

KRÓTKA HISTORIA RODU GENETYCZNEGO R1a

WSTĘP

Badania genetyczne rewolucjonizują podejście świata nauki do zagadnień pochodzenia ludności na świecie. Choć są one w początkowej fazie, to jednak już zdążyły wnieść wiele nowych faktów do świadomości osób zainteresowanych tym zagadnieniem. Badania te nakazują zupełnie inaczej spojrzeć na problem pochodzenia człowieka oraz poszczególnych ras i etnosów. Ostatnie lata przyniosły również przełom w badaniu historii Słowian i innych ludów. Badania genetyczne rzucają także nowe światło na zagadnienie pochodzenia i kształtowania się języków. Niestety, nie wszyscy te badania rozumieją. Nie wszyscy umieją wyciągać z nich właściwe wnioski. Istnieją także liczne i dość wpływowe środowiska ludzi, którzy za wszelką cenę próbują podważać te badania wprowadzając do ich interpretacji chaos, fałsz, a nawet oczywiste nieprawdy. Fakty te skłoniły mnie do napisania niniejszego artykułu, który w sposób możliwie krótki i zwięzły wyjaśnia o co chodzi w badaniach genetycznych. Skupiam się tu jednak głównie na historii rodu genetycznego R1a uznawanego za „gen słowiański” w Europie i jednocześnie „gen aryjski” w Azji. Ród ten jest bowiem ściśle związany z historią Słowian i Ariów oraz ich językami. Choć w dzisiejszych czasach nie każdy nosiciel haplogrupy wywodzącej się z R1a jest Słowianinem i nie każdy człowiek mówiący po słowiańsku posiada tę haplogrupę, to jednak historyczny związek tej haplogrupy i jej gałęzi pochodnych z językami słowiańskimi jest faktem. Wykształcenie się języka prasłowiańskiego i pokrewnego mu języka praaryjskiego nastąpiło właśnie w rodzie R1a, tudzież w jego gałęziach potomnych. Tym samym wykształcenie się wspólnego języka będącego przodkiem języków słowiańskich i aryjskich także nastąpiło w tym konkretnym rodzie genetycznym.

Współczesne przypadki, gdy R1a nie łączy się z wymienionymi językami spowodowane są wielowiekowym mieszaniem się pierwotnych etnosów ze sobą, asymilacjami, wynaradawianiem czy kreolizacją języków. Kilka konkretnych przykładów tych faktów podaję w podtytule „Kontrowersje”.

KILKA ZDAŃ O HISTORII CZŁOWIEKA

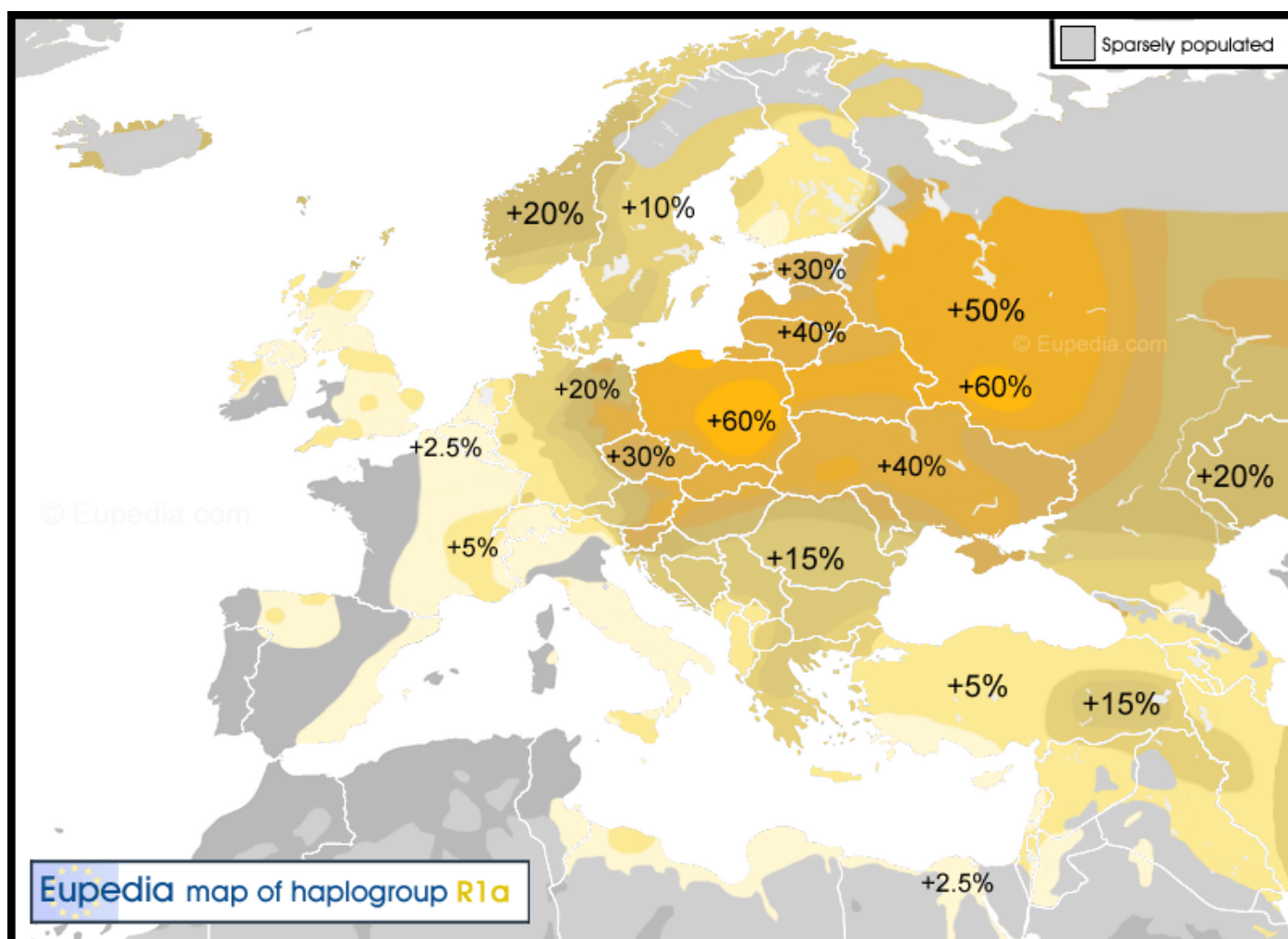
Na podstawie badań genetycznych sporządzono historię rodu ludzkiego. Stan wiedzy na dzień obecny (styczeń 2017 r.) jest taki, że początki rodu ludzkiego miały miejsce w Afryce. Tam to, około **254.000 lat temu** (Karmin et al. 2015) lub **291.000 lat temu** (Trombetta et al. 2015) doszło do powstania gatunku współczesnego człowieka i zarazem do wykształcenia się pierwszej ludzkiej haplogrupy dziedziczonej w linii męskiej (tzw. Y-DNA) nazwanej pierwszą literą alfabetu „A”. W miarę upływu czasu na skutek mutacji w ludzkim DNA powstawały kolejne haplogrupy i ich podgrupy. Te kolejne haplogrupy nazywane były następującymi po sobie literami alfabetu: B, C, D, E itd. Poszczególne haplogrupy w ramach swojego rodu wykształcały wiele gałęzi synowskich, które to z kolei dalej mutowały tworząc coraz to nowe podgałęzie. Ich nazewnictwo bywa różne, jednak zasadniczo spotkać można dwa ich rodzaje:

