

Stanisław Pietrzak

GENETYKA ODSŁANIA TAJEMNICE POCHODZENIA LUDNOŚCI W DORZECZU DUNAJCA I JEGO SĄSIEDZTWIE CZĘŚĆ 1.

*Kilka tysięcy praojców i tyleż pramatek mam.
Zapadły się ich mogiły i nie ma ich kości...
Ale znajduję coś w sobie - ich własne de-en-a.
Poznam je, przy nim uklękę w synowskiej miłości!*

REJON DUNAJCA to teren określony całym dorzeczem tej rzeki, od południowych Tatr i górnego odcinka Popradu na Słowacji po ujście Dunajca do Wisły, wraz z jego prawym dopływem – Białą Tarnowską.

Częściowo trzeba uwzględnić też i tereny przyległe: od wschodu zlewisko Ropy i lewe dopływy Wisłoki (z miastami Jasło, Dębica i Mielec), od południa Tatry, Spisz i łemkowski odcinek Karpat wraz z górnym Szaryszem na Słowacji, a od zachodu – dorzecze Raby i Kisieliny.

Ślady przebywania współczesnego człowieka i osad ludzkich sięgają tu środkowego paleolitu (np. prawie nieprzerwanie od ponad 30 000 lat była zasiedlana Jaskinia Obłazowa nad Białką Tatrzańską na Spiszu).



Lokalne, regionalne i ponadregionalne periodyki, poświęcone kulturze, historii i sprawom etnicznym, często starają się odpowiedzieć na frapujące pytanie o początek takiej czy innej, omawianej rzeczywistości etnicznej. Odpowiedzi szukają zwykle w pamięci świadków, źródłach pisanych, pamiątkach rzeczowych lub nawet w archeologii. Ale te źródła w wielu sprawach okazują się ograniczone i niezdolne do udzielenia pełnej odpowiedzi na postawione pytanie.

Do takich pytań należy także kwestia pochodzenia grup ludności w rejonie Dunajca, Popradu i Białej lub najbliższych terenów przyległych. Nauka już nie pozwala nam odpowiadać, że jesteśmy tu „od zawsze”, bo przecież rodowym gniazdem człowieka współczesnego nie jest ani Polska, ani Europa, lecz południowa Afryka (najnowsze tegoroczne badania wskazują na rejon niecki pustyni Kalahari). A jeżeli nie jesteśmy tu, w rejonie Dunajca, Popradu czy Białej, „od zawsze”, to kiedy, skąd i jakim szlakiem migracji przybyli tu nasi praojcowie? Czy przybyli z jednego, czy wielu regionów

naszego kraju, Europy, Azji czy Afryki? A może to prawda, że Słowianie pojawili się dopiero około V–VI wieku po Chrystusie i jakby znikąd, bo z bagiennych terenów nad Prypecią, co kiedyś starał się udowodnić niemiecki archeolog-rasista Rudolf Kossina, a teraz także niektórzy nasi skrajni allochtoniści (archeolodzy, którzy głoszą obce niedawne pochodzenie polskich Słowian)?

I.

WYJAŚNIENIE POJĘĆ GENEALOGII GENETYCZNEJ, CZYLI GENEALOGII RODÓW Y-DNA ORAZ mtDNA

Na postawione wyżej pytania stara się odpowiedzieć genealogia genetyczna, zwana też genealogią Y-DNA, czyli płciowego chromosomu męskiego. Obok tego istnieje genealogia mtDNA, czyli przekazywanego przez matki mitochondrium – „energetycznego” genu w komórkach organizmu. Jest to nowa gałąź wiedzy, licząca zaledwie około dziesięciu lat. Źródłem dla tej nauki są dane z indywidualnych testów Y-DNA i mtDNA, wykonywanych w laboratoriach, dotąd przeważnie amerykańskich albo zachodnioeuropejskich.

Dla potrzeb genealogii analizuje się dwa rodzaje mutacji w chromosomie męskim Y-DNA, które na podobieństwo „archiwum historii” przechowywane są w niekodującym („śmieciowym”) regionie Y-DNA i przekazywane potomstwu w liniach prostych, tj. tylko przez ojców i tylko swoim synom, począwszy co najmniej od pierwszego praojca, „chromosomalnego Adama”, aż do dziś. Jedne mutacje, zwane wielkimi, określane są skrótem SNP (Single Nucleotide Polimorphism). Zachodzą one bardzo rzadko, zasadniczo tylko raz w dziejach współczesnego człowieka, i one wyznaczają niepowtarzalne **haplogrupy** SNP (od gr. *haplos* – ‘pojedynczy, jedyny, niepowtarzalny’). Haplogrupy pozwalają odróżnić wielkie populacje ludzkie, liczące nawet dziesiątki lub setki milionów ludzi.

W praktyce słowa HAPLOGRUPA używa się dla oznaczenia albo samej mutacji SNP, albo całego genetycznego RODU, czyli grupy ludzi, którą cechuje jedno ojcowskie pochodzenie, stwierdzone na podstawie owej jedynej i niepowtarzalnej w świecie mutacji SNP

Inne mutacje, popularnie zwane mniejszymi, zachodzące w rejonach szybkozmennych Y-DNA (np. co kilka tysięcy lat), oznaczane są skrótem STR (Short Tandem Repeats). Wyznaczają one tzw. haplotypy STR indywidualnych ludzi. Haplotypy pomagają odróżnić ludzkie rody, rodziny lub niekiedy nawet poszczególne osoby w rodzinie. Porównanie kilku lub więcej haplotypów STR umożliwia zidentyfikowanie ilości mutacji oraz ustalenie wieku dzielącego ich od najbliższego wspólnego przodka, określanego angielskim skrótem MRCA (Most Recent Common Ancestry).

