

Marjeta Manfreda Vakar, Darko Vrečko

SLOVENIJA V DNK BAZENU SVETA

Abstract

SLOVENIA IN THE DNA POOL OF THE WORLD

In the paper a genetic analysis of the Slovenians based on the Y-DNA haplotypes which are inherited from the father and on the mtDNA haplotypes which are inherited from the mother is presented.

Results of the analysis of the 320 Y-DNA haplotypes show that the most frequent male haplogroup in Slovenia is R1a1a (38.44 ± 5.33 %), the second most common one is I2a2 (21.25 ± 4.48 %), followed by R1b (15.94 ± 4.01 %), I1 (10.00 ± 3.29 %), E1b1b1a (5 ± 2.39 %), G (3.13 ± 1.91 %), J (2.81 ± 1.81 %), etc. Calculations made by Klyosov show that Slovenian R1a1a haplotypes belong to the Balto-Carpathian branch. The most recent common ancestor of the Slovenian haplogroup R1a1a lived 3700 ± 390 years ago, ancestor of I2a2 before 2325 ± 290 years, of R1b before 4500 ± 600 years and of I1 before 3025 ± 410 years.

Comparison of the Slovenian Y-DNA haplotypes with the haplotypes from other countries shows that the Slovenian haplotypes R1a1a are mostly found with Belarusians, Poles, Slovaks, Ukrainians, Russians and Czech. I2a2a haplotypes are mostly found in the population of Herzegovina (BiH), southern Croatia, some places of Belarus, particular in Brest, in the rest of Croatia, Serbia. R1b haplotypes are mostly found in the population of northern Spain, Great Britain, Nederland, Belgium, northern Italy. I1 haplotypes are mostly found in the population of Scandinavia, Germany, Switzerland and Austria. Comparison also shows that Slovenians share the highest number of *various* Y-DNA haplotypes with the Poles, Germans, Czechs, Croatians and Russians. Haplotypes found in Slovenia, which are very rare in the world, are often found in Poland, especially in the city of Wrocław.

Analysis of the 329 mtDNA haplotypes from Slovenia indicates that the most frequent female haplogroup is H (44.68 ± 5.37 %), followed by the U (16.11 ± 3.97 %), J and T (9.42 ± 3.16 %) and K (5.78 ± 2.52 %). Calculated settlement times of the mtDNA haplotypes at the Slovenian territory shows that women ancestors settled here on average 5900 ± 850 years before present. Haplogroup U was the first one that settled in this territory, probably soon after the last ice age and on average 8000 ± 2400 years ago. The most common haplogroup H arrived here on average before 4850 ± 1150 years, the haplogroup J probably come to this place the latest and on average 4550 ± 2100 years ago, the haplogroup T settled on average before 6000 ± 2650 years and haplogroup K settled on average 6200 ± 3700 years ago. Results show that descendants of some women who have settled in this territory soon after the last Ice Age survived to the present day.

Uvod

Vsak človek nosi v svojem telesu (DNK) pričevanje in dokaz za prehojene poti svojih prednikov. Podatki v tem prispevku se nanašajo na jedrno Y-DNK - dedni zapis moških potomcev, ki ga ti prejmejo le od očeta, za razliko od mtDNK, ki se deduje samo po materini strani in prehaja tako na sinove kot hčere. Velik del človeške jedrne Y-DNK tvorijo različna

ponavljajoča se zaporedja sestavnih delov DNK, med njimi kratke tandemske-parne ponovitve (angl. short tandem repeat - STR) - nukleotidna zaporedja. V lokusih - mestih STR se posamezniki med seboj najbolj razlikujemo. Posamezno večkrat ponovljeno obliko skupine nukleotidov na določenem lokusu STR imenujemo alel. Haplotip je skupina alelov, ki se nahajajo na istem kromosomu zelo blizu drug drugemu. MtDNK haplotipi so predstavljeni z mutacijami na enem, dveh ali treh hipervariabilnih (angl. hypervariable -HV) območjih, ki se razlikujejo od referenčnega standarda (angl. Cambridge Reference Standard - CRS). Hipervariabilno območje je območje v mitohondrijski DNA, v katerem se bazni nukleotidni pari menjajo. Velikost mitohondrijskega kromosoma je le 16569 nukleotidnih parov, medtem ko je dolžina jedrne DNK v diploidni celici 6 milijard nukleotidnih parov. MtDNK se pojavlja v vsaki celici od sto do več kot tisoč kopijah, medtem ko je jedrna DNK prisotna le v dveh kopijah. Zaradi tega je veliko večja verjetnost, da se bo v sledi ohranila mtDNK, kot pa da se bo ohranila jedrna DNK [1]. Tako jedrni Y-DNK haplotipi kot mtDNK haplotipi so v zadnjih desetletjih postali tudi pomemben vir raziskovanja migracij človeštva, izvora posameznih ljudstev in njihove prazgodovine in zgodovine.

V povezavi s tovrstnimi študijami, omenjava nekaj avtorjev in njihova dela v povezavi s slovensko DNK. Šterlinko in sod. [2] so izmerili Y-DNK haplotipe 121 Slovencev na 9-tih lokusih. Škulj [3] je pisal o genetskih skupinah Y-DNK haplotipov in njihovih geografskih razporeditvah ter primerjal sorodnost Slovencev z drugimi evropskimi narodi. Povzema, da pri nas nimamo Y-DNK skupine N, ki je med Slovani pogosto prisotna v Rusiji, v manjših odstotkih tudi na Poljskem in v Ukrajini. Iz tega sklepa, da predniki sedanjih Slovencev v zgodovinski dobi niso prišli izza Karpatov. Pisal je o tudi migracijah Indo-Arijcev in jih vključeval v raziskave, povezane predvsem s slovenskim jezikom in sanskrtom [4]. Med Slovani je precej pogosta skupina I2a2, ki je med Indijci ni, zato sklepa, da v zadnjih 8 tisoč letih ni bilo večjih povezav ljudstev iz Evrope in Indije. Tesne genetske in jezikovne sorodnosti med Indo-Arijci in Slovani po njegovem izvirajo iz dobe pred kmetijstvom, kar dokazuje z izvorom besed pašništva, ki se prekine s poljedeljstvom. Pisal je tudi o genetski primerjavi mtDNK haplotipov etruščanskih in venetskih okostnjakov iz grobnic veljakov od 1. do 7. stol. pr. Kr. in sedanjih Slovencev [5]. Budja [6] je na podlagi genetskih raziskav pisal o izvoru današnjih Evropejcev in o času naselitve njihovih prednikov na kontinentu. Meni, da večjega pritoka ljudi v času neolitika z Bližnjega vzhoda v Evropo ni bilo in da smo v glavnem potomci paleolitskih Evropejcev. Vodopivec [7] je pisal o koreninah zahodnih in južnih Slovanov. V poglavju o genetskih sledih ocenjuje, da so po deležu Y-DNK skupine R1b Sloveniji najbolj podobne Češka, Poljska in Slovaška. Malyarchuk in sod. [8] so predstavili 104 mtDNK haplotipe Slovenk in jih primerjali s haplotipi Bošnjakinj in nekaterimi drugimi Evropejkami. Ugotovili so, da so Slovenkam najbolj sorodne Rusinje in Poljakinje, nekoliko manj Bolgarke in Romunke, manj Bošnjakinje, še manj Albanke in Grkinje in najmanj Italijanke. Zupanič-Pajnič in sod. [9] so izmerili mtDNK haplotipe 129 Slovenk na dveh HV območjih.

Prednost najine študije v primerjavi s prejšnjimi je v tem, da sva zbrala največje število slovenskih Y-DNK in mtDNK haplotipov do sedaj, jih primerjala z velikim številom haplotipov dostopnih po spletnih bazah, s tem natančneje ugotovila sorodnost z drugimi narodi ter izračunala približne čase do skupnih prednikov in naselitve haplotipov v Sloveniji.

Izvor najpogostejših Y-DNK genetskih skupin v Evropi

Deleži nekaterih genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Evropi v odstotkih so podani v Tabeli 1. Podatki o deležih genetskih skupin so vzeti iz [10, 11, 12]. V Tabeli 1 ni podanih deležev genetskih skupin za Slovenijo, so pa podrobno predstavljeni v Tabeli 2.

Tabela 1: Deleži nekaterih genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Evropi v odstotkih (%)

Država/Genetska skupina	I1+I2	R1a	R1a1a7	R1b	J2	E1b1b	N1c1
Avstrija	20	26	5,3	23	12	9	0,5
Tirolska	6,2	12,5	-	59,4	-	15,6	-
Gradec	28,6	42,9	-	14,3	-	4,7	-
Dunaj	50	-	-	20	20	-	-
Belorusija	22	49	22,7-4	10	1,5	9	5
BIH	53	13,5	8,6	4	6	14,5	0
BiH-Bošnjaki	48,2	15,3	-	3,5	9,5	12,9	-
BiH-Hrvati	71,1	12,2	-	2,2	1,1	8,9	-
BiH-Srbi	33,4	13,6	4,8	6,2	8,7	22,3	-
Velika Britanija	20,5	4,5	0	67	3,5	2	0
Wales	7,5	2	0	82	1,5	2	0
Šetlandski otoki	10	23	-	66	-	-	-
York	32	4	-	57	-	4	-
Irska- Castlereia	9	0	-	90	-	-	-
Češka	24	34	26,1	22	6	6	0,5
Pisek	24,6	29,2	-	29,2	4,5	-	3,1
Brno	15,2	41,3	-	28,3	6,5	-	0
Trebic	10,2	34,7	-	32,7	8,1	-	2
Francija - Lyon	10,2	5,1	-	66,7	2,6	5,1	-
Francija - Strasbourg	17,6	11,8	-	67,6	-	2,9	-
Grčija	15,5	12	1-8,8	12	25	27	-
Serrai	36	8	-	12	16	24	-
Solun	20	25	-	5	15	20	-
Kreta	14	7,7	1-3,6	9,8	38,5	15,4	-
Makedonija	18	35	-	10	-	18,6	-
Hrvaška	51	29	-	8	3,5	6	0
Celina	37	34,3	2,8	15,7	1,9	5,6	-
Krk	27,3	38,4	12,2	16,4	10,9	6,8	-
Hvar	65,9	8,8	0	6,4	3,3	4,4	-
Korčula	53	20,5	3	1,1	2,3	3,8	-
S. Italija	10,5	3,5	0	55	11,5	11	0
Garfognana	-	4,8	-	76,2	9,5	2,4	-
Val di Non	-	6,7	-	73,3	10	-	-
Lombardija	11,1	0	-	61,1	11,1	11,2	-
Veneto	30	10	-	30	5	25	-
C. Italija	10	3,5	-	43	19,5	10	-
J. Italija	7,5	2,5	0	29	23,5	18	-
Brindisi	13,2	5,3	-	18,4	23,7	26,3	-
Casarno	5	10	-	30	25	20	-
Sicilija	5	4,5	-	30	26,5	17,5	-
Sardinija	37	0	-	22	10	10	-
Kosovo	3	4,4	0	21,1	16,7	45,6	-
Madžarska	25,5	32,5	4,4	17	7	9,5	1
Makedonija	28	13,5	3,8	13,5	12	23	0

