

Vinko Vodopivec

## SESTAVLJENOST GENETSKIH RAZISKAV

### **Ključne besede**

arheologija, genetika, Y-DNK, mtDNK, mutacije, poselitvena in rodoslovna genetika, zgodovinska in sedanja genetika, Slovenci, Srbi, Hrvati

### **Key words**

archeology, genetics, Y-DNA, mtDNA mutations, settlement and genealogygenetics, history and present genetics, Slovenes, Serbs, Croats

### **Abstract**

#### COMPLEXITY OF GENETIC RESEARCH

Genetics gives some detail about the ancient peoples, their settlement and migration. Insight into the genetic age groups is given by the assumption of straight-line mutations, which can be problematic. Mutations are dependent on many factors and stress in the adolescent age when forming stem cells may have a material impact on the number and size of mutations. It is the area with the oldest genes from steady theory and this are at the same time the area of combative Asian nations and denying the impact of stress is not negligible.

Settlement of the world is expected from eastern Africa, but according to a ripe old age finds in Central and South Asia, could also source out there, as shown the modest genetic links of Africa and the Middle East. Comparative calculations of aging of these connecting genetic groups are missing, so the unequivocally ways of actual settlement cannot be done.

Settlement of Europe, in accordance with previous theories shows from east or southeast, but does not consider the population of the entire Mediterranean region and the possibility of settlement of Western Europe also or even mainly from Africa via Gibraltar. The exception is Klyosov, who also takes into account such a possibility, which is supported even with genetic information in North Africa.

Genetic age calculations interesting for the European genetic groups ending in Y-DNA about 40,000 BP in mtDNA is about 75,000 BP. It is already a significant difference between these genetic groups, let alone in comparison with the emergence of Homo sapiens, which dates back to 200,000 years BP. Also the time difference between the Y-DNA and mtDNA oversized and require comparison based on archeology data, so it could be upgraded with times of mtDNA, which are more reliable.

Shares of Y-DNA are quite different in certain areas, while the shares of mtDNA are fairly evenly distributed. Such a difference indicates that men are much traveled and looted the military expeditions, when women are guarding the house and the majorities stay at home. For settlements are therefore much more informative data of female descendant presented in the mtDNA gene groups.

Comparison of genetic groups of Slovenes, Croats and Serbs shows significant differences among Slovenians, and significant similarities genetic groups of Croats and Serbs with genetic groups of Belarusians and Ukrainians, which is consistent with historical data on their settlement in the beginning of the 7<sup>th</sup> century.

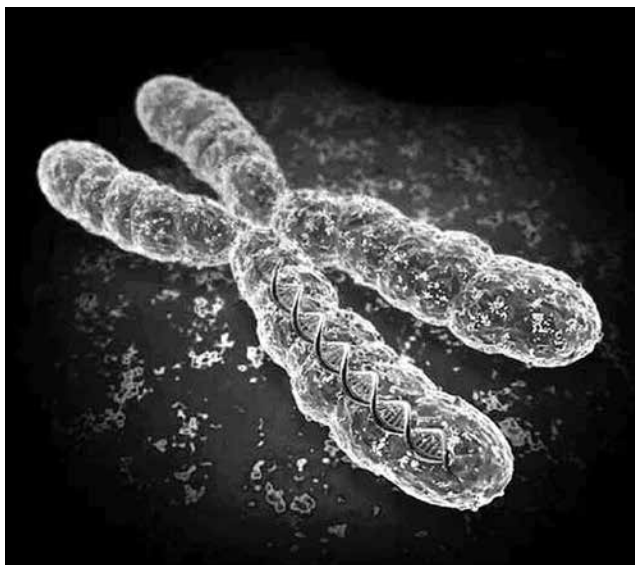
## Genetski pogled

### DNK

DNK je v celičnem jedru v dveh kopijah, ena ima 3.079.843.747 parov nukleotidov in 32.185 genov. Sestavlja jo 44 navadnih kromosomov, katerih polovico dobimo od očeta in polovico od matere, saj imata jajčece in semenčica le en izvod navadnih kromosomov. Posebnost sta spolna kromosoma X in Y. Ženske celice imajo dva X kromosoma, moške pa enega X in Y. Jajčece ima le en X kromosom, semenčica pa ima le po en X ali le Y kromosom. Semenčica določa spol, saj pri združitvi nastane ženska skupina XX ali moška skupina XY, zato se Y kromosom deduje le po moški liniji.

Genska zamenjava med kromosoma X in Y je škodljiva in ni mogoča, razen v majhnih predelih, ki predstavljajo okoli 5 % dolžine Y kromosoma, ki je bolj priti koncu kromosoma. Ker se Y kromosom podeduje le po moški črti je primeren za vpogled v preteklost, saj nosi vse pretekle Y mutacije. Pri ljudeh je kromosom Y sestavljen iz 454 genov in 57.741.652 baznih parov, ki so osnovni gradniki DNK. To pomeni, da predstavlja  $57.741.652 / 3.079.843.747 = 1,87\%$  celotne DNK v celici moškega. Y kromosom ima manjšo raznolikost kot navadni kromosomi, zato je natančnost preiskav manjša le okoli 99 % v primerjavi z veliko raznolikostjo ostale jedrne DNK z natančnostjo preiskav 99,9999 % [1].

Navadni kromosom je prikazan na sliki 1.



Slika 1: navadni kromosom [2]

### mtDNK

Običajna celica vsebuje 500 in več mitohondrijev, ki imajo od 2 do 10 mtDNK kopij dvovertnega genskega kolobarja, zato imajo celice okoli 1000 do 10.000 mtDNK kopij. Verigi DNK se razlikujeta glede na prisotne nukleotide: ena od verig, imenovana težka veriga, je bogata z deoksigvanozin monofosfati in nosi zapis za 28 genov, druga veriga,

imenova lahka veriga, pa je bogata z deoksicitidin monofosfati in nosi zapis za 9 genov. Jajčece ima 100.000 do 1.000.000 kopij, semenčica pa le od 100 do 1000 kopij. Pri človeku ima mtDNK 16.569 baznih parov, ki skupno nosijo zapis za 37 genov. Genski zapis se deduje na vse potomce, ohrani pa le po materini strani, saj se ob oploditvi moški del mtDNK uniči. Novejše raziskave pa kažejo, da se tudi moški del ohrani, vendar pri razmerju 1/1000 le redko lahko prevlada. Zaradi kratkosti genskega zapisa je zanesljivost preiskav podobna kot pri Y kromosomu, to je okoli 99 % [1].

### *Pomembnejši genetski deli*

Kromosom je podolgovata dvovijačna molekula, ki nosi gene kot nosilce dednosti.

Gen je del DNK na kromosomu in je osnovna enota dednosti.

Haplotip je skupina alelov na istem kromosomu, ki so zelo blizu drug drugega.

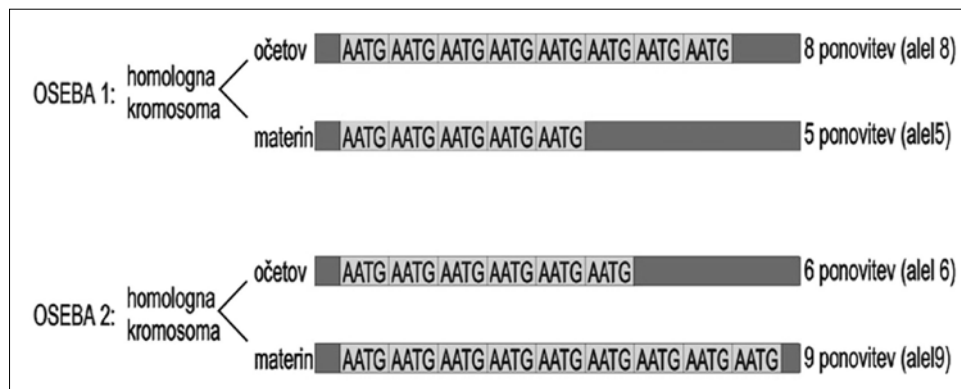
Alel je večkrat ponovljena oblika skupine nukleotidov STR na določenem lokusu (mestu).

STR (short tandem repeat) – kratke parne ponovitve so ponavljajoča se zaporedja sestavnih delov DNK – nukleotidov.

Nukleotid je osnovna enota s katerimi je zapisan gen. Posamezna enota je sestavljena iz fosfatne skupine, pentoze (sladkor z petimi ogljiki v obroču) ter dušikove baze. Med posameznimi nukleotidi so si različne le dušikove baze. V človeški DNK so štiri različne dušikove baze in posledično štirje različni nukleotidi: citozin (C), gvanin (G), timin (T) in adenzin (A).

### *Alel*

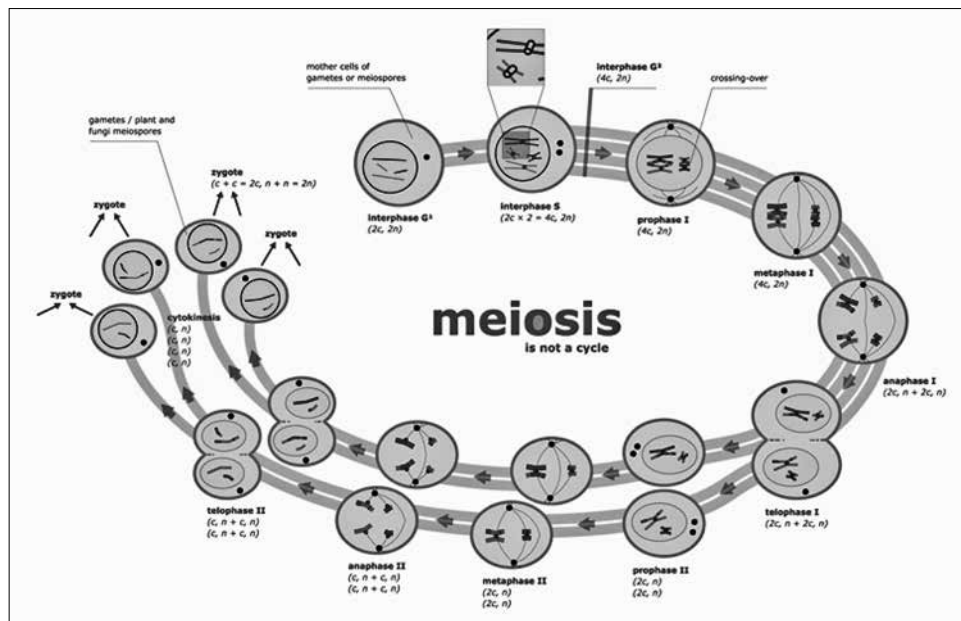
Prikaz alelov navadnih kromosomov je prikazan na sliki 2.



Slika 2: Aleli navadnih kromosomov, STR je AATG [1]

### *Mejoza*

Po oploditvi se homologni kromosomi rekombinirajo, izjema je Y kromosom, ki se lahko rekombinira z X kromosomom le na dveh majhnih psevdovavtomalnih območjih, zato se prenaša v ostalem delu v identični obliki iz očeta na sina [1]. Prikaz mejoze - začetne delitve oplojenega jajčeca je razviden iz slike 3.



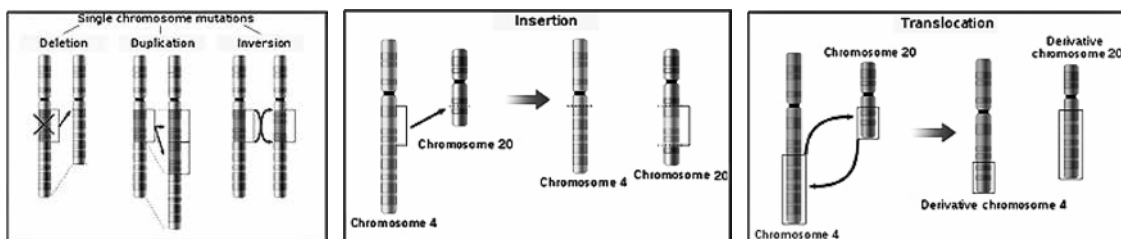
Slika 3: Mejoza s prikazom rekombinacije homolognih kromosomov [3]

### Mutacije

Mutacije so spremembe zgradbe in količine DNK. Dedne mutacije so trajne dedne spremembe genoma, ki jih povzročijo različni dejavniki, ki so lahko kemijski - vplivi spojin in elementov, fizikalni - različna sevanja, biološki – virusi itd.

Genske mutacije nastanejo zaradi sprememb v zgradbi gena, nukleotidi, ki ga sestavljajo, se lahko zamenjajo, kakšen lahko izpade oziroma se vrine v verigo nukleotidov.

Kromosomske mutacije nastanejo največkrat pri delitvi celic. Kromosom se lahko pri ločevanju in podvojitvi pretrga na dveh koncih in izpade srednji del, dela se pa ponovno zlepi in tvori krajši kromosom. Pogosto se izpadli del kromosoma prilepi na drug kromosom ali pa se pretrgani kromosomi spojijo v napačnem zaporedju. Konci kromosoma so oblikovani različno in se izpadli deli ne morejo prilepiti h koncu kromosoma. Različne mutacije so prikazane na sliki 4.



Slika 4: Različne vrste mutacije [4]

Genske mutacije se pojavljajo na dva načina, lahko so podedovane od staršev ali pridobljene v življenju posameznika. Mutacije, ki se prenašajo s staršev na otroka, so dedne

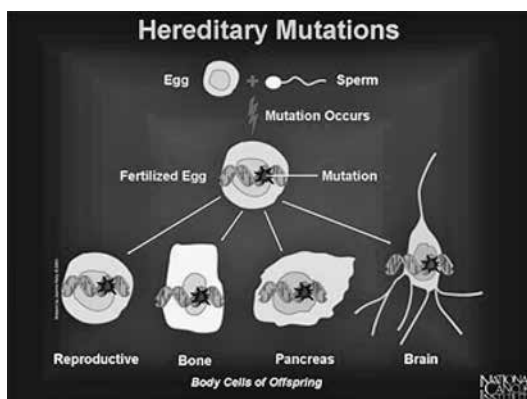
mutacije, saj so prisotne v jajčecih in semenčicah. Nove mutacije so tiste, ki se pojavijo ob ali takoj po oploditvi. Te mutacije so prisotne vse življenje. Mutacija lahko nastane tudi v eni sami celici v zgodnjem zarodku. Ko se vse celice delijo v času rasti in razvoja, bo imela oseba nekaj celic z mutacijo in nekaj celic brez nje.

Pridobljene mutacije se pojavljajo v DNK posamezne celice v določenem času med človekovim življenjem. Te spremembe lahko povzročijo okoljski dejavniki, kot so ultravijolično sevanje sonca itd, ali pa gre za napako v DNK med delitvijo celic. Pridobljene mutacije celic, ki niso semenčice ali jajčeca, se ne prenašajo na potomstvo.

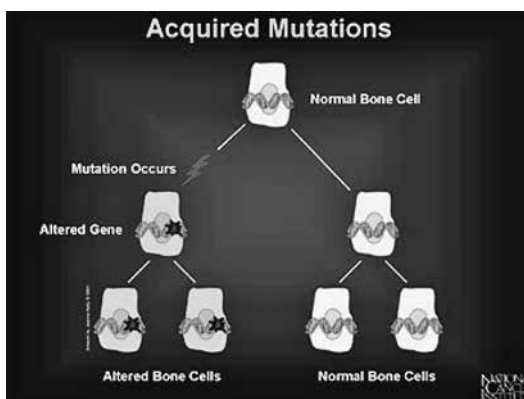
Nekatere genske spremembe so zelo redke, druge pa so pogoste. Genske spremembe, ki se pojavijo pri več kot 1 odstotku prebivalstva se imenujejo polimorfizmi. Pogoste so dovolj, da se štejejo za normalno spremembo v DNK. Polimorfizmi so vzrok za veliko normalnih razlik med ljudmi, kot so barva oči, barva las in krvna skupina. Čeprav jih je veliko polimorfizmi nimajo negativnih učinkov na zdravje osebe, lahko pa nekatere od teh sprememb vplivajo na tveganje za nastanek nekaterih bolezni [5].

### Dedne mutacije

Dedne mutacije so že v DNK spolnih celic. Če spolne celice vsebujejo mutacije, združitev ustvari potomstvo, ki bo mutacije preneslo na vse telesne celice. Kljub temu, da se napake pojavljajo v DNK ves čas, še posebej med delitvijo kromosomov, ima celica izjemno sposobnost, da jih popravi. Če pa se sposobnosti za popravilo DNK preveč zmanjša, se mutacije prenesejo na prihodnje celice, kar lahko povzroči razne bolezni. Ti dve možnosti mutacij sta prikazani na slikah 5 in 6.



Slika 5: Oploditvene mutacije [6]



Slika 6: Pridobljene mutacije [6]

### Mitohondrijske mutacije

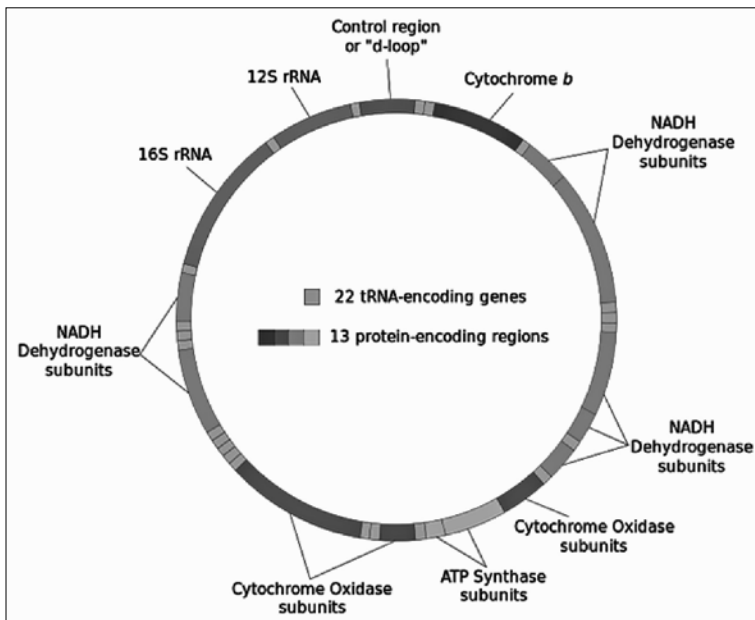
Mitohondrijsko DNK si lahko predstavljamo kot ovalni kromosom, ki je v mitohondrijih, ki so odgovorni za pretvorbo energije iz hranilnih snovi v obliko uporabno za celice. V enem mitohondriju je od 2 do 10 kopij mtDNK. V mitohondriju je sicer tudi prisoten DNK popravljalni mehanizem, vendar je veliko manj učinkovit v primerjavi s tistim v celičnem jedru, zato so mtDNK mutacije pogostejše. Zaradi manj učinkovitega popravljalnega

mehanizma je možen pojav različnosti mtDNK tako med različnimi celicami, kot v samih celicah, kjer so lahko mitohondriji gensko različni in celo v samih mitohondrijih so lahko različni zapisi mtDNK. Prav ta možnost sčasoma omogoča genske dedne mutacije, ki bi bile pri tako številnih kopijah, brez te možnosti nemogoče.

Problem dednih mt mutacij je zapleten, saj veliko število kopij v jajčecu onemogoča prenos slučajnih mutacij na potomstvo. Mutacije so praviloma škodljive in povzročijo hitro ali počasno smrt celice, nekatere so srednje in njihov vpliv na celici ni opazen, nekatere pa občuti celica kot dobre in jih vzpodbuja pri delitvi in te lažje prevladajo nad nemutiranimi kopijami.

Kopije mtDNK so v posameznih mitohondrijih in v enem se lahko pojavi mutacija, ki ostane in s podvajanjem sčasoma prevlada in se z večinskimi številom mitohondrijev lahko prenese tudi na potomstvo.

Mitohondrijska DNK se deduje samo po materini strani ne glede na spol potomca, saj so mitohondriji semenčic očeta po oploditvi uničeni, oziroma zaradi izrazite manjšine ne morejo prevladati. Zaradi načina dedovanja ter večje stopnje mutacij je mtDNK nepogrešljiva pri ugotavljanju sorodstvenih vezi po materini liniji za več generacij nazaj. Ko govorimo o genetskem vzorcu mtDNK, so mišljene samo mutacije v območju »Control Region« in ne v celem mitohondriju, glej sliko mitohondrijske DNK, ki je prikazana na sliki 7 [7].



Slika 7: Mitohondrijska ovalna DNK [7]

### Različnost mutacij

Dedne mutacije so lahko koristne, srednje ali škodljive. Zadnje se praviloma izločijo že med nosečnostjo s spontanim splavom, ali kasneje z različno prizadetostjo, ki iz raznih

razlogov največkrat zmanjšuje ali celo onemogoča potomstvo. Gre za tako imenovano ozko grlo, ki spušča ali podpira le osebe z boljšimi dednimi lastnostmi.

### Časovna ura

Preiskave genskih skupin omogočajo vpogled v zgodovino, saj genski zapis nosi vse pretekle dedne genske spremembe. Za ocenjevanje so možni različni pristopi, ki imajo svoje zakonitosti, predpostavke ter znane in neznan napake. Najprej se je pojavila poselitvena genetika, ki pa jo že zamenjuje rodoslovna genetika.

#### *Poselitvena genetika*

Poselitvena genetika ugotavlja delež posameznega haplotipa na posameznih območjih in sklepa, da je pri največji gostoti verjetno tudi starost tega haplotipa največja. Osnovna predpostavka je, da je rast prebivalstva krajevno in časovno enakomerna, kar je vprašljivo tako iz gospodarskih razlogov: nabiralništvo, pašništvo, poljedelstvo; vremenskih pogojev: ledene dobe, močnejše ohladitve, sušno ali deževno obdobje; okolje: miroljubno, napadalno, roparsko, ubijalsko itd. Predpostavk je veliko, zato poselitvena genetika daje manj zanesljive podatke, čim bolj se spreminjajo navedeni pogoji, ki se najbolj spreminjajo po času, zato daje manj zanesljive vpogleds z večanjem starostnega obdobja.

Pri mlajših prostorskih širitvah posamezne genske spremembe pa je zelo zanesljiva, saj z največjo pogostostjo podaja območja, kjer se je zgodila genetska sprememba in njeno širitev, ki je razvidna iz padcev pogostosti [8].

#### *Rodoslovna genetika*

Rodoslovna genetika je za mlajša obdobja manj zanesljiva, saj se časovno bližji pogoji hitro spreminjajo, bistveno bolj zanesljiva pa je za daljši vpogled v zgodovino, saj računa starost glede na število mutacij, ob predpostavki povprečne dobe pojava posamezne mutacije. Tudi tu so odprta mnoga vprašanja, na katera bodo morali genetiki najti ustrezne odgovore in jih pri svojih predpostavkah in računih upoštevati. To so predvsem različne vrste mutacij: velike, majhne, neopazne, vzvratne; okolje; poljedelsko, miroljubno, poseljeno, selitveno, napadalno, ubijalsko; različnost haplotipov: enakomernejši, sestavljennejši; časovno merilo: enakomerno ali padajoče itd.

#### *Različnost Y in mt časov*

Časi predvidenih nastankov Y in mt mutacij so tako različni, da terjajo smiselno uskladitev, saj so časi mt mutacij bistveno enakomernejši in starejši. Sedanji podatki kažejo, da so se najprej selile ženske in tisočletja za njimi šele moški, kar seveda ne vzdrži trezne presoje. Res je, da so bili moški bolj gibljivi kot krošnjariji, trgovci, prevozniki, bojavniki itd, medtem ko so ženske čuvale dom in otroke, vendar gre pri tem za razpršenost, ne pa za starost posameznih genskih skupin.

Način mt genske mutacije je bistveno bolj neodvisen od različnih pogojev in zato nudi zanesljivejšo osnovo za zgodovinski pogled. Ko bodo podani zanesljivejši podatki za starosti mt genskih skupin, bo to dobra osnova za umerjanje starosti Y genskih skupin tako, kot so arheološki podatki o starosti kosti dobra osnova za umerjanje mtDNK starosti.

### *Atomska časovna ura*

Atomska časovna ura je bila potrebna umeritve, saj se je žarčenje spreminjalo in je bilo v preteklosti manjše, zato je ura kazala napačno in so bile raziskovane stvari v resnici starejše. Prav tako je treba umeriti časovno pojavljanje zlasti Y-DNK genskih skupin in poiskati morebitne spremembe, ki so vplivale na pogostost mutacij. V zadnjem obdobju je taka sprememba skrita v moških hlačah, ki omogočajo stalnost temperature in s povečano temperaturo modov za 10 do 15<sup>o</sup> C lahko nudijo pogoje hitrejših mutacij v semenčicah. Tako stanje lahko grobo ocenimo na zadnji tisočletji. Starejša ura torej lahko kaže različno in to z daljšimi dobami Y mutacij. Verjetna je tudi razlika med Y-DNK in mtDNK, saj višjo temperaturo zagotavlja že ustroj ženskega telesa s položajem jajčnikov.

Spreminjajo se tudi okoljski pogoji, zlasti je škodljiva množična uporaba petro-plastike, ki povzroča številne hormonske težave in lahko vpliva tudi na genske spremembe. Tudi prevelika uporaba kemičnih pripravkov z dolgo dobo razgradnje, za preprečevanje škodljivih plesni in zajedavcev, ima mnogovrstne škodljive učinke na človeka in tudi na njegove razmnoževalne organe. Rastne hormone, ki se uporabljajo ne samo v pridelavi mesa, ampak tudi zelenjave, uživamo in s tem vzpodbujamo nenaravno rast. »Sodobna civilizacija ustvarja kemikalije, **ki v naravi niso nikoli obstajale**. Mnoge so estrogenomimetiki« [9].