Analizuje się też geny mitochondrialne (mtDNA). Mitochondria znajdują się w plazmie komórkowej i odpowiadają za jej energetykę (oddychanie i utlenianie w komórkach). Przekazywane są tylko w liniach prostych i tylko przez matki swoim dzieciom (córkom

i synom). W mitochondriach też – jakby w bibliotece – „przechowuje się” seria mutacji w linii matczynej, począwszy co najmniej od pierwszej matki, „mitochondrialnej Ewy”, aż do dziś. MtDNA testuje się w dwóch rejonach szybkozmiennych: HVR1 i HVR2, a w pełnym badaniu – także w rejonie pośrednim między nimi.

Dzięki tym mutacjom w Y-DNA i mtDNA możemy poznać swoją ojcowską czy matczyną genealogię w linii prostej od pierwszych prarodziców, szlaki ich migracji ku naszej małej ojczyźnie, a także rozpoznać stopnie pokrewieństwa z innymi populacjami ludzkimi lub osobami (tzw. genetyczny dystans, GD).

W laboratoriach obecnie standardowo testuje się 111 markerów, czyli wyznaczonych miejsc na „nici” Y-DNA. Takie analizy przeprowadza zwłaszcza amerykańska firma komercyjna Family Tree DNA (FTDNA) przy Uniwersytecie Arizona. W Rosji firma rosyjsko-czeska Gentis ogranicza się do badania tylko 37 markerów (miejsc), co nie daje podstawy do dokładniejszych badań genealogii. Podobne badania, niekiedy bardzo szczegółowe, przeprowadzają też liczne zakłady medycyny sądowej, ale przeważnie według swoich standardów i specjalnych potrzeb sądownictwa i kryminalistyki.

Wyniki testów swojego DNA klienci przekazują dobrowolnie do baz Y-DNA i mtDNA dla potrzeb innych badań naukowych, zwłaszcza genealogicznych. Największą bazę stanowi w USA Ysearch, w której znajdują się wyniki testów już około stu tysięcy ludzi z całego świata. Medycyna sądowa posiada odrębną, dla genealogów mniej przydatną bazę: Yhrd.

Opracowania tych wyników publikowane są w międzynarodowych periodykach naukowych, dostępnych u nas w uprzywilejowanych bibliotekach uniwersyteckich lub przez Internet.

Z punktu widzenia naszych, polskich potrzeb najbardziej odpowiednie są dwa środowiska naukowe, opracowujące wyniki testów: jedno w USA, a drugie w Rosji. To środowisko w Stanach Zjednoczonych tworzą głównie dwaj Amerykanie polskiego pochodzenia, genetycy: Lawrence Mayka, którego praojcowie pochodzą z Dębicy, i Peter Gwozdz, którego przodkowie wywodzą się z okolicy Mielca. Pierwszy prowadzi tzw. FTDNA Polish Project, w którym zbiera i segreguje wyniki badań DNA ludzi, mających jakikolwiek rodowy związek z Polską w jej dawnych granicach. Ten drugi zajmuje się teoretycznymi badaniami grup i podgrup zebranego materiału polskiego, zwłaszcza jego datowaniem.

Środowisko rosyjskich genealogów genetycznych nie ogranicza się do danych z terenu Rosji, lecz analizuje cały zestaw danych, zwłaszcza z bazy Ysearch, ze szczególnym uwzględnieniem materiału z terytoriów słowiańskich. Ośrodek ten zwie się Rosyjska Akademia Genealogii Y-DNA, a kieruje nią amerykański uczonego rosyjskiego pochodzenia, prof. Anatol Klosow (Anatole A. Klyosov).

Światowe stowarzyszenie genetyków YCC zdecydowało oznaczać niektóre węzłowe mutacje SNP w Y-DNA, wyróżniające przodków wielkich populacji ludzkich, kolejnymi dużymi literami alfabetu od A do R lub dalej. Większość z nich należy do pnia drzewa genealogicznego współczesnego człowieka. Po zmodyfikowaniu pierwotnych oznaczeń

pień drzewa tworzą haplogrupy: A, BT, CF, F, IJK, K, MNOP, P i R. Natomiast inne duże i małe litery oraz cyfry oznaczają dalsze, podporządkowane mutacje SNP. W ten sposób np. w Polsce i sąsiednich krajach słowiańskich najczęściej występuje przynależność do haplogrupy R1a (mutacja M420), a zwłaszcza wielkiej podgrupy R1a1a1, którą wyznaczyła mutacja M417 (litera M jest tu oznaczeniem laboratorium, które wykryło tę mutację).

