlastní detailnější analýzou archeogenetických vzorků Y-DNA publikovaných v odborných časopisech (v současnosti přes 6 tisíc vzorků v databázi) spustila v roce 2022 i metodiku pro výpočet stáří jednotlivých SNP mutací (FamilyTreeDNA Discover/Scientific Details/Age Estimate, online) (obr. 1a, b). K mapování pravděpodobného pohybu Y-DNA linií v čase a prostoru dosud sloužil nástroj SNP Tracker (online) a PhyloGeographer (online). V roce 2023 FTDNA spustila zkušební verzi propracovanějšího fylogeografického nástroje Globetrekker (FamilyTreeDNA Discover/Globetrekker, online). Tím je otázka „kdy“ doplněna o otázku „kde (kudy) a jak“

1 Y-DNA analýza je spolu s X-DNA a mtDNA součástí WGS analýzy, zpravidla však není příliš podrobná a neidentifikuje nové, dosud neznámé mutační linie. Některé z těchto společností dokáží výsledky zpřesnit a propojením se současnými vzorky integrovat do společného Y-DNA fylogenetického stromu.

(Runfeldt 2023, online). To, že je nástroj dostupný pouze zákazníkům, kteří si nechali provést nejpodrobnější Y-DNA test zvaný Big Y-700, je ze strany FTDNA obchodní strategie, jež má motivovat další zákazníky k podrobnějšímu testování², na druhou stranu má logiku v tom, že právě díky nim mohl tento nástroj vzniknout a jen na základě nových vzorků se může nadále aktualizovat a zpřesňovat.

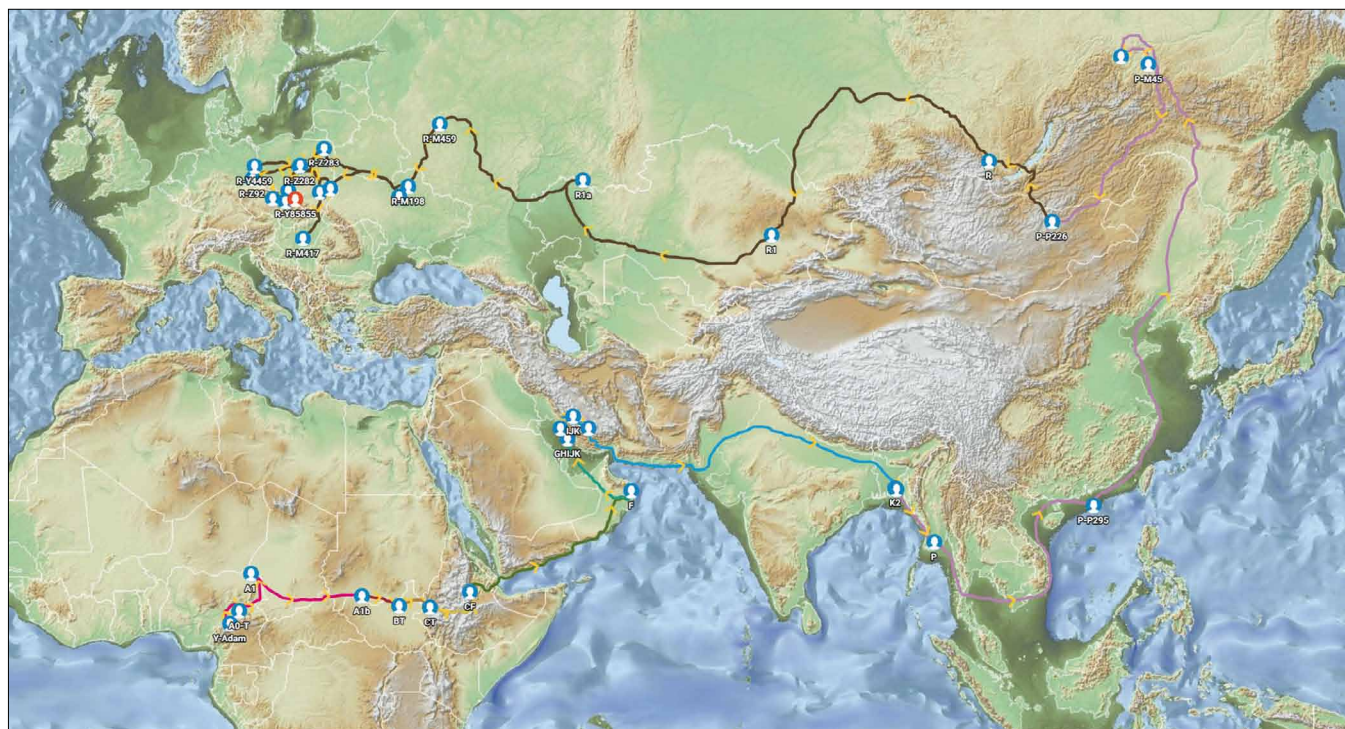
Společnost FTDNA představila nástroj Globetrekker na svém webu ve třech článcích, z nichž první představuje základní možnosti použití a nastavení interaktivních funkcí (Runfeldt 2023, online), druhý vysvětluje metodiku použitého algoritmu (Maier 2023, online) a třetí se věnuje několika případům pre/historických migrací, jež tento nástroj nejen zachycuje, ale také doplňuje o nová zjištění (Vilar 2023, online). Pokusme se tento nový fylogeografický nástroj, využitelný pro řadu oborů, představit a zhodnotit možnosti a meze jeho metodiky (srov. Estes 2023, online; Estes 2024, 73-75, Vance 2024).³ Jeho funkce si ukážeme na příkladu Y-DNA linie zakladatele genetiky Gregora Mendela, jež byla díky spolupráci české Společnosti pro genetickou genealogii (online) s FTDNA nedávno určena jako R-Y85855 (FamilyTreeDNA Discover/Notable Connections, online).