Časi, ki jih za različno stare najdbe Homo sapiens sapiensa podaja arheologija so za mlajša obdobja večji od časovnih predvidevanj nekaterih genetikov. Časi pojavljanja posameznih mutacij, ali časi do skupnega prednika, so v Evropi bistveno kasnejši, oziroma krajši kot v predvideno izvernih območjih. Ker gredo razlike v desetisoče let je smiselno uskladiti dosedanje časovno pojavljanje, ki temelji na predpostavljani povprečni dobi posamezne mutacije, s časovnimi razporeditvami drugih znanstvenih področij, predvsem arheologije. Potrditev starostnih genskih izračunov je možna preko analiz okostij, kjer pa je zaradi nepopolnih podatkov treba preučiti tudi delne podatke, kar pa lahko store le izkušeni raziskovalci. Take primerjave bodo podale točnejša predvidevanja glede časa in pogostosti posameznih vrst mutacij in s tem boljše osnove za izračun časov pojavljanja določenih genskih skupin.

### *Časi mutacij*

#### Genetski

Mutacijska stopnja kromosoma Y je zelo nizka  $1,9-5,4 \times 10^{-9}$  na nukleotid/leto. Mutacijska stopnja mtDNK je nekoliko višja in je okoli  $3,5 \times 10^{-8}$  na nukleotid/leto [1]. Razmerje med povprečnimi časi mutacij nukleotidov v Y kromosomu in mtDNK je okoli 1 proti 10, zato so mutacije mtDNK, glede na nukleotid, 10 krat pogostejše.

#### Zgodovinski

Za Y-DNK se predpostavlja ena dedna mutacija na 10 lokusih v 1250 letih, za mtDNK pa je predpostavljena ena dedna mutacija v 20.000 letih na 400 lokusih [10].

### *Popravek časovne ure*

Časi nastanka mtDNK in Y-DNK genskih skupin so na posameznih območjih bistveno različni, kar ni logično, saj se niso naselile le ženske in so moški prišli šele tisočletja za



njimi. Praviloma so šli naprej moški in ko so ugotovili ustreznost pogojev ali celo uredili življenjski prostor so za seboj pritegnili tudi ženske. Medtem ko so nastanki mtDNK genskih skupin precej enotni, pa je pri Y-DNK čas nastanka bistveno različen. Treba je poiskati vzrok, zakaj nastopi ta različnost.

Razlika med mtDNK in Y-DNK je dvojna: velikost kromosoma Y je po številu genov več kot desetkratna  $454/37 = 12,27$ , pri osnovnih parih pa je mnogokratna  $57.741.652/16569 = 3485$ . Razmerja kažejo, da je možnost mutacij pri Y kromosomu mnogo večja. Druga razlika je pri številu kopij, saj je v semenčici prisoten le en izvod Y kromosoma, pri jajčecu pa okoli 100.000 do 1.000.000 kopij mt DNK. Razmerje kaže, da je tudi po številu kopij bistveno večja verjetnost mutacij na Y kromosomu, čeprav je popravljalni ukrep pri Y mutacijah boljši kot pri mt mutacijah.

### *Napačni časi*

Mutacije, ki so prenosljive na potomce praviloma povzročajo delitve celic iz katerih se bodo razvile spolne celice, te pa so v modih in jajčnikih. Mutacije so odvisne od načina delitve, ki je pri Y kromosomu zahtevnejša kot pri mt ovalu, in od različnosti sestavnih delov. Ker je najbolj neuravnotežen čas nastanka Y mutacij so za presojo hitrosti Y mutacij pomembne prav različnosti genskih zapisov. Različnost zapisa ima lahko bistveno vlogo: čim večja je različnost genskega zapisa, tem večja je lahko mutacijska sprememba pri istem fizičnem obsegu mutacije. To pomeni, da so mlajše genske skupine, ki so bolj raznolične, ob istih pogojih, lahko podvržene večjim in s tem prividno hitrejšim genskim spremembam. Prav tako imajo lahko tudi območja z veliko gensko raznolikostjo, pri večjih zamenjavah skupin nukleotidov, ob istih fizičnih spremembah, večje mutacijske spremembe.

Dokaz za to so sedaj predpostavljene starosti genske skupine R1b, ki naj bi nastala v zahodni Aziji in naj bi se selila v Evropo bistveno kasneje in tu je nelogičnost naselitve te skupine. Ker padajo časi naselitve od vzhoda proti zahodu, bi se morali seliti naprej vedno le ljudje s prividno mlajšimi mutacijami ali z manjšo pestrostjo, kar pa ni logično in ni skladno s temeljnim načelom poljubnosti. To neskladje je razvidno že pri normalnem širjenju prebivalstva, pri selitvah v stilu preseljevanja narodov ali celo vojaških pohodih, ki se prav tej genski skupini običajno predpostavlja, pa bi morale biti genske skupine starostno skoraj izenačene.

Podobno je tudi pri drugih genskih skupinah Y kromosoma, pa tudi pri mt ovalu, čeprav so tu razlike precej manjše. Sedanji časi bodo morali doživeti korenite spremembe, še posebej pri Y kromosomu in lahko bi bila genska skupina R1b starejša na zahodu, kot pa na vzhodu. To pa je prav podatek, ki ga zagovarja poselitvena genetika.

Podatki za starost R1b genske skupine so: R1b okoli 20.000 v srednji Aziji – Altaj, R1b1 prav tam okoli 16.000, Rusija 6.800, Kavkaz 6.000, Bližnji vzhod 5.300, Pirenejski polotok 4.800, Francija 4.200 [11-12].

To naj bi kazalo širitev nosilcev te genske skupine padajoče od 16.000 do 4.000 PS na razdalji Altaj – Kavkaz 3.000 km v 10.000 letih ali 0,3 km/leto in na razdalji 4.500 km Kavkaz – Pirenejski polotok v 2.200 letih ali 2 km/leto. Primerjava hitrosti širjenja nista primerljivi, zlasti, ker se pri prvi predpostavlja nomadska pašniška ljudstva, pri

drugi pa poljedelska. V obdobju druge predvidene širitve proti zahodu je zaradi izjemno poslabšanih vremenskih razmer z ohlaiditvami, prevladovala selitev proti jugu in ne proti zahodu. To izdatno potrjuje prav razporeditev genske skupine R1b na zahodu in R1a na vzhodu.

### *Reševanje neskladja*

Reševanje tega neskladja se skuša utemeljiti z bojevitostjo posameznih ljudstev, ki naj bi pri svojih pohodih uničila tam živeče prebivalce. Sam nisem pristaš genocidnih iztrebljanj s strani roparskih ljudstev, saj roparji potrebujejo prebivalce, ki kaj imajo, iztrebljanje pa jim ne prinaša plena. Seveda so ropanja naletela tudi na odpore, ki so bili verjetno krvavo zadušeni, glede popolnega opustošenja pa so boljši vzroki, kot so nalezljive bolezni, suše, povodnji, prevzem znanja od nasprotnikov in podobni dogodki.

### *Problem odselitve*

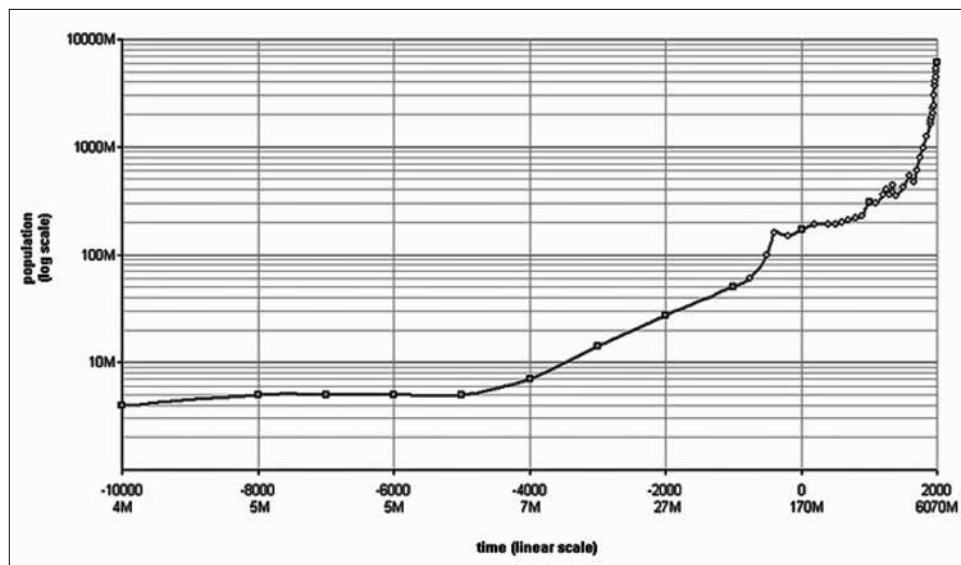
Ko se manjši del pripadnikov neke haploskupine naseli daleč od izvora te skupine, so največkrat gensko dokaj homogeni in nimajo take heterogenosti, kot jo je imela prvotna širša skupnost. Ta homogenost se lahko odraža tudi v tej haploskupini in ko se ugotavlja njihovo starost se zdi, da so začele mutacije nastajati šele po priselitvi. Tako se s povprečno dobo mutacij ugotovi le navidezna starost na tistem območju. Pravo starost se lahko določi šele s primerjavo navidezne starosti, na vseh območjih kamor so se preselili pripadniki te haploskupine, s starostjo izvirnega območja.

Taka razlaga je dobra glede na splošno homogenost, ne pa za homogenost pretežnega haplotipa opazovane skupine, saj je verjetnost njegove večje homogenosti bistveno manjša. Tu je bistvena razlika med populacijsko in rodoslovno genetiko, ki imata verjetno vsaka po svoje prav in to neskladje še ni zadovoljivo razrešeno.

### *Število ljudi*

Pri umestitvi posameznih haploskupin se mora upoštevati tudi število ljudi na preiskovanem območju. Število ljudi je bilo v preteklosti dokaj enakomerno, v zadnjem času pa izjemno hitro narašča in že presega 7 milijard. Bistveno za razumevanje zgodovinskih razmer, je poleg podnebja, ki nudi zunanje okolje, načina prehranjevanja od nabiralništva in lova do pašništva in poljedelstva, razvitosti kulture in obrtništva, ki predstavlja sposobnost tedanjih naseljencev, predvsem število prebivalcev. Naraščanja števila prebivalcev obravnavajo različni avtorji, razlike pa so relativno majhne, tako da lahko kot zelo verjetno osvojimo naslednje število vseh prebivalcev po času, ki je podano na sliki 8.

- Razvidni so štirje časovni deli: nezajeti del od 200.000 do 10.000 PS s možnim enakomernim porastom od ene 20 članske družine do 4 milijonov, stari del od 10.000 do 5.000 PS z dokaj enakomernim prebivalstvom 4 do 5 milijonov in ničelno stopnjo rasti, dokaj enakomeren dvig od 5.000 do 1.700 PS od 5 do 500 milijonov s porastom 0,07 % in močan porast od 1.700 do danes od 500 milijonov na 7 milijard z letnim prirastom 1,07 %.
- Seveda so to le povprečne stopnje, ki so bile zaradi občasnih izjemno slabih vremenskih razmer in posledično bistvenega zmanjšanja prebivalstva lahko nekajkrat večje.



Slika 8: Število svetovnih prebivalcev po času [13]

- Povečana rast v zadnjem času ni enakomerna, saj nekatera področja ne povečujejo rasti, nekatera le malo, nekatera pa imajo izjemno hitro rast prebivalcev. Vzhodna Evropa stagnira, Kitajska, Severna Amerika in Zahodna Evropa imajo majhno rast, Srednja in Južna Amerika, Avstralija, Bližnji vzhod, Indija in Indonezija imajo rast okoli 1%, največji porast pa je v Afriki, kar od 2 do 3 % letno.

### Glavna časovna obdobja

Mutacijske stopnje glede na nukleotid/leto so večidel enake, razen možne razlike  $Y$  mutacij v obdobju moških hlač. Število mutacij pa je tekom časa odvisno od števila ljudi in lahko osvojimo več značilnih časovnih obdobj, glej sliko 8:

- Prastaro obdobje, kjer prebivalstvo v povprečju raste od ene družine do 2 milijonov dokaj enakomerno v dobi od 200.000 do 100.000 PS; stopnja rodnosti je sicer visoka, prebivalstvo pa zaradi umrljivosti raste počasneje, čas rodov pa je okoli 20 let. Za dednost so pomembni le preživeli, zato je povprečno stanje prebivalstva okoli 1 milijona. Faktor prebivalcev je 1.
- Staro obdobje od 100.000 do 5.000 PS, kjer prebivalstvo raste povprečno dokaj enakomerno od 2 do 5 milijonov; zaradi občasnih izjemno slabih vremenskih obdobj se je število ljudi bistveno zmanjšalo; stopnja rodnosti je sicer visoka, prebivalstvo pa raste počasneje; čas rodov pa je okoli 20 let. Povprečno stanje prebivalstva je okoli 3,5 milijona. Faktor prebivalcev je 3,5.
- Srednje obdobje, kjer je prebivalstvo raslo skoraj enakomerno rastjo 0,07 % letno, od 5 milijonov do 500 milijonov v dobi od 5.000 PS do 1.700; rast ni bila povsod enaka, saj se je v Evropi po tretjem tisočletju PS zaradi bistveno poslabšanih življenjskih razmer število ljudi celo zmanjšalo, kasneje pa zopet povečevalo; čas rodov je bil okoli 20 let.

Povprečno stanje prebivalstva je okoli 50 milijonov. Faktor prebivalcev je 50.

- Novo obdobje, kjer je prebivalstvo raslo bistveno hitreje s povprečno stopnjo rasti 1,07 % letno, od 500 milijonov na 7 milijard v dobi od 1.700 do danes; tudi tu so razlike med območji in obdobji, ki bi jih bilo treba upoštevati; tu nastopi tudi razlika med Y in mt genskimi mutacijami zaradi moških hlač, saj so v preteklosti hitrosti mutacij Y manjše, v tem obdobju pa so povečane; čas rodov pa je od 20 do 30 let odvisno od območja visoke, srednje in nizke rasti prebivalcev. Povprečno stanje prebivalstva okoli 1,5 milijard. Faktor prebivalcev je okoli 1.500.

Zgodovinsko gledano je treba zadnje obdobje izločiti, srednje obdobje pa ustrezno prilagoditi ali razdeliti na manjša obdobja na primer: od 5.000 do 1.000 PS s povprečnim prebivalstvom 20 milijonov in faktorjem prebivalcev 20, ter od 1.000 PS do 1700 s povprečnim prebivalstvom 200 milijonov in faktorjem prebivalcev 200.

Število prebivalcev vpliva le na obseg mutacij, na časovno pojavljanje pa vpliva posredno ob upoštevanju časa rodov in drugih pogojev.

### *Ruska študija*

Študija primerja različne teorije glede hitrosti povprečnih mutacij v preteklosti in zagovarja enakomerno hitrost v primerjavi z logaritmično padajočo hitrostjo. Opisuje različne poskuse izračunov za vpogled v časovno pojavljanje haplotipov, ki pa se niso potrdili v realnosti. Ugotavlja, da raziskave razmerja mutacij oče – sin ne bi dala ustreznih izidov tudi pri zelo velikem obsegu podatkov. Študija zajema tudi nekatere znane rodovnike z večjim številom rodov in primerja tako mutacije kot število možnih rodov.

Poleg različnih mutacij po obsegu in vsebini, opisuje tudi možnosti ničelnih mutacij, ki ne povzročajo sprememb in vzvratnih mutacij, ki mlajše mutacije spremenijo v starejše. Podaja hitrost mutacij različnih in različno obsežnih alelov, kjer se izkaže, da so nekateri hitreje, drugi pa počasneje spremenljivi [14].

*Študija odpira mnogo vprašanj, predvsem glede povprečne stopnje mutacij in uporabe sedanjih podatkov za vpogled v preteklost ter nanje tudi delno odgovarja; ne podaja pa obrazložitev bistvenih neskladij med razširjanjem praviloma le mlajših Y mutacij in ne ugotavlja vzrokov bistvenih razlik v primerjavi časov Y in mt mutacij.*

### *Islandska študija*

Študija mtDNK podaja izsledke rodovnika od leta 1560 po materini strani za 15 rodov, kjer je ugotovljena generacija okoli 30 let, kar se sklada tudi z nekaterimi študijami v nasprotju z nekaterimi drugimi, ki ugotavljajo le 20 let na generacijo. Stopnja ugotovljenih mutacij je 0,0043 na generacijo ali 0,32 mutacije/lokacijo/milijon let in je nižja od drugih rodovnih študij, ki ugotavljajo stopnjo od 2,5 do 0,46, a je še vedno bistveno večja kot pri filogenetskih študijah, ki mt mutacijsko stopnjo ocenjujejo v desetkratnem razponu od 0.025 do 0.26 mutacije/lokacijo/milijon let [15].

*Študija podaja primerjave in kaže na različnost posameznih primerjav in izračunov ter s tem odpira vprašanja o ustreznosti sedanjih podatkov za izračune v preteklosti. Ker so mt mutacije manj odvisne od zunanjih vplivov kot Y mutacije zaslužijo posebno pozornost in razjasnenje vpogleda v preteklost. Praviloma so pomembne le tri spremenljivke, ki vplivajo*

*na te izračune: rodnost, ki z večjim številom otrok veča tudi število genetskih sprememb; povprečna doba rodov, ki ima podoben časovni učinek ter velikost mutacijskih sprememb.*

### *Celovita presoja*

Pri nastanku starejših genskih skupin je treba upoštevati podatke vseh znanstvenih področij, saj je treba izhajati od začetka pojava modernega človeka in njegove razširitve po svetu. Tu genetiki pomaga predvsem arheologija, ki dokaj zanesljivo ugotavlja starosti posameznih najdb človeških kosti in izsledke genskih preiskav teh kosti je treba vzporejati z ugotovljeno starostjo teh najdb.

Ločevati je treba prvotno poselitve, ki jo je pogojevala prosta zemlja in kasnejše utesnitve pri večji obljudenosti. Upoštevati je treba vremenske pogoje, zlasti v zadnjih ledenih dobah, ki so omejevale severnejše poselitve. Skozi zgodovino so se spreminjali načini prehranjevanja, ki si sledijo od nabiralništva, lova in pašništva do poljedelstva. Prav načini prehranjevanja omogočajo oceno rasti prebivalstva, ki je bila s pašništvom in zlasti s poljedelstvom bistveno povečana. Treba je upoštevati načine življenja posameznih rodov, saj so poljedelska ljudstva vezana na obdelovalno zemljo in so bila bistveno manj gibljiva kot plenilska. Nekatera nomadska ljudstva pa imajo svoje značilnosti in še danes niso stalno naseljena.

Mutacije nastanejo praviloma v rodni celici in so odvisne tudi od načina življenja, ki na območjih bojevitih ljudstev poraja stalne stresne pogoje, ki imajo lahko precejšen vpliv prav na najobčutljivejši del človeka, na njegove zarodne celice. Največja možnost mutacij zaradi stresa je bila prav na območju osrednje Azije, ki je bila znana po bojevitih ljudstvih, kjer je tudi največja pestrost in predvidena največja starost genskih skupin, medtem ko je bila poljedelska Evropa enovitejša in prividno mlajša.

Časovne ure Y in mt haplotipov se še vedno odprte in so predmet obsežnih razprav. Časi mt mutacij so bistveno zanesljivejši od Y mutacij in najprej bi morali dobiti ustrezno merilo za vpogled mt mutacij v daljno preteklost, do pojava sodobnega človeka do okoli 200.000 let. Šele na tej osnovi so možne presoje teorij o pojavljanju posameznih Y mutacij, oziroma Y genskih skupin, saj morajo biti starosti usklajene.

Upoštevati je treba različnost mutacij, ki lahko: ne povzročajo sprememb, povzročajo majhne spremembe, velike spremembe in celo vzvratne spremembe. Bistvene so lahko tudi različnosti sprememb haplotipov pri istem fizičnem obsegu posamezne mutacije.

Upoštevati je treba tudi spremenljivost različnih novejših pogojev za nastanek mutacij v preteklosti: moške hlače, kemični kmetijski pripravki, petroplastika, hormoni, zdravila, različni dodatki pripravljeni ali konzervirani hrani itd.

Razširjanje genskih skupin iz starejših območij praviloma proti mlajšim območjem ni skladno z dejanskimi poselitvami, zato je treba poiskati vzroke za napačnost nekaterih predpostavk glede starosti posameznih genskih skupin. Gre za navidezne starosti ob upoštevanju povprečne dobe mutacij, ki jih je treba uskladiti s predpostavljenim izvirnim območjem.

Pomembno je število prebivalcev na posameznih opazovanih območjih in obdobjih ter porast tamkajšnjega prebivalstva, saj večje število prebivalcev daje več mutacij, večje število rodov pa večjo časovno pogostost mutacij.

Šele celovito upoštevanje navedenih in drugih možnih vidikov, bo bolje osvetlilo dosedanja razhajanja v teoretičnih predpostavkah in praktičnih izračunih, glede pojavljanja posameznih genskih skupin v preteklosti.

### Zaključki

Za časovno umestitev posameznih genskih skupin je pomembnejša analiza mt-mutacij, saj razen v mlajšem obdobju prevladuje enaka starost rodov, zaradi mnogih kopij pa je zelo majhna verjetnost ohranitve večjih mutacijskih sprememb. Smiselna je časovna enakomernost mutacij, ki pa je ocenjena v desetkratnem razponu od 0.025 do 0.26 mutacije ali v povprečju 0,142/lokacijo/milijon let [15]. Glede na arheološke [16-18], jezikovne [19-28] in genetske podatke [29-30] in njihovo celovito presojo [31], ocenjujem mt genetske izračune kot premlade in stopnjo mt mutacij bližje manjši vrednosti, to je okoli 0,05 mutacije/lokacijo/milijon let.

Časovno umestitev Y haplotipov je treba uskladiti s časi mt haplotipov in upoštevati različnost mutacij v odvisnosti od različnosti haplotipov na posameznih območjih in miroljubno ali bojevito naravo tamkajšnjih ljudstev.

## Zgodovinska genetika

### kazalci mtDNA

Zanimive so primerjave genskih skupin mtDNA v kosteh in zobeh davnih prebivalcev, ki lahko nakažejo nekatere genetske mejnike [32].

Opozarjam na razlike v številih obravnavanih okostij v navedenih tabelah in v spremnem besedilu, ki pa za našo primerjavo niso bistvene, zato oboje uskladim in ohranjam čim manj spremenjeno.

Neolitik in Kalkolitik nista ločena, zato sem upošteval število primerov v tabelah, kar pa se ne pokriva z navedenimi pokrajinami in s starostjo najdb.

Pri različnih možnostih genskih opredelitev upoštevam le eno in praviloma prvo navedeno, negotovih izidov pa ne upoštevam.

### Middle/Upper Paleolithic mtDNA

Countries: Russia – 2: 1x U2, Germany – 2: 2x U, Spain – 2: 1x U, RO, Italy – 2: 1x N, RO

Period/Haplogroup	N	R0/HV	H	V	J	T	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	I	W	X	Other
Paleolithic mtDNA, 7	1	2	0	0	0	0	4	(1)	(0)	(0)	(0)	0	0	0	0	0

– V najstarejšem obdobju ob dokaj uravnoteženi razporeditvi najdišč izstopa genska skupina U.

### Mesolithic mtDNA

Countries: Russia – 3: 1x U5a, U5a1, U5b, Lithuania – 4: 3x U5b2, 1x U4, Poland – 3: 2x U5b1, 1x U5a, Germany – 4: 2x U4, 1x U5a2a, U5b2, Sweden – 17: 6x U5, 8x U4, 1x V, K, T, Luxembourg – 1: 1x U5a, England – 1: 1x U5, Portugal – 8: 4x H, 2x U, N.

Period/Haplogroup	N	R0/HV	H	V	J	T	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	I	W	X	Other
Mesolit. mtDNA, 40	2	0	4	1	0	1	31	(0)	(0)	(11)	(20)	1	0	0	0	0

– V starejšem obdobju ob dokaj uravnoveženi razporeditvi prav tako izstopa genska skupina U.  
*Early Neolithic & Chalcolithic mtDNA*

Countries: Germany – 44: 2x W, U, V, 3x HV, 4x J, 6x N, 7x K, 8x H, 10x T, Czech Republic – 6: 1x H, J1c, 2x K, T2, Hungary – 7: 1x D1, C5, 2x N9a, 3x N, Portugal – 4: 1x H, V, 2x U, Ukraine – 7: 1x J, T4, V, 2x H, HV, Catalonia – 11: 1x I1, U4, W1, 2x J, T2, 4x H.

Period/Haplogroup	N	R0/HV	H	V	J	T	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	I	W	X	Other
Early/Midd. mtDNA, 79	16	3	15	3	5	14	7	(0)	(1)	(0)	(4)	15	0	2	2	2

– V zgodnjem srednjem obdobju izstopajo nemški genske skupine N, H, K in T, saj so tam najdbe najpogostejše.

