



## Po stopách otcovské linie: Původ a šíření Y-DNA haploskupiny I-L233

Vít Erban

*Katedra filosofie a religionistiky, Teologická fakulta Jihočeské univerzity v Českých Budějovicích, Kněžská 8, České Budějovice*

Do redakce doručeno 30. září 2022; k publikaci přijato 7. listopadu 2022

### FOLLOWING THE PATERNAL LINEAGE: THE ORIGIN AND SPREAD OF THE Y-DNA HAPLOGROUP I-L233

**ABSTRACT** In the context of the growing popularity of personal genetic testing, this article explores the possibilities, limits, and risks of misinterpretation that different types of these tests bring. It focuses mainly on paternal lineage testing using mutations on the Y chromosome (Y-DNA) and explains the basic building principles of the phylogenetic tree of male lineages. In the second part of the article, this theoretical background is applied to the specific case of the search for the origin and dispersal of Y-DNA haplogroup I-L233. It attempts to outline the likely path of this minority haplogroup through history. This mutation originated in a population of Western European hunter-gatherers (WHG) probably in the area of the northwestern coast of Central Europe or the Baltic Sea during the Mesolithic. The hunter-gatherer way of life in this part of Europe lasted for quite a long time, due to the specific natural conditions, and is reflected in the small number of males of this lineage that is still evident today. This long “bottle neck” was not overcome until the turn of the millennium with the ethnogenesis of Germanic tribes and their spread, mainly to Britain. The journey of the younger branches of this Y-DNA lineage into the hinterland of central Europe may be the result of the high medieval colonisation, which also occurred in the Bohemian lands in the 13th century. Here the author of the article, as a representative of this Y-DNA lineage, tries to trace a possible connection with the origin of his paternal lineage in the Giant Mountains region. In a general sense, the article attempts to break the too strictly understood boundary between genetic testing for scientific and personal genetic-genealogical purposes.

**KEY WORDS** genetic genealogy; Y-DNA testing; population genetics; archaeogenetics; prehistory and history of Europe; Y-DNA haplogroup I-L233

**ABSTRAKT** Článek se v kontextu rostoucí oblíbenosti osobního geneticko-genealogického testování věnuje možnostem, mezím, ale i rizikům dezinterpretace, které různé typy těchto testů přináší. Soustředí se především na testování otcovské linie pomocí mutací na chromozomu Y (Y-DNA) a vysvětluje základní principy tvoření fylogenetického stromu mužských rodových linií. Ve druhé části článku je tato teorie aplikována na konkrétní případ původu a šíření Y-DNA haploskupiny I-L233. Autor se pokouší nastínit pravděpodobnou cestu této minoritní haploskupiny dějinami. Tato mutace vznikla v populaci západoevropských lovců a sběračů (WHG) pravděpodobně v oblasti severozápadního pobřeží střední Evropy nebo Baltu v období mezolitu. Lovecko-sběračský způsob života v této části Evropy trval vzhledem ke specifickým přírodním podmínkám poměrně dlouho a odrazil se v malé početnosti této mužské linie, jež je patrná dodnes. Toto dlouhé období „hrdla láhve“ bylo překonáno až na přelomu letopočtu v souvislosti s etnogenezí germánských kmenů a jejich šířením především do Británie. Cesta mladších větví této Y-DNA linie do vnitrozemí střední Evropy je zřejmě výsledkem vrcholné středověké kolonizace, jež se projevila i v českých zemích ve 13. století. Zde se autor článku, jako nositel této Y-DNA linie, snaží vypátrat nabízející se souvislost s původem své otcovské linie v oblasti Podkrkonoší. Ve svém obecném vyznění se tak článek pokouší narušit až příliš striktně chápanou hranici mezi genetickým testováním pro odborné a osobní geneticko-genealogické účely.

**KLÍČOVÁ SLOVA** genetická genealogie, testování Y-DNA; archeogenetika; populační genetika; prehistorie a historie Evropy; Y-DNA haploskupina I-L233

### ÚVOD

Současná popularita osobního genetického testování setrvale roste díky stále dokonalejším a současně levnějším možnostem sekvenování DNA. Tato tzv. „rekreační genetika“, kterou

v posledních dvaceti letech nabízejí nejrůznější soukromé geneticko-genealogické společnosti, však nemá u odborné veřejnosti příliš dobrou pověst. Nejstručněji tuto skepsi vyjadřuje britská historička Jean Mancová slovy, že „*komerční genetické testování vratce balancuje na hraně vědy*“ (Manco