ZÁKLADNÍ FUNKCE A MOŽNOSTI ZOBRAZENÍ

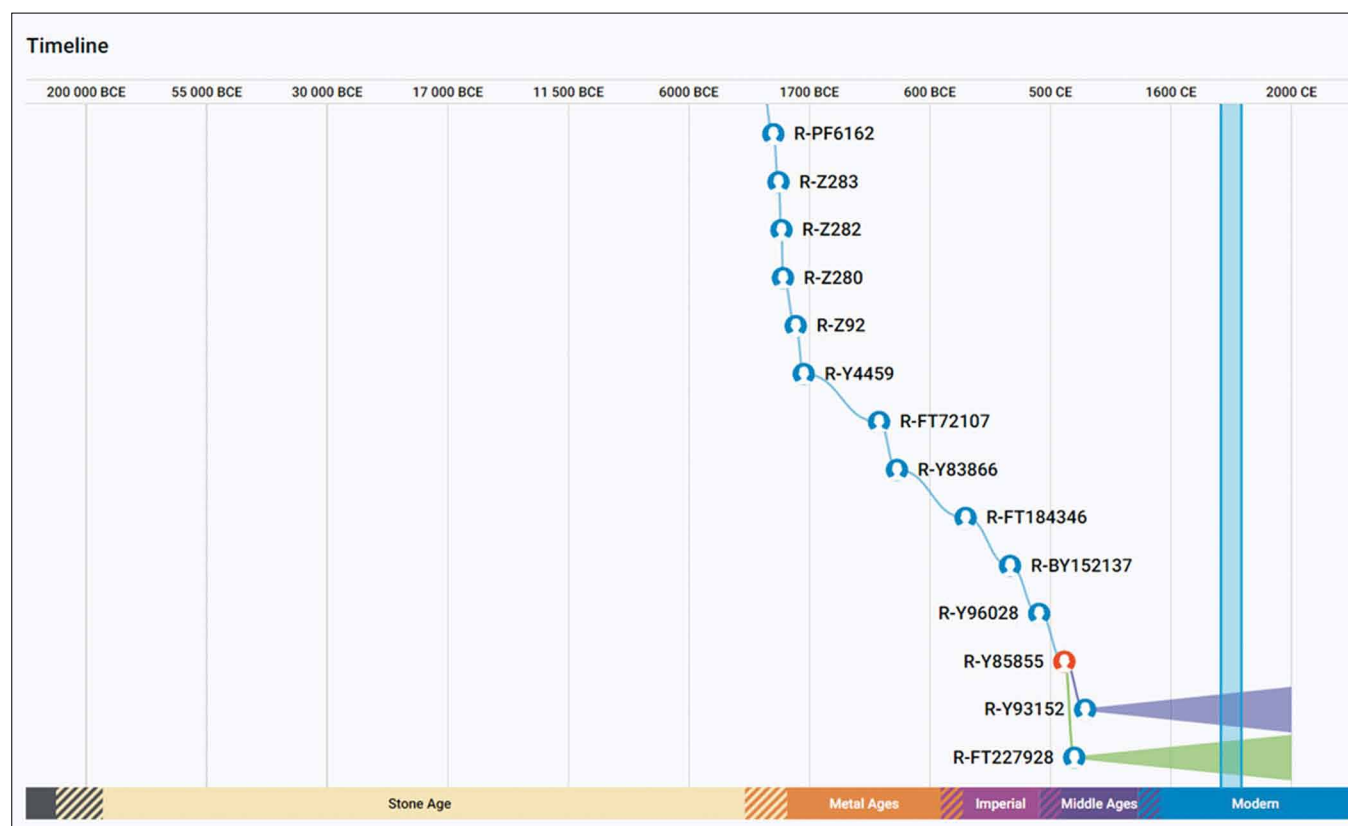
Globetrekker vychází z výše zmíněného fylogenetického stromu Y-DNA Haplotree (online) a k současnosti zobrazuje zhruba 50 tisíc odhadnutých migračních tras, jež se větví od Y-DNA haploskupiny A-PR2921 před více než 200 tisíci lety (tzv. chromozomální Adam) až po současnost, přesněji řečeno až po dobu poslední dosud zjištěné a pojmenované mutace chromozomu Y dané linie (Runfeldt 2023, online). Odhad migrační trasy lze přehrát i pomocí animace. S ní se pod mapou souběžně odvíjí i časová osa vzniku jednotlivých mutací (Timeline) pro snazší orientaci a navigaci. Trasa každé z hlavních haploskupin, jež se od sebe postupně oddělují a větví, je v mapě odlišena barevně, zjištěné mutace se pod svým označením objevují na místě předpokládaného vzniku (obr. 2a, b). Statická i animovaná

2 Naopak řada funkcí, jež FTDNA nabízí (Y-DNA Haplotree, mtDNA Haplotree a FamilyTreeDNA Discover), je volně přístupná. Globetrekker je součástí nástroje Discover, přístupný je však pouze testovaným na Big Y-700. Ve veřejném režimu (Public View) je zde k nahlédnutí demo verze.