Nemčija	22	16	-	44,5	4,5	5,5	1
S. Nemčija	24	23	3,1	38	4	2,5	1,5
Rostock	22,9	31,3	-	32,3	2,1	-	-
Hamburg	31,7	16,8	-	37,9	5	-	-
V. Nemčija	23,5	24	10,6	36	2	7,5	1
Berlin	32	22,3	-	23,3	1,9	9,7	-
Leipzig	14,6	27,1	-	43,1	2,8	6,9	-
Z. Nemčija	16,2	9	0	47	5	8	1,5
Koln	19,8	15,6	-	41,7	5,2	5,2	-
Mainz	22,1	8,4	-	44,2	6,3	11,6	-
J. Nemčija	17,5	9,5	6,6	48,5	5,5	7,5	0,5
Munchen	23,2	14,3	-	41,1	2,7	7,1	-
Freiburg	16,7	10,8	-	54,9	8,8	4,9	-
Norveška	37	28	0	28	1	1	4
Srednja	39,7	31,5	-	27,1	-	-	1,2
Severna	34,7	27,1	-	26,8	-	-	10,6
Južna	42,1	13,2	-	44,7	-	-	-
Poljska	16	56,5	-	16,5	1	3,5	4
Vroclav	12,9	48,5	23,7	12,9	2	11,9	5
S. Poljska	21,3	60	23,5	7,3	2,7	3,3	3,3
J. Poljska			36,4	-	-	-	-
Rusija	15	46	-	6	3	2,5	23
Belgorod	16,1	59,4	11,9	2,8	4,2	0,7	11,9
C. Rusija	15,3	46,5	12	7,5	2,4	5	16,3
S. Rusija	11,9	34,2	14,3	5,4	1,6	0,2	35,5
Slovaška	17	40	-	23	4	11	3
S. Slovaška	-	-	13,6	-	-	-	-
J. Slovaška	-	-	21,7	-	-	-	-
Srbija	35	15	3,5	7	10	24	0
Španija	6	2	0	69	4	6	0
Baskija	8,8	0	-	86	2,5	1	0
Kantabrija	5,7	8,5	-	55	3	11	0
Galicija	6,5	0	-	60	3,5	25	0
Cadiz	14,3		-	53,5	17,9	3,6	-
Kastilja	33,3		-	52,4	9,5	4,8	-
Malaga	0		-	42,5	15,4	26,8	-
Švedska	44	23,5	2,1	21	1	1	7
Gotlandija	50	12,5	-	17,5	0	1,8	10
Švica	22,5	15,4	0	50,5	6	9	0
Lausanne	12,5	9,3	-	68,8	6,3		-
Bern	32,2	21,4	-	32,1	7,1	7,1	-
Ukrajina	15	50	-	10,7	10,1	8	7,6
Dnipropetrov'sk	-	-	22,8	-	-	-	-
Lvov	-	-	15,9	-	-	-	-
C. Ukrajina	-	-	7,1	-	-	-	-

V zvezi s podanimi deleži v Tabeli 1 je treba poudariti, da skupina I1 izrazito prevladuje na severu Evrope, I2 na Balkanu (I2a2), Sardiniji (I2a1) in v germanskih deželah (I2b). Podatki za R1a se nanašajo na skupni delež vseh njenih podskupin, delež R1a1a7 pa je posebej naveden. Prav tako se podatki za R1b nanašajo na delež vseh njenih podskupin.

R1a in iz nje nastala R1a1a (M17) sta se najverjetneje razvili v južni Aziji pred 18 - 30 tisoč leti, čeprav se v literaturi omenjajo tudi druge možnosti (med vzhodno Evropo, južno

Sibirijo in severno Indijo) [13]. V Evropo je R1a1a morda prvič prišla šele pred 5 tisoč leti, po dolgem časovnem potovanju skozi zahodno Indijo, Pakistan, Kašmir, centralno Azijo in Rusijo. Vendar obstajajo tudi drugačne hipoteze [14]. Klyosov [15, 16] na primer trdi, da je bila v Evropi najstarejša R1a1a na Balkanu (ne v Sloveniji) že pred 12 tisoč leti. Od tam naj bi se v letih med 6000 - 4500 pred sedanostjo razširila po ostali Evropi in drugam, po letu 4500 pred sedanostjo naj bi v Evropi skoraj izginila in se šele v prvem tisočletju pred našim štetjem vrnila nazaj. Do danes so jo našli v več kot 30 % v vseh kastah severne Indije, nosi jo 68 % Iškašimov, preko 50 % Paštunov, prisotna je pri Dravidih in še mnogih Indijcih, prebivalcih centralne in zahodne Azije, pri Slovanih, predvsem vzhodnih (Rusi in Belorusi) in zahodnih, kjer najde svoj vrh pri Sorbih in Poljakih ter prebivalcih južne Litve (nekje tudi preko 60 %) [13]. Underhill in sod. [12] trdijo, da je izvor podskupine R1a1a7 pred 10.7 ± 4.1 leti na Poljskem, od koder naj bi se pred 2600 leti razširila po ostali Evropi. V to podskupino spada okoli 70 % poljskih R1a haplotipov. V zahodnem delu in izven Evrope je praktično ni.

Tudi zahodnoevropsko prevladujoča R1b1b2, (katere bazični »atlantski« haplotip si delimo) in ki se je razvila pred 9 tisoč leti, naj bi v Evropo prišla iz spodnjega Podonavja ali okolice Črnega morja šele pred 3.5 - 4 tisoč leti [17]. V zahodni Evropi naj bi skoraj v celoti nadomestila evropsko staroselsko I skupino in v tistem času v vsej Evropi (izjema Balkan) morda tudi R1a1a. Glede izvora R1b skupine še ni soglasja, saj nedavna študija spet postavlja izvor evropske R1b v paleolitsko Iberijo [18].

I2a2 naj bi nastala na jadranskem delu Balkana, nekje v Dinarskih Alpah pred 7500 leti [19]. Danes jo je največ na nekaterih južnih otokih Hrvaške (preko 60 %), v Srbiji, BiH, relativno veliko pa tudi na Madžarskem, v Romuniji, Bolgariji, Moldaviji, Grčiji, Albaniji, Ukrajini, Belorusiji, JV Rusiji itd. in po nekaterih podatkih ne tako malo tudi na SV Italije. Prednica te skupine je I2a (nastala je pred 11 tisoč leti na Balkanu). Iz nje se je razvila tudi podskupina I2a1, ki je prisotna v več kot 40 % pri prebivalcih Sardinije in v majhnih do zmernih odstotkih tudi pri Baskih in prebivalcih Iberije.

Sedanji nosilci I1 skupine morda vsi izvirajo iz moškega, ki je pred 5 tisoč leti živel na Danskem [20]. I1 je močno prisotna na Finskem, na jugu Norveške, JZ Švedske pa tudi v severni Nemčiji.

Za Evropo je med podskupinami vzhodnoafriške E1b1b1a najbolj značilna E-V13, ki naj bi se razvila na Balkanu, morda v Tesaliji, pred 10 tisoč leti [21]. Svoj vrh dosega pri kosovskih Albancih, veliko jo je v Grčiji, Makedoniji, Srbiji, Bolgariji in Romuniji.

J2 skupina se je razvila na severu Mezopotamije pred 15 do 20 tisoč leti in je iz Anatolije prišla v Grčijo verjetno pred 8 tisoč leti [22]. Veliko jo je v zahodni Aziji in na JV Evrope.

Skupina G se je razvila morda na Bližnjem vzhodu ali na JZ Azije pred 5 do 20 tisoč leti, v Evropo pa naj bi najprej prišla pred 1700 - 3000 leti zahodno od Črnega morja [23].

Skupina N1c1 (M178, P298) se je razvila na jugu Sibirije pred več kot 10 tisoč leti, je pa kljub temu bolj razširjena in raznolika v vzhodni Evropi. Največ (40 - 60 %) jo je na Finskem, v Litvi, Latviji in Estoniji [24].

Spletni viri Y-DNK haplotipov

V največji ameriški spletni bazi Y-DNK haplotipov Ysearch [25], ki je javnosti dostopna od leta 2000 naprej, ima manjšina od 180 tisoč vpisanih moških, analiziranih že tudi več kot 60 lokusov. Več kot 80 % od 36 tisoč Y-DNK haplotipov iz 149 držav v SMGF bazi [26], upravlja jo istoimenska neprofitna organizaciji iz Salt Lake Citya, ustanovljena leta 1999, ima analizirane vrednosti na 43 lokusih.