- kolejne ciągi liter i cyfr w miarę powstawania nowych mutacji np. J1, J2, J1a, J2b, J1a1a itd.
- w celu skrócenia dość długich nazw mutacji, każdą mutację nazywano osobno np. M417, Z282, U106 i doczepiano do głównej gałęzi ojcowskiej – stąd mamy np. R1a-M417, R1a-Z282, R1b-U106 itp.

W DNA potomków człowieka o haplogrupie A zaczęły powstawać nowe haplogrupy i ich mutacje. Człowiek pierwotny prowadząc początkowo koczowniczy tryb życia wędrował po świecie w poszukiwaniu pożywienia i schronienia. Wyszedłszy z Afryki dotarł do Azji, na Daleki Wschód, do prehistorycznego lądu o nazwie [Sunda](#), po czym powędrował z powrotem na zachód. Część jego pobratymców zostawała po drodze, część poszła do Ameryki, część na ląd [Sahul](#), z którego powstała potem Australia i Nowa Gwinea. W jednej z grup wędrujących społeczności doszło do wykształcenia się rodu genetycznego określanego literą „R”. Z tego rodu wykształcił się ród R1, a z niego dwie podgrupy: R1a i R1b. Potomkowie ludzi wywodzących się z obu tych haplogrup stanowią dziś przeważającą większość mieszkańców Europy. Nosiciele mutacji potomnych R1b zamieszkują głównie Europę Zachodnią, zaś nosiciele mutacji potomnych R1a głównie Europę Środkową i Wschodnią. Ludność o haplogrupach potomnych R1a dominuje w państwach słowiańskich i dlatego w nauce określa się ją często mianem „haplogrupy słowiańskiej”. W niniejszym artyku-

wej i kultur późniejszych. Gorącym zwolennikiem poglądu ciągłości zamieszkania ziem polskich był żyjący w latach 1885 – 1969 wielki polski archeolog, prof. [Józef Kostrzewski](#). Słusznie łączył on m.in. twórców kultury łużyckiej z Prastłowianami. Jak wykazują coraz liczniejsze badania nowoczesnych dziedzin nauki – miał rację. [9]

Pomimo, iż oprócz wymienionych odkryć wyraźnie brakuje próbek kopalnego Y-DNA z III i II tysiąclecia p.n.e. z całego obszaru kultury ceramiki sznurowej i kultur będących jej kontynuacjami, to jednak wiele wniosków można wysnuć na podstawie współczesnego występowania haplogrup Y-DNA. Otóż pochodne haplogrupy R1a występują w znacznym odsetku w niemal wszystkich państwach, w których występowała kultura ceramiki sznurowej: Polska 57,5%, Białoruś 51%, Rosja 46%, Ukraina 44%, Słowacja 41,5%, Łotwa 40%, Litwa 38%, Czechy 34%, Estonia 32%, Norwegia 25,5%, Dania 16%, Niemcy 16%, Szwecja 16%. Jedynie w Finlandii i Holandii odsetek występowania haplogrup pochodnych R1a jest niewielki i wynosi odpowiednio 5% i 4%. [10] W państwach słowiańskich haplogrupy te wyraźnie dominują. Powyższą mapę warto porównać z mapą występowania współczesnych mutacji pochodnych R1a:



Mapa 2: Występowanie współczesnych pochodnych mutacji R1a w Europie; (źródło: http://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1a_Y-DNA.shtml).

Mapa 1 pokazuje również obszar, z którego ludność o haplogrupach pochodnych R1a zaczynała swą migrację na inne obszary, zwłaszcza w kierunku wschodnim. Silna ekspansja rodów potomnych R1a na znaczne obszary Azji miała bez wątpienia swoją przyczynę w udomowieniu konia. To dzięki temu zwierzęciu człowiek mógł pokonywać znaczne odległości w dużo szybszym czasie niż to miało miejsce dotychczas. Naukowcy już od dawna nie mają wątpliwości, że udomowienie konia nastąpiło na terenie stepów Europy lub Azji. Najnowsze badania zawężają ten obszar do terytoriów współczesnej Ukrainy, południowo-zachodniej Rosji i zachodniego Kazachstanu. [11] Bez względu na to, czy udomowienia dokonali przedstawiciele rodu R1a czy inna ludność, faktem jest, że to właśnie ludność wywodząca się z rodu R1a umiała i skutecznie wykorzystwała konia, jako środek transportu. Zwrócił na to uwagę m.in. zespół

naukowy, na czele którego stała włoska genetyk **Ornella Semino**. [12] Dzięki temu już w II tysiącleciu p.n.e. kopalne szczątki ludności o haplogrupach pochodnych R1a znajdowane są na Dalekim Wschodzie Azji.