#### *Late Neolithic & Chalcolithic mtDNA*

Countries: Denmark – 2: 1x U4, U5a2a, Sweden – 3: 1x H, J, T, Germany – 8: 1x J, 2x K, T2c, 3x U5, France – 29: 1x V, 2x K1a, HVO, T2b, 4x X2, 6x H, J1, U, Spain – 2: 1x H11a, L1b1, Catalonia – 14: 1x V, D, 2x HV, RO, 4x H, L3, England – 3: 1x N1a, U5b, X2, Catalonia – 18: 1x H3, K1a, X1, 2x U5, T2b, 3x K, 4x H, N, Basque – 113: 3x L2, 11x T, 14x J, 18x U, 24x K, 43x H.

Period/Haplogroup	N	R0/HV	H	V	J	T	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	I	W	X	Other
L. N & C mtDNA 174	0	7	58	2	25	8	30	(0)	(0)	(2)	(9)	27	1	1	2	10

– V mlajšem obdobju in ob pretežno zahodnih vzorcih izstopata genski skupini H in U, pa tudi K in J.

#### *Bronze Age mtDNA*

Countries: Denmark – 8: 1x H, I, K12a, U4, U5b, X2, 2x K1b, Germany – 34: 5x J, T2, 8x U, 16x H, Catalonia – 8: 1x K, V, 2x U, 4x J, Greece – 4: 1x H, U5a1a, 2x K, Scotland – 3: 1x H, T1, U, Basque – 5: 1x H, 2x J, U, Rumania – 2: 1x H17, H2b, Ukraine – 2: 1x H5a, U5a1a, Sardinia – 14: 1x HVO, J, 2x U2, 11x H.

Period/Haplogroup	N	R0/HV	H	V	J	T	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	I	W	X	Other
B. Age mtDNA 59	0	0	22	1	11	6	17	(1)	(0)	(1)	(10)	6	1	0	1	0

– V bronasti dobi ob pretežno zahodnih vzorcih zopet izstopajo genske skupine H in U, pa tudi J in K.

#### *Iron Age mtDNA*

Countries: Denmark – 20: 1x ROa, T2b, V, 2x J, K, 3x I, 10x H, Catalonia – 24: 1x RO, T, V, 2x J, K, W, 3x H, 12x U.

Period/Haplogroup	N	R0/HV	H	V	J	T	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	I	W	X	Other
Ir. Age mtDNA 47	0	2	21	3	4	3	7	(1)	(1)	(1)	(3)	4	1	2	0	0

– V železni dobi ob pretežno zahodnih vzorcih izstopata genski skupini H in U, pa tudi K in J.

#### *Komentar*

– Starejša obdobja kažejo največ genske skupine U, odstopa le srednji Mezolitik, kar pa

- je pogojeno s pretežno nemškimi nahajališči.
- V mlajšem obdobju močno izstopa genska skupina H, pa tudi genske skupine J, K in T, ki so po Evropi dokaj enakomerno razporejene.
  - Vidno izstopa tudi najstarejša genska skupina U, ki je pretežno prisotna na vzhodnem delu Evrope, kar se močno pozna pri najdiščih obravnavanih vzorcev.

### *Primerjava Baskov in Kataloncev*

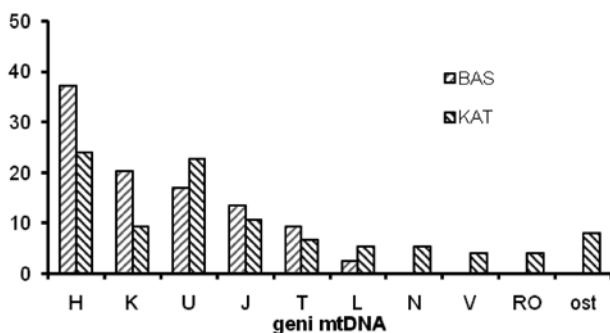
Ker so ugotovljene določene povezave slovanskih jezikov z baskovščino [33] je zanimiva primerjava mtDNK med Baski, Portugalci, Španci in Katalonci. Primerjava po številu okostij glede na prevladujoče genske skupine in njihove deleže je podana v tabeli 1 in grafu 1, ki pa zaradi skromnih podatkov Portugalcev in Špancev prikazuje le Baske in Katalonce.

**Tabela 1:** Porazdelitev deležev predantičnih genskih skupin na Iberskem polotoku v odstotkih

mtDNK	BAS	KAT	POR	ŠPA	BAS	KAT	POR	ŠPA
H	44	18	5		37,29	24,00	41,67	0,00
K	24	7			20,34	9,33	0,00	0,00
U	20	17	4	1	16,95	22,67	33,33	25,00
J	16	8			13,56	10,67	0,00	0,00
T	11	5			9,32	6,67	0,00	0,00
L	3	4			2,54	5,33	0,00	0,00
N		4	2		0,00	5,33	16,67	0,00
V		3	1		0,00	4,00	8,33	0,00
RO		3		1	0,00	4,00	0,00	25,00
ost		6		2	0,00	8,00	0,00	50,00
VSE	118	75	12	4	100	100	100	100

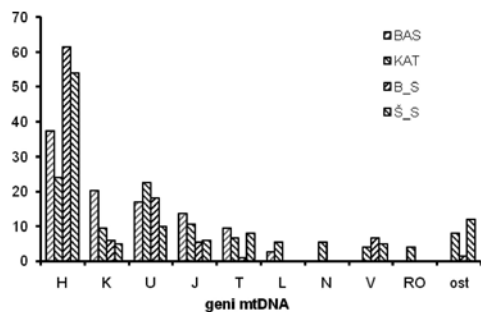
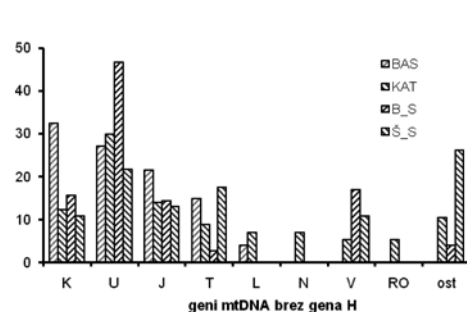
- Daleč največ podatkov je za Baske, pri Kataloncih pa so zajeti tudi Valenci, saj oboji predstavljajo jugovzhodni del.
- Bistvena razlika je v precej manjšem deležu H in K, pa tudi J in T ter v večjem deležu U pri Kataloncih.
- Ker imata genski skupina H in K po Evropi skoraj enako razporejene deleže, Baski pa so imeli manj genske skupine H in bistveno več severnoafriške oziroma Palestinsko-Egiptovske genske skupine K, je verjetno, da je naselitev Baskov bistveno starejša od ostalih.
- Večji del genske skupine U pri Kataloncih je pogojen z vzhodnim delom Pirenejskega polotoka; verjetno gre za kasnejšo naselitev preko Gibraltarja.
- Genska skupina L je srednjeafriška, genska skupina V je severnoafriška, genski skupini N in T imata verjetni izvor v Palestini-Egiptu, genska skupina J pa je evropska, lahko pa izvira tudi iz srednje Azije; ker imajo Katalonci prav te genske skupine, bi morda



**Graf 1:** Deleži predantičnih genskih skupin mtDNK Baskov in Kataloncev v odstotkih

to kazalo na poselitev romansko govorečih ljudstev iz severne Afrike.

Zanimiva je tudi primerjava tedanjih in sedanjih genskih skupin, ki so prikazani za tedanje Baske – število okostij in starost: 61, od 5.300 do 5.040, 24, od 4.800 do 4.100, 27, od 4.600 do 4.450, 6, okoli 3.500 pred sedanostjo in za tedanje Katalonce [32]; ter za sedanje Baske B\_S in Špance Š\_S [34], saj za Katalonce v tem pregledu ni ločenega podatka.

**Graf 2:** Deleži predantičnih in sedanjih genskih skupin mtDNK v odstotkih**Graf 3:** Deleži predantičnih in sedanjih skupin mtDNK v odstotkih brez genske skupine H

Primerjava je podana v grafu 2.

Opozarjam na približnost te primerjave, saj gre pri zgodovinskih podatkih za uvrstitev okostja glede na prevladujočo gensko skupino, pri sedanjih podatkih pa za stvarne povprečne deleže genskih skupin obravnavanih oseb na teh območjih.

- Očitno je bistveno povečanje deleža genske skupine H, kar posledično zmanjšuje deleže vseh ostalih genskih skupin. Ker je ta genska skupina po Evropi dokaj enakomerno porazdeljena [34] je njeno povečanje verjetno posledica poljedelskih ljudstev, ki so se hitreje množila.

Ker izjemno povečanje deleža genske skupine H kviri primerjavo ostalih deležev prikazujem tudi deleže z izločitvijo genske skupine H na grafu 3.

- Pri Baskih je očitno bistveno zmanjšanje genske skupine K in T ter povečanje genske skupine U in V. To kaže na njihovo manjše mešanje s prebivalci Pirenejskega polotoka in večje s severnimi in zahodnimi sosedi; saj se je delež pri K in T zmanjšal, pri Špancih

pa je enak ali pa se je povečal. Tudi severnoafriška genska skupina V kaže močno povečanje, vzhodnoevropska genska skupina U pa tudi kaže na močno povečanje v nasprotju s Španci.

- Najbolj pa o staroselstvu Baskov in o majhnem mešanju njihovega prebivalstva priča zelo majhen del ostalih mtDNK genskih skupin.

### Splošna primerjava

Splošna primerjava starostne in območne razporeditve starih in sedanjih mtDNK genskih skupin kaže precej podobno sliko. To vsaj delno potrjuje tudi izračune starosti mtDNK genskih skupin, ki kažejo pojavljanje za Slovenijo v povprečju okoli 5.900 let pred sedanjostjo in so podani v tabeli 2. Podatki za Slovenijo so podobni tistim, ki jih je Sykes dobil za Irsko in so podobni tudi za celo Evropo [10].

**Tabela 2:** Povprečni časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije [10]

Skupina mtDNK	H	U	J	T	K	V	W	X	I	Skupaj
Število oseb	147	53	31	31	19	15	9	7	7	329
Povp. doba naselitve	4834	8016	4554	6006	6202	2063	7533	22113	16129	5918

- Povprečna doba naselitve mtDNK slovenskih genskih skupin je več kot štirikrat večja kot pa očitno napačna teza o priselitvi Slovencev v 6. stoletju.
- Povprečni časi naselitve slovenskih mtDNK genskih skupin so okoli 6000 let, kar sega v geološko dobo Holocena in v kameno arheološko dobo Mezolitika.

### Kazalci Y-DNK

Podatkov predantičnih genskih skupin Y-DNK je v istem viru bistveno manj, le 48 v primerjavi s 406 podatki mtDNK, kar je le okoli 12 % [32]. Tudi njihova zanesljivost je precej manjša in glede na njihove precejšnje spremembe tekom časa in prostora, analiza lahko le nakazuje nekatere genske časovne in razvojne točke, ne daje pa smiselno povednih izidov glede možne poselitve Evrope.

Prikaz naselitve posameznih Y-DNK skupin v Sloveniji, kot jih je podal Darko Vrečko, ki je podal čase naselitev tudi za mtDNK genske skupine, je prikazana v tabeli 3 [10].

**Tabela 3:** Okvirni časi naselitve pomembnejših Y-DNK genskih skupin v Sloveniji

Genska skupina Y-DNK	R1a	R1b	I1	I2a
Povprečna doba naselitve	1600	2700	2000	1600

- Prav vsi časi naselitve glavnih slovenskih Y-DNK genskih skupin so, kljub očitni podcenjenosti glede na čase naselitev mtDNK, starejši od domnevne priselitve Slovencev v 6. stoletju.

### Slovinci

Genetika nam pomaga pri presoji genetske sorodnosti nekaterih območij in v primeru znanih priselitev lahko precej pomaga. Pri staroselstvu pa zadeve niso tako preproste, saj gre za tisočletna obdobja, zato so se jeziki lahko precej spremenili, čeprav

se je ljudstvo le malo selilo. Značilen primer je srednja Evropa, prvotno poseljena večinsko s Sloveni, ki so se največkrat imenovali Veneti v različnih oblikah in z drugimi plemenskimi imeni.

Slovane pa so bojevita germanska in romanska ljudstva plenila in pokorila ter jim vsilila svoj jezik, zato poteka jezikovni in genetski mejnik od vzhodne Nemčije do Alp in Italije. Jezikovni mejnik v davni preteklosti pa je bil bistveno bolj zahodno, nekje po sredini sedanje Francije, o čemer pričajo tolpisna imena in najstarejši galski napisi, ki so dobro razumljivi v slovenskem jeziku [35-37].

Jezikovne ostaline pa so tudi na evropskem zahodu: Baski, s katerimi imamo precej skupnih besed in besednih oblik [33], Bretonci in Normandijci v Franciji, Waležani ter Škoti v Angliji, kjer so tako tolpisna imena kot druge jezikovne ostaline [25, 37].

Genetika pa nam nudi tudi dokaj zanesljive podatke prav o naših prednikih, saj so opravljene preiskave okostij iz naše neposredne bližine. Naše staroselske korenine nedvoumno potrjujejo genetske primerjave sedanjega prebivalstva z okostji iz alpskih območij, okostij Etruščanov in še posebej z okoli 2400 let starimi okostji Venetov iz mesta Adria, saj imajo od 5 preiskanih okostij kar štiri okostja genske skupine sedanjih prebivalcev in okoli 20 odstotkov Slovencev nosi njihove genske skupine [29-30].

### *Etruščani*

Zanimiva je genetska primerjava okostij Etruščanov z današnjimi prebivalci okoliških italijanskih dežel in prebivalci iz njihovega bajeslovnega izvora iz okolice Smirne v Turčiji, saj naj bi se pod vodstvom Eneja v Italijo priselili po padcu Troje [38].

To priselitev podpirajo tudi jezikovne raziskave, saj so Hetiti zasedli območje Hatov, hetitsko kraljestvo pa je zaradi notranjih razprtij propadlo in preživeli Hati so nam zapustili precej starofrigijskih napisov, ki obsegajo dobo od 8. do 3. stoletja pr. Kr. Ti napisi so dobro razumljivi v slovenskem jeziku in tudi precej etruščanskih napisov je dobro razumljivih v slovenščini, kar oboje potrjuje legendo o Eneju, ki naj bi se po padcu Troje priselil v severno Italijo [39-42].

- Študija žal ne podaja genskih podatkov, zato ustreznost in zanesljivost te genetske primerjave ni moč preveriti.



Slika 9: Lidijsko obdobje 900 – 547 pr. Kr



Slika 10: Hetitsko obdobje 2,000 – 700 pr. Kr.

Zgodovinsko dogajanje je glede izvora Etruščanov prikazano na slikah 9 in 10 [38].

### *Izsledki zgodovinske genetike*

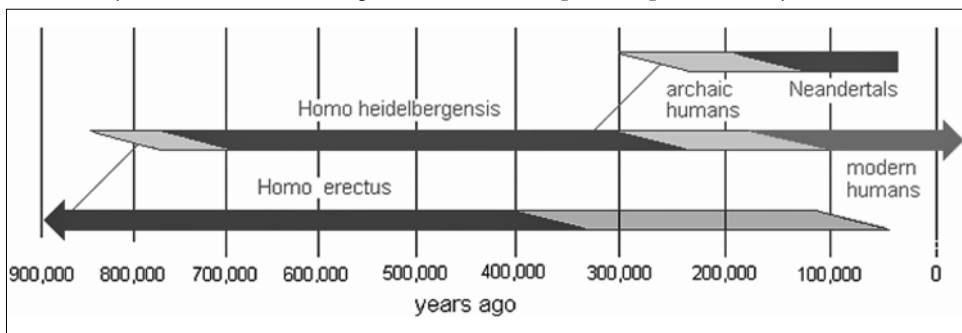
Arheologija nam omogoča vpogled v razvoj življenja na zemlji, v začetke človečnjakov in sodobnega človeka, genetika pa opisuje izvor in razširjanje sedanjega človeštva. Svet je poseljen s sodobnim človeštvom že okoli 200.000 let, zgodovinska genetika pa nam lahko govori po ohranjenih genskih ostankih, ki pa jih je malo in so le nekateri boljše ohranjeni. Tudi tu pa lahko pričakujemo več podatkov, saj so sodobne analize izpopolnjene in nam pri istih najdbah lahko podajo točnejše izide. Predvsem nam lahko dodatno osvetle čase nastanka določenih mutacij, ki so sedaj le preračunani s smiselnimi predpostavkami.

Časi nastanka ali pojavljanja določenih genskih skupin nam govore le o njihovem pojavu, medtem ko je poselitev z njihovimi nosilci praviloma že bistveno starejša. Treba je upoštevati celoto znanj vseh smiselnih znanstvenih področij, pa tudi celoto na posameznih področjih. Prav pri genetiki so sicer povedne raziskave širitev posameznih novejših genskih skupin, ki pa jih je treba za presojo preselitev soočiti z vedenji iz drugih področij in šele na osnovi skladnosti sklepati o njihovi vlogi.

Prav druge vede nam lahko podajo mnoge podatke in članek Biološka in psihosocialna evolucija človeka, kaže tako pregledno delo, ki celostno obravnava izvor in razvoj sodobnega človeka [43].

### Razvoj človeka

Predniki človeka segajo že v davno zgodovino milijone let, zato se omejimo le na novejšo dobo. Pokončni človek *Homo erectus* in *Homo heidelbergensis* segata že v davnino in se poslavljata z nastopom arhaičnega človeka, ki je bil prisoten v več vrstah. Neandertalec je izumrl sodobni človek pa je naselil celoten svet [44]. Časovni razpored je prikazan na sliki 11, najdišča *Homo heidelbergensis* in *Homo sapiens* s podatki o najdiščih in starosti

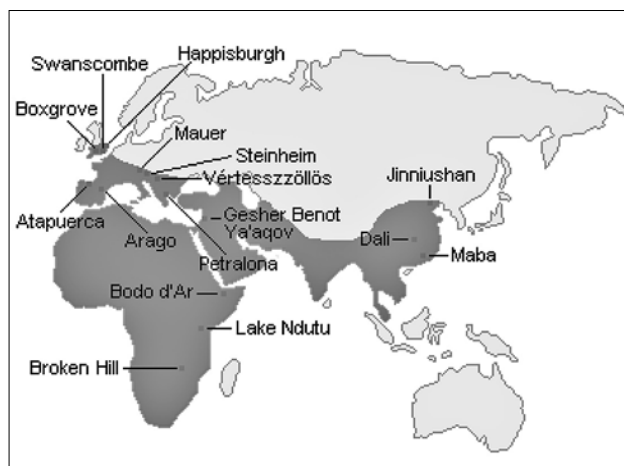


*Slika 11: Časovni prikaz razvoja človeške vrste [44]*

najdb pa na slikah 12 in 13 [45].

Glede na najstarejšo piščal na svetu iz Divjih bab je tudi v naših krajih zanesljiva naselitev modernega človeka okoli 50.000 let pred sedanjostjo [46].

### Important Homo heidelbergensis Sites



	Date of Fossil	Cranial - cm <sup>3</sup>
<b>Africa</b>		
Bodo d'Ar	600,000	1300
Broken Hill	700,000-400,000	1280
Lake Ndutu	400,000-250,000	1100
<b>Israel</b>		
Gesher Benot	790,000	
<b>Europe</b>		
Arago Cave	450,000	1150
Atapuerca	800,000-400,000	1125-1390
Boxgrove	524,000-478,000	
Ehringsdorf	245,000-190,000	1450
Happisburgh	780,000	
Mauer	500,000	
Petralona Cave	400,000-250,000	1230
Steinheim	400,000-300,000	1100
Swanscombe	400,000	1325
Vértesszöllös	475,000-250,000	1400
<b>China</b>		
Dali	200,000-100,000	1120
Jinniushan	280,000	1260
Maba	169,000-129,000	

Slika 12: Najstarejša najdišča Homo heidelbergensis so v Afriki in Evropi [44]

### Important Early Modern Homo sapiens Sites



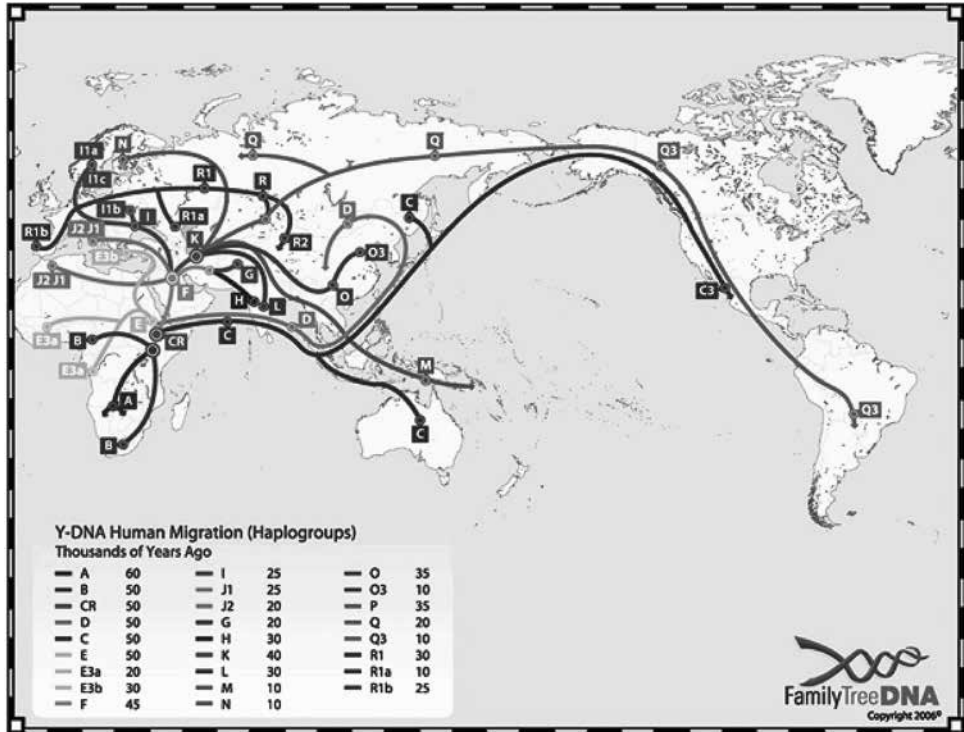
	Date of Fossil
<b>East Africa</b>	
Herto, Middle Awash	160,000-154,000
Omo 1	195,000
Laetoli	120,000
<b>South Africa</b>	
Border Cave	115,000-90,000
Klasies River Mouth	90,000
<b>Israel</b>	
Skhul and Qafzeh	92,000-90,000
<b>Australia:</b>	
Lake Mungo	60,000-46,000
<b>Asia</b>	
Ordos, Mongolia	40,000-20,000
Liujiang, China	139,000-111,000
Zhirendong, China	100,000
Zhokoudian upper cave, China	27,000
<b>Europe</b>	
Peștera cu Oase, Romania	36,000-34,000
Combe Capelle, France	35,000-30,000
Mladeč and Předmosti, Czech	35,000-25,000
Cro-Magnon, France	27,000-23,000

Slika 13: Najstarejša najdišča Homo sapiens sapiens so v Afriki in Aziji [45]

### Časovni in območni razpored Y-DNK

Predvideni časovni in območni razpored začetkov posameznih Y-DNK genskih skupin je podan v sliki 14 [47] in v tabeli 4 [48].

Časovni razvoj evropsko zanimivih Y-DNK genskih skupin in njihovo razvejanje je prikazano v sliki 15 [49].



Slika 14: Območni razpored predvidenega izvora in širitve Y-DNK genskih skupin [47]

- Slika prikazuje izvor iz vzhodne Afrike in kasnejše izvore na bližnjem vzhodu.
- Delni razvoj je predviden iz bližnjega vzhoda, ne pa iz osrednje Azije, ki pa ima skoraj enako starost najdb kot Afrika. Tudi izvor v zahodni Evropi je predviden le iz vzhoda ne pa tudi neposredno iz Afrike.
- Značilni napaki sta J2J1, ki ne potekata tudi iz Afrike in R1b, ki po svoji starosti ne more biti prinesen preko severne Evrope, ki je bila tedaj pod ledom, ampak preko južne Evrope ali preko Palestine in severne Afrike ter Gibraltarja, še v času zadnje ledene dobe.

Tabela 4: Možni časi pojavljanja evropsko zanimivih Y-DNK genskih skupin [48]

Haplogroup	Possible time of origin	Possible place of origin
K	40,000 years ago	South Asia or West Asia
T	30,000 years ago	West Asia
J	30,000 years ago	Middle East
R	28,000 years ago	Central Asia
E1b1b-M35	26,000 years ago	East Africa
I	25,000 years ago	Balkans
R1a1	21,000 years ago	Southern Russia

R1b	20,000 years ago	Around the Caspian Sea or Central Asia
E1b1b-M78	18,000 years ago	Egypt/Libya
G	17,000 years ago	Between India and the Caucasus
I2	17,000 years ago	Balkans
J2	15,000 years ago	Northern Mesopotamia
I2b	13,000 years ago	Central Europe
N1c1	12,000 years ago	Siberia
I2a	11,000 years ago	Balkans
R1b1b2	10,000 years ago	North or south of the Caucasus
J1	10,000 years ago	Arabian peninsula
E1b1b-V13	10,000 years ago	Balkans
I2b1	9,000 years ago	Germany
I2a1	8,000 years ago	Sardinia
I2a2	7,500 years ago	Dinaric Alps
E1b1b-M81	5,500 years ago	Maghreb
I1	5,000 years ago	Scandinavia
R1b-L21	4,000 years ago	Central or Eastern Europe
R1b-S28	3,500 years ago	Around the Alps
R1b-S21	3,000 years ago	Frisia or Central Europe
I2b1a	< 3,000 years ago	Britain

- Starejše evropske genske skupine imajo izvor praviloma na širšem osrednjem zahodnem delu Azije, kar potrjuje tezo o pretežni poselitvi vzhodne Evrope iz tega predela, poselitev zahodne Evrope je sicer možna, verjetnejša pa je preko severne Afrike, saj čas nastanka skupine R1b pade že v zadnjo ledeno dobo.