Nemška spletna baza YHRD [27], ki deluje od leta 2000, nudi vpogled v Y-DNK haplotipe 86 tisoč ljudi iz 100 držav (98 % od teh je imelo aprila 2010 podatke na 9 lokusih). Veliko držav v bazi YHRD je zastopanih z več kraji (Nemčija 17, Poljska 14, Češka 14, Rusija 29 in podobno Kitajska, Italija, Argentina, Kolumbija, Španija), z vsaj 5 območji (Avstrija, Madžarska, Hrvaška, Ukrajina, Belorusija, Portugalska, Turčija, Grčija, Norveška, Nizozemska, Švedska, z nekaj manj kot 5 območji (BiH, Makedonija, Bolgarija, Albanija, Anglija, Belgija, Francija, Švica itd), nekatere le z glavnim mestom (Slovenija, Litva, Latvija, Estonija, Kazahstan, Srbija z Novim Sadom), nekje pa je navedeno le ime države (Finska, Danska, Butan, Nepal, Armenija itd.), zato podatki kažejo bolj na trend in splošno sliko. Vrednost YHRD baze je v velikem številu vzorcev iz posameznih krajev in območij (Gdansk 942, Ljubljana 180). V SMGF hranijo od 100 - 200 Y-DNK haplotipov iz cele Slovenije, precej manj jih je v Ysearch bazi, kjer pa so podatki (DNK zapis in večinoma tudi ime in priimek osebe ter kraj bivanja), hitro in neposredno dostopni. V YHRD bazi jih je anonimno hranjenih 180, vključno s 121, ki so objavljeni v [2].

Deleži genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Sloveniji

Slovenski vzorec, ki sva ga zbrala, vsebuje Y-DNK haplotipe 320 ljudi iz slovenskih mest in podeželja in zajema vse glavne pokrajine v Sloveniji. Haplotipi so vzeti iz spletnih baz Ysearch, SMGF, YHRD ter članka [2]. V formatu 9 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-389i-392-389ii) sva znotraj 320 našla 192 različnih haplotipov.

Pri določanju genetične skupine posameznega haplotipa sva uporabila spletna programa za ugotavljanje genetskih skupin [28, 29] ter se oprla na DNK rezultate iz baze Ysearch, ki vsebujejo tudi podatke o genetični skupini. Pri tem sva uporabila vrednosti na vseh razpoložljivih lokusih 320 haplotipov. Preko 110 haplotipov ima analizirane vrednosti na 43 lokusih (vsi so iz Ysearch), 121 na 14 lokusih [2], 27 haplotipov na 12 lokusih in ostali večinoma na 15 - 30 lokusih.

Deleže genetskih skupin slovenskih Y-DNK haplotipov, število oseb znotraj skupin in število različnih haplotipov znotraj skupin, prikazuje Tabela 2. Variabilni del deležev predstavlja 95 % interval zaupanja, ki je odvisen predvsem od števila zbranih haplotipov in števila haplotipov znotraj posameznih genetskih skupin.

Tabela 2: Deleži genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Sloveniji

Y-DNK genetska skupina	Število oseb	Število haplotipov	Delež (%)
R1a1a	123	62	38.44 ± 5.33
I2a2	68	41	21.25 ± 4.48
R1b	51	37	15.94 ± 4.01
I1	32	15	10.00 ± 3.29
E1b1b1a	16	9	5.00 ± 2.39
G	10	10	3.13 ± 1.91
J2	9	8	2.81 ± 1.81
I2b	5	5	1.56 ± 1.36
T	3	2	0.94 ± 1.06
L	2	2	0.63 ± 0.86
H	1	1	0.31 ± 0.61
Skupaj	320	192	

Skupino R1a1a (M17) nosi 123 Slovencev, med katerimi sva našla 62 različnih haplotipov znotraj omenjene genetske skupine, ki je z 38.44 % najpogostejša Y-DNK skupina pri nas. V najinem slovenskem vzorcu je najpogostejši haplotip (zapis na 9 lokusih: 13-25-16-10-11-14-13-11-30) ravno iz te genetske skupine. Nosi ga 18 Slovencev. Skupino I2a2 (nekoč I1b) nosi 68 Slovencev, ki si deli 41 različnih haplotipov znotraj te skupine. Najpogostejšega med njimi nosi 8 Slovencev. Itd.

Čas do skupnih prednikov Y-DNK haplotipov iz Slovenije po Klyosovu

Izračune časa do skupnih prednikov Y-DNK haplotipov je opravil dr. kemije, biokemije in član Svetovne akademije znanosti in umetnosti Anatole Klyosov. Trdi, da je izvor R1a1a Y-DNK skupine, značilne tudi za Slovane, na jugu Sibirije pred 20 tisoč leti in da je balkanska (Srbija, Kosovo, Bosna in Hercegovina, Makedonija) R1a1a s starostjo 12 tisoč let daleč najstarejša v Evropi [15, 16]. Z Balkana naj bi se razširila proti zahodu, severu in vzhodu pred 6 do 4.5 tisoč leti. Vendar naj bi okrog leta 4500 - 4000 pred sedanjostjo skupaj z Y-DNK skupino I praktično izginila iz Evrope, kar razlaga s prihodom R1b1b2 med leti 4000 in 3600 pred sedanjostjo v Evropo (nova spoznanja, ki zanikajo paleolitsko prisotnost R1b Y-DNK skupine v Evropi) in z nenadnimi za ljudi neugodnimi podnebnimi spremembami na severni polobli pred približno 4 tisoč leti.

Po njegovem je migracija ljudi iz drugih delov Evrope na Rusko ploščo (od Belega morja na severu, Urala in Kaspijskega morja na vzhodu, Črnega morja in Kavkaza na jugu ter Karpatov in gora na jugu in zahodu Poljske na zahodu) pred 4.8 do 4.9 tisoč leti rešila njihovo R1a1a, ki naj bi se skupaj z I1 in I2a vrnili na prejšnja naselitelna območja v prvem tisočletju pred našim štetjem. Trdi, da so pred 3 do 2.5 tisoč leti od tam prišli tudi praktično vsi slovenski R1a1a haplotipi, kar posredno zanika večinski prihod naših prednikov v zgodovinski dobi. Iz zbranih 320 Y-DNK haplotipov je določil bazične haplotipe oziroma

haplotipe najbližjih skupnih prednikov znotraj posameznih genetskih skupin ter izračunal čas do teh bazičnih haplotipov. Izračunani časi do skupnega prednika najpogostejših genetskih skupin Y-DNK haplotipov v Sloveniji so podani v Tabeli 3. Variabilni del časov do skupnega prednika predstavlja 95 % interval zaupanja.

Tabela 3: Časi do skupnega prednika najpogostejših genetskih skupin Y DNK haplotipov v Sloveniji

Y-DNK genetska skupina	Čas do skupnega prednika (v letih)
R1a1a	3700 ± 390
I2a2	2325 ± 290
R1b	4500 ± 600
I1	3025 ± 410

Čas do skupnega prednika slovenskih R1a1a haplotipov je izračunal na osnovi vzorca 51 haplotipov z 39-timi lokusi. Ugotovil je, da je bazični haplotip teh R1a1a haplotipov v formatu 21 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389i-392-389ii-458-459a-459b-455-454-447-437-448-449) naslednji: 13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30-15-9-10-11-11-24-14-20-32. Določil je povprečno število mutacij haplotipov do bazičnega (471) in izračunal, da naj bi skupni prednik slovenske R1a1a živel pred 3700 ± 390 leti. Pri tem je upošteval, 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. [15]. Kje je bazični haplotip živel, se samo iz tega izračuna ne da določiti. Spada pa slovenski bazični R1a1 haplotip v tako imenovano baltiško-karpatsko vejo, ki se je po njegovem pred 2600 ± 290 leti ločila od ostalih (skandinavske, srednjeevropske, zahodno slovanske, zahodno karpatske, židovske) vej. Najbolj je prisotna na Pomorjanskem (Poljska), v Litvi in na območju Karpatov. Skupni prednik zahodno slovanske R1a1a naj bi živel pred 2575 leti, prednik srednjeevropske R1a1a pa pred 2725. Poudarjava, da ne govoriva o narodih, temveč genetski skupini R1a1a.

Skupni prednik slovenskih nosilcev druge najpogostejše skupine I2a2 naj bi živel pred 2325 ± 290 leti. Izračun temelji na 31 haplotipih v formatu 39 lokusov. Bazični haplotip te slovenske skupine v formatu 12 lokusov (DYS 393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389i-392-389ii) je: 13-24-16-11-14-15-11-13-13-13-11-31 in je enak bazičnemu haplotipu iz vzhodne Evrope (Poljska, Ukrajina, Belorusija, Estonija, Rusija, Litva) v starosti 2650 ± 320 let, Nemčije (2575 ± 510) in iz vse Evrope skupaj (2275 ± 380 let).

Slovensko R1b drevo je malce bolj kompleksno, saj vsebuje enega ali dva azijska R1b1b1 haplotipa. Celotno drevo vsebuje do skupnega prednika 125 mutacij na 48 haplotipih v formatu 9 lokusov. Skupni prednik R1b naj bi živel pred 4500 ± 600 leti, kar je v povprečju enako za celo Evropo. Slovenski bazični R1b haplotip (v formatu 9 lokusov) je tipični »atlantski« bazični haplotip (DYS 393-390-19-391-385a-385b-389i-392-389ii) 13-24-14-11-11-14-13-13-29.

Skupni prednik slovenske I1 naj bi glede na število mutacij na 38 lokusih 16-ih I1 haplotipov živel pred 3025 ± 410 leti. Bazični haplotip I1 v formatu 12 lokusov (DYS

393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389i-392-389ii) je: 13-22-14-10-13-14-11-14-11-12-11-28.