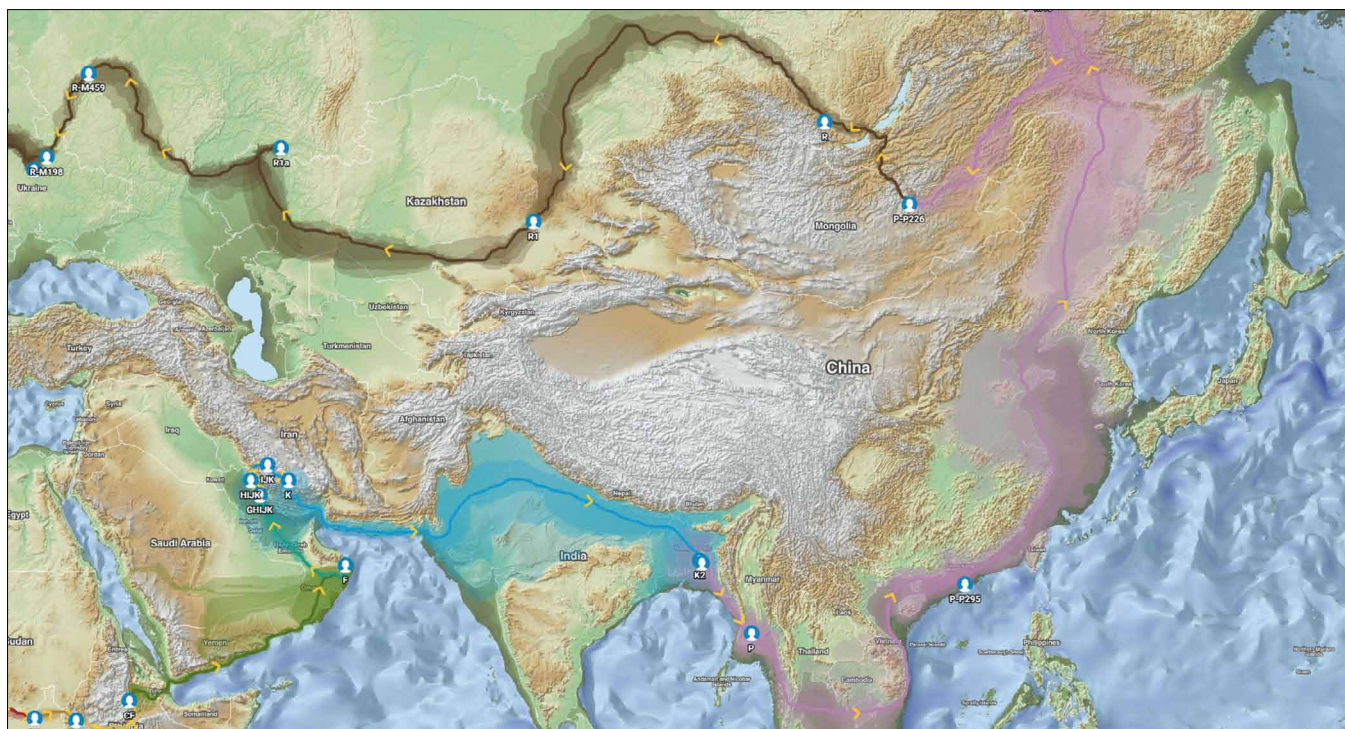
3 Na možnou námitku, proč představovat výzkumný nástroj, jenž je dostupný pouze zákazníkům a uživatelům služeb jedné konkrétní firmy, lze odpovědět, že v oblasti genetické genealogie a příbuzných oborů jde výzkum kupředu nejen díky vědeckým institucím financovaným z veřejných zdrojů, ale také některým komerčním společnostem, jež rozvíjejí a zdokonalují svoji technologii a metodologii na tržním základě. Některé z nich s vědeckou sférou spolupracují a jejich specialisté publikují v odborných časopisech nebo se na těchto článcích podílejí jako spoluautoři. Autor tohoto článku tedy chce využít možnosti, že má k tomuto nástroji jako zákazník a uživatel FTDNA přístup a může jej zhodnotit pro širší (laickou i odbornou) veřejnost. Současně prohlašuje, že z toho pro něj neplynou žádné finanční nebo jakékoli jiné výhody.



Obr. 2a. Odhad celkové migrační trasy Y-DNA linie R-Y85855 od „chromozomálního Adama“ před více než 200 tisíci lety po rok 1800. Terminální, tj. nejmladší zjištěná mutace (R-Y85855) je označena oranžově. (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/Globetrekker, online)



Obr. 2b. Posloupnost jednotlivých mutací k mutaci R-Y85855 v dynamické tabulce (Timeline) od cca 3000 BCE do roku 1800 CE (pro starší období lze rolovat nazpět). Pod terminální mutací jsou dvě následující (R-Y93152 a R-FT227928), jež se od ní oddělily po roce 500 CE. Barevné trojúhelníky odpovídají barvám šíření těchto descendentních linií v mapě (srov. obr. 5) (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/Globetrekker, online)



Obr. 3. Detail migrační mapy trasy R-Y8585 s vyznačením nejprůchodnějších koridorů. (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/Globetrekker, online)

mapa je interaktivní a umožňuje zpomalování, zastavování, přibližování, přeskokování, posouvání a zobrazování dalších informací. Na mapě je kromě odhadu migrační trasy zobrazená topografie, takže se s rýsující se trasou souběžně mění i rozsah zalednění v dané době spolu s vyznačením (prozatím pouze statickým) nejnižší hladiny moře a dříve odkrytou pevninou (Beringie, Doggerland, Sundaland, Sahul). V nastavení lze měnit i možnosti zobrazení, jako například:

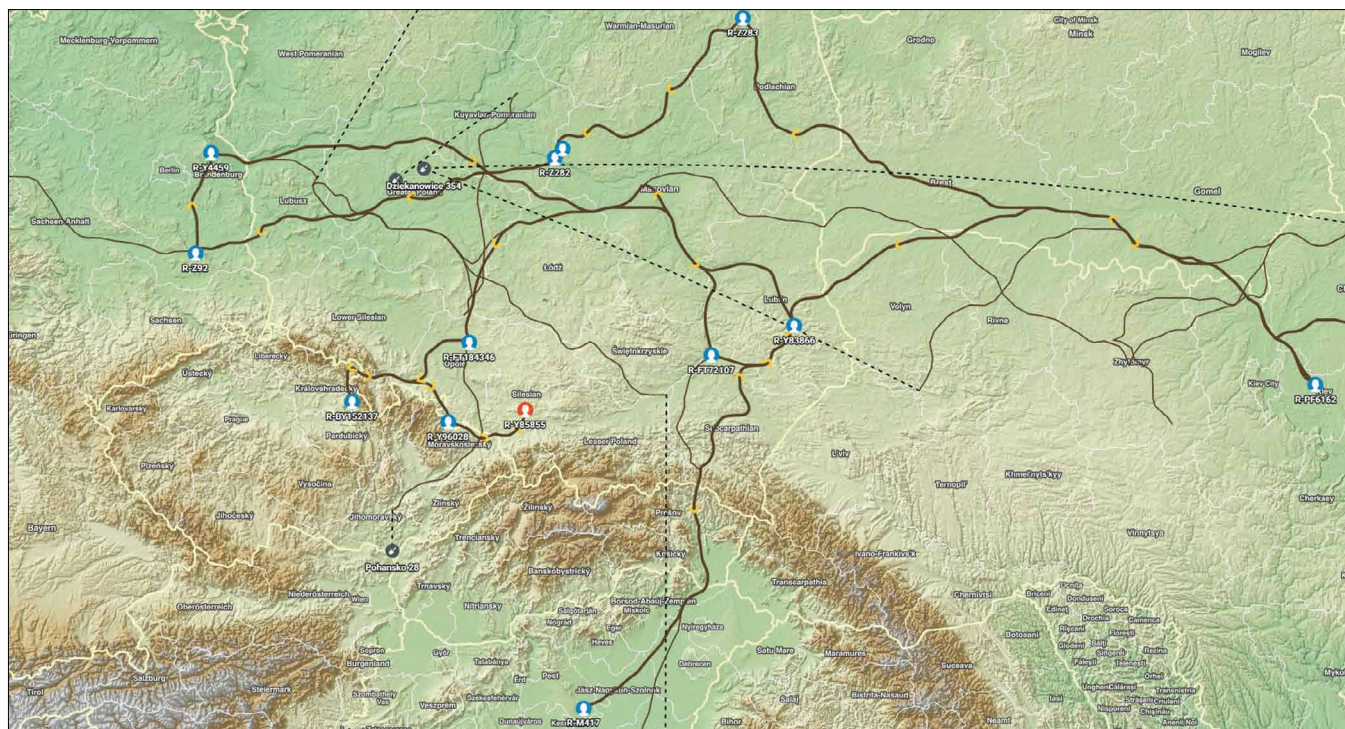
- Nejpravděpodobnější migrační koridor, tj. linka migrační trasy je rozšířena o barevné zobrazení nejprůchodnějšího krajinného koridoru v dané době (obr. 3);
- Zjednodušená a schematická přímá trasa bez ohledu na topografii a koridory;
- Paralelní trasy „sourozeneckých“ linií, tj. těch, které se od určitého „uzlu“ dané linie oddělily s odlišnou mutací (obr. 4);
- Geografické rozšíření descendentních linií, tj. všech následujících mutací dané linie (obr. 5);
- Lokalizace nejstaršího známého, tj. v písemných zápisech dohledatelného předka, jak si jej sám uživatel nastavil ve svém účtu;
- Lokalizace starých Y-DNA vzorků z archeologických nalezišť, jež mají k dané linii geneticky a časově nejblíže (obr. 4);
- Širší pravděpodobnostní lokalizace vzniku určité mutace (Hotspot) podle lokalit nejstarších známých předků všech současných nositelů, tj. bod je rozšířen do širšího pole (obr. 6).

METODIKA ALGORITMU

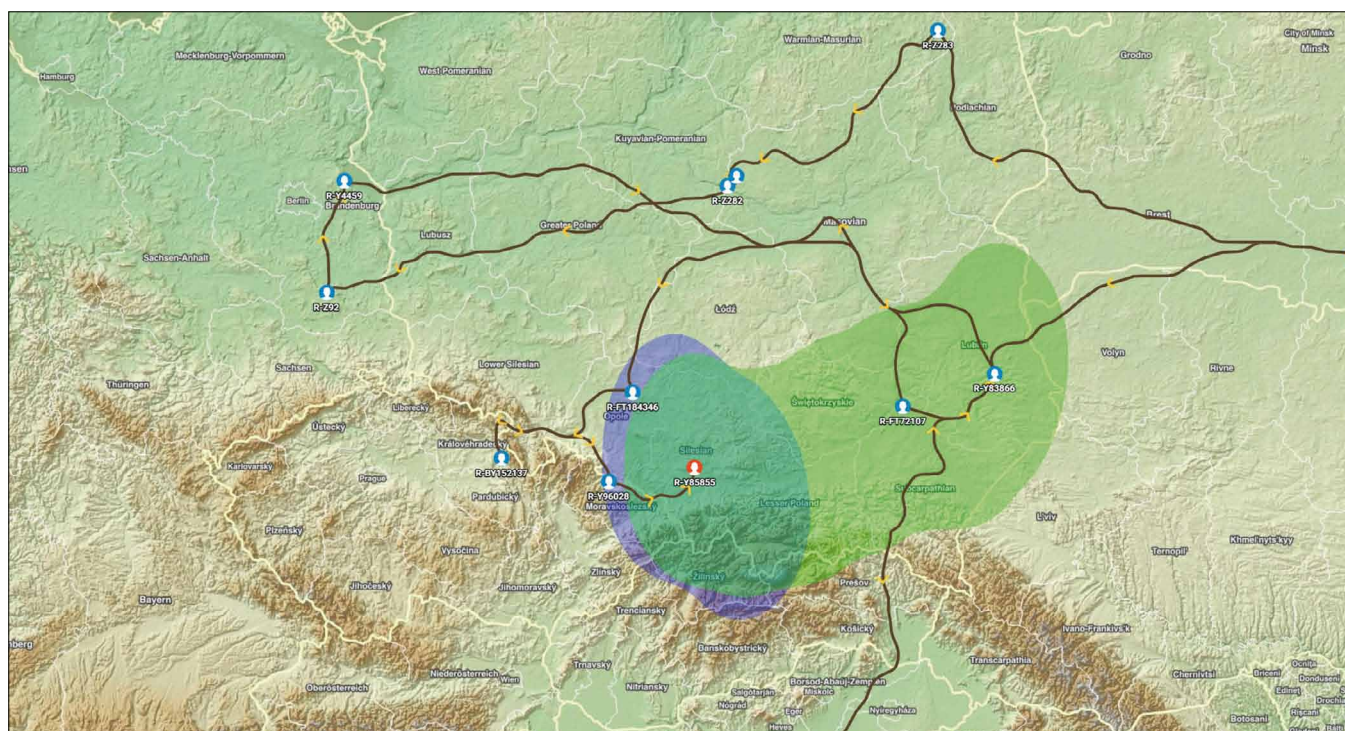
Podívejme se metodiku, podle které algoritmus generuje a s přibývajícím daty stále aktualizuje odhad migrační trasy (Maier 2023, online)⁴. Především je třeba zdůraznit, že ačkoli využívá publikované studie z oblasti populační genetiky a archeogenetiky spolu s poznatky z oblasti klimatických a environmentálních dějin, je primárně závislý na informacích, jež o svém nejstarším známém předkovi poskytlí sami uživatelé. V tom spočívá jistá slabina, kterou algoritmus nicméně dokáže korigovat kontrolou konzistence a spolehlivosti zadaných údajů.