I tak np. w okolicach **Krasnojarska** (Kraj Krasnojarski) w południowej części Syberii (Rosja) odkryto starożytne szczątki 26 osób. Zespół genetyków pod kierownictwem francuskiej genetyk **Christine Keyser** przebadali te szczątki pod kątem genetycznym, pochodzenia geograficznego jak i cech fizycznych. Okazało się, że wiek szczątków jest różny i zawiera się w szerokim przedziale pomiędzy 1500 r. p.n.e., a 400 r. n.e. Szczątków mężczyzn było 12, z czego aż 11 zawierało haplogrupę R1a-M417 (potomna R1a). Stwierdzono europejskie pochodzenie ludności, która do południowej Syberii przybyła w drodze migracji z zachodu na wschód. W kwestii cech fenotypowych ludność, której szczątki badano, posiadała typowo europejski wygląd: jasną karnację, jasne włosy oraz niebieskie lub zielone oczy. We wnioskach zaznaczono, że w okresie brązu i żelaza ludność o tych cechach fizycznych dominowała na terenie południowej Syberii. [13] Również inni naukowcy od dawna zwracali uwagę na europejskie pochodzenie i tym samym na europejski fenotyp ludności tworzącej neolityczne azjatyckie kultury materialne, takie jak: [afanasjewska](#), [Sintasza-Pietrowka](#), czy [andronowska](#). Powszechnie wśród historyków uważa się, że kultury tzw. horyzontu andronowskiego związane są z wczesnym rozwojem [języków indoirañskich](#). Według duńskiego genetyka **Mortena L. Allentofta** kultura Sintasza-Pietrowka stworzona została przez ludność wywodzącą się z europejskiej kultury ceramiki sznurowej o haplogrupie pochodnej R1a migrującej z Europy na wschód. [5] [14] Kultura andronowska wyrosła zaś z kultury Sintasza-Pietrowka. Dopiero niedawno kulturę Sintasza-Pietrowka odróżniono od kultury andronowskiej. Wcześniej obie kultury uznawano za jedną.

Jakieś 1500 km na południe od stanowiska w okolicach Krasnojarska, znajduje się inne stanowisko, w którym również odkryto starożytne szczątki ludności indoeuropejskiej. Zespół chińskich naukowców przebadali tam starożytne cmentarzysko **Xiaohe** w Kotlinie Tarymskiej (ang. Tarim Basin) w chińskiej prowincji Sinciang (Region Autonomiczny Sinciang-Ujgur / Wschodni Turkiestan). Szczątki ludzkie datowane są na ok. 2000 r. p.n.e. Wyniki badań genetycznych wykazały, iż wszystkie siedem osób płci męskiej były nosicielami haplogrupy R1a1a (potomna R1a). Spośród badań żeńskiego mitochondrialnego DNA (tzw. mtDNA) okazało się, że próbki zawierały haplogrupy charakterystyczne zarówno dla wschodniej Azji jak i dla Europy. Jednakże przeważały próbki charakterystyczne dla Azji (żeńskie haplogrupa C4), których było aż 14. Pozostałych próbek mtDNA charakterystycznych dla Europy było pięć: jedna H, jedna K i trzy R*. [15] Oznacza to, że europejscy mężczyźni o haplogrupie R1a1a dość chętnie łączyli się w związki z azjatyckimi kobietami. Nieco szerzej wspominał o tym fakcie poniżej, opisując naród Kirgizów w podtytule „Kontrowersje”.

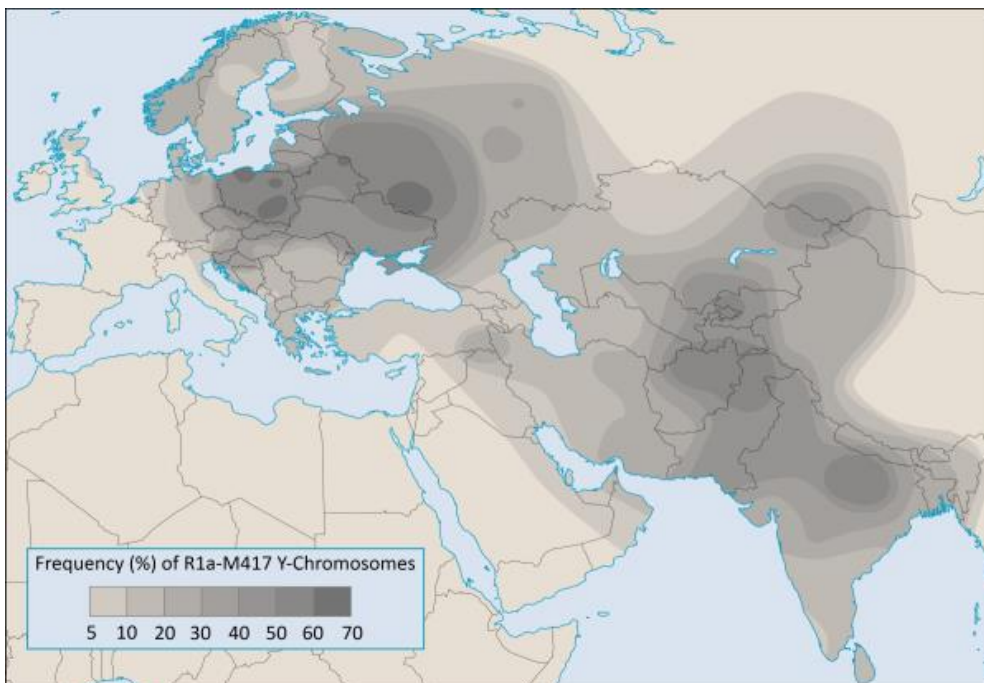
Poza cmentarzyskiem Xiaohe, w Kotlinie Tarymskiej znaleziono dużo więcej grobów ludności o europejskiej fizjonomii. Słynne są zwłaszcza „mumie tarymskie” (ang. [Tarim mummies](#)), pochodzące z rozległego okresu czasu od 1800 r. p.n.e. do 400 r. n.e. Najstarsze mumie są charakterystyczne dla rasy białej – europeidów. Do dziś zachowały się jasne włosy u niektórych mumii. Uznaje się, że biała ludność przybyła do Wschodniego Turkiestanu w II tysiącleciu p.n.e. wywodziła się z położonej na północ [kultury afanasjowskiej](#), którą tworzyły plemiona mające swe korzenie w Europie Wschodniej. Potomkowie europejskiej ludności z Kotliny Tarymskiej znani są w historii jako [Tocharowie](#). Istnieją zapisy ich [języka](#), bezwzględnie indoeuropejskiego. [16] We wczesnym średniowieczu Tocharowie zostali podbici i z czasem zasymilowani przez turekojęzycznych Ujgurów. Tocharskie pochodzenie części Ujgurów zachowało się w wyglądzie niektórych przedstawicieli tej nacji i w genach. Badania genetyczne wykazały bowiem, że w linii męskiej u współczesnych Ujgurów dominują europejskie haplogrupy przy wyraźnym odsetku haplogrup azjatyckich, zaś w linii żeńskiej większość stanowią haplogrupy azjatyckie przy wyraźnym odsetku haplogrup europejskich. [17]