Primerjava Y-DNK haplotipov iz Slovenije s haplotipi iz drugih držav

Podatki za Slovenijo so vzeti iz YHRD, SMGF in Ysearch internetnih baz, medtem, ko se vrednosti za ostale populacije nanašajo le na podatke iz YHRD baze. 192 haplotipov, ki jih nosi 320 prebivalcev iz vse Slovenije, sva januarja in februarja 2010 primerjala z več kot 80 tisoč haplotipi iz 100 držav v bazi YHRD na devetih lokusih: DYS 19a-385a- 385b-389i-389ii-390-391-392-393. Podatkov za ZDA nisva upoštevala, ker se nama zaradi učinka »talilnega lonca« za to raziskavo niso zdeli smiselni. V Tabeli 4 so prikazana mesta z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi Y-DNK haplotipe, kot sva jih našla v Sloveniji.

Glede na rezultate živi v češkem mestu Karlovi Vari največ ljudi, s katerimi si Slovenci delimo enake haplotipe iz R1a1a, R1b in I2a2 skupin skupaj. V glavnem mestu Slovaške, Bratislavi, živi skoraj 40 % ljudi, s katerimi si Slovenci delimo enake haplotipe iz skoraj vseh glavnih za Evropo značilnih skupin skupaj. Homogenost Slovencev s Slovaki, Poljaki in Rusi potrjuje tudi raziskava [30]. Bratislavi sledita Hrvaška in Rusija, vendar predvsem zaradi deleža ljudi, ki nosijo haplotipe iz I2a2 (Hrvaška) in R1a1a (Rusija) skupine. Tudi Poljakom dvigujejo delež predvsem haplotipi iz skupine R1a1a, vendar pa je v skoraj vseh omenjenih poljskih mestih v Tabeli 4 tudi majhen delež haplotipov iz skoraj vseh ostalih glavnih evropskih genetskih skupin (R1b, I2a2, I1, E1b1b1a). Enako velja za Kijev in Luhans'k v Ukrajini. Največ ljudi, ki nosi slovenske R1a1a haplotipe sva našla med Belorusi, Poljaki, Slovaki, Ukrajinci, Rusi in Čehi. Slovenske I2a2 haplotipe nosi največ prebivalcev Hercegovine, prebivalcev beloruskega mesta Brest, Hrvatov in Srbov, R1b haplotipe prebivalci severne Španije, Velike Britanije, Belgije, Nizozemske in severne Italije, I1 haplotipe pa prebivalci Skandinavije, Nemčije, Švice in Avstrije. V Tabeli 5 so po genetskih skupinah prikazana mesta v Evropi z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi Y-DNK haplotipe, kot sva jih našla med 320 prebivalci Slovenije. Na Sliki 1 so ta mesta prikazana na zemljevidu Evrope.

Na sliki Evrope so prikazani kraji z najvišjim odstotkom prebivalstva, ki nosijo slovenske haplotipe iz različnih Y-DNK skupin. Najvišji odstotek ljudi s slovenskimi R1a1a haplotipi najinega vzorca živi v krajih zahodno in vzhodno slovansko etničnega naselitvenega območja. Slika je premajhna, zato ruska kraja Ivanovo in Krasnodar na njej nista označena. Slovenske I2a2 haplotipe nosi v Evropi manj ljudi kot haplotipe R1a1a (izjema je Mostar, ki ima absolutno najvišji delež). Največ ljudi s slovenskimi I2a2 haplotipi je na Hrvaškem, v Srbiji (žal je zastopana samo z Novim Sadom), nekaterih krajih Belorusije in Romunije. Slovenske R1b haplotipe nosijo Evropejci v še nižjem odstotku (le Romunija ima manjši delež v I2a2 skupini). Največ jih je med prebivalci severne Španije, Velike Britanije, Belgije, Nizozemske, severne Italije, Francije. Slovenske I1 haplotipe nosi v Evropi najmanjši odstotek ljudi. Še največ jih živi v Skandinaviji, Nemčiji, Švici in Avstriji.

Tabela 4: Mesta v Evropi z najvišjim skupnim deležem prebivalstva, ki nosi katerega od Y-DNK haplotipov, kot sva jih našla pri 320 prebivalcih Slovenije

Mesto	Država	Število ljudi	Delež v %
Karlovi Vari	Češka	18/31	58,06
Južna Hrvaška	Hrvaška	96/220	43,64
Zakopane	Poljska	3/7	42,86
Zagreb	Hrvaška	64/150	42,67
Moravska in Šlezija	Češka	46/115	40
Bratislava	Slovaška	65/164	39,63
Belgorod	Rusija	14/37	37,86
Moskva	Rusija	32/85	37,65
Ivanovo	Rusija	15/40	37,50
Luhans'k	Ukrajina	33/88	37,50
Varšava	Poljska	143/393	36,39
Nowy Sacz	Poljska	41/114	35,96
Vzhodna Hrvaška	Hrvaška	78/220	35,45
Krakov	Poljska	72/207	34,78
Volot	Rusija	11/32	34,37
Severna Hrvaška	Hrvaška	75/220	34,09
Szczecin	Poljska	35/105	33,33
Centralna Hrvaška	Hrvaška	72/220	32,73
Nowy Targ	Poljska	17/52	32,69
Bydgoszcz	Poljska	134/411	32,60
Visočina	Poljska	13/40	32,50
Južna Češka	Češka	36/111	32,43
Pizen	Češka	20/62	32,26
Zahodna Hrvaška	Hrvaška	70/220	31,82
Kijev	Ukrajina	83/266	31,20
Tula	Rusija	13/42	30,95
Praga	Češka	196/645	30,39

Tabela 5: Prvih 13 mest z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi katerega od Y-DNK haplotipov, kot sva jih našla v Sloveniji znotraj posameznih genetskih skupin

Y-DNK genetska skupina	Mesto	Država	Število ljudi s sloven. haplotipi / število ljudi v vzorcu	Število različnih slovenskih haplotipov v vzorcu	Delež v %
R1a1a	Krupki	Belorusija	9/22	7	40,91
	Karlovi Vari	Češka	10/31	8	32,26
	Ivanovo	Rusija	12/40	7	30
	Mahilev	Belorusija	8/27	7	29,63
	Krasnodar	Rusija	16/55	12	29,09
	Zakopane	Poljska	2/7	2	28,57
	Haradok	Belorusija	10/36	10	27,78
	Nowy Sacz	Poljska	30/114	11	26,31
	Bratislava	Slovaška	43/164	17	26,22
	Varšava	Poljska	100/393	32	25,44
	Svietlahovsky	Belorusija	10/40	6	25
	Szczecin	Poljska	26/105	15	24,76
	Moskva	Rusija	21/85	11	24,70

I2a2	Mostar	BiH	16/34	7	47,06
	J, Hrvatska	Hrvatska	70/220	12	31,82
	Brest	Belorusija	8/32	7	25
	Vzh, Hrvatska	Hrvatska	45/220	13	20,45
	Novi Sad	Srbija	43/215	15	19,99
	Ivanava	Belorusija	7/35	5	19,99
	Zah, Hrvatska	Hrvatska	43/220	14	19,54
	Zagreb	Hrvatska	28/150	13	18,67
	Constanta	Romunija	6/36	5	16,67
	C, Hrvatska	Hrvatska	35/220	8	15,91
	Svietlahovsky	Belorusija	6/40	4	15
	Vlaška	Romunija	6/42	4	14,28
	Kogalnicea	Romunija	6/42	4	14,28
R1b	S, Španija	Španija	43/168	7	25,59
	Pireneji	Španija	27/134	8	20,15
	Birmingham	Anglija	18/97	7	18,57
	-	Irska	28/155	8	18,06
	Leuven	Belgija	20/114	7	17,54
	Brescia	Italija	17/106	8	16,04
	-	Belgija	18/113	9	15,93
	Leiden	Nizozemska	15/97	6	15,46
	Lombardija	Italija	26/182	9	14,28
	Strasbourg	Francija	14/99	6	14,14
	London	Anglija	40/287	14	13,94
	Zaragoza	Španija	16/120	7	13,33
	Asturija	Španija	12/90	7	13,33
	I1	-	Švedska	41/400	6
Dusseldorf		Nemčija	15/150	5	10
-		Finska	85/909	6	9,35
-		Islandija	9/100	5	9
-		Danska	22/248	7	8,87
-		Švica	12/150	7	7,99
Salzburg		Avstrija	14/248	5	7,95
Muenster		Nemčija	15/196	8	7,65
J, Norveška		Norveška	6/79	3	7,59
V, Norveška		Norveška	35/493	7	7,01
Stuttgart		Nemčija	41/613	8	6,69
Munchen		Nemčija	16/281	5	5,69
C, Norveška		Norveška	18/317	6	5,68



Slika 1: Mesta v Evropi z najvišjim deležem prebivalstva, ki nosi katerega od Y-DNK haplotipov, kot sva jih našla v Sloveniji znotraj posameznih genetskih skupin. R1a1a (krožci - 38.44 %), I2a2 (kvadratkci - 21.25 %), R1b (trikotniki - 15.94 %), I1 (križci - 10.00 %)

Primerjavo slovenskih haplotipov iz genetskih skupin E1b1b1a, J2 in G zaradi majhnega števila navajava le na splošno: V E1b1b1a smo si sorodni z Albanci, Makedonci, Bolgari, s severnimi Grki, v J2 z Italijani, Makedonci, Nemci, s Čehi, v G s Španci, Čehi, z Italijani itd. Države z najvišjim številom različnih Y-DNK haplotipov kot sva jih našla v Sloveniji so prikazane v Tabeli 6.