2018, 11). Americký populační genetik David Reich chápe, že se toto nové odvětví snaží využít potenciálu genomové revoluce k vytváření nových narativů a vychází vstříc přirozené potřebě hledání a vytváření identity postavené na genetických základech, nicméně varuje, že „*ti, kdo předpokládají, že testy osobního původu mají autoritu vědy, by měli mít na paměti, že řadu výsledků lze snadno dezinterpretovat a málokdy zahrnují dostatečnou míru předběžné vědecké opatrnosti*“ (Reich 2019, 269). Ještě příměji to pojmenovává německý archeogenetik Johannes Krause: „*Škody napáchané zastaralými pseudovědeckými publikacemi jsou citelné dodnes. Archeogenetikovi se ježí vlasy na hlavě, když vidí, kolik omylů o genetické dědičnosti je stále v oběhu a jak neomaleně jsou hlášány*“ (Krause – Trappe 2022, 18). Současně ale připouští, že existují i seriózní společnosti, které s využitím pokročilejších metod poskytují relevantní a spolehlivé výsledky, na kterých lze dále stavět (ibid, 19). Podle britského genetika Adama Rutherforda je studium genetického dědictví snad ze všech vědních oborů nejvíce předurčeno k nepochopení a dezinterpretaci, protože: „*jsme kulturně naprogramovaní, abychom si výsledky genetiky vykládali špatně*“ (Rutherford 2021, 21). Zdůvodňuje to tím, že pod vlivem kultury a „*kmenových*“ myšlenkových stereotypů máme sklon vnímat svůj národ, rod či rodinu jako víceméně ohraničené, uzavřené jednotky a nejsme schopni brát v úvahu nezbytné mísení, prolínání a proměnlivost v čase, jež jsou základem genetiky. I na té nejobecnější úrovni máme sklon vytvářet jasně vymezené mentální a jazykové kategorie, které přikládáme na proměnlivou, složitou a nepřehlednou realitu tak, aby nám poskytovaly základní pocit orientace, integrity a kontinuity. Toto myšlení „*v šuplících a nálepkách*“ některé komerční geneticko-genealogické společnosti u svých klientů posilují svojí zjednodušující či zavádějící interpretací genetických výsledků, jež těžší z naší přirozené „*žízne po příbězích*“ (ibid, 170-182). Tyto narativy se pak velmi snadno šíří v médiích a někdy k tomu přispívají i sami vědci, jejichž „*dychtivost, s jakou se vrhají do popularizace a komercializace, je pochopitelná, ale v takto rychle se rozvíjející oblasti je to recept na zmatek. Včerejší názory se mohou dostat k televizním divákům právě ve chvíli, kdy už jsou překonané*“ (Manco 2018, 11).

V tomto článku se pokusíme s plným vědomím rizika přílišného zjednodušení<sup>1</sup> i neaktuálnosti<sup>2</sup>, avšak ve snaze vyhnout

1 Text je zpracován jak na základě původních odborných článků, tak i souhrnných knižních publikací určených pro odbornou i širší veřejnost. Je záměrně rozkročen mezi odborným textem a popularizací a pokouší se i přes možná až příliš detailní práci se zdroji uchovat si (hlavně v druhé části) charakter vyprávění. Z tohoto důvodu i obrazová příloha obsahuje nejen mapky a schémata, ale i několik výtvarných děl, jež se tématu úzce dotýkají.

2 Článek byl zpracován koncem září roku 2022, proto je velmi pravděpodobné, že řada údajů a tvrzení bude časem neaktuálních nebo přímo překonaných; to se týká nejen využívaných metod či shrnutých poznatků, ale především dat převzatých z internetových databází – ty podléhají aktualizaci v řádu dnů a týdnů. Pokud tedy čtenář do některé z těchto databází nahlédne, může se setkat s odlišným a pravděpodobně přesnějším údajem, než měl k dispozici autor článku.

se vyložené dezinterpretaci, prokázat trvalou hodnotu Y-DNA testování. Nejprve shrneme základní metody geneticko-genealogického testování a poté se zaměříme na pátrání po původu a rozšíření jedné konkrétní Y-DNA haploskupiny<sup>3</sup>. Motivací je nejen osobní zaujetí autora při pátrání po původu vlastní otcovské linie, ale současně i snaha doložit, nako-lik může znalost jedné jediné linie přispět k poznání sdílené minulosti a kořenů, jež jsou nám všem společné. Půjde nám tedy též o to obhájit výzkumný potenciál osobního genetického testování.

## MOŽNOSTI A MEZE GENETICKO-GENEALOGICKÉHO TESTOVÁNÍ

Když zcela ponecháme stranou genetické testy zdravotních, fyzických a psychických dispozic, pak v oblasti hledání rodového původu jde především o testy autozomální DNA (atDNA), s jejichž pomocí lze zjišťovat míru sdílených segmentů DNA a nacházet tak vzdálené či neznámé příbuzné z obou rodičovských stran za účelem sestavování či ověřování matričního rodokmenu (Bettinger 2019, 52-92). Tyto testy jsou zdaleka nejpůvodnější (dodnes je u nejrůznějších společností podstoupilo několik desítek milionů lidí), protože jsou velice vhodné pro osobní genealogii. Jejich nevýhodou je však omezení na několik posledních generací, protože „*s každou další generací se DNA sdílená s jakýmkoli předkem snižuje na polovinu, takže genetická výbava určitého konkrétního předka deset generací nazpět již pravděpodobně nebude v současném genomu rozpoznatelná*“ (Krause – Trappe 2022, 19; srov. Reich 2019, 13). Autozomální testy „*vidí*“ průměrně jen 5–7 generací nazpět a z takto vzdálených generací dědíme už jen velmi malé, pokud vůbec nějaké segmenty DNA, takže už v 5. generaci se genetická informace od některých z celkové 32 předků může v důsledku rekombinace zcela ztratit (Vance 2020, 14). Proto je třeba si uvědomovat, že „*naše osobní genealogie, tak jak je rekonstruovatelná z historických záznamů, není to samé jako naše genetické dědictví*“ (Reich 2019, 11) – ve svém matričním rodokmenu máme celou řadu lidí, ke kterým jsme patrnou genetickou stopu již zcela ztratili.