Podobną koncepcję migracji i rozprzestrzeniania się ludności pochodzącej z rodu genetycznego R1a przedstawiła para naukowców: rosyjski genetyk [Anatole A. Klyosov](#) oraz Włoch **Giancarlo T. Tomazzoli**. We wspólnej pracy „DNA Genealogy and Linguistics. Ancient Europe” historycznie ściśle wiąże ludność R1a z językami indoeuropejskimi, a konkretnie z językami słowiańskimi w Europie i językami aryjskimi w Azji. Uważają oni, iż ludność R1a migrowała pierwotnie z Altaju do Anatolii. Następnie przez Anatolię dotarła na Bałkany około 10.000 / 8000 lat temu. Zajęła obszary środkowej Europy i poszła na wschód: najpierw na teren Rosji, a następnie część jej poprzez Azję Środkową do Indii. Co ważne: autorzy twierdzą, że do Europy ludność rodu R1a migrować mogła kilkoma drogami. Indoeuropejski język tej ludności ewoluował wraz z jej długą migracją. Około 6000 lat temu ród R1a zaczął się dzielić w Europie na poszczególne podgrupy, w większości obecne na tym obszarze do dziś. Według Klyosova i Tomazzoliego

część ludności pochodzącej z rodu R1a przybyła na Równinę Rosyjską około 4800 – 4600 lat temu z już ukształtowanym językiem indoeuropejskim. Genetyka potwierdza, iż ludność R1a określana mianem legendarnych „Ariów” i mówiąca językiem indoeuropejskim przybyła do Indii około 3500 lat temu. Pokrywa się to ze wcześniejszymi ustaleniami językoznawców i badaczy starych hinduskich [Wed](#), iż Ariowie pojawili się na Półwyspie Indyjskim prawdopodobnie około 1500 r. p.n.e. Dzięki temu do dziś blisko 72% przedstawicieli indyjskich najwyższych kast braminów jest nosicielami haplogrupy pochodnej R1a. (Sharma et al., 2009) Wspomniany indoeuropejski język ludności R1a wyewoluował w Europie w języki słowiańskie, a w Azji w podobne im języki aryjskie. Z czasem obie grupy językowe podzieliły się na liczne inne języki. Naukowcy zwracają uwagę, że migracja ludności pochodzącej z rodu R1a była zarazem migracją języków indoeuropejskich z Europy do Azji. Zwracają także uwagę na podobieństwo języków słowiańskich do starożytnego hinduskiego sanskrytu. [18] O korelacji języków słowiańskich i aryjskich z haplogrupą R1a1 pisałem szerzej w artykule „[Języki słowiańskie a haplogrupa R1a1](#)”. [19] W artykule tym przytoczyłem nazwiska naukowców, którzy zwracali uwagę na bliskie podobieństwo, a tym samym na wspólne korzenie języków słowiańskich i aryjskich. Wspomniałem tam przykład polskiego językoznawcy [Ignacego Pietraszewskiego](#), który już w XIX w. napisał pracę o bliskości języków słowiańskich i starożytnego [języka awestyjskiego](#) z Iranu. [20] Powołałem się również na zespół kanadyjsko-indyjskich badaczy, którzy napisali pracę na podobny temat, dowodząc bliskiego pokrewieństwa języków indoaryjskich i słowiańskich. [21] Informacje te koniecznie należy uzupełnić wzmiankami o innych naukowcach. I tak np. rosyjsko-brytyjski językoznawca władający siedmioma językami, **Constantine Borissoff** także szeroko pisze o wspomnianych pokrewieństwach. Można o tym przeczytać na jego internetowej stronie <https://borissoff.wordpress.com/>. Jeden z jego wpisów pokazuje bliskie podobieństwo języka słowiańskiego (na przykładzie j. rosyjskiego) do starożytnego aryjskiego [sanskrytu](#). [22] Warto obejrzeć też 11-minutowy film, na którym indyjski youtuber **Svaanik Kumar** opowiada o bliskich podobieństwach języków słowiańskich do starożytnego sanskrytu. [23] Kończąc ten wątek, koniecznie muszę także przypomnieć artykuł, jaki na swym blogu opublikował w 2010 r. [Czesław Białczyński](#). Mam tu na myśli artykuł napisany w j. angielskim przez pochodzącego z Polski mnicha buddyjskiego znającego biegle zarówno język polski, angielski jak i indoaryjski język pali ze Sri Lanki, w którym wskazuje on na podobieństwa j. polskiego do języka pali: <http://bialczynski.pl/2010/08/23/vilasa-bhikkhu-podobnienska-jezyka-polskiego-i-pali-artykul-ze-sri-lanki/>. Artykuł mnicha o lankijskim nazwisku **Vilasa Bhikkhu** poprzedzony jest interesującym wstępem Czesława Białczyńskiego, dodatkowo potwierdzającym powiązania językowe Ariów i Słowian. [24]



Mapa 3: Migracje Indo-Europejczyków haplogrupy R1a z Europy do Azji
(źródło: <http://steppeasia.pagesperso-orange.fr/images/andronovo3.jpg>)



Mapa 4: Występowanie haplogrupy R1a1 (R1a-M417) w Eurazji
(źródło: <http://s11.postimg.org/8lih8edcj/1177epk.png>).