Predviden časovni in območni razpored izvorov različnih človeških prednikov človečnjakov, neandertalcev in homo sapiensov je podan tudi na sliki 16 [50].

### *Časovni in območni razpored mtDNK*

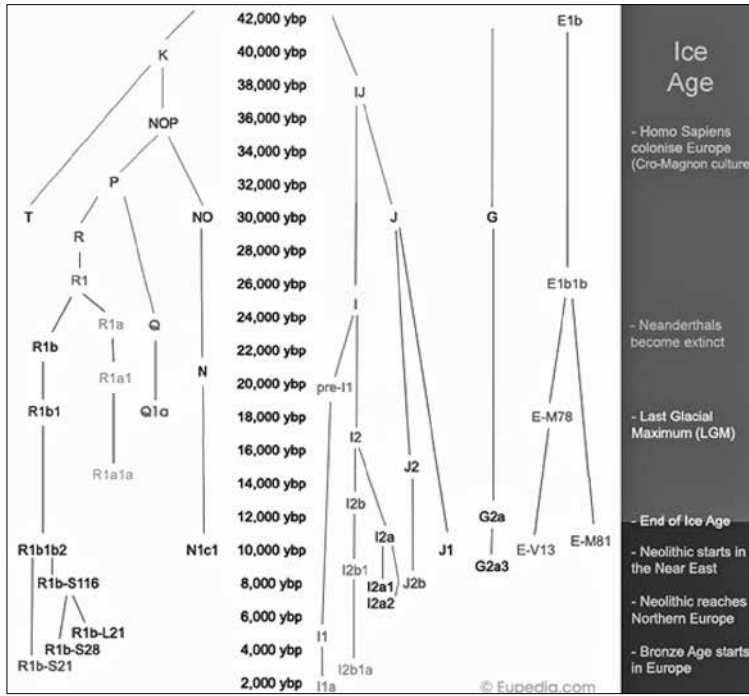
Predvideni časovni in območni razpored začetkov posameznih mtDNK genskih skupin je podan v sliki 17 in v tabeli 5 [51].

Prikaz je pomanjkljiv, saj prikazuje izvor le iz južne Afrike, kar ni skladno z arheološki najdbami. Delni razvoj je predviden iz bližnjega vzhoda in iz osrednje Azije, ki pa ima skoraj enako starost najdb kot Afrika. Tudi izvor v Evropi je predviden le iz vzhoda na pa tudi neposredno iz Afrike.

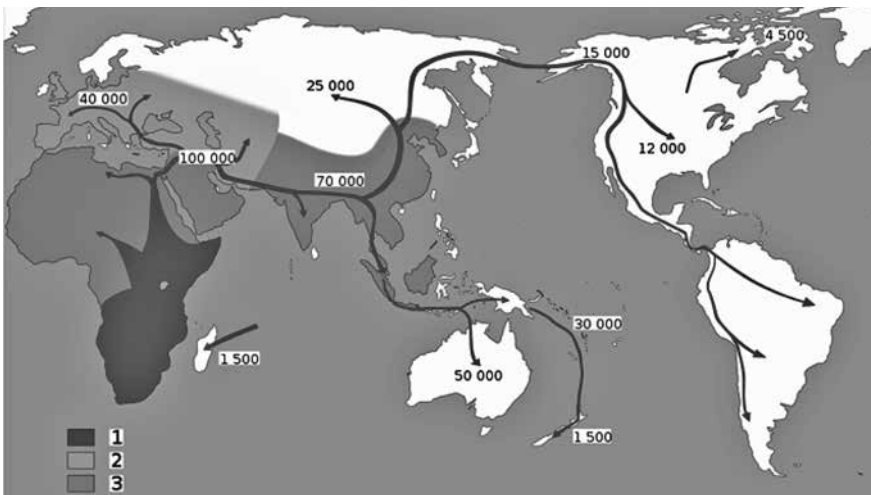
### *Komentar*

V nasprotju z Y-DNK, ki naj bi imela izvor v vzhodni Afriki, je tu predviden izvor v južni Afriki, kar ni skladno in je manj verjetno.

### Chronological development of Y-DNA haplogroups



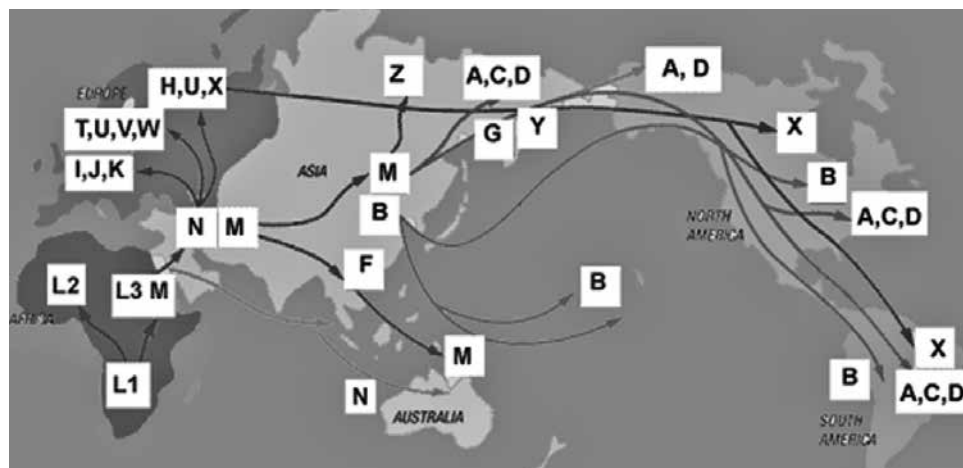
Slika 15: Predviden razvoj evropsko zanimivih Y-DNK genskih skupin [49]



Slika 16: Človeški predniki: 1. Homo sapiens, 2. Neandertalec, 3. Zgodnji človečnjaki [50]

- Prehod iz Azije v Ameriko je predviden v 15. tisočletju, ko je bilo to območje zaledenelo, kar je sicer omogočalo kopenski prehod, ki pa je bil zelo dolgotrajen in ob tedanji skromni poseljenosti manj verjeten, zato je verjetnejši prehod v medledeni dobi od 20.000 do 30.000 let pred sedanostjo.





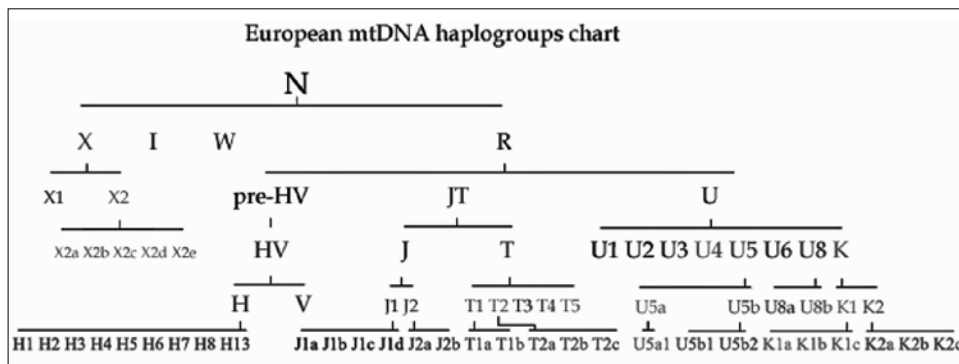
Slika 17: Območni razpored predvidenega izvora in širitve mtDNK genskih skupin [51]

Tabela 5: Predvideni čas pojavljanja evropsko zanimivih mtDNK genskih skupin [51]

Haplogroup	Possible time of origin	Possible place of origin
N	75,000 years ago	India or South Asia
R	70,000 years ago	India or South Asia
U	60,000 years ago	North-East Africa or South-West Asia
pre-JT	55,000 years ago	Middle East
JT	50,000 years ago	Middle East
U5	50,000 years ago	Western Asia
U6	50,000 years ago	North Africa
U8	50,000 years ago	Western Asia
pre-HV	50,000 years ago	Near East
J	45,000 years ago	Near East or Caucasus
HV	40,000 years ago	Near East
H	over 35,000 years ago	Western Asia
X	over 30,000 years ago	north-east Europe
U5a1	30,000 years ago	Europe
I	30,000 years ago	Caucasus or north-east Europe
J1a	27,000 years ago	Near East
W	25,000 years ago	north-east Europe or north-west Asia
U4	25,000 years ago	Central Asia
J1b	23,000 years ago	Near East
T	17,000 years ago	Mesopotamia
K	16,000 years ago	Near East
V	15,000 years ago	Iberia and moved to Scandinavia
H1b	13,000 years ago	Europe
K1	12,000 years ago	Near East
H3	10,000 years ago	Western Europe

- Najstarejši začetki mtDNK genskih skupin so predvideni v južni Aziji in bližnjem vzhodu, niso pa prikazani njihov izvori, saj naj bi vse potekalo iz Afrike.

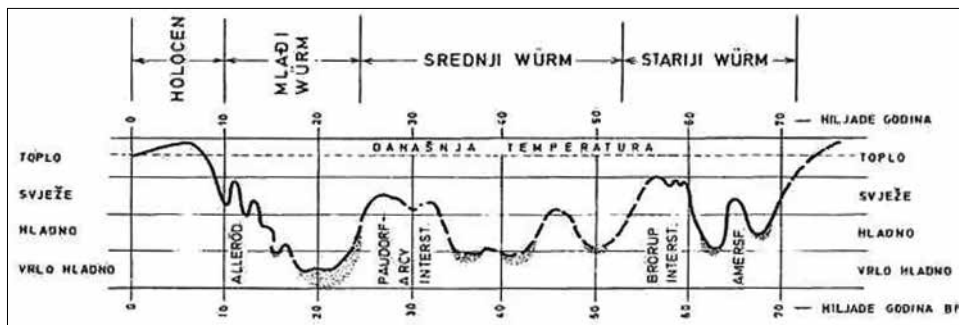
Predviden razvoj evropsko zanimivih mtDNK skupin je prikazan na sliki 18 [51].



Slika 18: Predviden razvoj mtDNK skupin [51]

## Vremenske razmere

Vremenske razmere so se zelo spreminjale, kar je časovno in temperaturno prikazano za obdobje würma in holocena na sliki 19 [52].

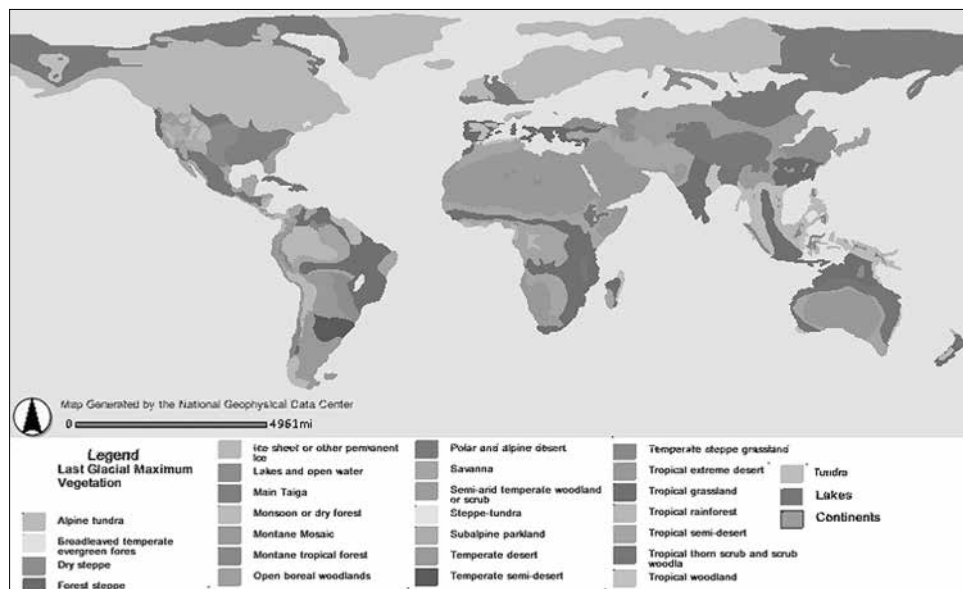


Slika 19: Prikaz srednje letne temperature v Srednji Evropi v würmu in holocenu [52]

## Dvig morske gladine po zadnji ledeni dobi

Dvig morske gladine po zadnji ledeni dobi za okoli 140 m je precej spremenil ozemlje in mnoga tedaj naseljena območja so bila poplavljeni, ljudje pa so se morali seliti na višje ležeče predele. Območja kopnega med zadnjo ledeno dobo so razvidna iz slike 20 [53].

Opozoriti moram na bistveno napako v Sredozemskem morju, saj je bila res kopna ožina Gibraltar, Sredozemsko morje pa se je znižalo le za okoli 100 metrov, saj se je prekinil dotok oceanske vode, zato je napačna kopna povezava med Italijo in Tunizijo in med Italijo in Albanijo, poleg tega pa sta globini morja na teh mestih bistveno večji od upada gladine oceanov.



Slika 20: Morje in kopno med zadnjo ledeno dobo [53]

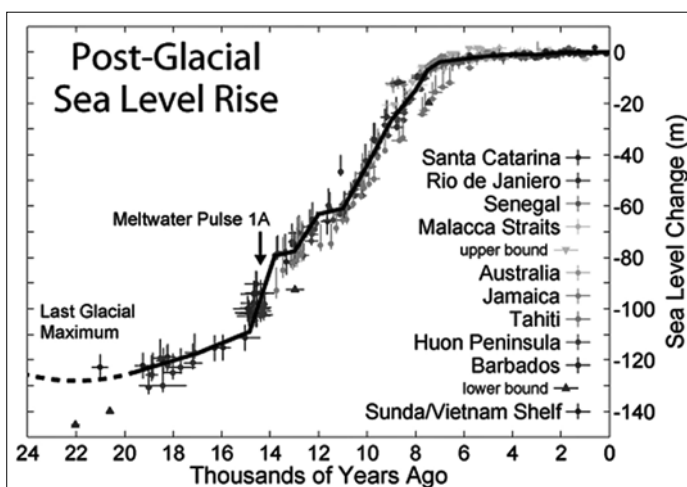
Prikaz poselitve Evrope s sodobnim človeštvom že med zadnjimi ledenimi dobami je prikazana na sliki 21 [54]. Manjka pa prikaz poselitve severne Afrike v istem obdobju, saj je bila prav gotovo poseljena pred Evropo.



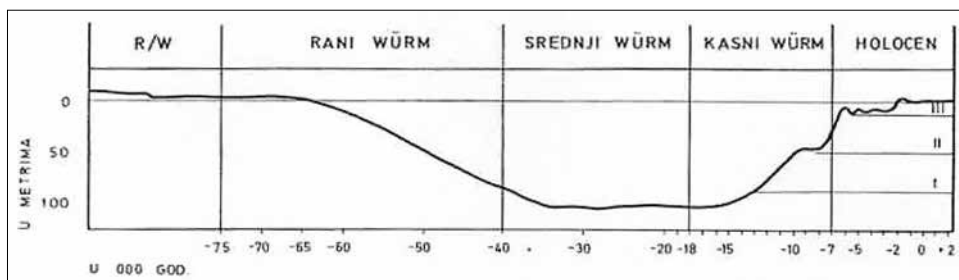
Slika 21: Kultura aurignacijska ter morje in kopno med zadnjimi ledenimi dobami [54]

- Slika združuje največjo poledenitev v času zadnje ledene dobe s časom medledene dobe od 43.000 do 48.000, kar ni združljivo.
- Očitna je napaka pri Gibraltarju, ki bi moral biti kopen, razvidno pa je tudi dosledno izločanje severne Afrike, kar kvari sicer dober prikaz poselitve tedanjega časa.
- Med 10.000 PS in 8.000 PS je bil led v navedenih povirjih že večinoma stopljen in gladina se zato ni višala, ampak celo nekoliko nižala.

Dvig svetovnega morja ob otoplitvi po zadnji ledeni dobi je po času in po raziskanih območjih prikazan na sliki 22 [55]. Zanimiva je primerjava dviga svetovnih morij z dvigom Sredozemskega morja, ki je podano na sliki 23 [52].



Slika 22: Dvig morja ob otoplitvi po zadnji ledeni dobi [55]



Slika 23: Višina Sredozemskega morja med ledenimi dobami in ob otoplitvi [52]

- Pri 65.000 PS je bil Gibraltar že kopen in padanje gladine Sredozemskega morja do 35.000 PS je bilo odvisno le od izhlapevanja in zmanjšane pritoka rek zaradi kopičenja ledu na njihovih porečjih.
- Stalna gladina med 35.000 PS in 15.000 PS je bila pogojena z ravnotežjem dotoka in manjšega izhlapevanja zaradi povečane slanosti morja.
- Med 15.000 in 10.000 PS je bil dvig gladine zmeren: 40 m v 3.000 letih = 1,3 m / leto in pogojen s topljenjem ledu v povirjih rek, ki napajajo Sredozemsko morje.

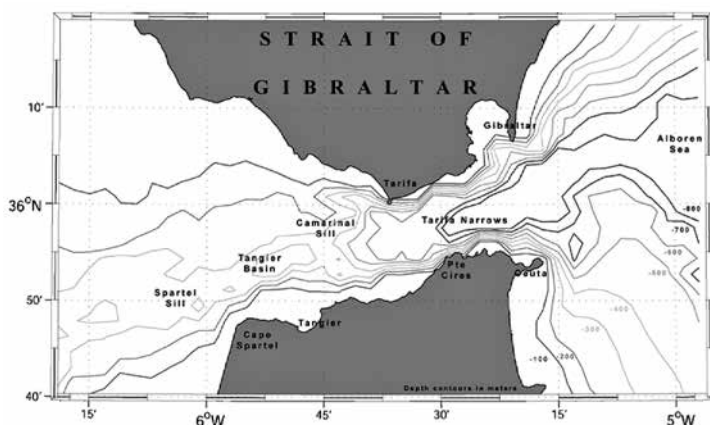
- Med 8.000 in 6.000 se je hitrost dviga morja od prvega dviga 1,3 m / leto povečala na 50 m v 2.000 letih = 2,5 m / leto ali skoraj na dvakratno vrednost in to kljub temu, da bi se morala gladina še naprej zniževati. Razlog je v tem, da je 8.000 PS gladina svetovnih morij dosegla višino le 20 m manj kot danes. To je bil začetek dotoka oceanske vode v Sredozemsko morje preko Gibraltarske ožine. Tok je bil v začetku skromen, a se je z dvigom oceanov jačal in poglobljal svojo strugo, saj je bil kasneje močnejši in je nekoč kopen prehod bistveno poglobil, saj je danes njegova najmanjša globina okoli 300 m.
- Potrebna količina vode za napolnitev Sredozemskega morja ob dvigu višine gladine za okoli 50 m in površini Sredozemskega morja 2,5 milijona km<sup>2</sup> daje 125 x 10<sup>12</sup> m<sup>3</sup> vode. V 2.000 letih to pomeni 62,5 km<sup>3</sup> letno, kar je malo v primerjavi z razliko med lastnim dotokom in izhlapevanjem, ki je sedaj okoli 2860 km<sup>3</sup> letno.

### Ozemlje med zadnjo ledeno dobo

Pred 6 milijoni let se je zaradi tektonskega narivanja afriške plošče na evrazijsko, Gibraltarska ožina zaprla in Sredozemsko morje se je skoraj izsušilo. Dokaz za to so terciarne plasti sadre in soli globoko na morskem dnu. Sredozemsko morje ima negativno vodno bilanco: letno izhlapi 4690 km<sup>3</sup> vode, s padavinami in rečnimi pritoki pa se je vrne le 1830 km<sup>3</sup>, kar pomeni razliko 2860 km<sup>3</sup> vode, zato bi se brez stalnega dotoka vode iz Atlantskega oceana skozi Gibraltarsko ožino gladina letno znižala za 1,4 m in bi se v približno 1500 letih izsušilo [56]. Iz oceana priteka po površini manj slana po dnu pa odteka bolj slana voda, kar pomeni nekoliko nižjo temperaturo in slanost na začetku Sredozemskega morja.

Gibraltarsko ožino je, glede na večjo globino plasti sadre, poglobila erozija dotekajoče vode is Atlantskega oceana še pred začetkom ledenih dob, to je pred okoli 80.000 PS. Glede na ugotovljeno spremembo gladine Sredozemskega morja med ledenimi dobami in otoplitvi, pa je bila Gibraltarska ožina očitno kopna še na začetku otoplitve po zadnji ledeni dobi do okoli 8.000 PS, ko je postopoma začela v Sredozemsko morje vdirati oceanska voda, kar je razvidno iz povečane hitrosti dviga gladine Sredozemskega morja.

Sedanje stanje Gibraltarske ožine je podrobno prikazano na sliki 24, kjer so podane njene širine in globine [57].

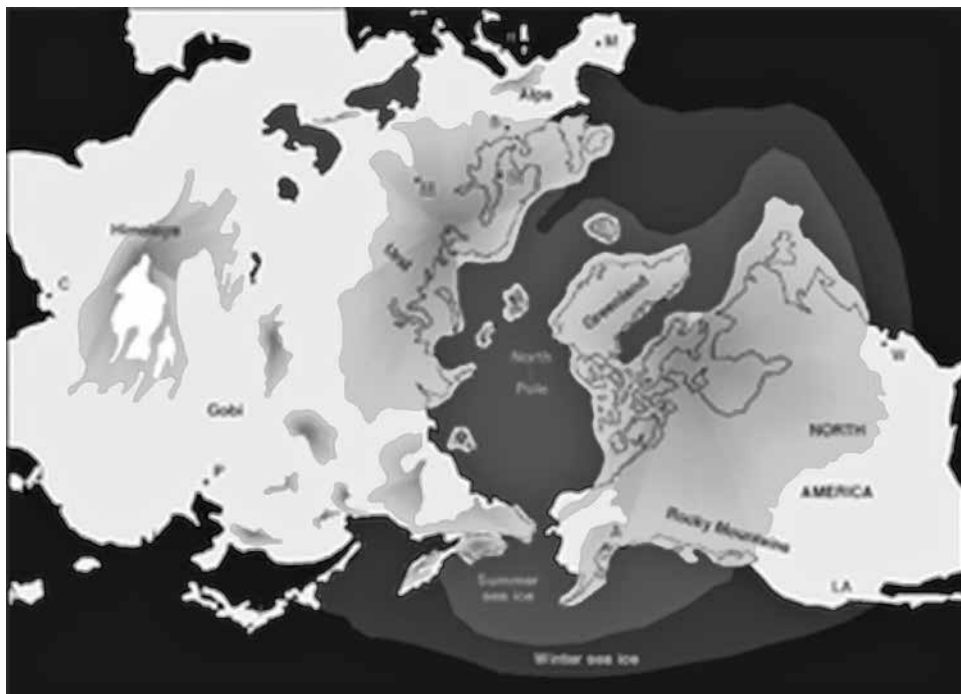


Slika 24: Širine in globine Gibraltarske ožine [57]

- Najmanjša globina okoli 300 m je v območju Camarinal Sill, najmanjša ožina pa je okoli 13 km pri Tarifa Narrows.
- Izrazito se stopnjuje globina proti Sredozemskemu morju, kar kaže na erozijo ob dotoku oceanske vode ob polnjenju praznega Sredozemskega morja. Erozija je bila učinkovita, saj gre za zdrobljeni del med afriško in evrazijsko ploščo.
- Globina erozijskega kanala kaže na polnenje Sredozemskega morja ob bistveno nižani globini, kar pomika čas polnenja daleč nazaj v preteklost, ko je bilo Sredozemsko morje skoraj izsušeno.
- Iz gladine Sredozemskega morja pred in med ledenimi dobami in dvigom po zadnji ledeni dobi pa je očitno, da je prišlo okoli 65.000 PS do ponovnega dviga Gibraltarske ožine, ki je bila zopet kopna in je preprečevala dotok iz Atlantskega oceana.
- Začetek prelivanja so povzročili visoki valovi, ki so odnašali površinsko plast in tako poglobljali dotok. Začetna razlika gladin je bila ob 20 m nižji gladini oceana v času 8.000 PS okoli 30 m, ki se v času do 7.000 PS ob dvigu oceanov za 20 m in enakem dvigu Sredozemskega morja ni spremenila. V naslednjem tisočletju pa se je gladina obeh morij počasi izenačevala.
- Bistveni del dotoka predstavlja razlika med lastnim dotokom in izhlapevanjem. Zaradi precej višje tedanje temperature ocenjujem izhlapevanje dvojno, lastni dotok pa polovično od sedanjega:  $4690 \text{ km}^3 \times 2 - 1830 / 2 = 8465 \text{ km}^3$  letno. Skupno s polnjenjem  $62,5 \text{ km}^3$  na leto je v 2.000 letih pritekalo skozi Gibraltar iz Atlantskega oceana okoli  $8500 \text{ km}^3$  letno.
- Dotok vode je:  $8500 \times 10^9 \text{ m}^3 / 365 \times 24 \times 3.600 = 269.500 \text{ m}^3/\text{s}$ , kar je večji pretok od Amazonke s povprečnim pretokom  $219.000 \text{ m}^3/\text{s}$  in največjih rek: Congo  $41.800 \text{ m}^3/\text{s}$ , Orinoco  $33.000 \text{ m}^3/\text{s}$ , Yangtze  $31.900 \text{ m}^3/\text{s}$ , Madeira  $31.200 \text{ m}^3/\text{s}$ , Negro  $26.700 \text{ m}^3/\text{s}$ , Yenisei  $19.600...$  Donava  $7.130 \text{ m}^3/\text{s}$  itd [58].
- Tako močan tok je hitro poglobil preliv na globino okoli 50 m in naredil tolmune dodatne globine okoli 50 m, poglobitev pod globino 100 m pa zahteva druge vzroke. Razlog je najverjetneje v bistveni temperaturni razliki Atlantskega oceana in Sredozemskega morja. Po karti poledenitve v zadnji ledeni dobi je bila zahodna Evropa obložena z ledom precej južneje kot vzhodna Evropa, glej sliko 16 [59]. To kaže, da toplega zalivskega toka takrat še ni bilo, bil pa je mrzli tok in je mrzla oceanska voda po dnu dotekala v Sredozemsko morje in tako poglobljala preliv še precej pod globino 100 m. To se je lahko nadaljevalo še po izenačitvi gladin in je toplo površinsko morje lahko celo iztekalo.
- Morda pa se je Gibraltarska ožina ob potresih v Sredozemlju po 3250 PS znižala na sedanjo raven.