Tabela 6: Države z najvišjim številom različnih Y-DNK haplotipov (N=192) kot sva jih našla v Sloveniji

Država	Število haplotipov	Delež (%)
Poljska	116	60,42
Nemčija	111	57,81
Češka	92	47,92
Hrvaška	83	43,23
Rusija	77	40,10
Slovaška	63	32,81
Madžarska	61	31,77
Ukrajina in Italija	59	30,73
Norveška	58	30,21

Največ različnih haplotipov iz vseh genetskih skupin si glede na rezultate delimo predvsem s Poljaki in Nemci. Veliko tudi s Čehi, Hrvati in Rusi, malce manj s Slovaki, z Madžari, Ukrajinci, Italijani in Norvežani. Upoštevala sva vsak haplotip, ki sva ga v populaciji (baza YHRD) našla vsaj enkrat.

Države in mesta haplotipov iz Slovenije, ki so redko najdeni drugje (v še največ petih krajih) so prikazani v Tabeli 7. Največ redkih haplotipov iz skupin R1a1 in I2a2 sva našla na Poljskem, kjer izrazito prevladuje mesto Vroclav. Morda je pomenljivo, da so na Hrvaškem najdeni redki haplotipi predvsem na njenem vzhodnem in deloma severnem delu, čeprav ne v I2a2 skupini, kar bi sicer lahko pričakovali glede na geografsko bližino in območje nastanka te skupine. Nobenega nisva našla med srbskimi, bošnjaškimi, makedonskimi vzorci. To se morda sklada z ugotovitvami, da so Srbi in Črnogorci genetsko podobni zahodnim Hrvatom in Bošnjakom, se pa pomembno razlikujejo od Slovencev [31]. Več redkih I2a2 haplotipov je znotraj raziskanih populacij celo v Nemčiji in v že prej omenjenima Slovaški in Poljski.

V Italiji so najdeni predvsem redki haplotipi iz J2 in G genetskih skupin. Za prikaz redko najdenih slovenskih haplotipov sva se odločila zato, da prikaževa tako najpogostejše in najredkeje najdene haplotipe drugje po svetu. S tem lahko primerjamo območja najdb iz obeh kategorij med seboj. Prav tako nam morda najdba slovenskega haplotipa zgolj še na nekaj krajih kaže na njun skupen nedaven izvor. Haplotip morda še ni imel dovolj časa za svojo razširitev. Največ redkih haplotipov sva našla na Poljskem, kjer izrazito prevladuje mesto Vroclav.

Izvor najpogostejših mtDNK genetskih skupin v Evropi

V Tabeli 8 so prikazani deleži najpogostejših genetskih skupin mtDNK haplotipov v Evropi [32] v %. V Tabeli 8 ni podanih deležev genetskih skupin v Sloveniji, ki so podrobno predstavljeni Tabeli 9.

Kromanjonske Evropejke so verjetno nosile mtDNK skupine HV, H in V ter U5a. Čeprav so marsikatere od njih zelo pogoste med današnjimi Evropejkami pa vsaj nekatere študije ne kažejo na prevladujočo kontinuiteto s paleolitskim prebivalstvom celine [33].

Tabela 7: Države in mesta haplotipov iz Slovenije, ki so redko najdeni drugje

Y-DNK genetska skupina	Država	Mesto	Število oseb
R1a1a	Poljska	Vroclav	5 oseb nosi 3 različne haplotipe
	Poljska	Gdansk	1
	Poljska	J Poljska	1
	Poljska	JV Poljske	1
	Poljska	Varšava	1
	Poljska	Lisagora	1
	Poljska	Jaroslav	1
	Poljska	Szczecin	1
	Slovaška	V Slovaška	1
	Slovaška	Slovaki iz Novega Sada	1
	Češka	Praga	2 osebi nosita 2 razl. haplotipa
	Rusija	Borisoglebsky	1
	Italija	Videm	1
	Norveška	S Norveška	1
	Švedska	-	1
	Belgija	-	1
Turčija	-	1	
Sirija	-	1	
Šrilanka		1	
I2a2	Poljska	Vroclav	2 osebi nosita 2 razl. haplotipa
	Poljska	Gdansk	1
	Poljska	Nowy Sacz	1
	Slovaška	-	1
	Slovaška	Slovaki iz Bihorja	1
	Nemčija	Mainz	1
	Nemčija	Muenster	1
	Ukrajina	Kijev	1
Madžarska	Tiszoroff	1	
R1b	Hrvaška	V Hrvaška	1
	Hrvaška	S Hrvaška	1
	Nemčija	Berlin	1
	Ukrajina	Uzhgorod	1
	Avstrija	Salzburg	1
I1	Avstrija	Dunaj	1
E1b1b1a	Slovaška	Romi v V Slovaški	1
	Nemčija	Munchen	1
G	Italija	Modena	1
	Italija	S Sardinija	1
	Rusija	Kabardino - Bakaria	1
	Hrvaška	V Hrvaška	1
	Venezuela	-	1
	Španija	Asturija	1
	Kuvajt	-	1
J2	Italija	Ravena	1
	Italija	Latium	1
	Hrvaška	V Hrvaška	1
	Mehika	-	1
T	Avstrija		1
	Argentina		1
	Kolumbija		1

Tabela 8: Deleži najpogostejših genetskih skupin mtDNK haplotipov v Evropi v %

Država/Genetska skupina	H	U	(U2)	(U3)	(U4)	(U5)	K	T	J	V
Albanija	51,5	14,5	(0)	(0)	(5)	(8,5)	2,5	6,5	7	1
Anglija	42	14	(0,5)	(0)	(3)	(8)	9,5	11	9	3,5
Avstrija	44,5	12	(1)	(1)	(4)	(7)	10,5	8,5	12	3
Belgija	40	22	(0)	(0)	(6)	(12)	13	10	4	6
Bolgarija	38	20	(0)	(10)	(6,5)	(3,5)	13	6,5	10	0
Bosna-Hercegovina	45	15,5	(1)	(0)	(4)	(6,5)	6	4,5	7,5	5
Češka	41	20	(0,5)	(1,5)	(1,5)	(15)	3	11	11	3
Danska	39,5	22	(8)	(0)	(4)	(8)	10,5	12	2,5	2,5
Estonija	43,5	24,5	(1)	(0)	(7)	(16)	2,5	8	10	4
Finska	40	25	(2)	(0)	(2,5)	(18)	3	4	5	6,5
Francija	40,5	18,5	(2)	(1)	(2,5)	(9,5)	8	11,5	6	2,5
Grčija	38	11,5	(0)	(0)	(0)	(1,5)	6	10	14,5	0
Hrvaška	44	14	(2)	(1)	(1,5)	(10,5)	5	7,5	10	5
Irska	38,5	13	(2)	(0,5)	(2,5)	(6)	11	12	10	4
Islandija	46	15,5	(0)	(3)	(2)	(9,5)	7,5	10	11	1,5
Italija	33,5	14	(1)	(3)	(2)	(7)	7	12	7,5	4,5
Latvija	45	23	(3)	(2)	(9)	(9)	2,5	9	6,5	3
Litva	46	18	(2)	(1,5)	(5)	(9,5)	2,5	10	8	4,5
Madžarska	47	17,5	-	-	-	-	2	6	12	1
Makedonija	43,5	13,5	(1)	(2)	(3,5)	(6)	4,5	11	11,5	4,5
Nemčija	41,5	15	(1)	(1)	(2,5)	(9,5)	9	11	9	3,5
Nizozemska	45	16	(1,5)	(0)	(6,5)	(7,5)	10	14	11	8
Norveška	42	16,5	(3)	(0)	(3)	(10)	6,5	11	12	4
Poljska	46	16	(1)	(0,5)	(5)	(8,5)	3,5	11,5	8	5
Portugalska	44,5	14	-	(2)	(5,5)	(3)	7,5	11	6	4
Romunija	39	10,5	(2)	(1)	(1)	(3,5)	7	8	14	2
Rusija	42	20	(1,5)	(0,5)	(6)	(12)	3	10	8	5
Adygey (S. Kavkaz)	22	32	(4)	(14)	(4)	(8)	2	14	4	0
Bashkirs (Volga-Ural)	22	25,5	(2)	(0)	(15)	(7,5)	2,5	3	6	2
Volga-Finska	20	27	(0)	(0)	(15)	(12)	3	12	3	3
Srbija	41	20,5	(1,5)	(1)	(7)	(9,5)	4,5	5	7	5
Škotska	42,5	13	(1,5)	(1)	(2,5)	(7)	6,5	11,5	14	3,5
Španija	54	10	(0,5)	(0,5)	(4)	(5,5)	5	8	6	5
Švedska	48	16	(2,5)	(0)	(7)	(6,5)	3	12,5	9,5	6,5
Švica	36,5	16,5	(1)	(0)	(5,5)	(8,5)	10	13,5	5	3
Ukrajina	39	21	(0)	(1)	(4)	(11)	3	7	12	5,5
Wales	43	10	(0,5)	(0,5)	(0,5)	(4,5)	9,5	11	9,5	1,5

Genetska skupina H je nastala pred 30 tisoč leti na Bližnjem vzhodu ali na jugu Evrope in je daleč najpogostejša skupina v vsej Evropi (40 - 50 %) [34]. Veliko jo je tudi v severni Afriki in na Bližnjem vzhodu. Po Evropi naj bi se razširila pred 20 - 25 tisoč leti. Med ledeno dobo naj bi del pripadnic te genetične skupine našle zatočišče na Iberskem

polotoku oziroma v južni Franciji [35, 36]. V paleolitskih vzorcih so jo našli bolj na jugu Evrope, medtem ko so našli U skupino bolj v centralni Evropi ter na vzhodu in severu.