Jak už bylo zmíněno, algoritmus zohledňuje topografii, jako je vývoj posledního pleistocenního zalednění, kolísání hladin moře a postupné zaplavování někdejší pevniny, dále nejprůchodnější krajinné koridory (podle strmosti svahu při překonávání nadmořských výšek), v případě pobřežních cest (tj. do vzdálenosti cca 200 km od pevniny) vzdálenost od tehdejšího pobřeží, při plavbách na otevřeném moři (či přes oceán) směr a sílu mořských a oceánských proudů. Algoritmus pro výpočet migrační trasy je tedy kromě lokalizace současných i starých vzorků nastaven podle „cesty nejmenšího odporu“. Odhad míst vzniku průběžných Y-DNA mutací a jejich umístění do mapy, jež v propojení souvislou linkou dává odhad migrační trasy, se řídí několika statistickými pravidly. Asi 100

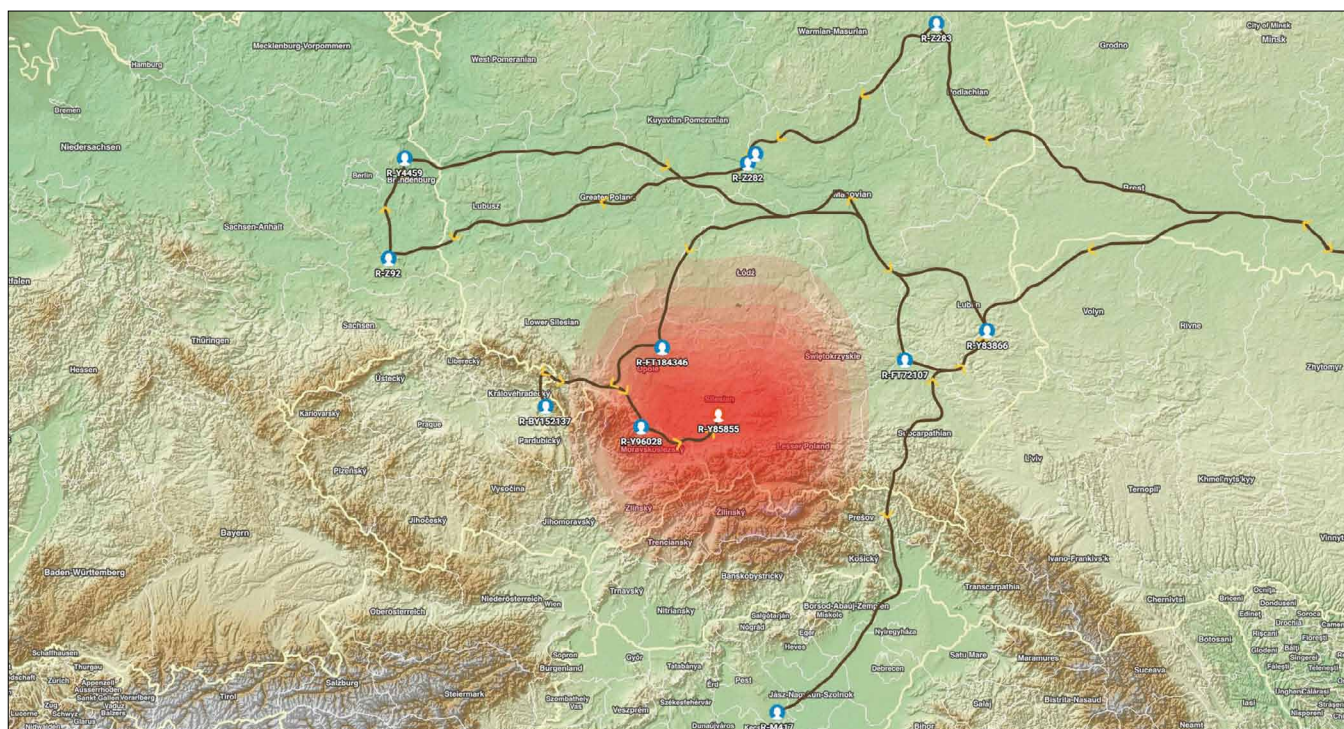
4 Zde nastíníme jen klíčové a nejzajímavější body. Případný zájemce najde v odkazovaném článku podrobnější a názornější výklad s pomocí map, grafů a diagramů.