Součástí atDNA testů je i test pohlavního chromozomu X (X-DNA), jehož jednu kopii dědí muži výhradně po matce, zatímco ženy jednu kopii dědí po matce, druhou po otci. Tato unikátní a poněkud komplikovaná dědičnost může specifikovat, z jaké strany či užší podmnožiny všech předků může nalezená shoda pocházet, současně ale má celou řadu limitů a interpretačních obtíží (Bettinger 2019, 136-150), kvůli kterým se v osobní genetické genealogii příliš často nepoužívá. V populační genetice však může v kombinaci s jinými typy genetických analýz poskytovat informace o odlišném chování mužů a žen v procesu mísení s jinou populací, ať už v prehistorii nebo nedávné minulosti (Reich 2019, 44-45, 233-234).

3 V souladu se zavedeným územ budeme v kontextu celého článku dle potřeby používat a střídát pojmy haploskupina, mutace, SNP, linie a větve jako pojmy ekvivalentní a pro naše účely zaměnitelné.

Další, naopak hojně využívanou součástí atDNA testů jsou i „biogeografické“ odhady neboli odhady tzv. „etnicit“, o jejichž nespolehlivosti svědčí už jen to, že u různých testujících společností vycházejí zpravidla zcela jinak. Jednotlivé společnosti mají své vlastní „etnické klastry“, tj. referenční vzorky vytvořené na základě databáze svých vlastních klientů, z nichž pak tyto odhady odvozují. Pomocí atDNA lze samozřejmě odhalit předka odlišného etnického původu a pomocí většího množství segmentů, jež daná společnost identifikuje jako určitou etnicitu, uvažovat o původu některých svých předků právě z této oblasti, nicméně „vzhledem k tomu, že jediněc nevlastní veškerou DNA svých předků, nemusí ani nutně odrážet celou jejich etnickou příslušnost, takže je obtížné, ne-li nemožné stanovit jeho etnicitu“ (Bettinger 2019, 62). Zásadním problémem je konečně už jen samotný pojem „etnicita“, který je daleko spíše subjektivním vědomím sounáležitosti s určitou skupinou než geneticky měřitelnou a identifikovatelnou veličinou.

K vyloženým dezinterpretacím v rámci atDNA testování svádějí především odhady dávné kmenové příslušnosti a také výsledky údajně odhalující významné předky (nejčastěji šlechtického či královského původu) a jiné slavné příbuzné (Rutherford 2021, 168-181). Tyto typy populárních testů zcela přehlížejí fakt, že „naše rodokmeny nejsou žádné stromy, ale zamotané sítě“ (ibid, 166) – neboli množství našich předků se v každé generaci dvojnásobí, ale pouze teoreticky, protože při takto jednoduchém násobení by už jen před několika sty lety počet našich předků přesahoval nejen skutečný počet tehdy žijících lidí, ale i počet všech dnes žijících lidí, a dokonce i počet všech lidí, kteří kdy žili (ibid, 162). Z toho vyplývá, že titíž konkrétní předkové se v našich rodokmenech vyskytují na více místech a jednotlivé rodové linie se na mnoha místech setkávají. Ze statisticko-matematických analýz vyplývá, že už na konci 13. století žil člověk, který je předkem všech dnes žijících Evropanů a u kterého se naše rodokmeny začínají protínat. Pokud postoupíme do hlubší minulosti, všichni lidé, kteří žili před 1000 lety a zanechali po sobě potomky až do dnešní doby (což bylo asi 80%), jsou předky všech dnes žijících lidí. „Všechny rodové linie se sbíhají do každého jednotlivce, který žil v 10. století“ (ibid, 164), neboli „všichni Evropané měli někdy v posledních tisíci letech společné předky“ (Krause – Trappe 2022, 19). Pokud bychom to vztáhli i mimo hranice Evropy, pak všichni dnes žijící lidé mají společného předka, který žil zhruba před 3400–3600 lety (Rutherford 167-168). V tomto smyslu lze testy dokazující genetickou příbuznost s dávnými slavnými osobnostmi, etniky či kmeny považovat za jakousi „genetickou astrologii“ neboli projev tzv. Forerova efektu, „při kterém se lidé domnívají, že obecně pravdivá tvrzení přesně platí právě pro ně osobně, přitom jsou však všobecně pravdivá pro drtivou většinu lidí“ (ibid, 181). I bez jakéhokoli draze zakoupeného testu je totiž jasné, že všichni máme mezi svými předky někoho se šlechtickým či královským původem a slévají se do nás takřka všechny (pre)historické kultury a kmeny – čím starší, tím s větší pravděpodobností, jež se blíží jistotě (ibid, 168-169).