Genetska skupina U naj bi nastala v Zahodni Aziji pred 55 tisoč leti [37]. Gre predvidoma za najstarejšo mtDNK genetsko skupino v Evropi, ki naj bi prišla v Evropo pred zadnjo ledeno dobo skupaj s prvimi lovci in nabiralci preko bližnjega vzhoda in Balkana [36]. Po mnenju strokovnjakov iz »Genographic project« pa naj bi genetska skupina U prišla v Evropo iz zahodne Azije [38]. Značilne za Evropo so U5, U4 (povezava z moško skupino R1a), U3 (povezava z R1b) in U8/K. Med najstarejšimi mtDNK skupinami, ki so jih našli v paleolitskih kosteh modernega človeka v Evropi, kot tudi v mezolitskih: Anglija, Nemčija, Litva, Poljska, Portugalska, Rusija, je U5. Največ jo je (U5b) na severu Evrope, 30 - 50 % (Sami). V današnjih Evropejках je v povprečju prisotna z 11 % in je stara približno 25 tisoč let.

Genetska skupina K je podskupina U8 in se je razvila na Bližnjem vzhodu pred 16 tisoč leti [39]. Značilna je za SZ in centralno Evropo, Anatolijo in južni del Arabskega polotoka. Iz Anatolije in Grčije se je drugam po Evropi razširila v neolitiku, najbrž skupaj z mtDNK skupinami J in T ter z Y-DNK skupinami E1b1b, J2 in T.

Ženska skupina T je nastala pred 12 tisoč leti v Mezopotamiji ali njeni bližini [40]. Veliko T1 je SV Afriki, Anatoliji in Bolgariji, T2 pa na SV Evrope in okoli Egejskega morja.

Skupina J je zelo stara, nastala je pred 45 tisoč leti na Bližnjem vzhodu ali Kavkazu [41]. Kljub temu je verjetno J najmlajša mtDNK genetska skupina v Evropi, ki naj bi prišla v Evropo po koncu zadnje ledene dobe, v času mezolitika ali neolitika, skupaj s prvimi kmetovalci z bližnjega vzhoda [35, 36]. Veliko jo je tudi v centralni Aziji, v okolici Kaspijskega in Črnega morja, zato jo povezujejo tudi s kasnejšimi migracijami predvsem »R1b« Indo-Evropejcev. J1 je veliko na Bližnjem vzhodu, centralni Aziji, Ukrajini. V Evropi je ta skupina še najbolj prisotna, medtem ko je J2 omejena bolj na mediteranski del, čeprav se nekatere njene podskupine pojavljajo tudi v Skandinaviji in Veliki Britaniji.

Pred-neolitska skupina V je verjetno nastala pred 15 tisoč leti na Iberskem polotoku in se je kasneje razširila tudi v Skandinavijo [42]. Pri Samih je prisotna v 40 %, relativno veliko jo je tudi na severu Španije, na Nizozemskem, otokih Hrvaške, Sardiniji ter v Magrebu.

Spletni viri mtDNK haplotipov

Največja podatkovna baza za mtDNK haplotipe je Mitosearch [43], v kateri je vpisanih okoli 110 tisoč oseb, veliko pa jih ima analiziranih žal le prvo območje HV1. So pa v bazi SMGF dostopni podatki za več kot 70 tisoč žensk iz 168 držav na treh območjih: HV1, 2 in 3. Slovenija je zastopana z najmanj 178 ženskami. Podatek o številu DNK vzorcev iz Slovenije na spletni strani SMGF ni točen, ker je kar nekaj slovenskih vzorcev umeščenih med avstrijske in madžarske, verjetno zaradi nekdanje umeščenosti sedanjega slovenskega ozemlja znotraj Avstro-Ogrske.

Deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji

Za določitev deležev genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji je bilo najprej potrebno zbrati čim večje število mtDNK haplotipov Slovenk. Te haplotipe sva zbrala iz člankov in spletnih baz. Iz članka [8] sva vzela 104 haplotipe, iz članka [9] sva jih vzela 129 in na spletnih bazah SMGF in Mitoserach sva našla še 96 mtDNK haplotipov. Skupaj sva tako zbrala 329 nekoleriranih mtDNK haplotipov iz cele Slovenije.

Zbrane haplotipe je bilo potrebno ustrezno urediti in jih razvrstiti v genetske skupine. Na primer, haplotipi iz članka [8] niso vsebovali oznak aminokislin (A, C, T, G), zato sva morala te oznake določiti sama. Izbrala sva tiste oznake, ki so običajne za mutacije v mtDNK haplotipih iz Slovenije. Haplotipi iz članka [9] in iz spletne baze SMGF niso bili razvrščeni v genetske skupine, zato sva jih morala razvrstiti sama. Razvrstila sva jih z uporabo spletnega programa za ugotavljanje mtDNK genetskih skupin [44]. Deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji, ki sva jih dobila, skupaj s 95 % intervali zaupanja, so prikazani v Tabeli 9.

Tabela 9: Deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji

mtDNK genetska skupina	Število oseb	Delež (%)
H	147	44.68 ± 5.37
U	53	16.11 ± 3.97
J	31	9.42 ± 3.16
T	31	9.42 ± 3.16
K	19	5.78 ± 2.52
V	15	4.56 ± 2.25
HV	9	2.74 ± 1.76
W	9	2.74 ± 1.76
X	7	2.13 ± 1.56
I	7	2.13 ± 1.56
A	1	0.30 ± 0.59
Skupaj	329	

Kot vidimo, imamo v Sloveniji veliko različnih mtDNK genetskih skupin. Najpogostejša je skupina H, v katero spada okoli 44.68 ± 5.37 % Slovenk. Druga najpogostejša mtDNK genetska skupina je U. V to skupino spada 16.11 ± 3.97 % Slovenk. Sledita ji genetski skupini J in T s po 9.42 ± 3.16 %, skupina K s 5.78 ± 2.52 %, skupina V s 4.56 ± 2.25 % in HV s 2.74 ± 1.76 %. Ostalih, manj pogostih genetskih skupin (W, X, I, A), na tem mestu ne bova podrobneje opisovala. Primerjava s tabelo 8 kaže, da so deleži genetskih skupin mtDNK haplotipov v Sloveniji razmeroma podobni kot v drugih evropskih državah. Prav tako se kaže, da so razlike v deležih genetskih skupin mtDNK haplotipov med evropskimi državami manjše kot v deležih genetskih skupin Y-DNK haplotipov.

Čas naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije

Najin glavni cilj je bil iz zbranih mtDNK haplotipov izračunati približni čas naselitve ženskih populacij na prostoru Slovenije. Čas naselitve sva izračunala na enak način, kot je to storil Sykes [45] za območje Irske. Vsak mtDNK haplotip iz Slovenije sva primerjala s haplotipi iz spletnih baz SMGF in Mitoserach. S primerjavo mtDNK haplotipov sva ugotovila, da ima 127 žensk iz najinega vzorca haplotipe, ki so unikatni samo za Slovenijo in jih drugje ni najti. Za vsakega od teh haplotipov sva nato preštela, v najmanj koliko mutacijah se razlikuje od vseh ostalih haplotipov iz spletnih baz. Velja, da več kot ima neka genetska skupina unikatnih mutacij, tem dlje je prisotna na določenem prostoru. Ob predpostavki, da je hitrost mutacij v povprečju ena mutacija na 20000 let na 400 analiziranih mestih HV območja [45] in ob upoštevanju števila unikatnih mutacij, sva lahko izračunala povprečni čas naselitve na prostoru Slovenije za vsako genetsko skupino in za vse haplotipe skupaj. Hitrost mutacij, ki sva jo upoštevala, je bila določena na osnovi filogenetskih študij. Oceno hitrosti mutacij pa je mogoče določiti tudi na osnovi števila mutacij iz rodovnika populacije [46]. Izračunani povprečni časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije in standardne deviacije časov naselitve so prikazani v Tabeli 10.

Tabela 10: Povprečni časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije

mtDNK genetska skupina	Število oseb	Povprečni čas naselitve v letih pred sedanjostjo	Standardna deviacija časa naselitve v letih
H	147	4834 ± 1156	8469
U	53	8016 ± 2376	10329
J	31	4554 ± 2109	6917
T	31	6006 ± 2642	8667
K	19	6202 ± 3680	9250
V	15	2063 ± 1969	4330
HV	9	-	-
W	9	7533 ± 4888	7886
X	7	22113 ± 10516	14318
I	7	16129 ± 6668	9078
A	1	-	-
Skupaj	329	5918 ± 832	9143

Dobljeni povprečni časi naselitve so podobni tistim, ki jih je Sykes dobil za Irsko [45]. Izračuni kažejo, da naj bi se naše prednice naselile na prostoru Slovenije v povprečju pred 5900 ± 850 leti. Nekatere genetske skupine naj bi se naselile pred tem, druge pa kasneje. Pri ženskih populacijah bi lahko predpostavili, da je naseljevanje potekalo enakomerno, saj so genetske prevlade posameznic nad drugimi možne le ob večjih podnebnih spremembah ali v zelo dolgem obdobju. V tem primeru bi veljalo, da so se prve ženske naselile na tem prostoru že pred približno 12000 leti (dvakratnik povprečnega časa naselitve) in da se jih je polovica naselila pred 6000 leti, ostala polovica pa kasneje. Med prvimi naj bi se na prostoru Slovenije začele naseljevati pripadnice genetske skupine U, verjetno kmalu po zadnji ledeni dobi, v povprečju pa pred 8000 ± 2400 leti. Najpogostejša skupina H naj

bi se naselila na tem prostoru v povprečju pred 4850 ± 1150 leti. Genetska skupina J naj bi prišla na prostor Slovenije najkasneje, v povprečju pred 4550 ± 2100 leti, skupina T v povprečju pred 6000 ± 2650 leti in skupina K v povprečju pred 6200 ± 3700 leti. Zaradi majhnega števila haplotipov znotraj genetskih skupin dobimo pri skupini V nerealen čas naselitve, pri ostalih skupinah (HV, W, X, I, A) pa dobimo zelo velike intervale nezaupanja. Kljub nezanesljivosti izračunanega časa naselitve za nekatere genetske skupine je skupno število haplotipov dovolj veliko, da je ocena skupnega povprečnega časa naselitve žensk na prostoru Slovenije dovolj zanesljiva. Rezultati kažejo, da so se potomke žensk, ki so se naselile na tem prostoru kmalu po zadnji ledeni dobi, ohranile vse do danes.