Zobacz drzewo genealogiczne haplogrup/rodów Y-DNA, według Eupedii:
http://www.eupedia.com/images/content/timeline_comparison.gif

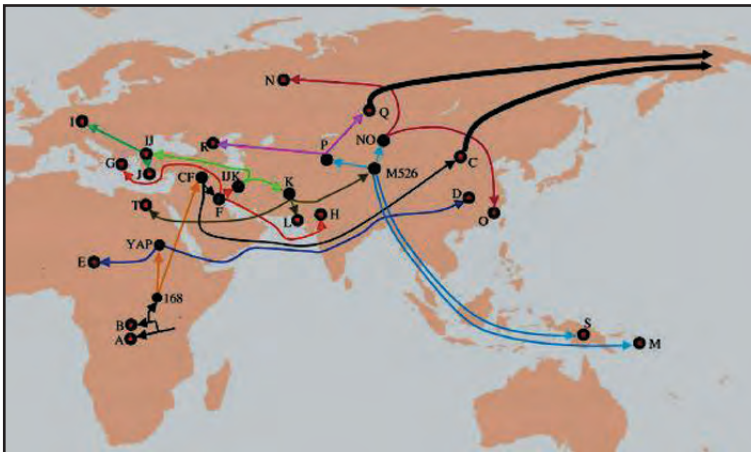
Oto wyobrażenie pozaafrykańskiej ekspansji (migracji) ludzkości, słynnego w antropologii „out of Africa”.



Pierwszą haplogrupą, która opuściła Afrykę („out of Africa” ludzkości), była haplogrupa F, czyli genetyczny ród F.

Oto jak genetycy z FtDNA przedstawiają w uproszczeniu rodowe dzieje pozaafrykańskiej haplogrupy F i migracje wszystkich pochodzących od niej podgrup ludzkości w Azji i Europie.

Źródło: FtDNA oraz [http://en.wikipedia.org/wiki/File:Haplogroup_F_\(Y-DNA\).jpg](http://en.wikipedia.org/wiki/File:Haplogroup_F_(Y-DNA).jpg)

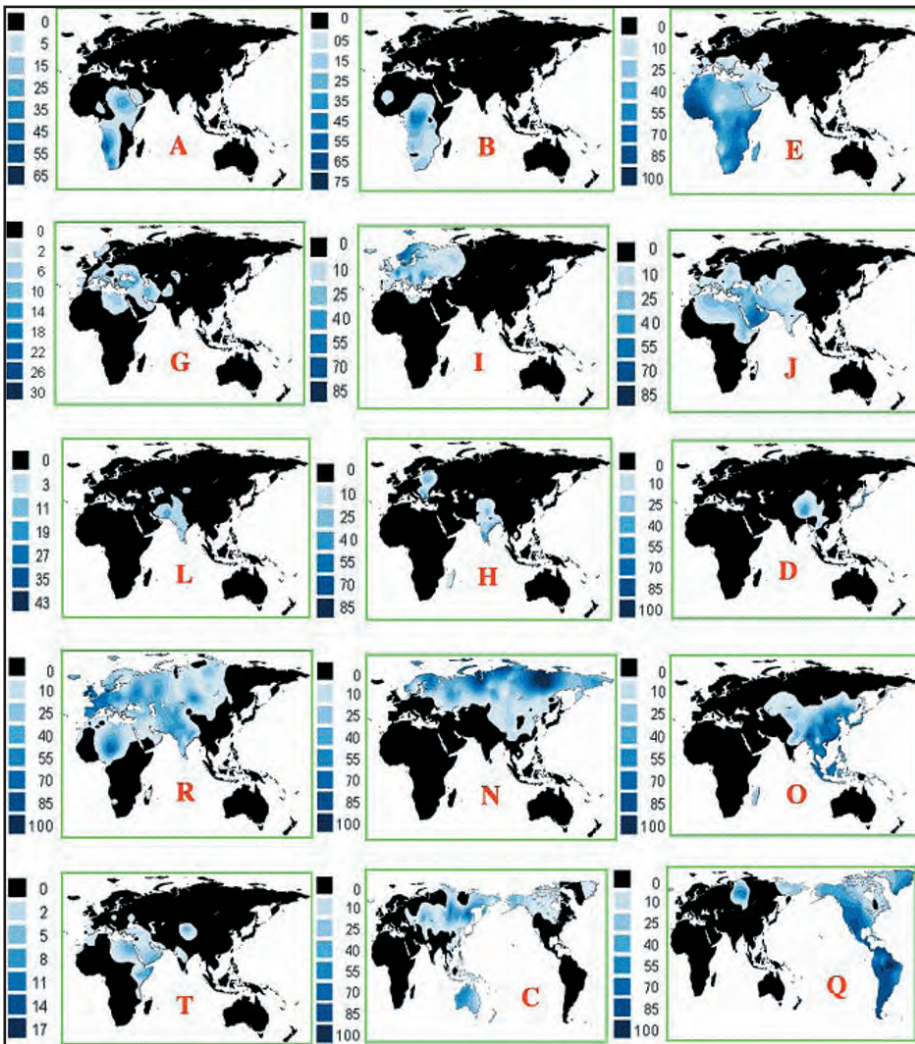


Oto bardziej szczegółowa mapa migracji poszczególnych haplogrup /rodów/ ludzkości od Afryki ku Azji, Europie, Polinezji oraz rdzennych Amerykanów z rodów C i Q.