Oproti atDNA naopak není pro osobní genealogii vhodný test mitochondriální DNA (mtDNA) předávaný z matky na dítě. Tento test dokáže analýzou mutací, postupně se hromadících na mitochondriální DNA, sledovat pouze přímou mateřskou linii, avšak hluboko do prehistorické minulosti tisíce generací nazpět až k tzv. „mitochondriální Evě“ – tj. genetické pramatce všech dnešních lidí. Ta žila asi před 160 tisíci lety (Reich 2019, 13; Krause – Trappe 2022, 27), tedy ještě dávno před rozchodem anatomicky moderních lidí z Afriky. Pro genealogické účely tyto testy selhávají vzhledem k pomalé mutační rychlosti mtDNA, která se odhaduje asi na 3000–3500 let na jednu mutaci (Bettinger 2018, 126; srov. Krause – Trappe, 2022, 27), takže i při plné shodě dva lidé zpravidla nedojdou k nedávnější společné pramatce než ženě, která žila někdy ve střední či mladší době bronzové. Tím je však tento test přínosný pro populačně genetické studium prehistorických migrací, protože identifikací základních mitochondriálních haploskupin a jejich větví (jak u současných lidí, tak i starých vzorků) umožňuje sledovat větvení lidského fylogenetického stromu v čase a prostoru. Do dnešní doby test mtDNA prokazatelně podstoupilo více než 200 tisíc lidí (Vance 2020, 16), jde však o podhodnocený údaj založený pouze na počtu vzorků v největší databázi americké geneticko-genealogické společnosti Family Tree DNA; ve skutečnosti tento test v posledních 20 letech podstoupilo asi pětikrát více lidí, ale ne všichni si své vzorky a výsledky převedli do archivu a databáze této společnosti. Šlo vůbec o první testy genetického původu nabízené nejen komerčně, ale i bezplatně v rámci výzkumného Genografického projektu, který probíhal od roku 2005 do roku 2019. Jeho posláním bylo studium prehistorických migrací pomocí vzorků odebraných více než miliónu lidí z více než 140 zemí světa.<sup>4</sup> O popularitu mtDNA testování se výrazně zasloužil významný genetik Bryan Sykes (1947–2020) svojí populárně zaměřenou knihou pro širokou veřejnost z roku 2001 (Sykes 2004) a později i vedoucí Genografického projektu genetik Spencer Wells. V současné době spravuje nejrozsáhlejší databázi mtDNA vzorků již zmíněná společnost Family Tree DNA, která na jejich základě buduje fylogenetický strom mitochondriálních linií. Ten v současné době zahrnuje přes 214 tisíc vzorků z více než 180 zemí (mtDNA Haplotree, online)<sup>5</sup> a v dohledné době bude pokročilejšími metodami zpřesňován v rámci probíhajícího výzkumného projektu Million Mito Project.

V případě mtDNA je evidentní, že pojmy jako „rekreační“, populární či „amatérská“ genetika nejsou zcela adekvátní, protože hranice mezi vědou a obyčejným laickým zájmem se stírají – poskytnutím svého vzorku mtDNA se může kdokoli zapojit do vědeckých projektů a přispět tak poznání lidské prehistorie. Samozřejmě i zde jsou možnosti nepochopení

4 Genografický projekt byl ukončen v roce 2020, zájemci si však mohli své vzorky a výsledky bezplatně převést do archivu a databáze společnosti Family Tree DNA. Tato společnost převedené vzorky nadále uchovává, zpracovává a využívá k dalšímu výzkumu.

5 K datu dokončení článku šlo o přesný počet 227 030 mtDNA vzorků.

a dezinterpretace, jak ukázala např. kuriózní mediální kauza „dnes žijícího potomka“ slavného mezolitického „muže z Cheddaru“ (Sykes 2004, 148-151; Manco 2018, 36-37). Nicméně spojení či alespoň prolínání zájmů široké a odborné veřejnosti, tedy pátrání po vlastních kořenech v kontextu celé lidské prehistorie, je velmi plodné pole pro kvalitní vědeckou popularizaci, jak svojí publikací z roku 2015 prokázala např. švédská vědecká novinářka Karin Bojssová (2018).

Ještě lépe však toto ideální spojení vědy a osobního pátrání po původu předků může naplňovat testování chromozomu Y (Y-DNA), jenž se předává z otce na syna. Tento test v podstatě zachovává výhody testu mtDNA (samozřejmě v omezení na výhradně mužskou populaci) a současně eliminuje jeho nevýhody tím, že oproti příliš pomalu mutující mtDNA nastávají mutace na chromozomu Y podstatně rychleji, a to zhruba jednou za 3 generace (Vance 2020, 27)<sup>6</sup>. Díky následnosti těchto víceméně pravidelně nastávajících a postupně se hromadících mutací, jež vytvářejí souvislou, nepřetržitou řadu přímé otcovské linie, test Y-DNA „dohlédne“ od současnosti (či nedávné minulosti doložené matričními záznamy) přes bezpočet generací stovky tisíc let nazpět až k tzv. „chromozomálnímu Adamovi“. Jeho stáří se objevováním dosud neznámých prastarých linií posouvá do stále hlubší minulosti (Bettinger 2018, 94) a v současné době se oproti starším výpočtům (např. Soukup 2015, 838; Svoboda 2017, 119) odhaduje na 360 tisíc let (Krause – Trappe 2022, 27). V tom je Y-DNA bezpochyby fascinující jak pro laiky, tak pro odborníky, a to i přesto, že z hlediska celého genomu tvoří méně než 2% genetické výbavy každého muže, což je dokonce ještě méně než většina Evropanů zdědila po neandrtálcích (Rutherford 2021, 179).<sup>7</sup> Y-DNA tedy ani v nejmenším neposkytuje obraz veškerého genetického původu, tím méně nějakých zásadních genetických vloh či dispozic. Nicméně Y-DNA test jako jediný umožňuje stopovat jednu nepřetržitou, souvislou rodovou linii (v tomto případě otců a synů) od nejhlubší prehistorie po současnost. V tom přirozeně propojuje osobní (rodinnou) genealogii s populační genetikou a sblíží zájmy laické a odborné veřejnosti. Tento potenciál Y-DNA využil před 20 lety pro propagaci tohoto typu testování (v návaznosti na Bryana Sykese) genetik a vedoucí Genografického projektu Spencer Wells ve své dnes už klasické, byť v mnohém již zásadně překonané popularizační knize z roku 2003 (Wells 2005). V následujících letech tak podstoupilo test Y-DNA odhadem přes 750 tisíc mužů napříč různými testujícími společnostmi (Vance 2020, 18), byť není jasné, jestli jsou do tohoto odhadu započítáni i účastníci Genografického projektu z let 2005 až 2020.