KONTROWERSJE

Obecnie w Europie mutacje pochodne haplogrupy R1a dominują w Europie u narodów słowiańskich. W Azji

mutacje te dominują lub są w sporym odsetku u grup ludności posługujących się językami aryjskimi (indoaryjskimi i irańsko-aryjskimi). Jednakże ich znaczny odsetek wśród narodów niemówiących językami słowiańskimi i aryjskimi można dość logicznie wytłumaczyć. Poniżej przedstawiam konkretne ludy i narody oraz wytłumaczenie faktu niepokrywania się haplogrupy R1a z wyżej wymienionymi językami:

BAŁTOWIE – pisałem o nich w artykule „[Języki indoeuropejskie a genetyka](#)”. [25] Dwa współczesne małe bałtyckie narody, litewski i łotewski posługują się językami, które przez wielu językoznawców zalicza się do grupy języków bałto-słowiańskich, wskazując na silne pokrewieństwo języków bałtyckich z językami słowiańskimi. Również i genetyka łączy narody bałtyckie ze słowiańskimi. Wspólną ich cechą są mutacje pochodne R1a występujące u znacznego odsetka obu grup ludności. Łotysze to genetycznie w 40% ludność R1a, a w 38% ludność o mutacjach haplogrupy N1c – najliczniej występującej wśród ludów ugrofińskich. Podobnie rzecz przedstawia się u współczesnych Litwinów: 42% to N1c, zaś 38% to R1a. Zatem podział pomiędzy obie haplogrupy jest niemal równy i można w uproszczeniu uznać, że wynosi 40% na 40%. Stąd dość logiczny wniosek, że Bałtowie i ich język powstał poprzez zmieszanie się dwóch różnych genetycznych populacji mówiących dwoma odmiennymi językami. Krótkimi słowy: symbioza Prasłowian R1a z jakąś starą ugrofińską populacją N1c dała początek nowej grupie językowej, zwanej dziś bałtycką.

GERMANIE – oni również zostali opisani w artykule „Języki indoeuropejskie a genetyka”. [25] Już w XIX w. niemiecki językoznawca, [Sigmund Feist](#) wskazywał na to, iż języki germańskie powstały poprzez zmieszanie się języka indoeuropejskiego (IE) z jakimś archaicznym językiem nie-indoeuropejskim (nie-IE). [26] Współczesne badania genetyczne i językowe zdają się w dużej mierze potwierdzać tę teorię z tą jednak różnicą, że języki germańskie powstały poprzez zmieszanie się dwóch języków indoeuropejskich (IE) z jednym językiem nie-indoeuropejskim (nie-IE). Genetycznie Germanowie, a zwłaszcza Skandynawowie to mieszanina trzech wielkich haplogrup: R1b charakterystycznej dla ludności italo-celtyckiej (IE), R1a charakterystycznej dla ludności słowiańskiej (IE) oraz I (I1+I2) charakterystycznej dla Staroeuropejczyków (nie-IE). Germanie i ich język powstał właśnie przez zmieszanie się ludności tych trzech haplogrup i ich języków. Potwierdzeniem tej tezy jest to, iż we współczesnych językach germańskich występuje słownictwo wspólne dla języków germańskich i słowiańskich, ale zarazem różne od języków italo-celtyckich. Występuje też słownictwo, które uważa się za nie-indoeuropejskie, a dominuje słownictwo pochodzące z języków italo-celtyckich.

NIEMCY I AUSTRIACY – występowanie haplogrupy R1a na terenie Niemiec i Austrii nie jest niczym nadzwyczajnym. Poza wspomnianymi potomkami Prasłowian R1a tworzącymi w odległej przeszłości etnos Germanów, większość współczesnych Niemców o tej haplogrupie to zniemczeni Słowianie. Potwierdza to fakt, iż występowanie haplogrup potomnych R1a jest znacząco wyższe we wschodnich landach (24%) aniżeli w zachodnich (9%). [10] Na wschodzie bowiem, Słowianie najdłużej opierali się germanizacji i ich ziemie najpóźniej zostały podbite oraz skolonizowane przez Niemców. Wymownym przykładem są żyjący do dziś na terenie wschodnich Niemiec słowiańscy Serbołużyczanie, u których odsetek haplogrupy R1a wynosi aż 65%. To samo tyczy się Austrii (19% R1a), która także zamieszkała była przez Słowian, którzy od średniowiecza zaczęli ulegać stopniowemu wypieraniu przez żywioł niemiecki oraz poddawani byli skutecznej germanizacji.

WĘGRZY – pochodne haplogrupy R1a dominują na Węgrzech – kraju, którego ludność mówi językiem z grupy ugrofińskiej, a nie językiem słowiańskim. Podgałęzie haplogrupy R1a są tam najliczniejsze i wynoszą 29,5%. [10] Odpowiedź dlaczego ludność ta mówi językiem z grupy ugrofińskiej jest dość oczywista. Udzielają nam ją liczne pisane przekazy źródłowe. Otóż ludność R1a to w większości zmadziaryzowani Słowianie, którzy jak wiadomo z pism historycznych dominowali na terenie Niziny Panońskiej do momentu przybycia na nią plemion madziarskich ze wschodu. Po utworzeniu państwa węgierskiego w X w. Słowianie panońscy poddani zostali stopniowej asymilacji przez rządzące państwem węgierskie elity. Jest wysoce prawdopodobne, że inne haplogrupy, które noszą dziś Węgrzy to pozostałości po innych ludach z Niziny Panońskiej.