Źródło: <http://www.pnas.org/content/suppl/2009/11/16/0910803106.DCSupplemental/pnas.200914264SI.pdf>

**Rezultaty „out of Africa” i migracji: zaludnienie kuli ziemskiej
Oto mapy dzisiejszego rozprzestrzenienia się w świecie poszczególnych haplogrup,
czyli genetycznych rodów Y-DNA**

Źródło: http://4.bp.blogspot.com/_Ish7688voT0/SwWxkQGTZYI/AAAAAAAAACCw/o3l-s7yD1sig/s1600/maps-chiaroni.png



Są to mapy dzisiejszej lokalizacji poszczególnych głównych haplogrup/rodów Y-DNA w świecie, z zaznaczeniem stopnia ich częstotliwości czyli zagęszczenia (w procentach) wg. Chiaroni et al. 2009. Zobacz położenie genetycznego rodzaju A, a zwłaszcza B, w południowej Afryce. Tam, zwłaszcza w rejonie pustyni Kalahari, genetyka wskazuje kolebkę dzisiejszego człowieka. Zobacz też rozmieszczenie rodzaju R, to jest dwóch jego podgrup, R1a i R1b. Z nich głównie składa się ludność Europy.

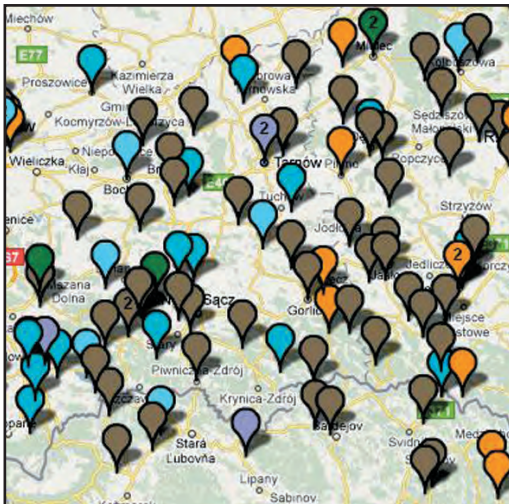
II.

HAPLOGRUPY (RODY) OJCOWSKIE Y-DNA W REJONIE DUNAJCA, NA TLE LUDNOŚCI ŚWIATA

W badaniach czterech ośrodków naukowych, to jest Internastional Y-DNA Project, Polish FTDNA Project, Zamagurie Region DNA Project i Carpatho-Rusyn DNA Project, udało się zidentyfikować około 150 testowanych Y-DNA i około 80 testowanych mtDNA z rejonu Dunajca, Popradu i Białej Tarnowskiej oraz przylegających terenów, zwłaszcza polsko-słowackiego pogranicza. To już dość dużo dla wstępnego ustalenia głównych linii rodowodowych mieszkańców tego rejonu.

W pierwszej części artykułu z Y-DNA będą tu omówione najpierw te haplogrupy/rody, które występują u nas, w rejonie Dunajca, w mniejszości i w tej kolejności, w jakiej znajdują się one na drzewie genealogicznym, idąc „od korzeni” ku górze, ku najmłodszym częściom drzewa¹.

II a. Haplogrupy /rody/ Y-DNA od A do R1b



Wszystkie rody Y-DNA w rejonie Dunajca
Fragment mapy z Polish Project FTDNA,
(administrator Larry Mayka).

Źródło: <http://www.familytreedna.com/public/polish/default.aspx>

Kolory oznaczają ujawnione w testach
haplogrupy i ich podgrupy:
pomarańczowy – E1b1
ciemnozielony – G2a
ciemnoniebieski – I1 i I2
jasnoniebieski – J1 i J2
fioletowy – N1c1
szarobrązowy – R1a i R1b

Nadto inne źródła: Zamagurie Region Project, Carpatho-Rusyn Project, E, G, I, J, R1a i R1b Project.
Mapy: Igor Rozhansky i Portal Rodstvo.ru

¹ Liczba testowanych w badaniach Polish Project to 80 (do momentu oddania artykułu do druku). Natomiast liczba 150 – to suma Polish Project i obydwu słowackich: Spisz i Karpato-Rusini. W pierwszej części artykułu odnoszę się tylko do ustaleń Polish Project – stąd procentowe odniesienia do 80 testowanych.

1. Rody A i B – pierwotne populacje afrykańskie

Haplogrupy A i B wskazują na najwcześniejsze bratnie mutacje, zidentyfikowane wśród plemion południowoafrykańskich i subsaharyjskich: Buszmenów i Khoisan.

Wspólny przodek współczesnego człowieka, „chromosomalny Adam”, nie został dotąd genetycznie ściśle określony. Z pierwszych linii rodowych jego potomków przeżyły do dziś tylko dwa synowskie rody, oznaczane jako haplogrupy A i B. Od tej drugiej pochodzą populacje ludzkości afrykańskiej i pozaafrykańskiej, oznacza to więc, że to ona właśnie prowadzi prostą drogą ku Adamowi, ojcu ludzkości, a haplogrupa A stanowi tylko jej afrykańskie, lokalne odgałęzienie. Najbliższego wspólnego przodka haplogrupy A rosyjsko-amerykański uczyony A. Klosow (maj 2011) datuje na 85 000 lat temu, a bratniej dla A haplogrupy B – 46 000 lat. Wspólny przodek tych dwóch rodów, którym mógł być chromosomalny „Adam”, datowany został na 130 000 lat temu (dotąd powszechnie datowano „na oko” od 70 000 do 200 000 lat).

Świeże, tegoroczne badania bogatego materiału genetycznego z terenu Afryki jednoznacznie wskazały miejsce pochodzenia współczesnego człowieka: rejon niecki Pustyni Kalahari w Afryce Południowej.