Vremenske razmere med zadnjo ledeno dobo so pomembne za poselitev Evrope in so prikazane na sliki 25.

Med zadnjo ledeno dobo je bilo ozemlje precej obširnejše zaradi okoli 140 m nižjega svetovnega morja, ki pa na sliki 25 ni prikazano, je pa bilo pomembno za poselitev Evrope, saj je pomenilo kopenski prehod preko Gibraltarja. Celotno Sredozemlje je bilo obljudeno,



*Slika 25: Poledenitev severne poloble med zadnjo ledeno dobo [59]*

saj so bili ledeniki na Apeninih le na višini preko 1000 metrov, v severni Afriki pa še nekoliko višje [60].

### *Pre-neolitska vloga Gibraltarja*

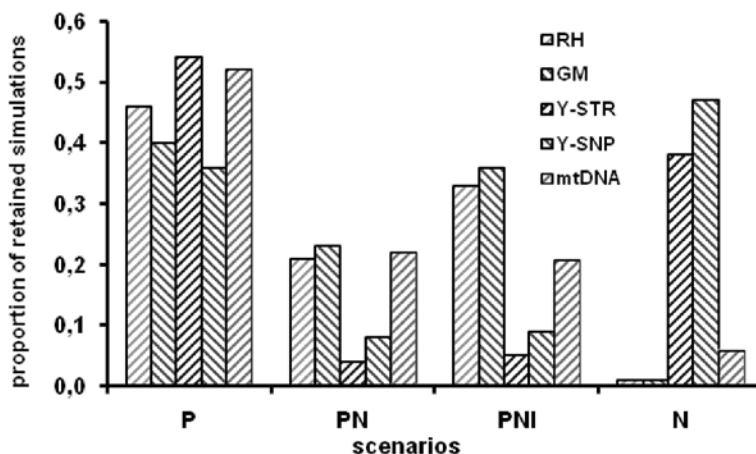
Pre-neolitska vloga Gibraltarja je prikazana tudi v študiji posameznih genskih in drugih značilnosti in kaže na poselitev zahodne Evrope preko Gibraltarja. Zaradi slabe slike je graf izveden na novo, glej graf 4 [61].

Zaključki te analize vodijo do boljšega razumevanja vloge Gibraltarske ožine v razvoju modernega evropskega človeka. Prenos genskih skupin preko Gibraltarske ožine iz Afrike v Evropo v relativno visokih stopnjah poteka od pre-neolitskih časov in kaže naravno selekcijo in razvoj zahodnoevropskega genoma. Sorodnost obeh strani Gibraltarske ožine je v paleolitiku zanesljiva, kasneje pa se zmanjšuje [61].

Iz navedenih primerjav časovne in območne razporeditve mtDNK genskih skupin lahko sklepamo na poselitev zahodne Evrope iz severne Afrike preko Gibraltarja, vzhodne Evrope iz bližnjega vzhoda, na območju Italije pa se mešata poselitve iz Afrike in iz Azije.

Območje Sredozemlja je bilo poseljeno že v času zadnje ledene dobe, ko so že bile prisotne glavne mtDNK genske skupine, saj gre za čas okoli 30.000 let pred sedanjostjo, srednjo Evropo pa so poselili poljedelci šele po otoplitvi po 10 tisočletju pred sedanjostjo.

Poselitev Zahodne Evrope preko Gibraltarja bi bila možna tudi če ne bi bil kopen, kar dokazuje poselitev Avstralije z domorodci, saj je bilo treba premagati bistveno daljšo morsko pot in to v času okoli 70.000 let PS.

**Graf 4:** Spremembe deležev navedenih lastnosti v časovnih obdobjih [61]

- Sorodnost za 4 časovna obdobja: P paleolitik – Gibraltar je kopen, PN paleo-neolitik – Gibraltar je poplavljen, PNI palo-neolitik-islamska širitev, N neolitik. Podani podatki so za RH in GM ter za Y-STR, Y-SNP in mtDNA genske skupine.

## Sedanja genetika

### *y-DNK primerjava*

Genske skupine Y-DNK so bistveno bolj raziskane kot mtDNK, kar s stališča prvobitne poselitve ni razumljivo in lahko kaže na prikrojevanje izsledkov, saj so genske skupine po moškem potomstvu veliko bolj razpršene kot po ženskem. Zato omogočajo bistveno širšo izbiro raznih naselitvenih teorij, ki jih je treba presojeti s celovitim upoštevanjem vseh bistvenih podatkov raznih znanstvenih področij, zlasti jezikoslovja, ki je bilo odrinjeno in še prav njegove najpomembnejše veje zgodovinskega jezikoslovja, ki proučuje zgodovinske sledi v tolpisnih imenih, ki segajo daleč v zgodovino in so jih praviloma poimenovali staroselci.

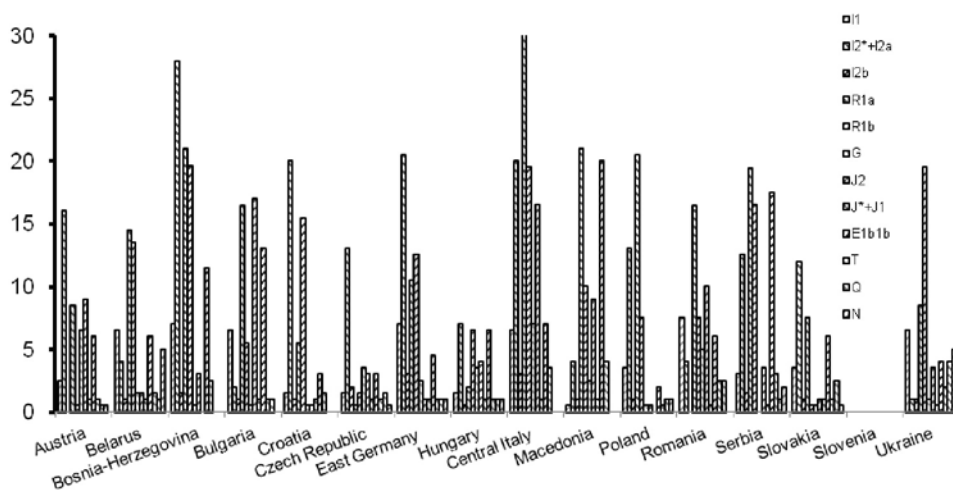
### *Slovenci*

Genetska Y-DNK primerjava Slovenije je izvedena na 16 pokrajinah, ki večinoma predstavljajo države oziroma narode [62-63]. Po najpomembnejših evropskih genskih skupinah je ugotovljena skupna razlika deležev posameznih genskih skupin glede na Slovenijo, ki kaže katere pokrajine so povprečno najbližje slovenskim genskim značilnostim. Primerjava je podana v grafu 5 in v tabeli 6.

Očitno ni bilo večjih preseljevanj, saj gre za zemljepisno celoto usmerjeno od Slovenije proti severu in vzhodu in so večje razlike šele na večjih oddaljenostih. Opazne izjeme so Makedonija, Srbija ter Bosna in Hercegovina, ki imajo poudarjene svoje značilnosti. Srbija in Makedonija imata večji vpliv grške genske skupine E1b1b, Bosna in Hercegovina pa največji delež lastne genske skupine I2+I2a. Naselitev Romunov, Bolgarov in Madžarov ni prinesla večjega skupnega vpliva, kar kaže, da je šlo za bojevite a maloštevilne naseljence.

Hrvaška bistveno odstopa pri genski skupini Bosne in Hercegovine I2+I2a in pri genski skupini R1b, ki ga je prinesla skupno s Srbi iz Ukrajine.



**Graf 5:** Razlike deležev Y-DNK genskih skupin in smiselno izbranih pokrajinah v odstotkih

- Največja odstopanja imajo: Italija pri štirih, Bosna in Hercegovina pri treh, Srbija pri štirih in Makedonija pri dveh genskih skupinah.
- Najbližje pa so Češka, Madžarska, Slovaška, Hrvaška, Poljska in Avstrija.

**Tabela 6:** Razlike deležev Y-DNK genskih skupin in smiselnih pokrajinah v odstotkih

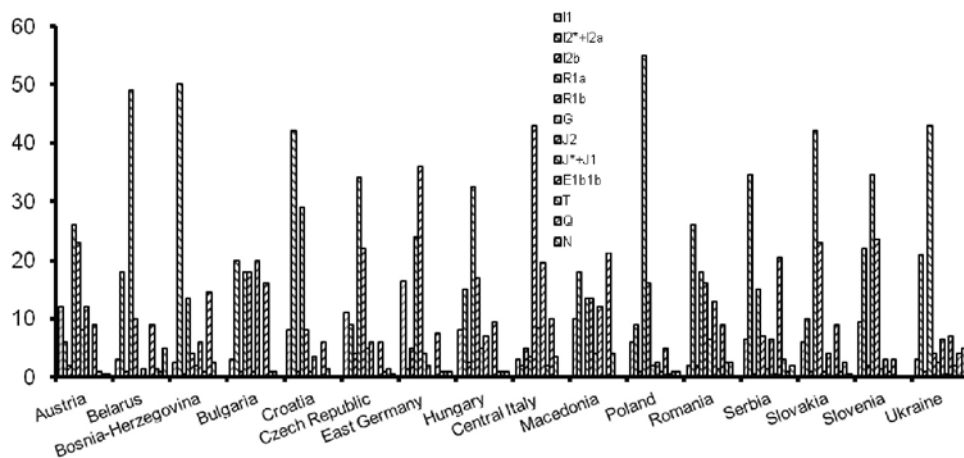
Območje/ Haplogrupa	I1	I2*+I2a	I2b	R1a	R1b	G	J2	J*+J1	E1b1b	T	Q	N	Razlika
Avstrija	2,5	16	0	8,5	0,5	6,5	9	1	6	1	0,5	0,5	52
Belorusija	6,5	4	1	14,5	13,5	1,5	1,5	1	6	1,5	1	5	57
Bosna-Hercegovina	7	28	1,5	21	19,6	0,5	3	0	11,5	2,5	0	0	94,6
Bolgarija	6,5	2	1	16,5	5,5	0,5	17	1	13	1	1	0	65
Hrvaška	1,5	20	1	5,5	15,5	0,5	0,5	1	3	1,5	0	0	50
Češka	1,5	13	2	0,5	1,5	3,5	3	1	3	1	1,5	0,5	32
Vzhodna Nemčija	7	20,5	3	10,5	12,5	2,5	1	1	4,5	1	1	1	65,5
Madžarska	1,5	7	0,5	2	6,5	3,5	4	1	6,5	1	1	1	35,5
Osrednja Italija	6,5	20	3	31	19,5	7	16,5	1	7	3,5	0	0	115
Makedonija	0,5	4	1	21	10	2,5	9	1	20	4	0	0	73
Poljska	3,5	13	1	20,5	7,5	0,5	0,5	0	2	0,5	1	1	51
Romunija	7,5	4	0	16,5	7,5	5	10	0,5	6	2,5	2,5	0	62
Srbija	3	12,5	1,5	19,5	16,5	0	3,5	0,5	17,5	3	1	2	80,5
Slovaška	3,5	12	1	7,5	0,5	0,5	1	1	6	1	2,5	0,5	37
Slovenija													0
Ukrajina	6,5	1	1	8,5	19,5	1	3,5	0,5	4	2	4	5	56,5

- Najbližje po skupni razliki deležev zajetih genskih skupin je Češka 32 %, ki ji sledijo Madžarska 36 %, Slovaška 37 %, Hrvaška 50 %, Poljska 51 %, Avstrija 52 %, Ukrajina 56 %, Belorusija 57 %, Romunija 62 %, Bolgarija 65 %, Vzhodna Nemčija 66 %, Makedonija 73 %, Srbija 81 %, Bosna in Hercegovina 95 % in Osrednja Italija 115 %.

Največjo razliko ima Italija, kjer je močna podobnost z Bosno in Hercegovino, saj je razlika med njunimi deleži le 39 %, podobno kot med Slovenijo in Slovaško, ki imata le 36 % razlike. Najmočnejše odstopa Italija pri genski skupini R1b, ki je značilna za zahodno Evropo.

Primerjava je za iste pokrajine izvedena tudi po dejanskih deležih posameznih genskih skupin Y-DNK in prikazana v grafu 6 in tabeli 7.

**Graf 6:** Deleži genskih skupin Y-DNK v odstotkih po pokrajinah



- Iz grafa je razvidno tako bistveno odstopanje posameznih genskih skupin kot precejšna enotnost različnih genskih skupin po posameznih pokrajinah.
- Umirjena razmerja posameznih genskih skupin imajo: Avstrija, Bolgarija, Makedonija in Romunija, kar lahko kaže na večjo stalnost poselitve in s tem tudi na staroselskost.

**Tabela 7:** Deleži genskih skupin Y-DNK v odstotkih po pokrajinah

Območje/ Haplogrupa	I1	I2*+I2a	I2b	R1a	R1b	G	J2	J*+J1	E1b1b	T	Q	N	Σ
Avstrija	12	6	2	26	23	8	12	0	9	1	0,5	0,5	100
Belorusija	3	18	1	49	10	0	1,5	0	9	1,5	1	5	99
Bosna-Hercegovina	2,5	50	0,5	13,5	4	2	6	1	14,5	2,5	0	0	96,5
Bolgarija	3	20	1	18	18	1	20	0	16	1	1	0	99
Hrvaška	8	42	1	29	8	1	3,5	0	6	1,5	0	0	100
Češka	11	9	4	34	22	5	6	0	6	1	1,5	0,5	100
Vzhodna Nemčija	16,5	1,5	5	24	36	4	2	0	7,5	1	1	1	99,5
Madžarska	8	15	2,5	32,5	17	5	7	0	9,5	1	1	1	99,5
Osrednja Italija	3	2	5	3,5	43	8,5	19,5	2	10	3,5	0	0	100
Makedonija	10	18	0	13,5	13,5	4	12	0	23	4	0	0	98
Poljska	6	9	1	55	16	2	2,5	1	5	0,5	1	1	100
Romunija	2	26	2	18	16	6,5	13	1,5	9	2,5	2,5	0	99
Srbija	6,5	34,5	0,5	15	7	1,5	6,5	0,5	20,5	3	1	2	98,5
Slovaška	6	10	1	42	23	1	4	0	9	1	2,5	0,5	100
Slovenija	9,5	22	2	34,5	23,5	1,5	3	1	3	0	0	0	100
Ukrajina	3	21	1	43	4	2,5	6,5	0,5	7	2	4	5	99,5

- Največ R1a ima Poljska 55%, ki ji sledijo Belorusija 49%, Ukrajina 43%, Slovaška 42%, Slovenija 35%, Češka 34%, Madžarska 33%, Hrvaška 29%, Avstrija 26%, Romunija 18%, Bolgarija 18%, Srbija 15%, Bosna in Hercegovina 14% in Makedonija 14%. Očitno je center v Poljski in deleži pojemajo proti vzhodu in jugu.
- Največ I2+I2a ima Bosna in Hercegovina 50%, ki ji sledijo Hrvaška 42%, Srbija 35%, Romunija 26%, Slovenija 22%, Ukrajina 21%, Bolgarija 20%, Belorusija 18%, Makedonija 18%, Madžarska 15% in Slovaška 10%. Očitno je center v Bosni in Hercegovini, ki se širi navzven.
- Največ E1b1b ima Makedonija 23%, ki ji sledijo Srbija 21%, Bolgarija 16%, Bosna in Hercegovina 15%, Madžarska 10%, Avstrija 9%, Belorusija 9%, Romunija 9%, Slovaška 9%, Ukrajina 7%, Hrvaška 6%, Češka 6%, Poljska 5% in Slovenija 3%. Center je v Grčiji in se od tod širi v vse smeri.
- Slovenija ima največ genskih podobnosti s Slovaško in Češko, saj odstopa več le pri bosanski genski skupini I2 + I2a.
- Hrvaška se od Slovenije največ razlikuje pri I2+I2a 20%, sledi R1b 15,5% in R1a 5,5%. Srbija se od Slovenije največ razlikuje pri R1a 19,5%, sledi E1b1b 17,5%, R1b 16,5% in I2+I2a 12,2%. Ker je I2+I2a bosansko-hercegovska genska skupina, E1b1b pa grška genska skupina je za območje prvotne domovine značilna razlika R1b. Največje odstopanje deleža R1b od Slovenije ima Bosna in Hercegovina 19,6%, Ukrajina 19,5%, Srbija 16,5% in Belorusija 13,3%.
- Ker sta Bosna in Hercegovina ter Srbija deležni podobne prvotne naselitve ostaneta kot prejšnja domovina Hrvatov in Srbov le Ukrajina in Belorusija.
- Srbija se razlikuje tudi po genski skupini R1a, ki je ima 15%, kar je bistveno manj kot pokrajine: Poljska 55%, Belorusija 49%, Ukrajina 43%, Slovaška 42%, Slovenija 34,5%, Češka 34% in Madžarska 32,5%. Podobno vsebnost pa imajo Bosna in Hercegovina 13,5% Makedonija 13,5%, Romunija 18% in Bolgarija 18%, kar kaže na večjo prvotno starotrakijsko poselitev tega območja.

### *Problem zajema podatkov*

Kako varljive so lahko posamezne podrobne primerjave Y-DNK genskih skupin pa kažejo uporabljeni podatki [63] in sedanji podatki kot jih je podala M. M. Vakar za Slovenijo [64]. Podatki so prikazani v tabeli 8.

**Tabela 8:** Primerjava starejših podatkov s spleta in sedanjih podatkov deležev Y-DNK genskih skupin za Slovenijo

Genske skupine	I1	I2+I2a	I2b	R1a	R1b	G	J2	J+J1	E1b1b	T	Q	N	Drugi
Slovenija [47]	9,5	22	2	34,5	23,5	1,5	3	1	3	0	0	0	0
M. M. Vakar [64]	10,9	19,4	2,2	37,5	16,2	3,9	2,9	0,3	4,8	1,2	0	0	0,7
Razlika deležev	1,4	2,6	0,2	3	7,3	2,4	0,1	0,7	1,8	1,2	0	0	0,7
Sprememba v %	12,8	13,4	9,1	8,0	45,1	61,5	3,5	233,3	37,5	100	0	0	100

- Razlike so precej velike, zato je treba vršiti primerjavo praviloma na istoizvornih podatkih. Zlasti odstopa zahodnoevropska genska skupina R1b, ki ga imamo bistveno manj kot pa nam ga dajejo starejši spletni podatki.

## Območna porazdelitev

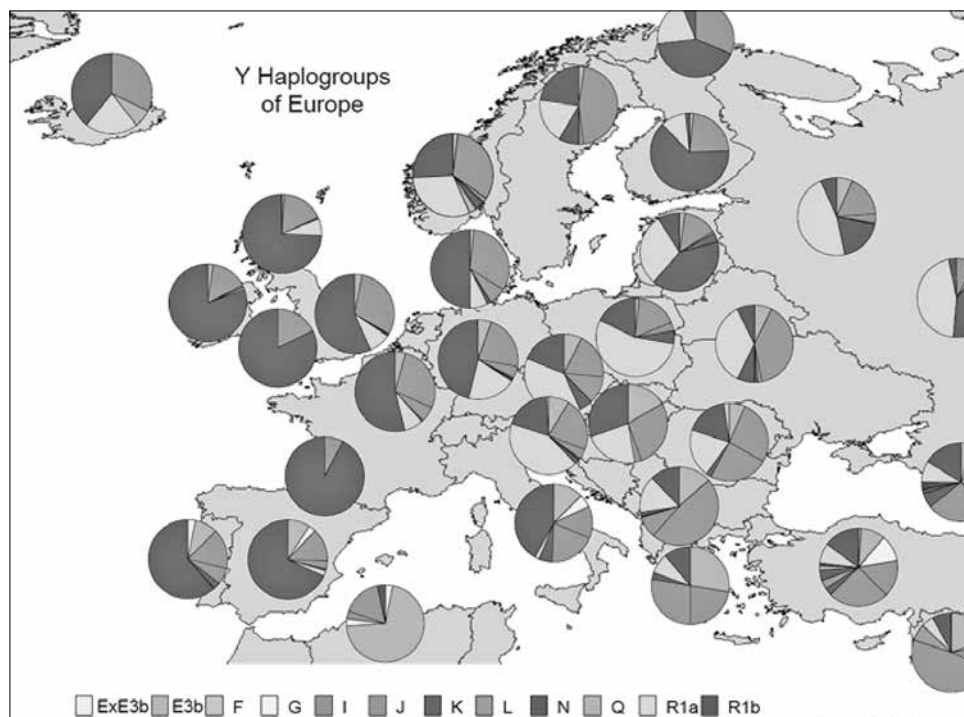
### Območna porazdelitev Y-DNK

Porazdelitev deležev genskih skupin Y-DNK je za Evropo prikazana na sliki 26 s pretežnimi genskimi skupinami [65], na sliki 27 po deležih genskih skupin [66], za svet pa po deležih genskih skupin na sliki 28 [66].

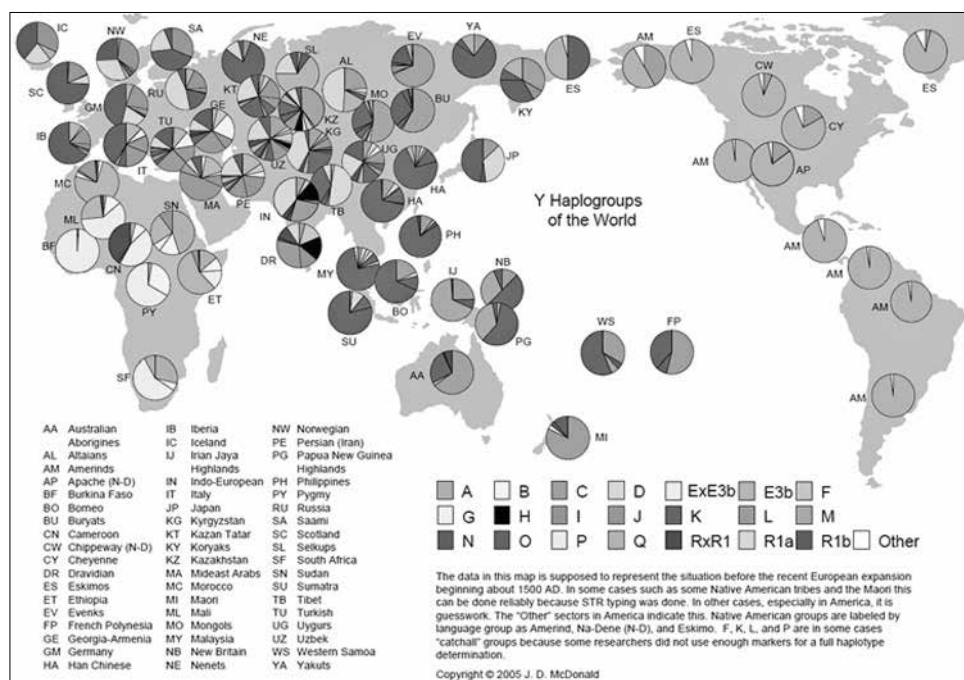


Slika 26: Y-DNK po prevladujočih genskih skupinah v Evropi 65]

- Dobro je vidna ločnica vzhoda in zahoda, ki poteka po Apeninih in Alpah, severneje pa je že delno mešano območje.
- Zahod ima največ genske skupine R1b, na Balkanu prevladuje genska skupina I, na severovzhodu je več genske skupine R1a, na Bližnjem vzhodu pa prevladuje genska skupina J.
- Ker so upoštewane le najmočnejše genske skupine je slika poenostavljena in je zato bolj pregledna, točnejša preglednost pa je na sliki, kjer so prikazani deleži posameznih genskih skupin.