MIESZKAŃCY BAŁKANÓW – nieco podobna, lecz w większości przypadków odwrotna sytuacja miała miejsce w przypadku Bałkanów. Haplogrupa R1a obecna jest tam zarówno wśród narodów słowiańskojęzycznych, jak i wśród innych. Analizując odsetek występowania tej haplogrupy na tym terenie widać, że im dalej na północ, tym wyższy odsetek występowania tej haplogrupy. Najwyższy jej odsetek występuje w Słowenii (38%), gdzie R1a jest na pierwszym

miejscu. W innych państwach przedstawia się to następująco: Chorwacja 24% (2 miejsce), Bułgaria 17% (3 miejsce), Serbia 16% (3 miejsce), Bośnia i Hercegowina 15% (2 miejsce), Macedonia 13,5% (3 miejsce), Czarnogóra 7,5% (5 miejsce). [10] Podobnie jak w przypadku Węgrów, stare źródła pisane jasno wskazują jakie wydarzenia miały miejsce na Bałkanach i skąd wzięła się tam haplogrupa R1a. Od VI wieku miała bowiem miejsce silna ekspansja Słowian z północy na Półwysep Bałkański, którzy we wczesnym średniowieczu doszli i zamieszkiwali nawet Peloponez. Część współczesnej populacji słowiańskojęzycznych mieszkańców państw bałkańskich to potomkowie tych właśnie Słowian. Inna część to potomkowie zeslawizowanych ludów bałkańskich, głównie Ilirów z dominującą haplogrupą I2a1. Sławiżację ludów bałkańskich silnie determinowało powstanie w średniowieczu różnych państw słowiańskich np. bułgarskiego, chorwackiego czy serbskiego.

KIRGIZI – naród ten wymyka się koncepcjom łączenia haplogrupy R1a z językami słowiańskimi i aryjskimi. Badania genetyczne wykazały, że aż 63% męskiej populacji mieszkańców Kirgistanu posiada haplogrupę pochodną R1a. Natomiast ludność tego państwa porozumiewa się językiem kirgiskim należącym do rodziny języków tureckich. Mało tego: przeważająca część ludności Kirgistanu jest rasy żółtej. Są to typowi wschodni Azjaci o skośnych oczach. Ten specyficzny fakt da się jednak logicznie wyjaśnić. Otóż wśród mitochondrialnego DNA, a więc dziedziczonego w linii żeńskiej dominują haplogrupy charakterystyczne dla Azji, a nie Europy. Zatem Kirgizi to mieszanina europejskich białych mężczyzn o haplogrupie R1a oraz azjatyckich skośnookich kobiet o różnych azjatyckich haplogrupach. Ta mieszanina na przestrzeni wieków zdeterminowała wygląd mieszkańców Kirgistanu. Łatwo to wytłumaczyć na teoretycznym przykładzie: Azjatka po złączeniu się z białym mężczyzną o haplogrupie R1a wyda na świat syna o męskiej haplogrupie R1a. Wygląd jego będzie mieszany azjatycko-europejski, w zależności od indywidualnej charakterystyki – raz może być bardziej europejski, innym razem bardziej azjatycki. Syn ten w dorosłości łącząc się również z Azjatką będzie miał syna także o haplogrupie R1a, mimo iż w zaledwie 25% będzie on z pochodzenia białym Europejczykiem. Jego z kolei syn, który również pocnie się ze związku z Azjatką wciąż będzie nosił haplogrupę R1a, lecz krwi białego człowieka będzie w nim już tylko 12,5%. Stąd można domniemywać, że jego wygląd będzie już silnie azjatycki. W dalszych pokoleniach azjatycka fizjonomia potomków takich związków zupełnie wyprze cechy europejskie. Dlatego właśnie Kirgizi mają azjatycki wygląd i haplogrupę R1a. Co do ich kirgiskiego języka, to mężczyźni musieli ulec językowej asymilacji ze strony azjatyckich ludów tureckich. Mogło to być o tyle łatwe, gdy wziąć pod uwagę fakt, iż dzieci, w tym chłopcy o haplogrupie R1a, wychowywane były przez kobiety mówiące po kirgisku. O łączeniu się białych Indo-europejczyków R1a z azjatyckimi kobietami wskazują też opisane powyżej wykopaliska z cmentarzyska **Xiaohe** w Chinach oraz przypadek Ujgurów.