W Polsce, a więc i w naszym regionie, nie znajdujemy osób tych dwóch pierwszych, afrykańskich haplogrup.

2. Zespólna haplogrupa CF

Z zespólną haplogrupą CF, powstałą około 68 000 lat temu w Afryce, wypłynęła kolejna zespólna, DE, datowana na 48000 lat. Z niej zaś wywodzą się dwie haplogrupy, D i E.

a) Ta pierwsza haplogrupa, czyli D, powstała zapewne jeszcze w Afryce. Jej populacje znajdujemy jednak tylko poza Afryką, licznie w Azji Środkowej, w niektórych rejonach Tybetu (do 50% ludności), Azji Południowo-Wschodniej i w Japonii (do 35%).

Brak przedstawicieli haplogrupy D w Polsce i w naszym regionie.

b) Natomiast ta druga haplogrupa, czyli E, ewoluowała w Afryce Północno-Wschodniej, głównie w dorzeczu Nilu (Egipt, Sudan) i rozprzestrzeniła się prawie na całą Afrykę, zwłaszcza północną, gdzie najliczniej występuje wśród marokańskich Berberów (ciekawostka: z tej grupy Y-DNA wywodzi się ród A. Hitlera!). Poprzez Bliski Wschód (Lewant), jako mutacja E-M78, przeszła ta grupa ku europejskim Bałkanom. Tu z kolei powstała jej europejska mutacja E-V13, oznaczona jako haplogrupa E1b1b1a2. Wyróżnia Grecję, gdzie dziś stanowi 27% ludności, a wśród Greków na Peloponezie nawet 47%. Nieco mniej wśród Albańczyków w Albanii, Serbii, Bośni i Macedonii. W Słowacji stanowi 11%, a w Polsce około 3,5%.

Haplogrupa E znalazła się zatem i w Polsce. A w naszym naddunajeckim regionie (pomijając Krosno i Sanok) – w ilości 8% społeczności, jak wskazuje mapa na ilustracji 4 (pineski pomarańczowe): Pilcza, Wadowice Górne, Pilzno, Kobylanka i Małastów – tu podający się jako Łemko; ta haplogrupa bowiem częściowo wyróżnia Łemków i w ten sposób jakby wskazuje na ich właściwe pochodzenie: od greckich oraz albańskich pasterzy.

c) W zespolonej haplogrupie CF, gdzieś między Afryką i Półwyspem Arabskim, powstała też haplogrupa C. Jej ludność jakimś szlakiem południowoazjatyckim udała się w kierunku Cejlonu, do Japonii, Melanzji i Polinezji. Jej mutacje występują wśród Aborygenów australijskich, plemion północno-wschodniej Syberii i wśród rdzennych Amerykanów (Indian amerykańskich). Nielicznie wraz z Hunami, czy jako Hunowie, dostała się w V wieku do Europy.

W Polsce zidentyfikowano 4 osoby haplogrupy C, może jako ślad obecności Hunów. Ale w naszym regionie ich brak.

3. Ród F – jako praojcowie pozaafrykańskiej ludzkości

a) Uważa się, że wydzielona około 70 000 lat temu z zespolonej haplogrupy CF kolejna haplogrupa, oznaczona symbolem F, jako pierwsza dokonała słynnego „out of Africa”, a może raczej z Półwyspu Arabskiego, stając się ojcem prawie całej pozaafrykańskiej ludzkości (zob. górna ilustracja na s. 118). Dziś w Indiach jej zagęszczenie wynosi 12% ludności. Wśród bliższych nam Kurdów 7–41%. Haplogrupa F stała się ojcowską dla haplogrupy G, H i IJK, a przez tę ostatnią dla wszystkich pozostałych grup ludzkości: I, J, K, L, M, N, O, P, Q, R, S i T. W sumie około 90% ludzkości! Naukowcy W. Haak et al. na podstawie badań kopalnego Y-DNA z Derenburgu w Niemczech w listopadzie 2010 roku ogłosili, że haplogrupy F*² razem z G2a3 brały udział we wprowadzeniu (albo przynajmniej przyjęciu przyniesionej przez inną populację) pierwszej kultury neolitycznej: rolnictwa i ceramiki liniowej rytej (LBK) z Azji Mniejszej przez Bałkany do Europy Środkowej.

W Polsce zidentyfikowano cztery osoby z haplogrupą F, ale w rejonie Dunajca jej brak.

b) Ród G, synowski dla haplogrupy F, powstał w rejonie Kaukazu. Tam, na przykład wśród ludności Gruzji i Azebejdżanu, występuje w 30%. W kilku – kilkunastu procentach występuje także w niektórych krajach europejskich, zwłaszcza na Sardynii i w Szwajcarii. Populacjom haplogrupy G i F przypisuje się udział w sprowadzeniu lub przyjęciu z Bliskiego Wschodu przez Bałkany i kotlinę Dunaju pierwszych elementów neolitycznego rolnictwa (odkrycia w Derenburg, w Niemczech, około 3 200 p.n.e.).

W Polsce rozpoznano dotąd 40 osób tej grupy, czyli 3% ludności. W naszym rejonie – 3 osoby G2a3: Mielec, Wysokie i Mszana Dolna.

c) Ród H powstał około 35 000 lat temu na Półwyspie Indyjskim i zasadniczo żyje tam do dziś. Nieliczne jego plemiona, jak np. Cyganie i Romowie, przywędrowały we wczesnym średniowieczu na Bałkany i przez Rumunię, Węgry i Słowację wschodnią rozprzeczły się po pozostałej Europie.