Razprava

Slovenci se po časih do skupnih prednikov Y-DNK genetskih skupin ne razlikujemo bistveno od ostalih Evropejcev [16]. Izračunani časi do skupnih prednikov teh genetskih skupin kažejo, kdaj naj bi ti predniki živeli, nič pa ne povedo o tem, kje naj bi živeli in kdaj naj bi se naselili na prostoru Slovenije. Verjetno pa velja, da so povprečni časi naselitve Y-DNK genetskih skupin na prostoru Slovenije krajši kot izračunani časi do njihovih skupnih prednikov. Za bolj natančno določitev časov naselitve Y-DNK genetskih skupin na prostoru Slovenije pa bo potrebno opraviti nadaljnje raziskave.

Opozoriti je tudi potrebno, da lahko dobimo pri izračunih časov naselitve na osnovi moških Y-DNK haplotipov prenizke vrednosti zaradi genetskih prevlad posameznikov nad drugimi, ki so se v preteklosti pogosto dogajale (vojne, zaslužnjevanje, itd.). Takšne prevlade zmanjšujejo pestrost Y-DNK haplotipov in posledično tudi genetske razdalje med njimi. Zaradi tega Sykes [45] svetuje, da je za ocenjevanje starosti naselitve na določenem prostoru bolj primerno uporabiti ženske mtDNK haplotipe, saj pri ženskah takšne genetske prevlade niso tako pogoste.

Ob tem želiva pripomniti, da med genetiki še ni soglasja glede večinskega paleolitskega izvora Evropejcev. Novejše Y-DNK raziskave kažejo, da je večina sedanjih zahodnih Evropejcev potomcev iz neolitika in bronaste dobe [47], pa tudi na njihov paleolitski evropski izvor [48].

Do nedavnega je kazalo, da nosijo Evropejke večinoma paleolitske genetske skupine, ki segajo nekatere celo 25 tisoč let v preteklost in več [47]. Zadnje mtDNK raziskave vzbujajo dvom o prevladujoči kontinuiteti sedanjih Skandinavk s paleolitskimi prednicami [49]. Ali to velja tudi za preostalo Evropo ali le nekatera njena območja, bodo pokazale prihodnje raziskave.

Izračuni časov do skupnih prednikov in časov naselitve temelje na sedanjih genetskih podatkih in predpostavljenih časih mutacij in ne nudijo vpogleda v genetsko sliko sveta, denimo v kameni, bronasti ali železni dobi. Kažejo torej sedanjo sliko. Rezultati temeljijo tudi na zelo majhnih vzorcih iz posameznih držav (Srbija, Francija) z razliko od sicer številnih vzorcev iz Poljske, Češke in Rusije, kar seveda lahko izkrivlja sliko. Rezultati bi bili bolj natančni, če bi za analizo vseh Y-DNK haplotipov imela možnost primerjave na vsaj 30 lokusih.

Izračunani časi naselitve Slovenije seveda ne pomenijo, da pred tem tukaj niso bivali ljudje. Arheologi so v Sloveniji samo v zadnjem desetletju raziskali ali zaznali 94 novih najdišč iz dobesedno vseh arheoloških obdobij, od starejše kamene dobe do zgodnjega srednjega veka, raziskanih pa je bilo tudi nekaj najdišč visokega srednjega in novega veka. Manjkajo le močnejši sledovi iz obdobja 5. in 6. stoletja, čeprav lahko med ostalinami poznoantičnega časa najdemo tudi posamične predmete tega časa [50].

Primerjava posameznih Y-DNK haplotipov iz teh genetskih skupin nas umešča v veliko evropsko družino, saj je več kot 38 % (R1a1a) Slovencev, glede na število ljudi, ki nosi slovenske haplotipe drugje, tesno genetsko povezana z zahodno in vzhodno slovanskim svetom, okoli 30 % (I2a2, J2, G, E1b1b) s prebivalci Balkana in južne Evrope, od 16 - 20 % (R1b) s prebivalci zahodne Evrope ter vsaj 10 % (I1) s prebivalci centralne in severne Evrope.

V najinem referatu sva lahko prikazala le sedanjo splošno DNK sliko Slovenije. Zanimivo bi jo bilo raziskati po posameznih regijah in krajih, saj deleži genetskih skupin niso enakomerno razporejeni po prostoru. V avstrijskem Gradcu denimo 42.9 % prebivalstva nosi skupino R1a1a (kar je celo več kot v Sloveniji na splošno), na Tirolskem pa 12.5 %. V nemškem mestu Leipzig 27.1 %, a v Muensteru le 7.8 %. V italijanski pokrajini Lombardija 0 %, v Venetu in Casarni 10 %. V francoskem mestu Strasbourg 11.8 %, a v Lyonu 5.1 %. Na Šetlandskih otokih 23 %, v Castlereji (Irska) 0 % in podobno (glej Tabela 1) [11].

Leta 2009 odkrite podskupine R1a1a7 [12] izven Evrope praktično ni. Svoj vrh ima v južni in centralni Poljski (preko 30 %), njen delež pa pada v smeri oddaljevanja od tega območja, najbolj izrazito preko Urala in proti jugu, čeprav jo je v vzhodno centralni Ukrajini (Dnipropetrovsk) še vedno 22.8 % (drugje manj). Razvila se je v zgodnjem holocenu verjetno na Poljskem, k nam pa je lahko najprej prišla šele pred 2600 leti. Izračunani časi skupnih prednikov celotne slovenske R1a1a (pred 3700 leti) in R1a1a7 (pred 2600 leti) kažejo na vsaj dva vala moških naselitev v zadnjih 4000 letih. Slovenska R1a1a spada v glavnem v starejšo skupino. V Sloveniji so v študiji [12] na dveh lokacijah namreč našli le 2.8 % R1a1a7. Zastavlja se torej vprašanje: mar ne bi Slovenci, če bi prišli šele v prejšnjem tisočletju iz območja srednjega Dnepra, kamor so [51] v svoji genetski študiji postavili skupno domovino Rusov, Belorusov, Poljakov, Slovakov, Slovencev in zahodnih Hrvatov, s seboj prinesli več R1a1a7 skupine?

Zaključek

Rezultati analize Y-DNK haplotipov iz Slovenije kažejo, da med moškimi prevladuje genetska skupina R1a1a (38.44 ± 5.33 %), druga najpogostejša skupina je I2a2 (21.25 ± 4.48 %), sledijo si R1b (15.94 ± 4.01 %), I1 (10.00 ± 3.29 %), E1b1b1a (5 ± 2.39 %), G (3.13 ± 1.91 %), J (2.81 ± 1.81 %), itd. Izračuni Klyosovova kažejo, da slovenski R1a1a haplotipi spadajo v baltiško-karpatško vejo. Skupni prednik slovenske R1a1a naj bi živel pred 3700 ± 390 leti, prednik I2a2 pred 2325 ± 290 leti, R1b pred 4500 ± 600 leti in I1 pred 3025 ± 410 leti.

Primerjava slovenskih Y-DNK haplotipov s haplotipi iz drugih držav kaže, da slovenske R1a1a haplotipe nosi največ Belorusov, Poljakov, Slovakov, Ukrajincev, Rusov in Čehov.

I2a2a haplotipe nosi največ prebivalcev Hercegovine (BiH), južne Hrvaške, nekaterih krajev Belorusije, še posebej Bresta, ostale Hrvaške, Srbije, nekaterih krajev Romunije. R1b haplotipe nosi največ prebivalcev severne Španije, Velike Britanije, Nizozemske, Belgije in severne Italije. I1 haplotipe nosi največ prebivalcev Skandinavije, Nemčije, Švice in Avstrije. V E1b1b1a smo si bolj sorodni z Albanci, Makedonci, Bolgari, s severnimi Grki, v J2 z Italijani, Makedonci, Nemci, s Čehi, v G s Španci, Čehi, z Italijani itd. Primerjava tudi kaže, da si največ *različnih* haplotipov delimo s Poljaki, Nemci, Čehi, Hrvati in Rusi. V Sloveniji najdeni haplotipi, ki so v svetu zelo redki, so večinoma iz Poljske, še posebej iz mesta Vroclav.

Analiza mtDNK haplotipov iz Slovenije kaže, da je med ženskami najbolj pogosta genetska skupina H ($44.68 \pm 5.37\%$), sledijo si U ($16.11 \pm 3.97\%$), J in T ($9.42 \pm 3.16\%$) ter K ($5.78 \pm 2.52\%$). Izračunani časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije kažejo, da naj bi se prednice današnjih Slovenk naselile na tem prostoru v povprečju pred 5900 ± 850 leti. Med prvimi naj bi se naselila skupina U, verjetno kmalu po zadnji ledeni dobi, v povprečju pa pred 8000 ± 2400 leti. Najpogostejša skupina H naj bi se naselila v povprečju pred 4850 ± 1150 leti, skupina J naj bi prišla na ta prostor verjetno najkasneje, v povprečju pred 4550 ± 2100 leti, skupina T v povprečju pred 6000 ± 2650 leti in skupina K v povprečju pred 6200 ± 3700 leti. Rezultati kažejo, da so se potomke nekaterih žensk, ki so se naselile na tem prostoru kmalu po zadnji ledeni dobi, ohranile vse do danes.

Genetske raziskave človeka so se zgodovinsko gledano šele začele. Veliko jih bo še opravljenih, zato je in bo potrebno slediti novim spoznanjem in jih primerjati s starimi. V nadaljnjem delu bi lahko dobljene rezultate dopolnila v skladu z novimi podatki, opravila bi lahko primerjavo mtDNK haplotipov iz Slovenije s haplotipi drugih evropskih držav in izračunala povprečne čase naselitve Y-DNK genetskih skupin na prostoru Slovenije.