Slika 27: Y-DNK po deležih v Evropi [66]



Slika 28: Y-DNK po domorodnih deležih v Svetu [66]

- V srednji Evropi je mešano območje kar priča o naselitvi srednje Evrope, ki je po otoplitvi potekala severno po obeh straneh Alp. Čim bolj severno gledamo, tem več je genske skupine osrednjega in vzhodnega dela R1a in genske skupine vzhodnega in Balkanskega dela I.
- Ker je prvotna poselitev na območju celotnega Sredozemlja, genetsko pa je Evropa deljena na vzhodni in zahodni del, kaže oboje na poselitev vzhodne Evrope iz območja Bližnjega vzhoda preko Balkana, zahodne Evrope pa iz istega območja preko Egipta in severne Afrike.
- Svetovna razporeditev genskih skupin Y-DNK je zelo povedna: največja raznolikost je na območju Bližnjega vzhoda, ki ima bistvene evropske značilnosti in v osrednji Aziji, kjer prevladujejo azijske značilnosti. To potrjuje poselitev Evrope iz območja Bližnjega vzhoda: Turčije – TU, Iraka in Irana – PE in Armenije – GE.
- Po značilnih evropskih genskih skupinah izstopa območje Turčije – TU, ki na zemljevidu predstavlja Bližnji vzhod, saj Armenija – GE, Perzija – PE in Arabija – MA kažeta že večje odstopanje.
- Afrika, Daljni vzhod, Amerika in Oceanija imajo zelo enovito genetsko sliko prvotnih prebivalcev.
- Velika raznovrstnost genskih skupin kaže na izvore človeštva, kar se sklada z arheološkimi najdbami v Palestini in Aziji, ne pa v Afriki. To kaže na neobičajen razvoj človeštva v Afriki, ki je bil morda pogojen z naravnimi katastrofami, nalezljivimi boleznimi ali s težavnim prehodom preko puščavskega pasu.

### mtDNK primerjava

Genetski podatki mtDNK so skromnejši, so pa povednejši, saj so razlike bistveno manjše in gre v dobri meri za poselitev in ne za bojne ali plenilske pohode, ali pa za trgovanje, kar vse so bila v večjem delu možka opravila, ki so jim omogočala prenašati gene na širša območja.

#### *Slovenci*

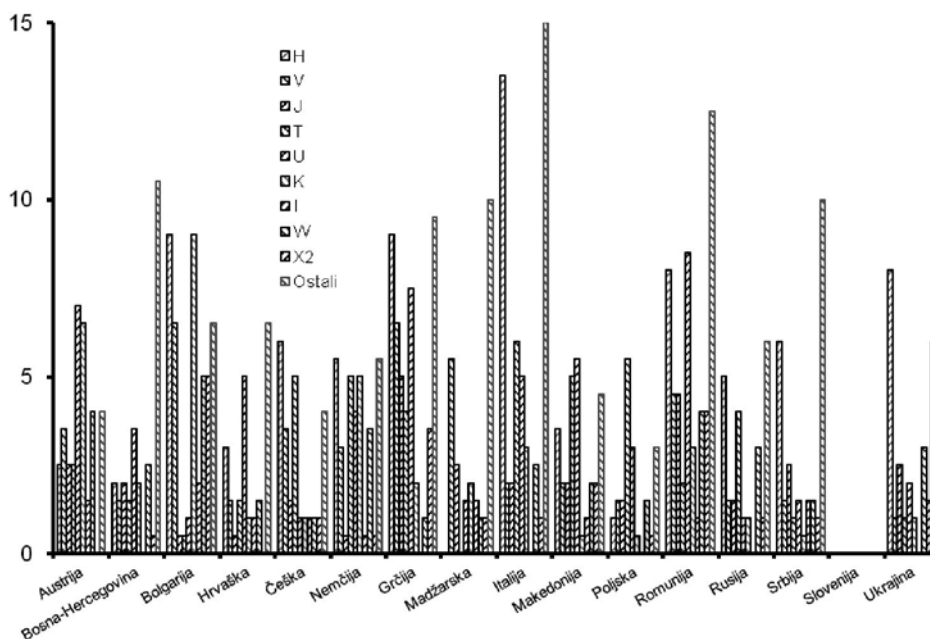
Genetska mtDNK primerjava je izvedena na 16 pokrajinah, ki predstavljajo države oziroma narode [67]. Po najpomembnejših evropskih genskih skupinah je ugotovljena skupna razlika deležev posameznih genskih skupin, ki kaže katere države so povprečno najbližje slovenskim genskim značilnostim. Primerjava je podana v grafu 7 in v tabeli 9.

V primerjavi z Y-DNK ni podatkov za Slovaško, Belorusijo in Romunijo, za Nemčijo in Italijo pa so podatki le za celoto in ne po pokrajinah.

Očitno sta izkazani dve skupini: slovanska kjer so razlike manjše in neslovanska, kjer imata Nemčija in Avstrija več zahodnoevropskih in manj vzhodnoevropskih genskih skupin ter Bolgarija, Grčija in Italija, ki imajo manj značilnih evropskih genskih skupin in več ostalih neznačilnih evropskih južnih genskih skupin.

Genetska območna razporeditev mtDNK kaže na značilno slovansko območje, ki gre od Slovenije vzhodno in severno ter na območje z večjim vplivom južnih evropsko neznačilnih genskih skupin, ki zajema južni del Balkana.

Graf 7: Razlike deležev mtDNK genskih skupin po smiselno izbranih državah v odstotkih



- Najmanjše razlike so pri Poljski in Hrvaški. Pri ostalih genskih skupinah so najbližje Poljska, Češka, Avstrija, Makedonija in Nemčija.

Tabela 9: Razlike deležev mtDNK genskih skupin po smiselno izbranih državah v odstotkih

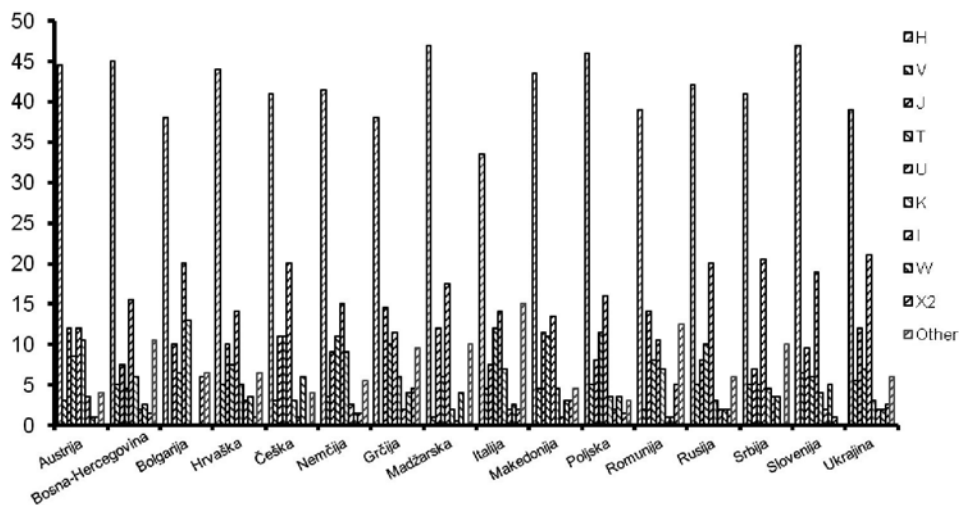
Območje/Haplogrupa	H	V	J	T	U	K	I	W	X2	Ostali	Razlika
Avstrija	2,5	3,5	2,5	2,5	7	6,5	1,5	4	0	4	34
Bosna-Hercegovina	2	1,5	2	1,5	3,5	2	0	2,5	0,5	10,5	26
Bolgarija	9	6,5	0,5	0,5	1	9	2	5	5	6,5	45
Hrvaška	3	1,5	0,5	1,5	5	1	1	1,5	0	6,5	21,5
Češka	6	3,5	1,5	5	1	1	1	1	1	4	25
Nemčija	5,5	3	0,5	5	4	5	0,5	3,5	0,5	5,5	33
Grčija	9	6,5	5	4	7,5	2	0	1	3,5	9,5	48
Madžarska	0	5,5	2,5	0	1,5	2	1,5	1	1	10	25
Italija	13,5	2	2	6	5	3	0	2,5	1	15	50
Makedonija	3,5	2	2	5	5,5	0,5	1	2	2	4,5	28
Poljska	1	1,5	1,5	5,5	3	0,5	0	1,5	0,5	3	18
Romunija	8	4,5	4,5	2	8,5	3	1	4	4	12,5	52
Rusija	5	1,5	1,5	4	1	1	0	3	1	6	24
Srbija	6	1,5	2,5	1	1,5	0,5	1,5	1,5	1	10	27
Slovenija	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ukrajina	8	1	2,5	1	2	1	0	3	1,5	6	26

- Najbližje po skupni razliki deležev zajetih genskih skupin je Poljska 18 %, ki ji sledi Hrvaška 21,5%, Rusija 24 %, Češka 25 %, Madžarska 25 %, Bosna in Hercegovina 26 %, Slovenija 0 %.

Ukrajina 26 %, Srbija 27 %, Makedonija 28 %, Nemčija 33, Avstrija 34 %, Bolgarija 45 %, Grčija 48 % in Italija 50 %.

Genetska presoja smiselnih držav po mtDNK in po deležih najpomembnejših evropskih genskih skupin je podana v grafu 8 in v tabeli 10.

**Graf 8:** Deleži v odstotkih mtDNK po državah



- V primerjavi z Y-DNK je bistveno večja podobnost, saj so pri najpogostejši genski skupini H razlike zelo majhne, majhne pa so tudi pri značilnem severovzhodni genski skupini U, saj najbolj odstopa le skupina neznačilnih evropskih genskih skupin.

**Tabela 10:** Deleži genskih skupin mtDNK po izbranih pokrajih v odstotkih

Območje/Haplogroupa	H	V	J	T	U	K	I	W	X2	Other
Avstrija	44,5	3	12	8,5	12	10,5	3,5	1	1	4
Bosna-Hercegovina	45	5	7,5	4,5	15,5	6	2	2,5	1,5	10,5
Bolgarija	38	0	10	6,5	20	13	0	0	6	6,5
Hrvaška	44	5	10	7,5	14	5	3	3,5	1	6,5
Češka	41	3	11	11	20	3	1	6	0	4
Nemčija	41,5	3,5	9	11	15	9	2,5	1,5	1,5	5,5
Grčija	38	0	14,5	10	11,5	6	2	4	4,5	9,5
Madžarska	47	1	12	6	17,5	2	0,5	4	0	10
Italija	33,5	4,5	7,5	12	14	7	2	2,5	2	15
Makedonija	43,5	4,5	11,5	11	13,5	4,5	1	3	3	4,5
Poljska	46	5	8	11,5	16	3,5	2	3,5	1,5	3
Romunija	39	2	14	8	10,5	7	1	1	5	12,5
Rusija	42	5	8	10	20	3	2	2	2	6
Srbija	41	5	7	5	<b>20,5</b>	4,5	3,5	3,5	0	10
Slovenija	<b>47</b>	6,5	9,5	6	19	4	2	5	1	0
Ukrajina	39	5,5	12	7	21	3	2	2	2,5	6



- Največ najpogostejše genske skupine H ima Slovenija 47, največ genske skupine U pa Srbija 20,5.
- Hrvaška in Srbija imata Sloveniji podobno gensko sestavo, saj izstopajo le ostale neznčilne evropske genske skupine, ki jih imata v precejšnjem deležu tudi Ukrajina in Rusija, kar kaže na njihovo prejšno domovino, vendar je ta uvid šibkejši od uvida Y-DNK, saj prav neznčilne evropske genske skupine predstavljajo pretežno južnoevropske genske skupine.
- Pri najpogostejši genski skupini H od Slovenije odstopa Hrvaška za 3, Srbija za 6 in Ukrajina za 8 odstotkov.
- Značilno odstopanje je še pri ostalih genskih skupinah, kjer odstopa Ukrajina za 6, Hrvaška za 6,5, Srbija pa za 10 odstotkov.

### *Hrvati in Srbi*

Genetika nam lahko pomaga pri presoji genetske sorodnosti nekaterih območij in v primeru zgodovinsko dokumentirane naselitve Hrvatov in Srbov podaja dokaj zanesljive vpoglede na to, kje je bila njihova prejšnja domovina. Primerjavo izvedemo z Ukrajino za katero so na voljo ustrezni podatki, izidi pa so podani v tabeli 11.

**Tabela 11:** Razlika mtDNK med Hrvaško, Srbijo in Ukrajino

mtDNK	H	V	J	T	U	K	I	W	X2	Ostali	Razlika
Slovenija	8	1	2,5	1	2	1	0	3	1,5	6	26
Hrvaška	5	0,5	2	0,5	7	2	1	1,5	1,5	0,5	21,5
Srbija	2	0,5	5	2	0,5	1,5	1,5	1,5	2,5	4	21

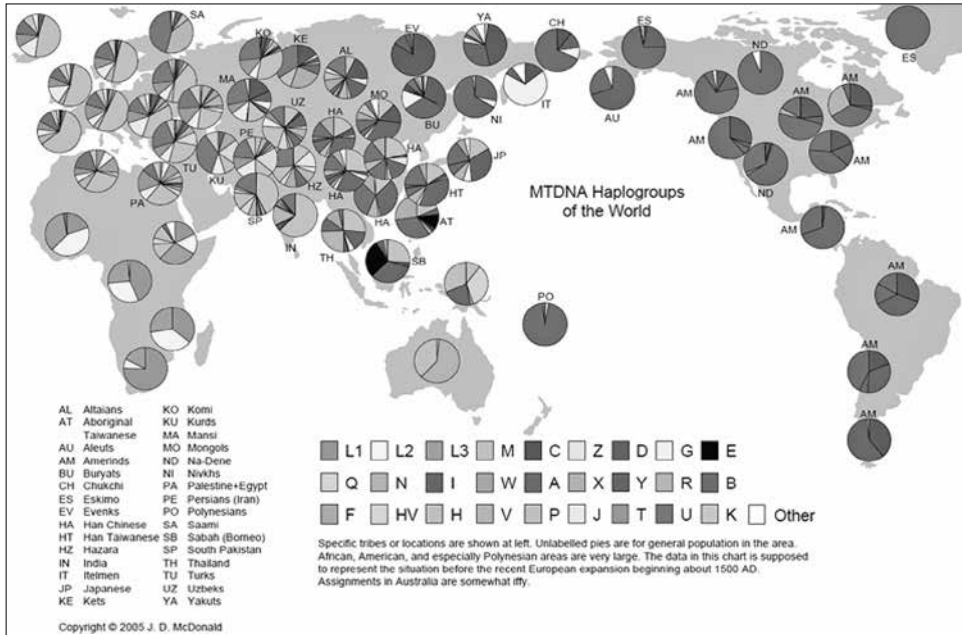
- Hrvatska ima v primerjavi s Slovenijo povprečno odstopanje 4,5 %, Srbija pa 5,0 %.
- Obe sta pri največjih odstopanjih Slovenije bliže Ukrajini: Hrvaška je pri H bližja za 3 %, Srbija pa za 6 %; pri Ostalih pa Hrvatska za 5,5 %, Srbija pa za 2 %.

### *Razporeditev deležev mtDNK*

Razporeditev deležev mtDNK genskih skupin po svetu [66] je podana na sliki 29, ki nam prikaže mnoge značilnosti razvoja poselitve in kaže na izvorna območje, na območja poljedelske poselitve in na območja bojevitih ljudstev.

Razporeditev mtDNK genskih skupin po svetu kaže izrazito različnost.

- Jugozahodna Afrika, severna Amerika, južna Amerika, severovzhodna Azija in Oceanija kažejo veliko enakost genskih skupin prvotnih prebivalcev na posameznih območjih.
- Severovzhodna Afrika pa kaže na večjo raznolikost in s tem na možni izvor sodobnega človeštva na tem območju.
- Največja raznolikost genskih skupin pa je v območju osrednje Azije, kar kaže tako na veliko starost poselitve kot na pogosto mešanje ljudstev pogojeno z bojevitostjo tamkajšnjih rodov in ljudstev.
- Na Bližnjem vzhodu: Egipt – PA, Turčija, Irak, Iran – TU, je številnost različnih genskih skupin velika, kar kaže na starost tamkajšnjega prebivalstva, njihova razporeditev pa se po podobnosti razteza v Evropo.
- Zelo podobna slika Evrope pa kaže na prvotno poselitev poljedelskih ljudstev tako preko Gibraltarja kot preko Balkana.



Slika 29: mtDNK po domorodnih deležih v Svetu [66]

- Prav območji Egipta in Turčije, z deleži značilnih genskih skupin, ki so zelo podobno razporejeni v Evropi, kažeta dvojno pot naselitve Evrope preko Balkana in preko Pirenejskega polotoka. Ta naselitev je prvotno zajemala celotno afriško in evropsko Sredozemlje, kar kaže tudi razporeditev genskih skupin v severni Afriki, ki je podobna egiptovski razporeditvi.
- Po otoplitvi pa je zaradi poplavljenih območij v južni Evropi, zaradi dviga morja za okoli sto metrov in prostega prostora v srednji Evropi potekala selitev proti severu. To potrjuje tudi genetska slika za srednjo Evropo.
- Egipt – PA ima večji delež genske skupine H, ki je bolj prisotna v zahodni Evropi, Turčija – TU pa ima večji delež genske skupine U, ki je bolj prisotna v vzhodni Evropi.
- Večji deleži navedenih genskih skupin v Evropi ne pomenijo nujno tamkajšnji nastanek, ampak poselitev z ženami, ki so pretežno imele navedene genske skupine.
- Verjetni začetek genske skupine H je v območju Egipta – PA in Turčije – TU, začetek genske skupine U pa v območju Turčije in Perzije – TU.

### Primerjava Y in mt poselitve

Primerjava območne Y in mt razporeditve haplotipov na zemljevidih sveta kaže podobne značilnosti, ki kažejo posamezna dobro opazna območja in omogočajo vpogled v možno poselitev sveta.

- Podsaharska Afrika je ločena, kar kaže na majhen vpliv na poselitev, prehodno območje severne in severovzhodne Afrike pa tak vpliv sicer omogoča, vendar so povezovalne

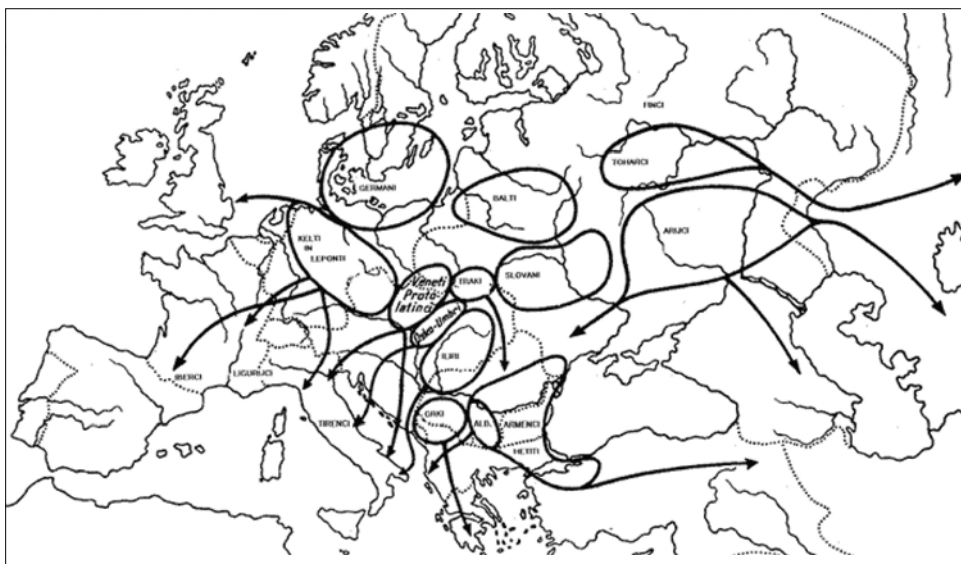
haploskupine v zelo majhnem obsegu: pri Y genih sta to predvsem J in E3b, pri mt genih pa L, H in W.

- Evropa pa kaže bistveno razliko, saj je pri mt zelo velika podobnost s severnoafriškimi haploskupinami, ki je pri Y ni; razlog je v zelo pomanjkljivem prikazu Y haploskupin v severni Afriki.
- Širši Bližnji vzhod kaže podobno sliko večje raznolikosti, kar kaže na večje mešanje prebivalstva in na starost poselitve.
- Osrednja Azija ima podobne skupne značilnosti, kar prav tako kaže na mešanje prebivalstva in na starost poselitve.
- Tudi Jugovzhodna Azija ima nekaj podobnih skupnih značilnosti, kar kaže na manjše mešanje prebivalstva in na starost poselitve.
- Severovzhodna Azija, Oceanija in Amerika kažejo podobno gensko osnovo in nakazujejo poselitev iz vzhodne in severne Azije.

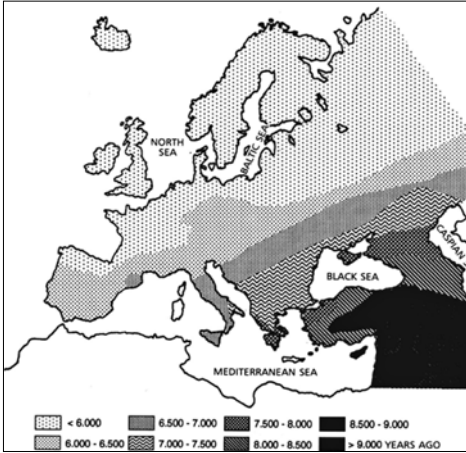
## Teorije naselitve

Naselitvene teorije se precej spreminjajo in novejšje pretežno podpirajo naselitev Evrope iz Bližnjega vzhoda, kar je obširno prikazal L. Vuga s prikazom zemljevida po Devotu za indoevropska jezikovna področja; zemljevid na sliki 30 kaže tudi smeri njihove selitve v 2. tisočletju pr. Kr., ki so bile pogojene z večjimi ohlادتvami [68-70].

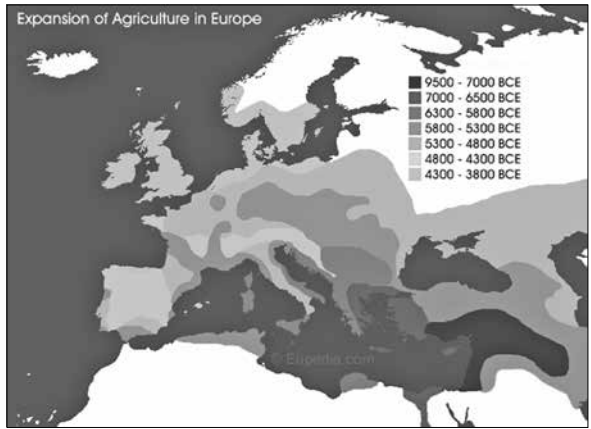
S Teorijo Kontinuitete [68] je podana velika stalnost poselitve v nasprotju s teorijo preseljevanja narodov, ki nima temeljev v dokazih in je v zatonu. Predvideno območno in časovno poljedelsko poselitev Evrope podaja M. Budja na sliki 31 [71], podobno pa je podana tudi na spletu in je prikazana na sliki 32 [72].