Z Polski testowano dotąd tylko dwie osoby haplogrupy H. W naszym rejonie z tej haplogrupy nie testowano jeszcze nikogo.

4. Zespolona haplogrupa IJK

Ta ważna, zespolona haplogrupa wydała najpierw z siebie kolejną zespoloną haplogrupę IJ. Powstała ona około 45 000 lat temu. Przez długie tysiąclecia przed Wielkim Zlodowaceniem (ok. 20 000–12 000 lat temu) tworzyła znane przedlodowcowe kultury archeologiczne w Europie i pozostawiła ludzkie szczątki kromanińskie, paleoeuropeoidalne.

² Gwiazdka w praktyce tej genealogii oznacza, że chodzi dosłownie tylko o mutację przodków haplogrupy F, z równoczesnym wykluczeniem podgrup.

a) Ród I powstał (według A. Klosowa) około 46 000 lat temu, na skutek mutacji M170 i uważany jest za rdzennie europejski. Zapewne on, obok ojcowskiej IJ, stanowił w okresie przedlodowcowym w Europie jedyną populację paleoeuropoidalną. Najstarsze jej szczątki kostne i wytwory materialne zidentyfikowano w Kostienkach nad Donem (Rosja) i datowano radiowęglowo dokładnie na 30 000 lat temu. Zapewne ten ród tworzył przedlodowcowe kultury archeologiczne: grawecką i CroMagnon. Ludność ta posługiwała się być może jakimiś formami języków przedindoeuropejskich, których śladów trzeba się dopatrywać w starym nazewnictwie wodnym (hydronimii) albo w słownictwie niektórych języków europejskich, np. w kreolskich (zlepkowych) językach germańskich.

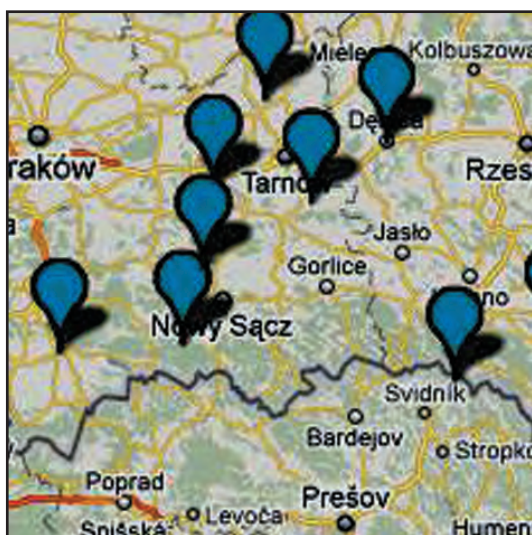
Nieco później w haplogrupie I doszło do podziału na dwie podgrupy: najpierw I2 (około 34 000 lat temu), potem I1 (przypuszczalnie około 17 000 lat temu, według obliczeń A. Klosowa).

b) Zapewne rody I1 („i jeden”) oraz I2b około 6000 lat przed Chrystusem były twórcami archeologicznych kultur protogermańskich w rejonie Jutlandii i Południowej Skandynawii, np. Kongemose, choć obecnie ich żyjące pokolenie miało najbliższego wspólnego przodka około 3 200–3 500 lat temu. Około roku 1000 przed Chrystusem obserwujemy ich istotny udział w etnogenezie Pragermanów, o czym świadczą wyniki analizy Y-DNA archeologicznych szczątków w Lichtensteinhöhle.

W Polsce liczba przedstawicieli haplogrupy I1 i I2b liczy dziś 8%. Rozpoznano też 4 osoby w naszym naddunajackim rejonie: w Gródku n. Dunajcem, Murzasichlu, Groniu i Nowej Białej na polskim Spiszu. Jest to zapewne ślad dawnego napływu na polski Spisz kolonistów niemieckich ze słowackiego Spiszu, sprowadzonych tam przez władców węgierskich w XII wieku.

c) Powstały na drodze mutacji M423 ród I2a2 i jego podgrupy związany jest głównie z Górami Dynarskimi (Chorwacja i Bośnia-Hercegowina), gdzie ich zagęszczenie wynosi blisko 50% ludności. Zapewne brały one udział w rozwoju niektórych archeologicznych kultur słowiańskich, np. słynnej Cucuteni-Trypolskiej w Rumunii i na Ukrainie.

Haplogrupa I2a2 – paleoeuropejska, w rejonie Dunajca, Popradu i Białej, towarzysząca słowiańskiej R1a1a chyba od ponad trzech tysięcy lat. (Polish Project FtDNA)



W Polsce liczebność haplogrupy I2a2 wynosi 8% ludności. Testowaniem zidentyfikowano u nas 7 osób (9% testowanej ludności) tej „słowiańskiej” haplogrupy także w naszym rejonie: Banica, Roztoka Mała, Tęgorozże, Doły (nad Białą), Bistuszcza, Dębica i Wielopole pod Tarnowem.