Literatura

1. K. Drobnič, *Ugotavljanje identitete posameznika z uporabo genetskih informacij, metode verižne reakcije s polimerazo in računalniško podprte tehnologije*, Zbornik Mednarodnega posveta Biološka znanost in družba, Zavod RS za šolstvo, Ljubljana **2007**, 152-163.
2. H. Šterlinko, I. Zupanič-Pajnič, J. Balažič, R. Komel, Human Y-specific STR haplotypes in a Slovenian population sample, *Forensic sci. int.*, **2001**, 120, 226-228.
3. J. Škulj, *Genetske raziskave in njihov pomen za preučevanje Venetov*, Zbornik posveta, Praprebivalstvo na tleh Srednje Evrope, Jutro, Ljubljana **2002**, 31-39.
4. J. Škulj, *Y-chromosome Frequencies and the Implications on the Theories Relating to the Origin and Settlement of Finno-Ugric, Proto-Hungarian and Slavic Populations*, Zbornik pete mednarodne konference Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana **2007**, 27-42.
5. J. Škulj, *Etruscans, Veneti and Slovenians: a genetic perspective*, Zbornik tretje mednarodne konference, Staroselci v Evropi, Jutro, Ljubljana **2005**, 20-30.
6. M. Budja, *Who are the europeans?*, Zbornik pete mednarodne konference, Izvor Evropejcev, Jutro, Ljubljana **2007**, 7-26.
7. V. Vodopivec, *Korenine zahodnih in južnih Slovanov*, Zbornik Mednarodnega posveta, Sledovi evropske preteklosti, Jutro, Ljubljana **2003**, 203-223.
8. B. A. Malyarchuk et al., Mitochondrial DNA Variability in Bosnians and Slovenians, *Annals of Human Genetics*, **2003**, 67, 412-425.

9. I. Zupanič-Pajnič, J. Balažič, R. Komel, Sequence polymorphism of the mitochondrial DNA control region in the Slovenian population, *Int. J. Legal Med.*, **2004**, 118, 1-4.
10. http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml.
11. K. Wiik, Where did European men come from? *Journal of Genetic Genealogy*, **2008**, 4, 35-85.
12. P. A. Underhill et al., Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a, *European Journal of Human Genetics*, **2009**, 18, 479-484.
13. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_R1a_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_R1a_(Y-DNA)).
14. *Genetske raziskave*, http://www.eupedia.com/europe/origins_haplogroups_europe.shtml#R1a.
15. A. A. Klyosov, DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome, I. Basic Principles and the Method, *Journal of Genetic Genealogy*, **2009**, 5, 2, 186-216.
16. A. A. Klyosov, DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome, II. Walking the Map. *Journal of Genetic Genealogy*, **2009**, 5, 2, 217-256.
17. http://www.eupedia.com/europe/neolithic_europe_map.shtml#R1b.
18. L. Morelli et al., A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent with Cultural Rather than Demic Diffusion of Agriculture, *PLoS ONE*, **2010**, 5,4: e10419. doi:10.1371/journal.pone.0010419.
19. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_I2_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_I2_(Y-DNA)).
20. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_I1_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_I1_(Y-DNA)).
21. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_E1b1b1a_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_E1b1b1a_(Y-DNA)).
22. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_J2_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_J2_(Y-DNA)).
23. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_G_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_G_(Y-DNA)).
24. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_N_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_N_(Y-DNA)).
25. *Genetske raziskave*, <http://www.ysearch.org>.
26. *Genetske raziskave*, <http://www.smgf.org>.
27. *Genetske raziskave*, <http://www.yhrd.org>.
28. *Genetske raziskave*, <http://www.hprg.com/hapest5/>.
29. *Genetske raziskave*, <http://members.bex.net/jtcullen515/haplotest.htm>.
30. E. Petrejčikova et al., The genetic structure of the Slovak population revealed by Y-chromosome polymorphisms, *Anthropological Science*, 2010, 118, 1, 23-30.
31. M. Stevanović et al., Human Y-specific STR haplotypes in population of Serbia and Montenegro, *Forensic Sci Int.*, 2007, 171, 2-3, 216-21.
32. *Genetske raziskave*, http://www.eupedia.com/europe/european_mtdna_haplogroups_frequency.shtml.
33. B. Bramanti et al., Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe's First Farmers, *Science*, 2009, 326, 5949, 137-140.
34. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_H_\(mtDNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_H_(mtDNA)).
35. S. Oppenheimer, *Origins of the British: The New Prehistory of Britain*, Constable and Robinson, London 2006.
36. B. Sykes, *The Seven Daughters of Eve: The Science That Reveals our Genetic Ancestry*, W. W. Norton and Company, New York 2002.
37. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_U_\(mtDNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_U_(mtDNA)).
38. *Genetske raziskave*, <https://genographic.nationalgeographic.com/genographic/index.html>.
39. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_K_\(mtDNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_K_(mtDNA)).
40. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_T_\(mtDNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_T_(mtDNA)).
41. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_J_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_J_(Y-DNA)).
42. *Genetske raziskave*, [http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_V_\(mtDNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_V_(mtDNA)).
43. *Genetske raziskave*, <http://www.mitosearch.org>.
44. *Genetske raziskave*, <http://nnhgttool.nationalgeographic.com/classify/index.html>.

45. B. Sykes, *Saxons, Vikings, and Celts: The Genetic Roots of Britain and Ireland*, W. W. Norton and Company, New York **2007**.
46. S. Sigurdardottir et al., The Mutation Rate in the Human mtDNA Control Region, *Am. J. Hum. Genet.*, **2000**, 66, 1599-1609.
47. P. Balaresque et al., A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages, *PLoS Biol.*, **2010**, 8, 1: e1000285. doi:10.1371/journal.pbio.1000285.
48. L. Morelli et al., A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent with Cultural Rather than Demic Diffusion of Agriculture, *PLoS ONE*, **2010**, 5, 4: e10419. doi:10.1371/journal.pone.0010419.
49. H. Malmström et al., Ancient DNA Reveals Lack of Continuity between Neolithic Hunter-Gatherers and Contemporary Scandinavians, *Current Biology*, **2009**, 19, 20, 1758-1762.
50. B. Djurić, Novosti v slovenski arheologiji na podlagi avtocestnih raziskav, Zavod Republike Slovenije za šolstvo in šport, Ljubljana, **2004**, *Zgod. v šoli*, 13, 1/2, 21-23.
51. K. Rebala et al., Y-STR variation among Slavs: evidence for the Slavic homeland in the middle Dnieper basin, *Journal of Human Genetics*, **2007**, 52, 406-414.

Povzetek

V prispevku je podana genetska analiza Slovencev narejena na osnovi Y-DNK haplotipov, ki se dedujejo po očetu in mtDNK haplotipov, ki se dedujejo po materi.

Rezultati analize 320 Y-DNK haplotipov iz Slovenije kažejo, da med moškimi prevladuje genetska skupina R1a1a (38.44 ± 5.33 %), druga najpogostejša skupina je I2a2 (21.25 ± 4.48 %), sledijo si R1b (15.94 ± 4.01 %), I1 (10.00 ± 3.29 %), E1b1b1a (5 ± 2.39 %), G (3.13 ± 1.91 %), J2 (2.81 ± 1.81 %), itd. Izračuni Klysova kažejo, da slovenski R1a1a haplotipi spadajo v baltiško-karpatsko vejo. Skupni prednik slovenske R1a1a naj bi živel pred 3700 ± 390 leti, skupni prednik I2a2 pred 2325 ± 290 leti, R1b pred 4500 ± 600 leti in I1 pred 3025 ± 410 leti.

Primerjava slovenskih Y-DNK haplotipov s haplotipi iz drugih držav kaže, da slovenske R1a1a haplotipe nosi največ Belorusov, Poljakov, Slovakov, Ukrajincev, Rusov in Čehov, haplotipe I2a2a nosi največ prebivalcev Hercegovine (BiH), južne Hrvaške, nekaterih krajev Belorusije, še posebej Bresta, ostale Hrvaške, Srbije, nekaterih krajev Romunije. Haplotipe R1b nosi največ prebivalcev severne Španije, Velike Britanije, Nizozemske, Belgije in severne Italije. Haplotipe I1 nosi največ prebivalcev Skandinavije, Nemčije, Švice in Avstrije. Primerjava tudi kaže, da si največ različnih haplotipov delimo s Poljaki, Nemci, Čehi, Hrvati in Rusi. Veliko slovenskih haplotipov, ki sva jih še redkokje drugje na svetu našla, je poljskih, še posebej iz mesta Vroclav.

Analiza 329 mtDNK haplotipov iz Slovenije kaže, da je med ženskami najbolj pogosta genetska skupina H (44.68 ± 5.37 %), sledijo si U (16.11 ± 3.97 %), J in T (9.42 ± 3.16 %) ter K (5.78 ± 2.52 %). Izračunani časi naselitve mtDNK haplotipov na prostoru Slovenije kažejo, da naj bi se prednice današnjih Slovenk naselile na tem prostoru v povprečju pred 5900 ± 850 leti. Med prvimi naj bi se naselila skupina U, verjetno kmalu po zadnji ledeni dobi, v povprečju pa pred 8000 ± 2400 leti. Najpogostejša skupina H naj bi se naselila v povprečju pred 4850 ± 1150 leti, skupina J naj bi prišla na ta prostor verjetno najkasneje, v povprečju pred 4550 ± 2100 leti, skupina T v povprečju pred 6000 ± 2650 leti in skupina K v povprečju pred 6200 ± 3700 leti. Rezultati kažejo, da so se potomke nekaterih žensk, ki so se naselile na tem prostoru kmalu po zadnji ledeni dobi ohranile vse do danes.