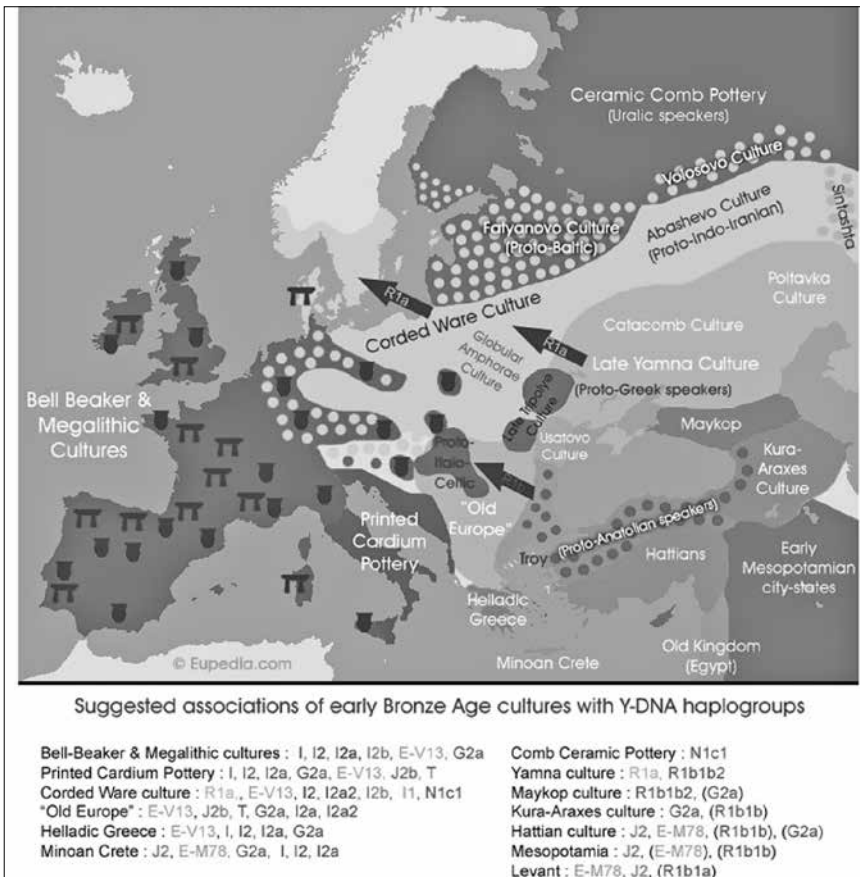
Slika 30: Po Devotu indoevropska jezikovna področja in selitve v 2. tisočletju pr. Kr [69]



Slika 31: Časovna in območna poselitev poljedelskih ljudstev Evrope [71]



Slika 32: Časovna in območna poselitev poljedelskih ljudstev Evrope [72]

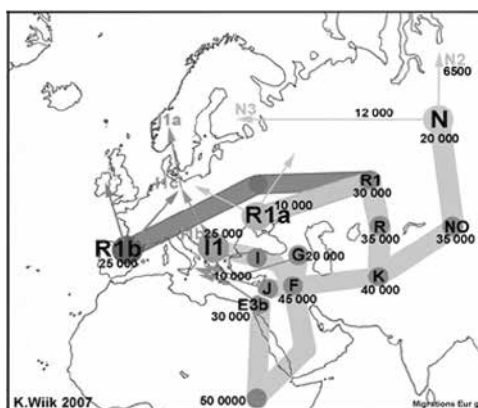


Slika 33: Razpored posameznih neolitskih kultur v Evropi od 4.500 do 5.000 PS [73]

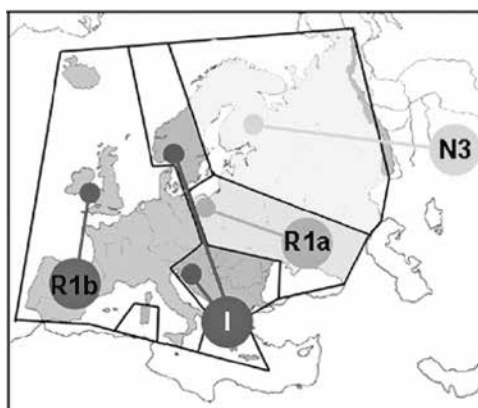
- Neolitske kulture ne kažejo selitev proti zahodu, ampak le v smeri sever jug in obratno, kar kaže na poselitev vzhodne Evrope iz bližnjega vzhoda, zahodne Evrope pa iz istega območja preko severne Afrike in Gibraltarja.
- Največja je raznolikost kultur na območju Balkana kar kaže na starodavnost tega poselitvenega območja.

Če primerjamo časovna in območno poselitev poljedelskih ljudstev Evrope s sliko poselitve z razporeditvijo posameznih neolitskih kultur [73], ki zajemajo isto obdobje in so prikazane na sliki 33, je očitna razlika, saj ni opazne selitve iz območja bližnjega vzhoda, ampak gre selitev od juga proti severu. Izjema je v osrednjem delu, kjer je razviden močan vpliv vzhoda – Obdonavske kulture, kar se kaže tudi v mešani razporeditvi genskih skupin.

Poselitev po podrobni obravnavi genskih kazalcev prikazuje tudi študija prihoda Evropejcev [74], ki je prikazana na slikah 34 in 35.



Slika 34: Predvidena poselitev po Wiiku [74]

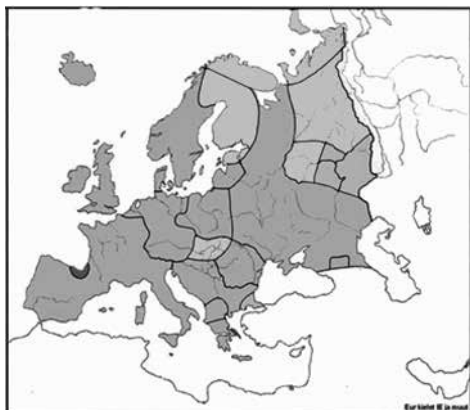


Slika 35: Štiri skupine po Wiiku [74]

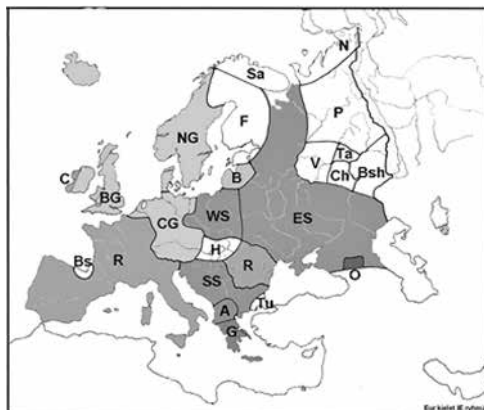
- Poselitev zahodne Evrope med 25.000 in 35.000 leti z R1b je možna tudi preko srednje Evrope, ker je bila to medledena doba, ki je tako selitev dopuščala, saj so bila ljudstva nomadska pašniška.
- Tudi tu je izvzeta možnost poselitve zahodne Evrope preko severne Afrike, ki pa je z nastopom modernega človeka vsekakor bila poseljena.
- Značilna delitev Evrope na zahodno, srednjo in vzhodno Evropo kaže na selitve sever jug in obratno, ki so bile vremensko pogojene, ne pa na vzhod in zahod ali obratno, kot predvidevajo teorije o poselitvi Evrope in teorije o preseljevanju narodov ali zamenjavah prebivalcev iz napadalno iztrebljevalnih vzrokov.

Primerjava jezikovnih skupin: indoevropske, ugrofinske, turške in baskovske je prikazana na sliki 36, romanske, germanske in slovanske pa na sliki 37.

- Tudi jezikovna porazdelitev kaže na zahodno romansko, srednje-severno germansko in na vzhodno slovansko jezikovno skupino.



Slika 36: Jezikovne skupine po Wiiku [74] indoevropska, ugrofinska, turška, baskovska



Slika 37: IE jezikovne skupine po Wiiku [74] romanska, germanska, slovanska itd.

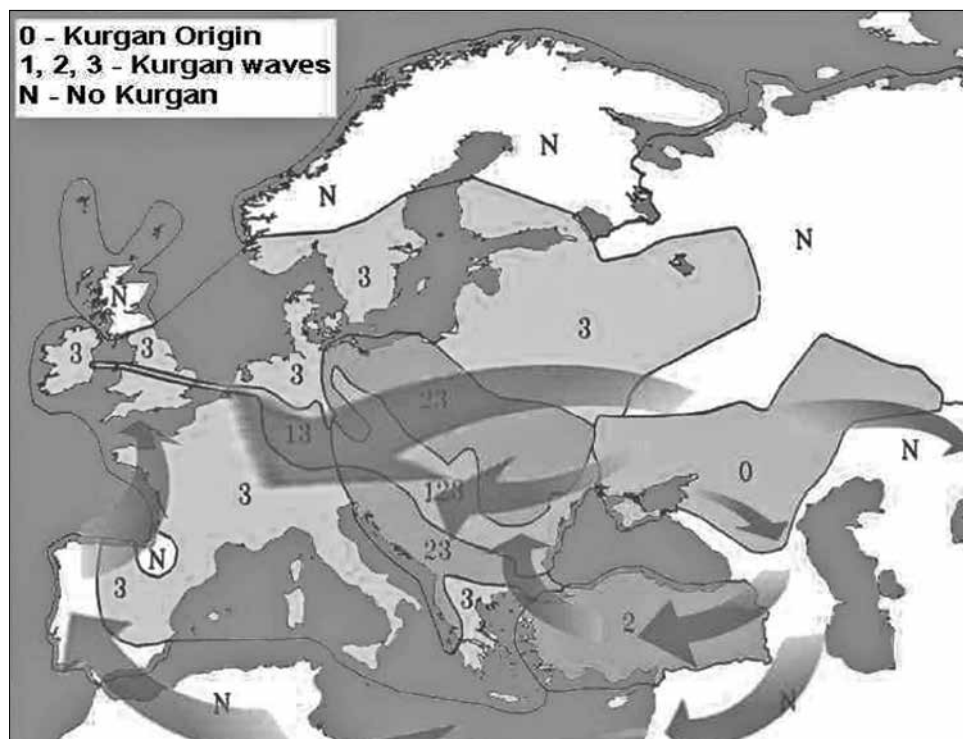
### Kljosov

Zanimive razlage podaja Kljosov, ki pa se drži stare Kurganske naselitve, ki pa nima več nekdanje teže, morda pa jo bo ponovno dobila prav z genetskimi podatki o starosti značilnih evropskih genskih skupin. Prav on podaja predpostavke za ustrezen izračun starosti posameznih genskih skupin na določenem območju, saj predvideva da nastane pri haplotipih s 6-timi lokusi ena mutacija v povprečju vsakih 2480 let, pri haplotipih z 12-timi lokusi vsakih 1140 let, pri haplotipih s 25 lokusi vsakih 540 let, pri haplotipih s 37 lokusi vsakih 280 let, itd [11, 76].

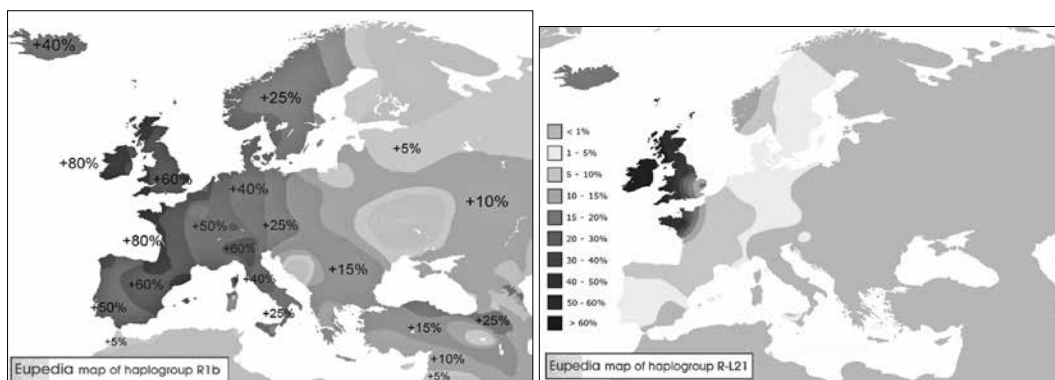
Združuje genetski in jezikovni pogled, kar je dobro, vendar ne ločuje jezika in pokrajine, saj uporablja izraz Turški jezik, ki ga jezikovno ne opredeli, ob poudarku, da je bistvo njegovega dela genetika, pa gre za predantične jezike tedanjih ljudstev v Mali Aziji. Njegova Kurganska poselitev je prikazana na sliki 38, ki je zanimiva predvsem zato, ker prikazuje poselitev zahodne Evrope tudi iz Afrike, ki se ji ostali strokovnjaki izogibajo, čeprav je naravna in utemeljena [75].

- Kot izhodišče poselitve Evrope predpostavlja območje obkaspijske nižine, kar je zelo ozko glede na genetske in vremenske podatke, saj oba podatka nakazujeta bistveno širše območje, predvsem proti jugu preko Turčije, Iraka, Palestine in Egipta.
- Če upoštevamo bistveno južnejše izhodišča pa dobimo poselitev vzhodne Evrope kot jo predvideva C. Renfrew in zahodne Evrope iz bližnjega vzhoda preko Egipta in severne Afrike.
- Prav poselitev zahodne Evrope preko severne Afrike iz širšega območja Egipta je vremensko in genetsko bistveno bolj verjetna kot pa iz vzhodne Evrope.
- Sredozemlje je bilo poseljeno že v času zadnje ledene dobe, ko je bil Gibraltar kopen, zato ni razumljivo, da ta veja poselitve še ni ustrezno upoštevana.

Posebno zanimivi so podatki o deležih genske skupine R1b, ki rastejo od predvidenega izvora v južni Sibiriji proti zahodu, kar je prikazano v sliki 39 in na sliki 40 skupine R1b po starosti, ki nasprotno pada proti zahodu [76].



Slika 38: Predvidena poselitev po Kljosovu [75]



Slika 39: Deleži genske skupine R1b za posamezne evropske pokrajine [76] Slika 41: Razporeditev gostote deležev genske skupine R-L21 [76]

Povedna je primerjava deležev mlajše podgrupe R-L21 na sliki 41, ki kaže na njen izvor na Irskem. Povezava je še z bližnjo Bretanjo, z Baski pa ne več.

- Gre za mlado gensko skupino, zato so podatki zanesljivi, kljub populacijski genetski teoriji.

Podatki so povedni, saj padajo starosti od vzhoda proti zahodu, kar naj bi pomenilo naselitev iz najstarejšega območja proti najmlajšim to se pravi iz vzhoda proti zahodu, kar je tudi splošno sprejeto mnenje. Če bi šlo za materialno širitev bi gostota padala s kvadratom razdalje, starost pa bi ostala ista, le mlajše preobrazbe bi bile po različnih pokrajinah različne.

Pri poselitvah pa je drugače, saj je gostota, kljub redčenju po površini, odvisna od načina življenja in prehranjevanja in s tem od rodnosti in možnosti preživetja.



Slika 40: Starosti genske skupine R1b za posamezne evropske pokrajine [76]

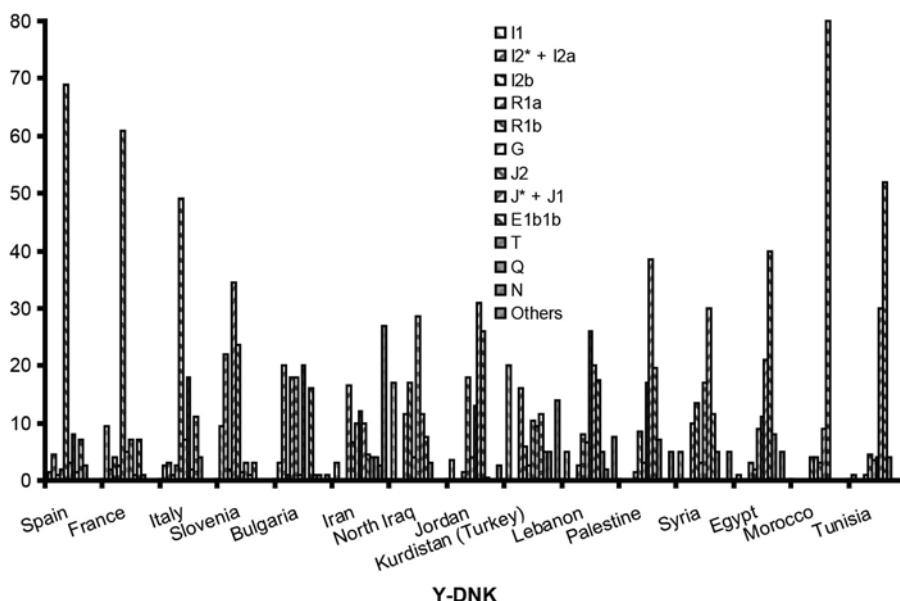
Sam nekoliko dvomim v pravilnost sklepanja o starosti genskih skupin, saj naj bi se iz prazivira genske skupine vedno selile najmlajše skupine, kar pa ni skladno z logiko prostega širjenja prebivalstva. Če pa so se širile enakomerne skupine, potem pa ni razumljivo tako odstopanje, saj bi morale biti vsaj ponekod prisotne tudi skupine izvorne starosti. Tu je treba poseči po zakonitostih predvidenih mutacij, ki praviloma nastanejo na zarodnih celicah in so odvisne od mnogo dejavnikov, ki še niso dovolj ovrednoteni.

### Sredozemlje

Primerjana Y-DNK genskih skupin v območju Sredozemlja in Bližnjega vzhoda [77] je podana za značilne pokrajine v grafu 9 in v tabeli 12.

- Delež genske skupine R1b pada v Evropi proti vzhodu: Španija, Francija, Italija, Slovenija, Bolgarija in še naprej proti Iranu in Turčiji.
- Delež genske skupine E1b1b pada v Afriki in Aziji proti vzhodu: Maroko, Tunizija, Egipt, Jordan, Palestina, Libanon in Severni Irak.
- Delež genske skupine J2 pada proti zahodu: Severni Irak, Libanon, Palestina, Sirija, Jordan, Egipt, Maroko in Tunizija.



**Graf 9:** Deleži Y-DNK genskih skupin v območju Sredozemlja po značilnih pokrajinah**Tabela 12:** Deleži Y-DNK genskih skupin v območju Sredozemlja po značilnih pokrajinah

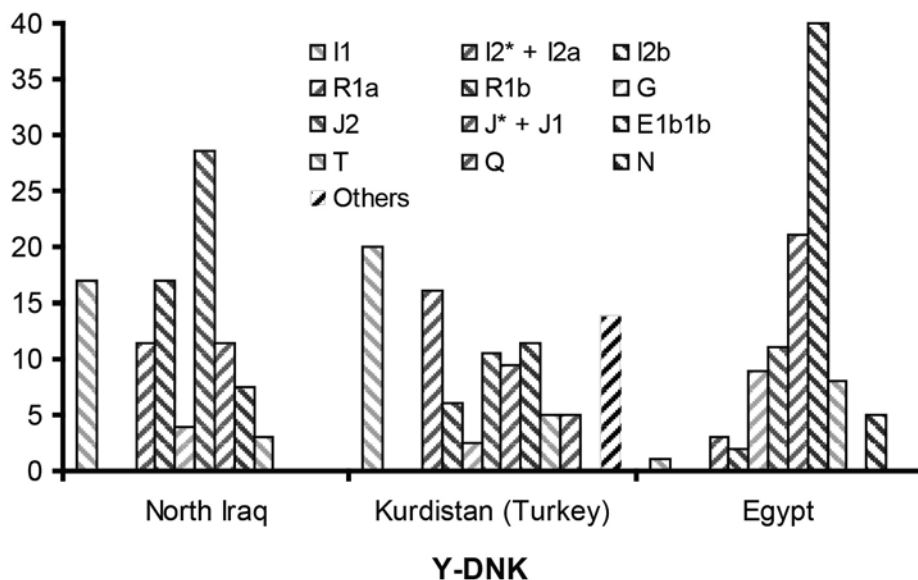
Region/ Haplogroup	I1	I2*+ I2a	I2b	R1a	R1b	G	J2	J*+J1	E1b1b	T	Q	N	Oth.
Spain	1,5	4,5	1	2	69	3	8	1,5	7	2,5	0	0	0
France	9,5	2	4	2,5	61	5	7	1	7	1	0	0	0
Italy	2,5	3	1	2,5	49	7	18	2	11	4	0	0	0
Slovenia	9,5	22	2	34,5	23,5	1,5	3	1	3	0	0	0	0
Bulgaria	3	20	1	18	18	1	20	0	16	1	1	0	1
Iran	3	0	0	16,5	6,5	10	12	10	4,5	4	4	2,5	27
North Iraq	17	0	0	11,5	17	4	28,5	11,5	7,5	3	0	0	0
Jordan	3,5	0	0	1,5	18	4	13	31	26	0,5	0	0	2,5
Kurdistan (Turkey)	20	0	0	16	6	2,5	10,5	9,5	11,5	5	5	0	14
Lebanon	5	0	0	2,5	8	6,5	26	20	17,5	5	2	0	7,5
Palestine	0	0	0	1,5	8,5	3	17	38,5	19,5	7	0	0	5
Syria	5	0	0	10	13,5	3	17	30	11,5	5	0	0	5
Egypt	1	0	0	3	2	9	11	21	40	8	0	5	0
Morocco	0	0	0	0	4	4	3	9	<b>80</b>	0	0	0	0
Tunisia	1	0	0	1	4,5	3,5	4	30	52	4	0	0	0

*Najverjetnejši izvor poselitve*

Najverjetnejši izvor poselitve vzhodne Evrope je območje bližnjega vzhoda, ki ga genetsko predstavljata Severni Irak in Kurdistan, ki imata poudarjeni vzhodnoevropski genski skupini R1a in I1. Egipt ima poudarjen predvsem območno gensko skupino E, ki

je severnoafriška in gensko skupino J, ki je palestinska, zato poselitev zahodne Evrope posredno iz Egipta po genskih skupinah Y-DNK ni razvidna. Za te izvore so genske skupine podane v grafu 10.

**Graf 10:** Deleži Y-DNK genskih skupin za severni Irak, Kurdistan in Egipt



Večja deleža zahodnoevropske genske skupine R1b pa imata Sirija in Libanon, ki lahko predstavljata pot naselitve iz Bližnjega vzhoda v severno Afriko in zahodno Evropo.

### Severnoafriška mtDNK

#### Tunizija

Značilna za poselitev zahodne Evrope preko Afrike je v Tuniziji osrednja skupina Čenini-Duiuret Berberov, ki izstopa po majhnem deležu srednjeafriških genskih skupin in večjem delu Palestinsko-Egiptovskih genskih skupin, kar je prikazano v tabeli 13 [78].

**Tabela 13:** Deleži mtDNK genskih skupin po območjih Tunizije

mtDNK v Tuniziji	H	V	J	T	U	K	I	W	X2	L	Other	VSE
Čenini-Duiuret Berberi	28,3	0	3,8	32,1	5,7	15,1	0	0	0	13,3	1,7	100
Senet Berberi	30,2	0	3,8	3,8	17,1	0	7,5	0	0	26,6	11,0	100
Matmeta Berberi	26,5	16,3	4	4,1	8,1	4,1	0	0	0	24,3	12,6	100
Arabci	29,8	0	4,2	6,3	10,7	6,4	0	2,1	2,1	27,7	10,7	100

- Med Arabci in severno-tunizijskimi Berberi ni bistvene razlike, saj po značilnih srednjeafriških L genskih skupinah izstopajo le Čenini-Douiret Berberi v osrednjem delu Tunizije s polovično vrednostjo. Močno izstopajo tudi pri Egiptovsko-Palestinskih genskih skupinah: pri T genski skupini s skoraj 10 kratno vrednostjo in pri K genski

skupini s trikratno vrednostjo. Očitno so to potomci prvotne naselitve, iz območja Palestine verjetno kot Kanaanci in iz območja Egipta kot Feničani.

### Severna Afrika

Pregled deležev severnoafriških, srednjeafriških in azijskih mtDNK genskih skupin je podan v tabeli 14 in kaže na prvotno naselitev iz območja Bližnjega vzhoda [79].

**Tabela 14:** Deleži mtDNK genskih skupin po območjih Tunizije

Region / Nation	North African	Sub Saharan	Eurasian
Souss	6%	26%	<b>68%</b>
NC Moroccan Berber	8,30%	3,30%	<b>88,40%</b>
Moroccan Arab	6,50%	21,90%	<b>71,80%</b>
Mozabite	31,80%	11,80%	<b>56,40%</b>
Saharawi	8%	44%	48%
Mauritanian	20%	43,30%	36,7
Tuareg	7,70%	84%	7,70%
Egyptian	1,50%	30,90%	<b>67,60%</b>
Nubian	0%	40,50%	<b>59,50%</b>

- Po Azijskih mtDNK genskih skupinah daleč najbolj izstopajo Maroški Berberi, pa tudi Egipčani, ki imajo sicer precej srednjeafriških genskih skupin, a predstavljajo normalno pot za širitev nomadskih in poljedelskih ljudstev iz bližnjega vzhoda.

### Zahodno Sredozemlje

Pregled deležev mtDNK genskih skupin za ljudstva zahodnega Sredozemlja je območno in po skupinah podan v tabeli 15 [77].