Obr. 4. Detail migrační trasy R-Y8585 cca k roku 1000 se zobrazením sourozeneckých linií (tenčí linie) a starých vzorků (přerušované linie s ikonou lopatky). Po kliknutí na vybranou ikonu se zobrazí bližší informace o nálezu (území, lokalita, období, datace, archeologická kulturní skupina) a upřesnění, kdy a s jakou sourozeneckou linií došlo k oddělení. Např. vzorek Pohansko 28 (700-900 CE) patří do sourozenecké linie R-FT360107, která se oddělila ze starší společné mutace R-FT184346 kolem roku 250 BCE. (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/Globetrekker, online)



Obr. 5. Detail migrační trasy R-Y8585 se zobrazením rozšíření descendentních linií (R-Y93152 a R-FT227928) do roku 2000. (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/Globetrekker, online)



Obr. 6. Detail migrační trasy R-Y8585 se zobrazením širší pravděpodobnostní lokalizace vzniku dané mutace, tzv. Hotspot. (Zdroj: FamilyTreeDNA Discover/ Globetrekker, online)

nejstarších mutací je do mapy nastaveno manuálně na základě publikovaných antropologických výzkumů, dalších asi 50 tisíc větví je generováno algoritmem. Ten je nastaven tak, aby eliminoval nejrušnější rizika statistického zkreslení. K těm nevýznamnějším patří zkreslení při výběru vzorků, tedy skutečnost, že v některých zemích je DNA testování stále výrazně častější než v jiných (zejména Velká Británie, USA, Irsko, Německo). To do určité míry pomáhá algoritmus vyrovnávat tak, že pro lokalizaci vzniku určité větve není klíčový geografický původ nejstarších známých předků všech nositelů dané mutace, ale původ nositelů jejich bezprostředně následujících větví. V případě příliš širokého geografického rozptýlení současných nositelů (jejich nejstarších známých předků) nehraje roli pouhý průměr (tj. umístění do středu souřadnic), ale tzv. vážený medián, jenž v tomto případě dává větší váhu těm vzorkům, jichž je v dané oblasti většina. Značnou roli při geografické lokalizaci vzniku určité mutace hraje také vztah mezi původem její bezprostředně nadřazené, tedy starší mutace, a mutací mladších, tedy bezprostředně následujících – pokud některý z nositelů mladší mutace uvádí výrazně vzdálenější původ než ostatní, což může migrační trasu „prostřední“ mutace (a tedy všech jejích nositelů) neadekvátně zkreslovat, je přihlédnuto nejen k ostatním nositelům, ale také k lokalizaci starší nadřazené mutace. Tímto způsobem algoritmus při odhadu migrační trasy „zahazuje“ přílišné výkyvy a odchylky. Dalším klíčovým prvkem jsou již zmíněné, nedávno spuštěné časové odhady. Díky nim tak lze dávat různou váhu pravděpodobnosti vzniku určité mutace v určité době na určitém místě – například starý Y-DNA vzorek, jenž je archeologicky

datovaný do doby nedlouho po vypočítaném vzniku dané Y-DNA mutace, má tak větší váhu než vzorek z doby podstatně mladší. Ten už totiž může patřit do některé z následujících mladších větví, jejíž mutace na chromozomu Y se už nepodařilo přechít.⁵ Podobně to platí i v případě doby a lokality nejstarších známých předků současných nositelů. Konečně při lokalizaci vzniku průběžných mutací hraje roli uplynulý čas spolu s geografickou vzdáleností – neboli časově vzdálenější mutace připouštějí delší geografickou vzdálenost a naopak. Tato základní metoda vytváření fylogeografického Y-DNA stromu proti toku času, tedy od současných vzorků do doby před více než 200 tisíci lety, je shrnuta následovně: „Začínáme tedy u listů stromu a postupujeme směrem vzhůru ke kořenům, přičemž každou haploskupinu umístíme do jejího ohniska a zastavíme se, jakmile dosáhneme antropologicky určeného výchozího bodu. Sestavování stromu od listů ke kořenům se často označuje jako „zdola nahoru.““ (Maier 2023, online)⁶

VYUŽITELNOST PRO STUDIUM LIDSKÉ FYLOGEOGRAFIE

Po představení základních uživatelských možností nástroje a metodiky jeho algoritmu se zaměříme na problematiku jeho

5 Staré Y-DNA vzorky mají různě dochovanou kvalitu pokrytí, takže jsou pro archeogenetiku různě vypovídající.

6 Pokud bychom si však metaforu vývojového stromu představili doslovně, pak je třeba tento směr formulovat opačně, tedy „shora“ (tj. od listů) směrem „dolů“ (tj. ke kořenům).

výpovědní hodnoty. V současné době jde stále o zkušební verzi, lze nicméně už nyní rozpoznat přidanou hodnotu, jakou může Globetrekker založený na Y-DNA poskytovat antropologii, archeologii, historii a příbuzným oborům? Sama FTDNA (Vilar 2023, online) uvádí několik případů známých migračních událostí, které Globetrekker nejen zachycuje, ale i obohacuje o nová zjištění.

Například velmi stará Y-DNA haploskupina K (K-M9), jež podle Globetrekkeru vznikla před 45 tisíci lety na Blízkém východě a velmi rychle se se svými bezprostředně navazujícími haploskupinami M, N, O, P a S, jež se z ní vydělily, rozšířila přes Indii až do jihovýchodní Asie a Austrálie, potvrzuje předpoklad velmi rychlého šíření anatomicky moderního člověka z Afriky touto cestou. Překvapivé je to především pro potomky haploskupiny P (P-PF5850), neboť z toho vyplývá, že „trasa předků více než 50 % současných mužských linií, včetně těch, které pocházejí z haploskupiny P před přibližně 20 000 lety, jako například haploskupina R, která se běžně vyskytuje v Evropě, a haploskupina Q původních obyvatel Ameriky, vedla přes jihovýchodní Asii“ (Vilar 2023, online).

Dále Globetrekker zachycuje některé konkrétní historické události, jako jsou např. punské války a Hannibalovo tažení na Řím kolem roku 220 př. Kr. Jejich odraz je dodnes vidět v rozšíření Y-DNA haploskupiny E-PF2546 a jejích větví ze severní Afriky na sever Apeninského poloostrova přes Ibérii, Pyreneje, jižní Galii a Alpy, ale také přes Sardinii a Sicílii. Právě v těchto oblastech potomci této původně severoafrické haploskupiny dodnes žijí.