6 V rámci současných nejužívanějších testů dokážeme přeciťst jen asi 40% chromozomu Y, takže je možné, že i ve zbývajících 60% se též nacházejí mutace vhodné pro genetickou genealogii, jež by v budoucnu mohly poskytovat přesnější výsledky (Vance 2020, 27).

7 Též z hlediska genů, které nese, je chromozom Y nápadně chudý – prozatím jich bylo identifikováno asi 200 z celkového počtu asi 19 tisíc lidských genů (Vance 2020, 14; Krause – Trappe 2022, 13).

## ZÁKLADNÍ PRINCIPY TVOŘENÍ FYLOGENETICKÉHO STROMU Y-DNA

Zatímco původně se k Y-DNA analýze využívalo výhradně tzv. STR (Short Tandem Repeats) mutačních markerů, s jejichž pomocí se základní haploskupina pomocí různých programů pouze odhadovala (Vaněk a kol. 2016, 34-37, 51-57; Bettinger 2018, 99-101; Vance 2020, 51-82), dnes už převažuje (přesněji řečeno tento starší typ testu doprovází) testování daleko spolehlivějších a stabilnějších SNP (Single Nucleotide Polymorphism) mutací, které základní haploskupinu nejenže jednoznačně určí, ale také umožňuje objevovat její dosud neznámé, mladší větve, a tak postupovat blíže k současnosti (Bettinger 2018, 101-106; Vance 2020, 83-92).

Základním současným principem stavění fylogenetického stromu Y-DNA je identifikace, přiřazování a rozřazování přečtených SNP mutací. Každý nově testovaný je podle zjištěných mutací, které má společné s někým již otestovaným, zařazen do určité větve. Tyto větve představují mutace tzv. *veřejné* a tedy již pojmenované. Spolu s tím jsou ale u dotyčného přečteny i mutace tzv. *soukromé*, které se zatím u nikoho dalšího nezjistily. Ty pak čekají na dobu, kdy budou identifikovány i u někoho dalšího nově testovaného – v tom případě se z dříve „soukromé“ mutace stane „veřejná“ a je jí přiřazeno oficiální označení, pod kterým je zařazena do fylogenetického stromu jako jeho další, nově zjištěná větev. Většina z veřejných mutací, které již utvořily jednu z větví stromu, má též různě početnou řadu tzv. *ekvivalentních* mutací, což je shluk pojmenovaných (a tedy veřejných), ale zatím nerozřazených mutací, u kterých ještě není známa jejich následnost a vzájemné upořádání. K rozřazování těchto ekvivalentních mutací dochází tak, že někteří testovaní některé z těchto mutací sdílejí, zatímco jiným některé z nich chybějí, což znamená, že jde o mutace, které vznikly později. Tím se posloupnost veřejných mutací stále zpřesňuje.

K zařazení určitého vzorku do tohoto fylogenetického stromu se dále používají upřesňující znaménka \*, +, - (Manco 2018, 23; Bettinger 2018, 101-102; Vance 2020, 98). Tak např. I-L233\* znamená, že daný vzorek nese takto označenou mutaci, ale je negativní pro všechny následující mutace, takže ho zatím nelze zařadit do žádné ze známých (tj. pojmenovaných a veřejných) mladších větví mutace I-L233. Dále I-L233+ označuje, že daný vzorek je nejen pozitivní pro tuto mutaci, ale také pro některou z následujících mutací a patří tedy do některé ze známých mladších větví. Stejným způsobem se ale takto může označovat i souhrn všech vzorků spadajících do všech následujících známých větví I-L233. A konečně I-L233- označuje vzorek, který je pro tuto mutaci negativní a patří tedy buď do starší nadřazené větve, nebo do některé z větví souběžných (tj. těch, jež se z nadřazené mutace oddělily paralelně s I-L233). Tímto způsobem se fylogenetický strom Y-DNA neustále rozrůstá (Vance 2020, 93-108). Test SNP mutací tak není jednorázová záležitost s definitivně uzavřenými výsledky, ale po vložení do vhodné (tj. co nejobsáhlejší) databáze se neustále vyvíjí a upřesňuje spolu s tím, jak přibývají další testování či dokonce staré vzorky Y-DNA z archeologických nalezišť.

První pokusy extrahovat aDNA (ancient DNA) z kosterních zbytků se týkaly výhradně mtDNA, která se lépe a ve větším množství uchovává, extrakce Y-DNA se začaly provádět teprve v posledních letech (Kivisild 2017, 529-530; Manco 2018, 30). Velice rychlý a slibný rozvoj technologických možností sekvenování nejen mtDNA, Y-DNA a X-DNA, ale později i analýza celého genomu neboli WGS (Whole Genome Sequencing) ze starých vzorků a překonání zásadních obtíží způsobených např. kontaminací vedl k současnému rozvoji archeogenetiky (Manco 2018, 10-11; Reich 2019, xx-xxvii; Krause – Trappe 2022, 6-18). Ta nám umožňuje „číst archaické i současné genomy, jako by to byly deníkové záznamy osobních příběhů migrace a genetického míšení. Genetika se proto musí stát základní složkou historického bádání.“ (ibid, 218). V analýze starých Y-DNA vzorků (aY-DNA) sice dosud přetrvává řada metodologických obtíží (Kivisild 2017, 530-533), ale i tak tyto vzorky výrazně napomáhají tvorbě fylogenetického Y-DNA stromu a umožňují zpřesňovat stáří a do určité míry i geografický původ jeho větví. Soukromé geneticko-genealogické společnosti Family Tree DNA a YFull, jež budují dva nezávislé fylogenetické stromy Y-DNA linií, tyto vzorky (publikované v odborných člancích) ke tvoření svých stromů běžně využívají a zapracovávají.<sup>8</sup>