KORELACJA MIĘDZY HAPLOGRUPAMI A JĘZYKAMI – nie ma wątpliwości, że języki powstawały w rodach ludzkich, które ściśle były związane z rodami genetycznymi. Rody ludzkie przekazywały potomnym swój język, który w kolejnych pokoleniach ulegał ewolucjom. Tym samym historycznie można łączyć pewne rodziny czy grupy języków z konkretnymi rodami genetycznymi. Czasem jednak rody biologiczne lub ich część, traciły swe pierwotne języki poprzez asymilację ze strony silniejszych rodów czy poprzez kreolizację i mieszanie się z innymi rodami. Niemniej jednak do dziś można historycznie łączyć różne haplogrupy z charakterystycznymi dla nich językami. I choć dziś nie każdy nosiciel danej haplogrupy mówi językiem dla niej charakterystycznym (np. nie każdy człowiek o hg R1a mówi j. słowiańskim lub aryjskim), to jednak kierując się statystyką i logiką, a nierzadko przekazami historycznymi można wydedukować jaka haplogrupa koreluje z jakimi językami. W przypadku rodu genetycznego R1a i jego potomnych dość łatwo jest wywieść, że ludność haplogrupy R1a historycznie związana jest z językiem, od którego wywodzą się j. słowiańskie i aryjskie. [19] Uporczywe podważanie tego logicznego faktu przez oponentów świadczy o ich złej woli, o niewiedzy lub o nieumiejętności logicznego wnioskowania. Wysuwanie argumentu, że nie można łączyć haplogrup potomnych R1a z językami słowiańskimi i że nie można mówić korelacji między nimi, gdyż nie każdy człowiek o hg R1a mówi językiem słowiańskim świadczy o tym, że głosiciel tych tez nie rozumie definicji słowa „korelacja”. Korelacja polega na prawdopodobieństwie popartym wynikami badań różnych dziedzin nauki. Prawdopodobieństwo zaś nie jest w stanie dać zawsze wyniku 100-procentowego. Zatem 100% osobników R1a nie jest w 100% użytkownikami j. słowiańskich i aryjskich. Natomiast prawdopodobieństwo oparte na statystyce, logice i różnych dziedzinach nauki (w tym archeologii), że ród genetyczny R1a należy historycznie łączyć z j. słowiańskimi i aryjskimi jest dużo wyższy niż to, że ród R1a należy łączyć z jakimikolwiek innymi językami. Trudno bowiem łączyć ten ród choćby z językami Indian amerykańskich.

skich (głównie hg Q) czy językami australijskich Aborygenów (głównie hg C4).

ZAKOŃCZENIE

Ród genetyczny R1a zgodnie z obecnym stanem wiedzy wykształcił się prawdopodobnie na Bliskim Wschodzie. Wówczas to rozdzielił się z innym, pokrewnym rodem R1b. Po rozdzieleniu oba rody trafiły do Europy. To tu gałęzie potomne R1a zaczęły tworzyć wielkie prehistoryczne kultury materialne i wchłaniać miejscową ludność o innych haplogrupach (głównie I1 oraz I2). To tu dzięki rolnictwu ludność tego rodu zaczęła rozrastać się demograficznie. To tu udomowiono konia i stąd dzięki konnemu transportowi zaczęto podbijać odległe, nawet azjatyckie terytoria. To ród R1a przyniósł do Azji znane dawne kultury materialne będące kontynuacjami kultur europejskich oraz swój europejski język, z którego potem wykształciły się języki aryjskie w Azji i języki słowiańskie w Europie, zwane dziś wspólną nazwą języków indoeuropejskich. W niektórych przypadkach odłamy tego rodu mieszały się z innymi rodami genetycznymi tworząc nowe grupy językowe (np. germańską i bałtycką) i tym samym nowe etnosy. Czasem europejska ludność R1a łączyła się z kobietami azjatyckimi tracąc swój ojcowski język (np. Kirgizi, Ujgurzy). Innym razem ulegali asymilacji i także tracili swój język (np. Słowianie panońscy, połabscy, tyrolscy czy bawarscy). To potomkowie rodu R1a podbili Iran, Indie i stworzyli na tamtejszych ziemiach potężne organizmy państwowe. W Europie zamieszkiwali ogromne obszary i tworzyli potężne plemiona Scytów, Sarmatów czy Wandalów, zwane potem wspólną nazwą Słowian. Istnieją także dość zasadne koncepcje, że ród R1a miał znaczący wpływ na tworzenie się cywilizacji helleńskich czy nawet etruskiej. Czas pokaże czy te koncepcje ostatecznie się potwierdzą. Według genetyków i licznych przedstawicieli innych dziedzin nauki, w Europie Środkowej ród R1a jest obecny od tysięcy lat. Peter Underhill twierdzi, że nawet od ponad 11.000 lat. [2] To głównie ten ród wraz z wchłoniętymi innymi, mniej licznymi ludami o innych haplogrupach, tworzył m.in. kulturę ceramiki sznurowej, kulturę łużycką czy kulturę przeworską oraz wielbarską. Dlatego nie powinno dziś dziwić to, że potomkowie tego rodu – Słowianie, zajmują większą część Europy. Zajmowali ją bowiem również w odległych czasach.

W bieżącym kwartale (I kw. 2017 r.) mają ukazać się wyniki kompleksowych badań genetycznych kopalnych szczątków ludności z okresu wpływów rzymskich z terenu Polski, a także średniowiecznych Polaków. Badania te mają dać odpowiedź na pytania czy między ludnością ówczesnych kultur materialnych, a średniowieczną i współczesną populacją Polski istnieje pokrewieństwo biologiczne w linii prostej, czy istnieje ciągłość zamieszkania ziem polskich i czy również w odległej starożytności na ziemiach polskich dominował ród genetyczny R1a. Choć oficjalne wyniki nie zostały jeszcze opublikowane, to jednak wypływają na jaw pierwsze sugestie. Znający już pewną część tych wyników, inspirator i główny koordynator tych badań, prof. [Marek Figlerowicz](#) w wywiadzie udzielonym PAP w lipcu 2016 r. zdradził, że skłania się ku koncepcji ciągłości zamieszkania ziem polskich przez tę samą biologiczną ludność. [27] Jeśli to się potwierdzi, wówczas świat nauki znacznie poszerzy swoją wiedzę w temacie historii rodu genetycznego R1a, jego związków z Polakami i innymi narodami słowiańskimi. Więcej będzie można powiedzieć też o tym, kto ma rację w słynnym sporze allochtonistów z autochtonistami w kwestii pochodzenia Słowian i ich obecności w Europie Środkowej. Pomijając to, powyżej przedstawione fakty oparte o liczne najnowsze badania dokonane w XXI wieku dość jasno pokazują jaka jest historia rodu genetycznego R1a i jakie są jego korelacje ze Słowianami i Ariami.