Z zespolonej haplogrupy IJK wywodzi się też, wyłoniona około 30 000 lat temu prawdopodobnie na Półwyspie Arabskim, haplogrupa J. Podzieliła się ona (około 20 000 lat temu) na dwie siostrzane haplogrupy J1 i J2.

d) Ród J1 wyróżnia szczególnie narody semickie: Arabów i Żydów, a wśród nich znanego patriarchę Abrahama i jego potomków. U Żydów i Arabów zagęszczenie haplogrupy J1 dochodzi do 70% (np. na Półwyspie Arabskim). W Europie Południowej bywa w zagęszczeniu od kilku do kilkunastu procent.

W Polsce haplogrupa J1 liczy około 2,5%. Dwie osoby haplogrupy J1 zidentyfikowano także w naszym rejonie: Vyšné Ružbachy (Słowacja) i Ciężkowice.

e) Ród J2 powstał około 18000 lat temu na Bliskim Wschodzie, a największe jego zagęszczenie znajduje się w rejonie Libanu i Syrii – około 25%. Ludność ta rozwijała się w rejonie tzw. Żyznego Półksiężycy – pasa ziemi idącego łukiem od Dolnej Mezopotamii, poprzez podgórze irańskiego Zagrosu, Syrię i Liban ku delcie Nilu. Tam wzięł swój początek upraw zbożowych i hodowli bydła. Na terenie Syrii ludność ta stworzyła najstarszą kulturę ceramiczną, tzw. ceramikę *impresso* lub „*cardium pottery*” (ceramika kardialna): pierwsze garnki z wypalanej gliny ozdabiano odciskami muszli skorupiaków morskich, zwanych po łacinie *cardium* (stąd nazwa *cardium pottery*). Na przełomie mezolitu i neolitu, około 5500 przed Chrystusem, pod wpływem napierających innych plemion ze Wschodu, ludność kultury *impresso* ruszyła na Zachód, osiedlając się na wyspach Morza Śródziemnego i na południowych nadmorskich krańcach Europy, od Grecji po Hiszpanię, dając im pierwsze zaczątki neolitu z ceramiką i rolnictwem.

W Polsce ludności haplogrupy J2 jest ponad 5%. W naszym rejonie zidentyfikowano trzy osoby haplogrupy J2 (Łukowica, Maniowy i Słopnice), czyli podobnie: 4% tego społeczeństwa.

5. Ród K

Wyłoniona z zespolonej haplogrupy IJK haplogrupa K powstała może w rejonie gór Hindukusz, skąd w znacznej części wyemigrowała w kierunku południowo-wschodniej Azji. Jest stosunkowo nieliczna, ale ważna. Z niej bowiem wyłoniła się kolejna ważna zespolona haplogrupa MNSOP. W Polsce haplogrupa K jest nieobecna.

6. Zespolona haplogrupa MNOPS – zwana *altajską*

Jej znaczenie polega na tym, że – podzieliwszy się – dała początek kilku wielkim populacjom i to przeważnie bardzo różnym pod względem rasowym. Żyła bowiem prawdopodobnie w rejonie Gór Altajskich, gdzie warunki życia doprowadziły do wielkiego rozproszenia grup potomnych i wielkich zmian cielesnych oraz wyróżniających się cechami rasowymi.

a) Ród M powstał około 8000 lat temu, udał się w kierunku południowo-wschodnim i zaludnił rejony Nowej Gwinei i Melanzji lub niektóre wyspy Polinezji; w niektórych rejonach zagęszcza się do 100%. W Polsce nie występuje.

b) Ród S wybrał podobne regiony zamieszkania, zwłaszcza w Papui-Nowej Gwinei. Haplogrupy M i S fizycznie wyróżniają się cechami rasy papuasoidalnej (np. wzrost około 150–160 cm). W Polsce ród S nie występuje.

c) Ród O zajął zwłaszcza terytorium Chin, Mongolii, Korei, Japonii, Indochin i wysp Indonezji oraz Cejlonu. W Polsce jest nieobecny.

d) Wielki i ważny ród N powstał około 17 000 lat temu, prawdopodobnie w pobliżu Ałtaju, na pograniczu Chin, Mongolii i południowej Syberii. Zaludnia głównie Syberię (w Jakucji do 75%) oraz północną Rosję europejską od Uralu do Finlandii (60%) i Samów w północnej Szwecji (40%). Wyróżnia go język ugrofiński. Z nadwołżańskich Ugrofinów wywodzili się przywódcy stepowych Madziarów (późniejszych Węgrów), którzy nad Dunajem utworzyli państwo węgierskie, sami z czasem w znacznym stopniu wymierając. W krajach nadbałtyckich haplogrupa N zagęszcza się do 45%. W połączeniu ze Słowianami prawdopodobnie tworzyła kiedyś Bałtosłowian.

W Polish Projekt L. Mayki, obejmującym też Litwę, haplogrupa N występuje w zagęszczeniu 7%. W naszym rejonie dotąd zidentyfikowano trzy osoby haplogrupy N (czyli 4%): w Šariškim Jastrabiu (Słowacja), Ostrowsku k. Nowego Targu i w Tarnowie. To zapewne zabląkami tu dawni Madziarzy.

7. Ród P

a) Haplogrupa P z zespolonej haplogrupy MNOPS wyłoniła się najpóźniej około 35 000 lat temu, może też w rejonie gór Ałtaju lub gdzieś bliżej, w Azji Środkowej. Jest bardzo nieliczna, za to sławna swoim potomstwem Q i R.

b) Genetyczny ród Q powstał około 18 000 lat temu. Zaludnił znaczne obszary Syberii (międzyrzecze Ob – Jenisej), rejon Kamczatki i Alaski oraz obrzeża Grenlandii. Haplogrupa Q stanowi podstawową populację (niekiedy do 100%) rdzennej ludności Ameryki, zwłaszcza Południowej, przy niewielkim procencie haplogrupy C. Ich przejście przez Syberię, cieśninę Beringa, Kamczatkę i Alaskę do Ameryki datuje się na około 15 000 lat temu.