Spolu s prudce narůstajícím počtem analýz aY-DNA a starých vzorků v dostupných databázích (např. Quiles, online; Allen Ancient DNA Resource, online) se zdokonalují i metody výpočtu stáří posledního, tj. nejmladšího společného předka neboli TMRCA (Time to Most Recent Ancestor). Ty se pokoušejí co nejpřesněji určit, před jakou dobou se zhruba narodil poslední společný předek skupiny (tj. nejméně dvou) mužů, kteří mají na Y-DNA určitou míru sdílených mutací. Tyto metody výpočtu jsou stále velmi otevřeným tématem odborných diskuzí (Vance 2020, 231-244) a řady studií (z novějších např. Irvin 2021; McDonald 2021). Až do nedávné doby poskytovala tyto odhady pro všechny větve svého fylogenetického stromu Y-DNA ruská soukromá geneticko-genealogická společnost YFull (YTree, online), nedávno je však na základě odlišné a složitější metodiky začala vypočítávat a zveřejňovat též americká společnost Family Tree DNA (FamilyTreeDNA Discover, online). Žádné současné metody a nástroje na výpočet TMRCA (ať už s pomocí STR nebo SNP mutací) však neposkytují přesnější odhady než v nejlepším případě (tj. u nejmladších větví zasahujících do současnosti) v rozmezí 100-150 let (Vance 2020, 66), typicky však v rozmezí +/- několik set let, v případě velmi starých větví i několik tisíc let. Přesto se ukazuje (zejména v případech, kdy je poslední společný předek doložený v matričních záznamech), že jsou tyto odhady TMRCA v rámci uvedeného rozmezí většinou poměrně spolehlivé a stále se zpřesňují nejen samotnou metodikou výpočtu, ale především s větším počtem otestovaných. Podobně jako fylogenetický strom mtDNA i tento zatím nej-

8 YFull tyto vzorky viditelně zařazuje do svého stromu (YTree, online), zatímco Family Tree DNA s jejich pomocí strom tvoří, ale viditelně jsou pouze v nástroji FamilyTreeDNA Discover v rámci sekce Ancient Connections (FamilyTreeDNA Discover, online).

obsáhlejší strom Y-DNA spravuje a sestavuje americká společnost Family Tree DNA. První publikovaný strom, který v roce 2002 začal pro tuto společnost tvořit populační genetik Michael Hammer z Arizonské univerzity, měl 153 větví, zahrnoval 243 identifikovaných SNP mutací, a pokrýval tak hlavní otcovské linie z celého světa v zatím jen hrubém rozlišení. Dnes v sestavování tohoto stromu pokračuje fylogenetický specialista Michael Sager, a to pomocí zatím nepokročilejšího testu, jež tato společnost nabízí, zvaného Big Y-700, a to s vysokým rozlišením, jež umožňuje NGS (Next-Generation Sequencing) technologie (Vance 2020, 213-216), pro komerční účely spuštěná roku 2013. Koncem roku 2021 společnost Family Tree DNA publikovala oznámení, že tento fylogenetický strom právě přesáhl 50 tisíc větví čítajících už 460 tisíc identifikovaných SNP mutací<sup>9</sup> odvozených z více než 214 tisíc vzorků. V této podobě jde o nejrozsáhlejší fylogenetický strom otcovských Y-DNA linií, který byl dosud sestaven. Jednotlivé části stromu se v závislosti na počtu testovaných vzorků liší v míře rozlišení, nicméně platí, že s přibývajícimi testy setrvale narůstá počet nově objevených větví, a vzrůstá tedy pravděpodobnost, že testovaný jedinec dosáhne svou poslední, tj. dosud nejmladší zjištěnou SNP mutací do genealogicky dohledné, tj. matriční doby. Po výpočtu TMRCA, tedy odhadované doby k nejmladšímu společnému předkovi, se ukázalo, že pro mnoho běžných haploskupin platí více než 50% pravděpodobnost, že testovaní jedinci tvořící určitou poslední větev mají společného předka v posledních 500 letech (Y-DNA Haplotree Reaches 50,000 Branches, online). Také tento fylogenetický strom je veřejně přístupný (Y-DNA Haplotree, online), a tedy plně využitelný k laickému genealogickému bádání, ale i k vědeckému výzkumu. Stojí za zmínku, že ve své trvalé aktualizaci a obsáhlosti již dávno překonal oficiální strom Mezinárodní společnosti pro genetickou genealogii (ISOGG), která již patrně nestihá zapracovávat nové výsledky a od roku 2020 zatím nebyl její strom aktualizován (Y-DNA Haplogroup Tree 2019-2020, online). Pod společností Family Tree DNA také funguje celá řada tematicky různě zaměřených výzkumných projektů spravovaných specialisty na danou oblast, ať už jde o jednotlivé haploskupiny a jejich větve, příjmení, geografické oblasti atd. (např. I2a Y-Haplogroup Project, online). Každý zájemce se tak může zapojit do výzkumu ať už aktivně (sledováním aktuálních výsledků, vzděláváním se ve vzájemné diskuzi či iniciováním a sběrem dalších DNA testů), nebo pasivně (poskytnutím svých výsledků k další analýze). V případě Y-DNA testů a stále se zdokonalujícím možnostem jejich využití a interpretace tedy již určitě není třeba dokazovat jejich značný výzkumný potenciál, bezpečně vzdálený odůvodněným výhradám na adresu populární „rekreační genetiky“.