Adrian Leszczyński
aleszczynski@interia.pl

PRZYPISY:

[1] – Drzewo genetyczne Y-DNA: <https://www.yfull.com/tree/A0-T/>

[2] – Peter A. Underhill et al.; The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroups R1a; European Journal of Human Genetics 26.03.2014:
<http://www.nature.com/ejhg/journal/v23/n1/full/ejhg201450a.html>

- [3] – Qiaomei Fu et al.; The Genetic History of Ice Age Europe; Nature 09.06.2016:
<http://www.nature.com/nature/journal/v534/n7606/full/nature17993.html>
- [4] – Wolfgang Haak et al.; Massive migration from the steppe is a source for Indo-European languages in Europe; 2015: <http://biorxiv.org/content/biorxiv/early/2015/02/10/013433.full.pdf>
- [5] – Morten L. Allentoft et al.; Population genomics of Bronze Age Eurasia; Nature 2015:
<http://www.nature.com/nature/journal/v522/n7555/full/nature14507.html>
- [6] – Felix Schilz; Molekulargenetische Verwandtschaftsanalysen am prähistorischen Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle; Göttingen 2006: https://en.wikipedia.org/wiki/Lichtenstein_Cave#References
- [7] – Harald Haarmann; Auf den Spuren der Indoeuropäer; München 2016.
- [8] – Mario Alinei, Francesco Benozzo; The Paleolithic Continuity Paradigm for the Origins of Indo-European Languages; 2016: <http://www.continuitas.org/intro.html>
- Mario Alinei; Interdisciplinary and linguistic evidence for Paleolithic continuity of Indo-European, Uralic and Altaic Populations in Eurasia; 2000; "Quaderni di Semantica" 24; s. 187-216.
- Mario Alinei; Origini delle lingue d'Europa, vol. II: Continuità dal Mesolitico al Ferro nelle principali aree europee; Bologna; Il Mulino; 2003.
- [9] – Józef Kostrzewski; Zagadnienie ciągłości zaludnienia ziem polskich w pradziejach: (od połowy II tysiąclecia p.n.e. do wczesnego średniowiecza); Poznań 1961.
- [10] – Rozkład występowania R1a wśród współczesnej ludności Europy (mapa):
http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml
- [11] – Udomowienie konia (artykuł): http://cordis.europa.eu/news/rcn/34741_pl.html
- [12] – Ornella Semino et al.; The Genetic Legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective; Science 10.11.2000: <http://science.sciencemag.org/content/290/5494/1155>
- [13] – Christine Keyser et al.; Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people; Human Genetics 2009: <http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs00439-009-0683-0>
- [14] – Wikipedia (ang.): Sintashta Culture – Origin and spread:
https://en.wikipedia.org/wiki/Sintashta_culture#Origin_and_spread
- [15] – Chunxiang Li, Hui Zhou et al.; Evidence that a West-East admixed population lived in the Tarim Basin as early as the early Bronze Age; BMC Biology 17.02.2010:
<http://bmcbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/1741-7007-8-15>
- [16] – Wikipedia (ang.) – Tocharian languages / Comparison to other Indo-European languages (pol. Języki tocharskie / Podobieństwa do innych języków indo-europejskich):
https://en.wikipedia.org/wiki/Tocharian_languages#Comparison_to_other_Indo-European_languages
- [17] – Wikipedia (ang.) – Uyghurs / Genetics:
<https://en.wikipedia.org/wiki/Uyghurs#Genetics>
- [18] – Anatole A. Klyosov, Giancarlo T. Tomezzoli; DNA Genealogy and Linguistics. Ancient Europe; 2015:
http://file.scirp.org/pdf/AA_2013051612554944.pdf
- [19] – Adrian Leszczyński; Języki słowiańskie a haplogrupa R1a1; Taraka 16.03.2016:
http://www.taraka.pl/jezyki_slowianskie_a_haplogrupa_R1a1
- [20] – Ignacy Pietraszewski; Miano slawiańskie w ręku jednej familji od trzech tysięcy lat zostające, czyli nie Zendawesta a Zędaszta, to jest życie dawcza książeczka Zoroastra; Berlin 1857:
<http://www.dbc.wroc.pl/dlibra/docmetadata?id=5647&from=publication>
- Artykuł o I. Pietraszewskim: <https://slowianin.wordpress.com/ignacy-pietraszewski-1796-1869-zen-daszta-straznik-wiary-slowian/>
- [21] – Joseph Skulj, Jagdish C. Sharda, Snežina Sonina, Ratnakar Narale; Indo-Aryan and Slavic Linguistic and Genetic Affinities Predate the Origin of Cereal Farming; 2008:
<http://pl.scribd.com/doc/14180564/INDO-ARYAN-AND-SLAVIC-LINGUISTIC-AFFINITIES>
- [22] – Constantine Borisoff; Russian – Sanskrit verbs; 18.11.2012:
<https://borisoff.wordpress.com/2012/11/18/russian-sanskrit-verbs-3/>

oraz Constantine Borissoff; Russian – Sankrit nouns; 13.12.2012:

<https://borissoff.wordpress.com/2012/12/13/russian-sanskrit-nouns/>

[23] – Svaanik Kumar; Sanskrit Vs. Slavic: <https://www.youtube.com/watch?v=ptDVaVlw9m4>

[24] – Vilasa Bhikkhu; Podobieństwa języka polskiego i pali / Common features between pali and polish; Białczyński 23.08.2010:

<http://bialczynski.pl/2010/08/23/vilasa-bhikkhu-podobienska-jezyka-polskiego-i-pali-artykul-ze-sri-lanki/>

[25] – Adrian Leszczyński; Języki indoeuropejskie a genetyka; Taraka 04.05.2014:

http://www.taraka.pl/jezyki_indoeuropejskie_a_genetyka

[26] – Sigmund Feist; The Origin of the Germanic Languages and the Europeanization of North Europe. Language; Linguistic Society of America 1932.

- https://en.wikipedia.org/wiki/Germanic_substrate_hypothesis

[27] – Tajemnice w zębach skryte; wywiad z prof. Markiem Figlerowiczem; Nauka online 21.07.2016:

<http://www.naukaonline.pl/nasze-teksty/nauki-biologiczne/item/3056-tajemnice-w-zebach-skryte>