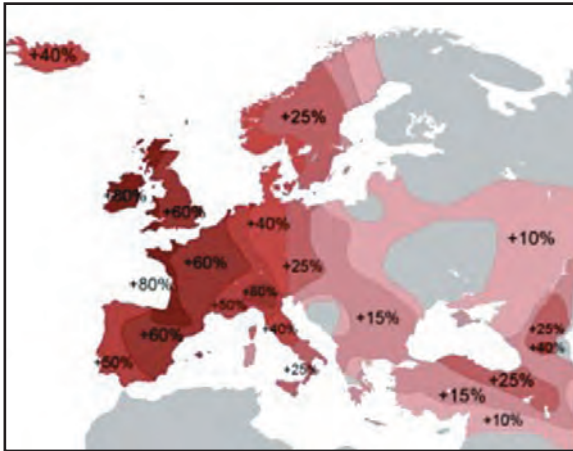
W Polsce haplogrupę Q wykryto dotąd u 18 osób. W rejonie Dunajca i Popradu nie występuje.

8. Ród R – głównie Europejczycy

W sensie genealogicznym haplogrupa R-M207 jest najmłodsza, zajmuje jakby najmłodszy wierzchołek drzewa genealogicznego ludzkości. Dominuje też swoją liczebnością, a także dokonaniem cywilizacyjnymi. Powstała na drodze mutacji M207 w SNP około 27 000 lat temu, choć dotąd nie ustalono, gdzie: w rejonie Ałtaju, w Azji Środkowej, a może w rejonie Morza Kaspijskiego lub na Rosyjskiej Równinie, w rejonie starych przedlodowcowych kultur nad środkową Wołgą (np. Kostienki).

Haplogrupa R, poprzez powstałą około 23000 lat temu (wg A. Klosowa) synowską haplogrupę R1-M173, „dorobiła się” potomstwa szczególnie ważnego dla Europy. To dwie wielkie podgrupy: haplogrupa R1a, która wyróżnia zwłaszcza ludy słowiańskie (w Polsce 56% ludności!) oraz haplogrupa R1b, cechująca zwłaszcza ludy zachodnio-europejskie.

9. Ród R1b i jego podgrupy (głównie R1b1a2: Italo-Celtowie i, częściowo, ludy germańskie)



Mapa rozmieszczenia i zagęszczenia populacji italo-celtyckiej (i germańskiej) haplogrupy R1b1a2 i jej podgrup w Europie (Źródło: Wikipedia)

Haplogrupa (ród) R1b1a2 przybyła do Europy około 4800 lat przed Chrystusem lub nieco później. Ma ona w Europie kilkadziesiąt różnych mutacji, a więc i tyleż gałęzi drzewa filogenetycznego. Jej podstawowe mutacje to zwłaszcza bratnie P312 i U106, tworzące ważne haplogrupy (aktualnie oznaczane jako R1b1a2a1a2 i R1b1a2a1a1) i dające początek dwóm wielkim populacjom. Pierwsza, R-P312, rozwija się głównie wśród zachodnich ludów italo-celtyckich (Hiszpania, Francja, Włochy, Angia i Irlandia); przybyła tam z Bliskiego Wschodu zapewne dwoma szlakami: przez Afrykę Północną, Gibraltar i Półwysp Pirenejski lub przez Bałkany. Druga, R-U106, bratnia dla R-P312, rozwija się głównie wśród ludów germańskich i anglosaskich; przybyła do północno-zachodnich Niemiec zapewne także od Półwyspu Pirenejskiego lub od Wschodu.

W Polsce z tych ważnych, zachodnioeuropejskich populacji zidentyfikowano około 16% ludności, a na naszym terenie dotąd osiem osób z tego rodu (10% całej ludności) w miejscowościach: Brzesko, Bogucice, Osobnica, Jasło, Krasne Lasocice, Łącko, Huta Wysowska i Jarabina.

Podsumowując tę pierwszą część artykułu, zauważamy, że spośród powyższych genetycznych gałęzi ludzkości w rejonie Dunajca, Popradu i Białej nielicznie pojawiają się przedstawiciele tylko siedmiu z nich: E, I1 i I2, J1 i J2, N oraz zachodnioeuropejskiej R1b. Łącznie około 43% całej społeczności (bez osobnych projektów Spiszu i rejonu Karpato-Rusińskiego, o czym w drugiej części). Prawie tak samo wygląda sumaryczna statystyka całej ludności Polski. Grupy te, choć pierwotnie niesłowiańskie, już dawno, bo może przed dwoma – trzema tysiącami lat zostały zeslawizowane i zintegrowane z tymi, które dziś na naszej ziemi są Polakami i Słowianami.

Przez kogo zeslawizowane? Która genetyczna grupa (ród) była oryginalnie, pierwotnie słowiańska, czyli tą, w której tworzyły się zręby języka prasłowiańskiego? O tym w części drugiej artykułu (w następnym roczniku „Almanachu Muszyny”).