9 Odlišný počet větví a identifikovaných mutací je dán tím, že většina větví má řadu tzv. ekvivalentních mutací (viz výše). Dále stojí za zmínku, že již za několik měsíců, tedy k datu dokončení článku, dosáhl tento fylogenetický strom počtu 60 tisíc větví.

## Y-DNA V KONTEXTU SEKVENOVÁNÍ CELÉHO GENOMU (WGS)

Pro studium prehistorického vzniku, vývoje, šíření a mísení nejrůznějších lidských populací v čase a prostoru se tzv. uniparentální markery (tedy mtDNA a Y-DNA) považují za nedostačující a zbytečně omezené. Archeogenetika a populační genetika dnes analyzuje DNA na úrovni celého genomu, a teprve porovnání starých a současných vzorků pomocí WGS (Whole Genome Sequencing) technologie „poskytuje široký obraz o genetickém složení určité populace a její příbuznosti k populacím ostatním.“ (Manco 2018, 33). Je patrné, že WGS, jež tímto způsobem spojuje výhody všech výše zmíněných testů, bude se snižující se cenou postupně čím dál více pronikat i do komerčního testování. David Reich dokonce tvrdí, že Genografický projekt, založený výhradně na mtDNA a Y-DNA, byl zastaralý už na svém počátku a jeho funkce propagace a popularizace rekreační genetiky zdaleka převážila nad jeho skutečnými vědeckými přínosy, protože už v té době bylo jasné, že veškeré informace o lidské minulosti získané na základě Y-DNA a mtDNA, jsou v podstatě vytěžené, a budoucnost populační genetiky spočívá v analýze celého genomu. Pokud tedy hledáme v genetice příběhy, pak z hlediska celého genomu jde o příběhy desítek tisíc nezávislých rodových linií, nikoli pouze těch dvou, jež jsou sledovatelné pomocí mateřské či otcovské linie (Reich 2019, 10). S tím lze však souhlasit jen zčásti, a to z následujících důvodů.

Zprvu, informace poskytované mtDNA a Y-DNA zdaleka vytěžené nejsou, jak ukazuje už výše zmíněné rozrůstání obou fylogenetických stromů, ve kterých stále přibývají dosud neznámé větve, jež dokonce mohou naše nejstarší společné genetické prarodiče posouvat do hlubší minulosti. To zcela zásadně prověřuje a zpřesňuje naše dosavadní poznatky.

Dále je třeba zmínit, že i v analýze celého genomu si mtDNA a Y-DNA udržují svůj klíčový význam hlavně v případech, kdy se mužské a ženské linie ocitají ve stejnou dobu na odlišných trajektoriích, jako jsou např. objevitelské, dobytelské či válečné události a s nimi spojené migrace a populační mísení (Manco 2018, 34). Nápadné změny na úrovni mtDNA a Y-DNA, jež bývají v těchto případech ve významném nepoměru, jsou mimořádně vypovídající. Jak ještě uvidíme dále, pouze mtDNA a Y-DNA nastiňují genderově specifický charakter např. indoevropské migrace z východních pontských stepí do Evropy před necelými 5 tisíci lety nebo podobu mísení původních evropských lovců a sběračů se zemědělci, jež před 8 tisíci lety přichází z Anatólie. Ostatně sám David Reich používá ve své publikaci analýzu nepoměru mtDNA a Y-DNA a též X-DNA k objasnění celé řady konkrétních případů (Reich 2019, 128, 137, 233, 235, 236-237, 239-240, 244-245).

A konečně lze namítnout, že příběhy desítek tisíc nezávislých rodových linií vedou nanejvýše k obecnému závěru, že všichni jsme více či méně (v mladší či vzdálenější minulosti) příbuzní. To je základní fakt, který může populační genetika upřesňovat a spíše jemně dolaďovat analýzou drobných rozdílů, v nichž se lišíme, a tak poskytovat detailnější obraz původu a cest našich předků v méně vzdálené minulosti (Rutherford 2021, 122-131;

srov. Krause – Trappe 2022, 155). Avšak pouze mtDNA a zejména Y-DNA nám v tomto nekonečném předuvi příbuznosti dává možnost sledovat, doslova stopovat příběh určité jedné nepřetržité (byť z hlediska celého genomu zanedbatelné) rodové linie od nejhlubší prehistorie až po současnost, a propojovat tak poznatky populační genetiky s osobní rodinnou genealogií. Jde o mimořádně názorné spojení společně sdílené minulosti s individuálně jedinečnou současností.

Estonský populační genetik Toomas Kivisild v kontextu převládajících analýz celého genomu nadále zdůrazňuje velký potenciál Y-DNA, a to především v kombinaci s analýzami atDNA, mtDNA a X-DNA. A věří, že tento potenciál si chromozom Y podrží i budoucnu „až další odběry poskytnou větší množství vzorků a lepší pokrytí jednotlivých geografických oblastí v čase“ (Kivisild 2017, 541). Dodejme, že k takovému dostatečně reprezentativnímu množství a zastoupení jistě přispívají nejen staré, ale i současné vzorky z databází seriálních geneticko-genealogických společností.