Ačkoli se Globetrekker ve své zkušební verzi soustředí na starší, zpravidla předkolumbovské migrace, v některých případech už se začínají rýsovat podstatně mladší události, jako je například poměrně nedávné osídlování ostrovů v Tichomoří. Příkladem je rozšíření větví haploskupiny C-FT13521 na ostrovech tzv. Polynéského trojúhelníku v posledních 800 letech. V jiných případech se zdá, že Globetrekker dřívější předpoklady nejen doplňuje, ale i vyvrací. Například haploskupina R-L21 se vždy považovala za typicky britskou, neboť právě na Britských ostrovech a v Irsku dodnes výrazně převládá a pouze zde byly archeogeneticky identifikováni její nejstarší nositelé. Globetrekker však na základě časových odhadů vzniku jednotlivých mutací a jejich rozložení do mapy naznačuje, že R-L21 má pravděpodobně ještě kontinentální původ a na ostrovy se rozšířila teprve s expanzí nositelů kultury zvoncovitých pohárů asi před 4500 lety.

Na druhou stranu některé historicky známé či archeologicky doložené migrace Globetrekker zobrazuje méně přesně (migrace Slovanů v 6.-7. století), velmi nezřetelně (anglosaská expanze do Británie od 5. století) nebo zcela chybí (např. osídlení Islandu v 9.-10. století). Příčiny mohou být velmi různé – od malého množství vzorků, přes zkreslení způsobená metodikou algoritmu, až po možnost, že z genetického hlediska byly tyto historické události podstatně komplikovanější, než naznačuje archeologie či historie. Je třeba mít též na paměti, že fylogeografická mapa na základě Y-DNA primárně neodráží velké historické události, ale spíše stopy individuálních motivací, rozhodnutí a životních příběhů jednotlivců.

CELKOVÉ ZHODNOCENÍ

Je třeba znovu zdůraznit, že nástroj Globetrekker je stále ve zkušební verzi, z čehož vyplývá řada omezení. Algoritmus některé z podstatných problémů, jako je například hodnověrnost údajů poskytovaných uživateli nebo výrazný nepoměr starých i nových Y-DNA vzorků v různých oblastech světa, nemůže zcela pokrýt a eliminovat. Stejně tak prozatím nebere v úvahu některé komplexnější jevy. To může vést k nepřesnostem, ale i zavádějícím či přímo chybným výsledkům. Je třeba ocenit, že FTDNA tato omezení výslovně uvádí a u řady z nich počítá s úpravou a zpřesněním. Mezi ně například patří tato:

- Algoritmus je zaměřen na předkolumbovské migrace, zatímco pozdější, např. z Evropy do Ameriky a Austrálie, zatím neukazuje;
- Algoritmus je nastaven na předpokladu více méně stabilní rychlosti geografického šíření Y-DNA linií, což v případě náhlých expanzí (např. po moři) neplatí;
- Suchozemské cesty jsou zatím preferovány před zámořskými, což v mnoha případech (např. síť obchodních tras ve Středomoří) vede k chybným výsledkům;
- Sladkovodní jezera a řeky nejsou jako možné komunikační trasy zatím brány v úvahu;
- Oproti rozsahu zalednění nelze zatím v programu spustit animaci kolísání mořské hladiny a odkrývání či zaplavitování pevniny (je zobrazeno staticky pro vrchol poslední doby ledové před 20 tisíci lety);
- Některé další klimatické a environmentální výkyvy, jako je např. vysychání, nebo naopak zelenání Sahary, zatím nejsou zahrnuty.

Výsledky, které Globetrekker poskytuje, tedy nelze přeceňovat a je třeba s ním zacházet tak, jak je zamýšlen – tedy jako jeden z pracovních nástrojů, které pro poznání lidské minulosti máme zatím k dispozici. Je otázka, nakolik lze pomocí sebedokonalejšího výpočetního algoritmu zachytit výsledky migračního chování a rozhodování dávných jednotlivců, rodů, natož pak celých populací. Relevantní námitkou je, jestli není studium lidské fylogeografie založené na Y-DNA analýze zbytečně omezené a jestli budoucnost nespočívá v analýze celého genomu (WGS), jež dnes pro účely poznání, „kdo jsme, odkud a jak jsme se sem dostali“, zcela převládá. To se však vzájemně nevylučuje. Analýza celého genomu umožňuje (např. pro účely populační genetiky) sledovat pohyby, mísení a prolínání celých populací (což může lépe odrážet archeologicky nebo historicky zachycené dějinné události), zatímco podrobná Y-DNA analýza dokáže (např. a nejen pro účely genetické genealogie) hluboko do minulosti sledovat jednotlivé mužské rodové linie v jejich postupném větvení, rozrůstání i vymírání. Obě metody (tedy šíře záběru WGS i podrobnost čtení nových či dosud neobjevených mutací Y-DNA) se mohou v ideálním případě doplňovat a dávat plastický a stále se zpřesňující obraz lidské fylogeografie.

Silnou stránkou a současně slabinou Globetrekkeru je zapracování archeogenetických vzorků při odhadu migrační trasy.