**Tabela 15:** Deleži mtDNK genskih skupin za ljudstva zahodnega Sredozemlja

**Table 2** Haplogroup frequencies (%) in Western Mediterranean Populations

Pop (n)	Alg (47)	Mau (30)	MA (50)	MB (64)	Moz (85)	Sah (56)	SBer (50)	Tun (47)	NWA (429)	And (158)	Bas (173)	Cat (78)	CS (50)	Gal (103)	Val (30)	Port (54)	NPo (100)	CPo (82)	SPo (59)	IBE (887)	Clc (83)	Sard (73)	Sic (169)	SIt (37)	Tus (49)	ITA (411)
L1	6.4	23.4	10.0	1.6	–	3.6	6.0	–	6.4	–	–	–	2.0	–	–	–	1.0	1.3	1.7	0.6	–	1.4	–	2.7	–	0.8
L2	6.4	13.4	6.0	–	5.9	7.1	10.0	12.8	7.7	0.6	–	–	2.0	1.0	3.4	1.8	3.0	2.4	1.7	1.6	–	1.4	0.6	–	–	0.4
L3	14.9	6.7	16.0	1.6	7.0	23.3	10.0	14.9	11.8	1.3	–	1.3	–	1.0	–	1.8	1.0	2.4	1.7	1.0	1.2	–	–	5.4	2.0	1.7
D	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	1.2	–	–	–	–	0.2
M1	12.8	–	2.0	–	4.7	–	–	4.2	3.0	1.9	–	–	–	–	–	–	–	1.3	–	0.3	–	1.4	1.8	–	–	0.6
M5	–	–	–	–	–	–	–	–	–	1.9	–	–	2.0	–	–	–	–	–	–	0.4	–	–	–	–	–	–
N	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0.6	–	1.3	–	–	6.6	–	–	–	–	1.3	–	1.0	1.2	2.7	–	1.1
I	–	–	–	–	–	–	2.1	0.3	1.9	–	–	–	–	–	–	–	1.0	–	1.7	0.5	–	–	1.2	–	4.1	1.1
W	–	–	–	–	–	–	–	–	–	1.3	–	5.1	2.0	1.9	–	–	2.0	1.3	–	1.4	1.2	1.4	1.8	5.4	2.0	2.4
X	2.1	–	4.0	–	–	–	–	2.1	1.0	3.2	1.7	2.6	2.0	1.0	–	–	–	3.6	1.7	1.6	3.6	1.4	2.9	5.4	6.1	3.9
R1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	1.7	–	–	–	–	–	–	–	–	0.2	–	–	–	–	2.7	0.5
J/T	–	–	–	1.6	–	–	–	–	0.2	0.6	–	–	–	–	–	–	–	–	–	0.1	–	–	1.8	2.7	–	0.9
T	4.2	–	4.0	15.6	4.7	1.8	4.0	6.4	5.1	4.4	5.2	7.7	10.0	2.9	–	11.1	11.0	11.0	10.2	7.3	15.7	12.3	8.3	13.5	10.2	12.0
J	12.8	3.3	4.0	9.4	3.5	–	10.0	4.2	5.9	7.0	4.0	2.6	8.0	9.7	6.6	5.6	6.0	6.1	8.5	6.5	6.0	5.5	5.3	2.7	14.3	6.8
U*	2.1	3.3	12.0	6.2	12.9	8.9	8.0	6.4	7.5	10.1	13.3	9.0	20.0	12.6	16.6	9.3	16.0	14.6	11.9	13.1	9.6	12.3	4.7	5.4	12.2	8.8
U6	–	20.0	8.0	7.8	28.2	5.4	6.0	4.2	9.9	1.9	–	–	2.0	1.9	–	5.6	7.0	–	–	1.8	–	–	0.6	–	–	0.1
K	4.2	6.6	4.0	7.8	–	7.1	2.0	6.4	4.8	6.3	5.2	6.4	2.0	3.9	10.0	7.4	3.0	7.3	6.8	5.8	7.2	5.5	2.9	2.7	8.2	5.3
HV	–	–	–	–	–	7.1	2.0	6.4	1.9	2.5	–	–	1.3	2.0	1.0	3.4	3.7	–	–	1.4	1.2	2.7	–	–	2.0	1.2
H	34.0	20.0	26.0	42.2	24.7	17.9	32.0	23.4	27.5	46.2	57.8	56.4	46.0	59.2	53.3	48.1	41.0	37.8	44.1	49.2	47.0	50.7	50.3	45.9	38.8	46.5
V	–	3.3	4.0	6.2	8.2	17.9	10.0	–	6.2	5.7	10.4	5.1	–	2.9	–	3.7	8.0	7.3	6.8	5.0	4.8	2.7	5.9	2.7	–	3.2
Other	–	–	–	–	–	–	–	6.4	0.8	2.5	0.6	1.3	–	1.0	–	1.8	–	–	2.4	3.4	1.3	1.2	–	10.6	–	2.9

Alg: Algerians; Mau: Mauritians; MA: Moroccan Arabs; MB: Moroccan Berbers; Moz: Mozabites; Sah: Saharawis; SBer: South Berbers; Tun: Tunisians; And: Andalusians; Bas: Basques; Cat: Catalans; CS: Central Spain; Gal: Galicians; Val: Valencians; Port: Portuguese; NPo: North Portuguese; CPo: Central Portuguese; SPo: South Portuguese; Clc: Central Italy; Sard: Sardinians; Sic: Sicilians; SIt: South Italians; Tus: Tuscans. NWA: unweighted average frequencies in NW Africans; IBE: unweighted average frequencies in Iberians; ITA: unweighted average frequencies in Italians. (\*) Excluding U6. N includes sequences carrying the HVRI substitutions diagnostic of either N1a or N1b.

- Zajetih je 8 afriških ljudstev in njihovo povprečje – NWA, 10 iberskih ljudstev in njihovo povprečje – IBE, 5 italijanskih ljudstev in njihovo povprečje – ITA.
- Pri srednjeafriški genski skupini L izstopajo maroški Berberi z manj kot polovično vrednostjo 3,2 % glede na povprečje NWA 25,9 % povprečje IBE 3,2 % in povprečje ITA 2,9 %.
- Pri Egiptovsko-Palestinskih genskih skupinah: pri T genski skupini izstopajo maroški Berberi s 17,2 % glede na povprečje NWA 5,3 % povprečje IBE 7,4 % in povprečje ITA 12,9 %; pri K genski skupini izstopajo maroški Berberi s 7,8 % glede na povprečje NWA 4,8 % povprečje IBE 5,8 % in povprečje ITA 5,3 %.
- Pri značilni evropski genski skupini H izstopajo maroški Berberi z 42,2 %, Alžirci s 34,0 % in južni Berberi z 32,0 % glede na povprečje NWA 29,4 %, kar kaže na poselitev zahodne Evrope iz tega dela Afrike; ne razlikujejo se veliko od povprečja IBE 50,6 % in povprečja ITA 47,7 %.
- Med povprečji IBE in ITA ni bistvenih razlik, razen pri bližnjevzhodni genski skupini U, ki jo imajo Iberci več 14,9 % Italijani pa manj 8,9 % ter pri Palestinski genski skupini T, ki jo imajo Iberci manj 7,4 % Italijani pa več 12,9 %.
- Pri genski skupini V izstopajo Baski z 10,4 % glede na povprečje NWA 6,2 % povprečje IBE 5,0 % in povprečje ITA 3,2 %; pri genski skupini H izstopajo osrednji Portugalci s 37,8 % glede na povprečje NWA 29,4 % povprečje IBE 50,6 % in povprečje ITA 47,7 %; pri genski skupini U izstopajo osrednji Španci z 22,0 % glede na povprečje NWA 17,4 % povprečje IBE 14,9 % in povprečje ITA 8,9 %; pri genski skupini T izstopajo Portugalci z 11,1 % glede na povprečje NWA 5,3 % povprečje IBE 7,4 % in povprečje ITA 12,9 %.
- Pri Italijanskih ljudstvih izstopajo Toskanci kar pri štirih največjih deležih genskih skupin I, X, K in J, z izjemo Sardinije tudi pri genski skupini U ter pri najmanjšem deležu genske skupine H.

### *Tabela zamenjave starih oznak Y-DNK z novimi*

Ker se v starejši literaturi pojavljajo starejše oznake posameznih genskih skupin po različnih avtorjih, je na spletu podana primerjalna tabela za ustrezno vzporejanje, ki je zaradi obsežnosti ne podajam [80].

## Zahvala

Zahvaljujem se sodelavcema Marjeti Manfredi Vakar in Darku Vrečku za vzpodbude, koristne pripombe in spletne ter druge podatke.

## Literatura

1. I. Zupanič Pajnič, *Forenzična genetika*, splet, <http://www.mf.uni-lj.si/dokumenti/65a6fe2630c3b4faabc719d3fb9d7f94.pdf>
2. Splet, *Y kromosom*, [http://wiki.verkata.com/es/wiki/Genoma\\_humano](http://wiki.verkata.com/es/wiki/Genoma_humano)
3. Splet, *Mejoza*, <http://en.wikipedia.org/wiki/Meiosis>
4. Splet, *Genske mutacije*, <http://en.wikipedia.org/wiki/Mutation>

5. Splet, *Mutacije*, <http://ghr.nlm.nih.gov/handbook/mutationsanddisorders/genemutation>
6. Splet, *Oploditvene in pridobljene mutacije*, <http://www.cancer.gov/cancertopics/understanding-cancer/genetesting/page12>
7. Splet, *mtDNK mutacije*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Mitochondrial\\_DNA](http://en.wikipedia.org/wiki/Mitochondrial_DNA)
8. Različni avtorji, *12th Neolithic Seminar*, Prehistoric Gene Flow and Cognitive (r)Evolution: Inferences on the Neolithisation of Eurasia, November 2005, Department of Archaeology, University of Ljubljana, <http://arheologija.ff.uni-lj.si/seminars/s12a.html>
9. Splet, *Škodljivost posameznih kemičnih snovi*, ki v naravi niso bile prisotne, <http://www.potnik.si/ko-382abec-postane-382aba-in-slovenec-slovenka.html>
10. M. M. Vakar, D. Vrečko, *Slovenija v DNK bazenu sveta*, Zbornik osme mednarodne konference Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana 2010, 29-51.
11. A. A. Klyosov, 2010b, Migration route of R1b haplogroup to Europe and its populating in Europe. A critical analysis of Myres et al paper »A Major Y chromosome haplogroup R1b...« (Eur. J. Hum. Genetics, 26 August 2010). *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 3, No.10, 1652-1675.
12. A. Perdih, P. Jandaček, *New Understanding of Western Eurasia in Prehistoric Times*, Splet, strani 38-94, <http://aklyosov.home.comcast.net/~aklyosov/5-2%202012.pdf>
13. Splet, *Rast prebivalstva*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Population\\_growth](http://en.wikipedia.org/wiki/Population_growth)
14. I. L. Rozhanskii, A. A. Klyosov, *Mutation Rate Constants in DNA Genealogy - Y Chromosome*, The Academy of DNA Genealogy, Newton, USA 2011 Vol.1, No.2, 26-34.
15. S. Sigurdardottir, A. Helgason, J. R. Gulcher, K. Stefansson, P. Donnelly. *The Mutation Rate in the Human mtDNA Control Region*, Am. J. Hum. Genet. 66:1599-1609, 2000.
16. M. Alinei, *Origini delle lingue d'Europa*, Il Mulino, Ed., Bologna, Vol 1, 1996, Vol 2, 2000.
17. M. Alinei, *Interdisciplinary and linguistic evidence for Palaeolithic continuity of Indo-European, Uralic and Altaic populations in Eurasia, with an excursus on Slavic ethnogenesis*, Proceedings of Kobarid conference 2003, <http://www.continuitas.com/intro.html>
18. L. Vuga, *Sodobna teorija kontinuitete*, Zbornik prve mednarodne konference Veneti v etnogenezi srednjeevropskega prebivalstva, Jutro, Ljubljana 2002, 24-34, [http://www.veneti.info/zborniki/zbornik01/htm/vuga\\_kontinuitete.htm](http://www.veneti.info/zborniki/zbornik01/htm/vuga_kontinuitete.htm)
19. J. Šuman, *Die Völker Oesterreich-Ungarn's*, X. Band, 1. Halfte, Die Slovenen, Karl Prochaska, Dunaj in Tešen 1881, prevod B. K. Meško, Amalietti & Amalietti, Ljubljana 2011.
20. A. Perdih, *Študijam o našem izvoru na rob*, Tretji dan 2000 (2), XXIX (261), 90-97 in V nova obzorja z Veneti v Evropi 2000, I. Tomažič, Editiones Veneti, Wien, Ljubljana 2000, 102-111.
21. T. Jarič, *O večinsko slovanskem poreklu prebivalcev nemških dežel*, prevod E. T. de Saint-Maur, Zbornik devete mednarodne konference Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana 2011, 193-207.
22. D. M. Žunkovič, *Die Slaven ein Urfolk Europas*, Slovani prvotno ljudstvo Evrope, šesta izdaja, Wien 1911.
23. J. Šavli, *Imena pričajo*, Veneti naši davni predniki, Ivan Tomažič, Dunaj, Ljubljana 1990, 21-64.
24. I. Tomažič, *Še obstoječi sledovi Slovenetov, Slovenci, Od kod smo? Od kod in od kdaj izvirmo?* Editiones Veneti, Dunaj, Ljubljana 1990, 90-122.
25. A. Rant, *Karni in Veneti v Britaniji in v Alpah*, slovenska in britanska paleoetična izročila v luči evropske prazgodovine, Prorang, Ljubljana 2008, 20-62.
26. M. Mitrovič, *Onomastic structures*, Zbornik sedme mednarodne konference Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana 2010, 7-30.
27. P. J. Šafařík, *Slovanské starožitnosti*, Praga 1837.
28. J. Kollar, *Staroitalija slavjanska, Objevy a dukazy žvlu Slavskih, Piceni*, Cisarске kralovske dvorske a statni tiskarne, Viden 1853.
29. J. Škulj, *Genetske raziskave in njihov pomen za proučevanje Venetov*. Zbornik posveta Praprebivalstvo na tleh srednje Evrope, Jutro, Ljubljana 2003, 31-39
30. J. Škulj, *Etruscans, Veneti and Slovenians – a genetic perspective*, Zbornik tretje mednarodne konference Staroselci v Evropi, Jutro, Ljubljana 2005, 20-30.

31. V. Vodopivec, *Povednost znanosti*, Razbiranje ilirskih jezikov, Jutro, Ljubljana **2010**, 19.
32. Splet, *Genetski podatki starih Evropejcev*, [http://www.eupedia.com/europe/ancient\\_european\\_dna.shtml](http://www.eupedia.com/europe/ancient_european_dna.shtml)
33. P. Jandáček, L. Arko, *Linguistic connections between Basques and Slavs (Veneti) in antiquity*, Zbornik prve mednarodne konference Veneti v etnogenezi srednjeevropskega prebivalstva, Jutro, Ljubljana **2002**, 151-166.
34. Splet, *Genetski mtDNK podatki evropejcev*, [http://www.eupedia.com/europe/european\\_mtdna\\_haplogroups\\_frequency.shtml](http://www.eupedia.com/europe/european_mtdna_haplogroups_frequency.shtml)
35. A. Ambrozic, *Etymological parallelism in inscriptions from ancient Gaul*, Zbornik prve mednarodne konference Veneti v etnogenezi srednjeevropskega prebivalstva, Jutro, Ljubljana **2002**, 131-149.
36. V. Vodopivec, *Nekaj galskih napisov*, Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana **2007**, 155-175.
37. P. Serafimov, *Celto-Slavic similarities*, Zbornik četrte mednarodne konference Evropski staroselci, Jutro, Ljubljana **2006**, 82-116.
38. Splet, *Genetski izvor Etruščanov*, <http://www.usmessageboard.com/education/125186-dna-reveals-origins-of-ancient-etruscans.html>, tudi, <http://www.guardian.co.uk/world/2007/jun/18/italy.johnhooper>
39. A. Ambrozic, *Gordian knot unbound*, Newly-discovered Venetic inscriptions, Cythera press, Toronto **2002**, 88-109.
40. V. Vodopivec, *Zbir starofrigijskih napisov, delitev, prevodov in besednjak*, Zbornik sedme mednarodne konference zvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana **2010**, 31-57.
41. A. Perdih, V. Vodopivec, *Posebni znaki v starofrigijskih napisih*, Zbornik osme mednarodne konference Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana **2010**, 130-152.
42. V. Vodopivec, *Primerjava branj Pyrgijskih zlatih ploščic*, Zbornik posveta Praprebivalstvo na tleh srednje Evrope, Jutro, Ljubljana **2003**, 51-64.
43. Splet, *Biološka in psihosocialna evolucija človeka*, <http://dsb.biologija.org/vpr/4-evol-antro.pdf>
44. Splet, *Časovni razvoj človeške vrste in najstarejše najdbe Homo heidelbergensis*, [http://anthro.palomar.edu/homo2/mod\\_homo\\_1.htm](http://anthro.palomar.edu/homo2/mod_homo_1.htm)
45. Splet, *Najstarejše najdbe Homo sapiens sapiens*, [http://anthro.palomar.edu/homo2/mod\\_homo\\_4.htm](http://anthro.palomar.edu/homo2/mod_homo_4.htm)
46. V. Vodopivec, *Najpomembnejše arheološke najdbe na Slovenskem*, Razbiranje ilirskih jezikov, Jutro, Ljubljana **2011**, 34-41.
47. Splet, *Predviden časovni in območni razvoj posameznih Y-DNK genskih skupin*, <http://www.google.com/search?q=y+dna+haplogroup&start=10&hl=en&sa=N&prmd=imvns&tbm=isch&itbo=u&source=univ&ei=FLwnT4nnlsmq-AbiibWwBQ&ved=0CJEBELAEoA&biw=1920&bih=1022>
48. Splet, *Predviden časovni in območni razpored posameznih evropskih Y-DNK genskih skupin*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Human\\_Y-chromosome\\_DNA\\_haplogroup](http://en.wikipedia.org/wiki/Human_Y-chromosome_DNA_haplogroup)
49. Splet, *Predviden časovni in območni razpored posameznih Y-DNK genskih skupin*, [http://www.eupedia.com/europe/origins\\_haplogroups\\_europe.shtml#mtDNA](http://www.eupedia.com/europe/origins_haplogroups_europe.shtml#mtDNA)
50. Splet, *Predviden časovni in območni razpored človečnjakov, neandertalcev in homo sapiensov*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Recent\\_African\\_origin\\_of\\_modern\\_humans](http://en.wikipedia.org/wiki/Recent_African_origin_of_modern_humans)
51. Splet, *Predviden časovni in območni razvoj posameznih mtDNK genskih skupin*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Human\\_mitochondrial\\_DNA\\_haplogroup](http://en.wikipedia.org/wiki/Human_mitochondrial_DNA_haplogroup)
52. T. Šegota, *Paleoklimatske i Paleografske promjene, Praistorija Jugoslavenskih zemalja*, Akademija nauka i umjetnosti BIH, Sarajevo **1979**, 21- 33.
53. Splet, *Večje kopno in razpored rastlinja ob znižanju svetovnih morij*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Last\\_glacial\\_period](http://en.wikipedia.org/wiki/Last_glacial_period)
54. Splet, *Večje kopno in razpored kulture aurignacijska v Evropi*, <http://en.wikipedia.org/wiki/Aurignacian>

55. Splet, *Dvig morske gladine po zadnji ledeni dobi*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Sea\\_level\\_rise](http://en.wikipedia.org/wiki/Sea_level_rise)
56. Splet, *Sredozemsko morje*, [http://sl.wikipedia.org/wiki/Sredozemsko\\_morje](http://sl.wikipedia.org/wiki/Sredozemsko_morje)
57. Splet, *Gibraltarska ožina*, [http://www.internalwaveatlas.com/Atlas2\\_PDF/IWAtlas2\\_Pg179\\_StraitofGibraltar.pdf](http://www.internalwaveatlas.com/Atlas2_PDF/IWAtlas2_Pg179_StraitofGibraltar.pdf)
58. Splet, *Razvrstitev daljših rek po dolžini s podanim povprečnim pretokom*, [http://en.wikipedia.org/wiki/List\\_of\\_rivers\\_by\\_length#List\\_of\\_rivers\\_longer\\_than\\_1000\\_km](http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_rivers_by_length#List_of_rivers_longer_than_1000_km)
59. Splet, *Spreminjanje temperature*, [http://sl.wikipedia.org/wiki/Ledena\\_doba](http://sl.wikipedia.org/wiki/Ledena_doba)
60. A. Perdih, *Vpliv zadnje poledenitve na praprebivalstvo Evrope*, Zbornik posveta Praprebivalstvo na tleh sedanje Evrope, Jutro, Ljubljana **2003**, 41-50.
61. Splet, *Poselitev Evrope preko Gibraltarske ožine*, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20682051>
62. Splet, *Porazdelitev Y-DNK v deležih po evropskih in sosednjih pokrajinah*, [http://www.eupedia.com/europe/european\\_y-dna\\_haplogroups.shtml](http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml)
63. Splet, *Porazdelitev Y-DNK v deležih po narodnih skupinah*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Y-DNA\\_haplogroups\\_by\\_ethnic\\_groups](http://en.wikipedia.org/wiki/Y-DNA_haplogroups_by_ethnic_groups)
64. M. M. Vakar, *Najnovejši podatki o deležih Y-DNK genskih skupin za Slovenijo*.
65. Splet, *Območna razporeditev Y-DNK po pretežnih genih na sliki za Evropo*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Y-chromosome\\_haplogroups\\_by\\_populations](http://en.wikipedia.org/wiki/Y-chromosome_haplogroups_by_populations)
66. Splet, *Genetski podatki v slikah deležev Y-DNK za svet in Evropo in mtDNK za Svet*, <http://www.scs.illinois.edu/~mcdonald/WorldHaplogroupsMaps.pdf>
67. Splet, *Območna porazdelitev mtDNK v deležih po evropskih in sosednjih pokrajinah*, [http://www.eupedia.com/europe/european\\_mtdna\\_haplogroups\\_frequency.shtml](http://www.eupedia.com/europe/european_mtdna_haplogroups_frequency.shtml)
68. L. Vuga, *Sodobna teorija kontinuitete – baltiški, jadranski in paflagonski Veneti*, Zbornik prve mednarodne konference Veneti v etnogenezi srednjeevropskega prebivalstva, Jutro, Ljubljana **2002**, 24-32.
69. L. Vuga, *Giacomo Devoto – Veneti v Panoniji*, Zbornik mednarodnega posveta Sledovi evropske preteklosti, Jutro, Ljubljana **2004**, 11-23.
70. L. Vuga, *Jantarska pot*, založba Humar, Bilje **2000**.
71. M. Budja, *Who are the Europeans? Kdo smo Evropejci?*, Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev, Ljubljana **2007**, 7-26.
72. B. Sykes, C. Renfrew. *Concepts in Molecular Genetics*. In: *Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge **2000**, 13-21.
73. Z. H. Rosser et al., *Y chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than language*, The American Journal of Human Genetics, 67: 1526-1543, december **2000**.
74. Splet, K. Wiik, *Where Did European Man come from?* <http://www.jogg.info/41/Wiik.pdf>
75. A. A. Kljosov, *Genetske in jezikovne primerjave možnih izvorov in poselitev*, [http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60\\_Genetics/Klyosov2010DNK-GenealogyEn.htm](http://s155239215.onlinehome.us/turkic/60_Genetics/Klyosov2010DNK-GenealogyEn.htm)
76. Splet, *Pregled deležev gena R1b za Evropo*, [http://www.eupedia.com/europe/Haplogroup\\_R1b\\_Y-DNA.shtml](http://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1b_Y-DNA.shtml)
77. Splet, *Pregled deležev mtDNK genskih skupin za zahodno Sredozemlje*, [http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~genealogiadelamaza/PDF/Desde\\_los\\_pilares\\_de\\_Hercules.pdf](http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~genealogiadelamaza/PDF/Desde_los_pilares_de_Hercules.pdf)
78. Splet, *mtDNK pri Berberih in Arabcih v Tuniziji*, <http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~genealogiadelamaza/PDF/Bereberes.pdf>
79. Splet, *Pregled deležev severnoafriških, srednjeafriških in azijskih mtDNK genskih skupin*, <http://mathildasanthropologyblog.wordpress.com/2008/07/16/morocco-and-north-african-mitochondrial-dna-study/>
80. Splet, *Tabela zamenjave starih oznak Y-DNK z novimi*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Conversion\\_table\\_for\\_Y\\_chromosome\\_haplogroups](http://en.wikipedia.org/wiki/Conversion_table_for_Y_chromosome_haplogroups)

## Povzetek

Genetika dokaj podrobno govori o davnih ljudstvih, poselitvah in selitvah. Vpogled v starost genskih skupin je podan s predpostavko časovno enakomernih mutacij, kar je lahko vprašljivo. Mutacije so odvisne od mnogih dejavnikov in stres v odrasčajoči dobi, ko se tvorijo zarodne celice ima lahko bistven vpliv na število in obseg mutacij. Prav območja z najstarejšimi geni po enakomerni teoriji, so istočasno območja bojevitih azijskih ljudstev in zanikanje vpliva stresa ni zanemarljivo.

Poselitev sveta se predvideva iz vzhodne Afrike, glede na visoko starost najdb v srednji in južni Aziji, pa bi bil lahko izvor tudi tam, saj so prikazane genske povezave Afrike in bližnjega vzhoda skromne. Manjkajo tudi primerjalni izračuni starosti teh povezovalnih genskih skupin tako, da ni možno nedvoumno podati smeri dejanske naselitve.

Poselitev Evrope se, skladno z dosedanjimi teorijami, prikazuje iz vzhoda ali jugovzhoda, ne upošteva pa se poseljenost celotnega Sredozemlja in s tem možnost poselitev zahodne Evrope tudi ali celo predvsem iz Afrike preko Gibraltarja. Izjema je Kljosov, ki upošteva tudi tako možnost, ki je podprta tudi z genetskimi podatki v severni Afriki.

Genetski izračuni starosti se za evropsko zanimive genske skupine končajo pri Y-DNK okoli 40.000 PS, pri mtDNK pa okoli 75.000 PS. Gre za občutno razliko že med temi genskimi skupinami, kaj šele v primerjavi s pojavom Homo sapiensa, ki datira blizu 200.000 let PS. Tudi sicer so časovne razlike med Y-DNK in mtDNK prevelike in zahtevajo uskladitev na osnovi arheologije in časov mtDNK, ki so zanesljivejši.

Deleži Y-DNK so precej različni po posameznih območjih, medtem ko so deleži mtDNK dokaj enakomerno porazdeljeni. Taka razlika kaže, da so moški precej potovali, ter plenili na vojaških pohodih, ženske pa so čuvale dom in so večinsko ostale doma. Za poselitev so zato bistveno bolj povedni podatki po ženskih potomkah v mtDNK genskih skupinah.

Primerjava genskih skupin Slovencev, Hrvatov in Srbov kaže na značilne razlike pri Slovencih in značilne podobnosti genskih skupin Hrvatov in Srbov z genskimi skupinami Belorusov in Ukrajincev, kar je skladno tudi z zgodovinskimi podatki o njihovi naselitvi v začetku 7. stoletja.