Možnosti Y-DNA testování starých vzorků významně pokročily, což se projevuje jejich stále rostoucím počtem a doplňováním do fylogenetického stromu i fylogeografické mapy. Přesto je třeba mít na paměti jejich omezení a přetrvávající interpretační problémy. Vedle nerovnoměrného zastoupení vzorků, které je dáno tím, že aDNA se uchovává především chladným, suchým, temným, anaerobním a mírně alkalickým prostředím a v některých dobách či populacích nastávají v míře jejího dochování významné mezery (způsobené např. žárovým pohřebním ritem), jde také o to, že zdaleka ne všechny staré vzorky Y-DNA se uchovávají v natolik plném pokrytí, aby umožňovaly jednoznačné zařazení do určité větve dané linie, natož pak přečtení neznámých variant, které by identifikovaly nové, dosud neobjevené větve. To vše může vést ke značnému zkreslení při odhadu migračních tras. Algoritmus sice zohledňuje kvalitu vzorku a míru shody mezi archeologickou datací nálezu a propočtem stáří poslední genetické mutace, přesto však tyto obtíže nemůže zcela vyrovnat. K tomu přistupují i interpretační výzvy způsobené rozmanitými kulturními praktikami, jako je například patrilokalita či reprodukční zvýhodňování dominantních mužských rodů nebo elit, dějinnými okolnostmi typu rozsáhlých obchodních sítí, otroctví či najímání do armády, ale i obecně známé jevy zvláštního šíření genetických variant, jako je tzv. efekt zakladatele, efekt surfování, efekt hrdla láhve atd. Z tohoto důvodu je třeba odhady migračních tras chápat jen jako prvotní podklad pro daleko komplexnější způsoby interpretace. Na druhou stranu je třeba zdůraznit fascinující možnosti, které se otevírají právě propojením starých vzorků se vzorky současnými. Právě takto už bylo u řady současných, do dnešní doby přeživších Y-DNA linií objeveno složitější, dosud neznámé genetické i geografické větvení.

Asi největším rizikem programu je, že dokonalostí a zpracovaností uživatelského prostředí s celou řadou interaktivních prvků a modů zobrazení může vytvářet nesprávný až falešný dojem přesnosti. Rýsuje tedy cestu našich předků daleko detailněji, než je adekvátní vzhledem ke stále skrovným datům, kterými zatím disponujeme. Z tohoto důvodu má možná spíše než samotná migrační trasa (vyjádřená postupující linkou) větší výpovědní hodnotu dynamika šíření bezprostředně navazujících větví (vyjádřená rostoucími barevnými skvrnami). Na druhou stranu lze důvěřovat, že po doplnění některých výše zmíněných omezení je algoritmus Globetrekkeru nastaven tak, že při rostoucím množství dat (starých i nových vzorků) bude poskytovat čím dál relevantnější výsledky, které nebudou tolik zatíženy rizikem šumu.⁷ Jejich validita nikdy nebude stoprocentní a nikdy si nebudeme jisti, kdy jsou výsledky z různých důvodů nesprávné či zkreslené a kdy jsou jen v rozporu s našimi příliš zažitými předpoklady. Tento nástroj tak může být připomínkou ne definitivnosti našeho vědění a výzvou k trvalé otevřenosti novým zjištěním.⁸ Rozhodně je

třeba vyzdvihnout komplexní interdisciplinární přístup propojující antropologii, populační genetiku, archeogenetiku, klimatologii, environmentální historii a statistiku s osobní genetickou genealogií. Svým důrazem na hledání souvislostí mezi údaji poskytovanými samotnými uživateli s poznatky čerpanými z odborných zdrojů představuje ideální prostor pro popularizaci vědy a pro oboustranně prospěšnou spolupráci mezi vědou a širokou veřejností.

LITERATURA

- Erban, Vít (2022): Po stopách otcovské linie: Původ a šíření Y-DNA haploskupiny I-L233. *Anthropologia integra*. 13(2), 7-28. (online). <https://doi.org/10.5817/AI2022-2-7>
- Estes, Roberta (2023): Globetrekker – A New Feature for Big Y Customers From FamilyTreeDNA. DNAeXplained – Genetic Genealogy. (online). <https://dna-explained.com/2023/08/04/globetrekker-a-new-feature-for-big-y-customers-from-familytreedna/>
- Estes, Roberta (2024): *The Complete Guide to FamilyTreeDNA. Y-DNA, Mitochondrial, Autosomal and X-DNA*. Genealogical Publishing Company.
- Krause, Johannes – Trappe, Thomas (2022): *Zrození Evropanů. Skutečný příběh našich předků vyprávěný geny*. Brno: Jan Melvil Publishing.
- Maier, Paul (2023): *Globetrekker, Part 2: Advancing the Science of Phylogeography*. FamilyTreeDNA Blog. (online). <https://blog.familytreedna.com/globetrekker-analysis/>
- Manco, Jean (2018): *Ancestral Journeys. The Peopling of Europe from the First Venturers to the Vikings*. London: Thames & Hudson.
- Reich, David (2019): *Who We Are and How We Got Here. Ancient DNA and the New Science of the Human Past*. Oxford: Oxford University Press.
- Runfeldt, Göran (2023): *Globetrekker, Part 1: A New FamilyTreeDNA Discover™ Report That Puts Big Y on the Map*. FamilyTreeDNA Blog. (online). <https://blog.familytreedna.com/globetrekker-discover-report/>
- Vance, David (2024): *The Genealogist's Guide to Y-DNA Testing for Genetic Genealogy*. Second Edition. Independently published.
- Vilar, Miguel (2023): *Globetrekker, Part 3: We Are Making History*. FamilyTreeDNA Blog. (online). <https://blog.familytreedna.com/globetrekker-history/>

ON-LINE NÁSTROJE

- FamilyTreeDNA Discover™: *Uncover More About Your Paternal Ancestry*. (online). <https://discover.familytreedna.com>
- SNP Tracker. *Tracking Back: a website for genetic genealogy tools, experimentation and discussion*. Developed by Rob Spencer. (online). <http://scale-dinnovation.com/gg/snpTracker.html>
- Společnost pro genetickou genealogii. (online). <https://gengen.cz/spolecnost-pro-gg/o-spolku>
- Y Heatmap Diversity (Beta). *A Relative Diversity Map for Y Haplogroups*. Developed by Hunter Provyn and Thomas Krahn. (online). <https://phylogeographer.com/scripts/diversitymap.php>
- Y-DNA Haplotree. *FamilyTreeDNA*. (online). <https://www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree>

7 Z dosavadních zkušeností např. vyplývá, že časové odhady se s přibývajícím vzorkem významně zpřesňují.

8 Globetrekker např. rozporuje řadu hypotéz, které autor ve svém předchozím článku (Erban 2022) o své otcovské linii předložil.