Pokud se tedy v následující části podrobněji zaměříme na jednu konkrétní Y-DNA linii, bude to z několika důvodů. Za prvé, ačkoli jde o poměrně vzácnou haploskupinu, už jen v nepřilíživě vzdálené minulosti (jak jsme viděli, nejdále v 10. století) tvoří sice minimální, ale přesto nedílnou součást původu dnes jakéhokoli žijícího Evropana. Za druhé, autor tohoto článku má možnost se právě této dávné linii detailněji věnovat, neboť ji může skrze osobní rodinnou genealogii propojit se současností (Erban 2021). Za třetí, detailním zaměřením na jednu konkrétní haploskupinu chceme poskytnout doklad, že Y-DNA může stále přinášet nové poznatky formou snadno dostupného geneticko-genealogického testování, jež by bylo škoda odbývat nálepkou pouhé „rekreační genetiky“.

## PROBLEMATIKA HLEDÁNÍ PŮVODU Y-DNA HAPLOSKUPIN

Pokud chceme uvažovat o původu a šíření jakékoli haploskupiny, je ideálně třeba zapracovat a propojit poznatky více oborů, a to především populační genetiky, archeogenetiky, environmentálních dějin, archeologie, historie a mnoha jiných, což je však úkol, který svojí náročností a ambiciózností možná až příliš přesahuje možnosti, které nám sledování určité Y-DNA linie ve skutečnosti vůbec poskytuje. Je jistě velmi lákavé nalézat asociace, shody a nabízející se korelace mezi určitými haploskupinami a archeologickými obdobími, kulturami, etnickými či jazykovými skupinami a archeologicky či historicky dokumentovanými migracemi, současně je ale s tím spojena řada metodologických problémů, jež by nás měly udržovat v maximální interpretační opatrnosti (Manco 2018, 34-35). Omezme se jen na některé z těchto obtíží a rizik.

Především je velmi nepravděpodobné, aby určitou populaci dlouhodobě tvořila pouze jedna Y-DNA haploskupina, naopak lze předpokládat, že časem se v každé populaci v důsledku vnějších kontaktů i vnitřního větvení přirozeně zvyšuje rozmanitost rodových linií. Především vzácnější, málo početné haploskupiny nelze asociovat s určitou populací, protože daná Y-DNA

linie může být výsledkem životní cesty jednoho jediného člověka. Na druhou stranu je třeba připustit, že zejména v prehistorických dobách „*může být určitá haploskupina několik tisíciletí omezena na jednu pohodlnou ekologickou niku, pokud ji nějaký vnější podnět nedonutí k pohybu*“ (ibid, 35). V čase lovecko-sběračských kultur však mohl být tento pohyb daleko intenzivnější, než si dnes představujeme, a mohl zahrnovat jak teritoria víceméně vymezená, tak i v zásadě neohraničená.

Dále bychom měli mít na paměti, že nové haploskupiny vznikají na základě náhodných mutací na chromozomu Y u jednoho člověka kdekoli a kdykoli, tedy i v dobách, které nejsou rozpoznatelné a identifikovatelné se vznikem a šířením určité archeologické kultury. Vznik nových větví určité haploskupiny si nelze představovat ve smyslu biologické speciace, neboť zatímco pro vznik nových druhů jsou klíčové geografické a posléze genetické bariéry, různé Y-DNA větve mohou vznikat paralelně na jednom místě a nijak automaticky neimplikují geografickou migraci. Jistým náznakem může být, pokud předpokládána doba a odhadované místo vzniku dané haploskupiny časově i územně odpovídají archeologicky či historicky sledovatelnému šíření určité kultury. Problémem však bývá nedostatečný počet starých vzorků Y-DNA, jež by poskytly pevnější základ k nalézání těchto korelací. Jejich problémem je i to, že naprostá většina z nich je degradovaná a poškozená, takže posloupnost mutací zpravidla nelze „dočíst do konce“ – u starých vzorků jsme většinou schopni identifikovat pouze starší či základní haploskupiny, avšak jejich nejmladší větve, které tito kdysi žijící lidé reprezentovali, už pravděpodobně nezjistíme. I tak však mají staré vzorky nenahraditelnou vypovídací hodnotu.

Místo původu haploskupiny či jejího nejstaršího rozptylu se dnes odhaduje na základě algoritmů, které vyhodnocují místo a stáří nalezených starých vzorků spolu s geografickým výskytem dané haploskupiny u současné populace. Z těchto nástrojů je dnes nejužívanější SNP Tracker (online), jež vychází z databáze současných vzorků společnosti Family Tree DNA a dvou dostupných databází starých vzorků (Quiles, online; Allen Ancient DNA Resource, online). Alternativním a jinak řešeným nástrojem je Y Heatmap (online), jež vychází z dat společnosti YFull. Slabinou obou těchto nástrojů je, že v některých zemích je genetické testování obecně daleko rozšířenější než v jiných, což může v odhadech geografického původu podle současných nositelů přinášet zkreslené výsledky.<sup>10</sup>

Odhadovaná doba vzniku dané haploskupiny se podle předpokládané mutační rychlosti vypočítává podle odlišných metod obou společností. V závislosti na vzorcích, jež mají společnosti Family Tree DNA a YFull ve svých databázích a zpracované

ve svých fylogenetických stromech, se tyto odhady v rámci uváděných rozmezí mnohdy víceméně shodují, jindy však i výrazněji rozcházejí. Odlišné výsledky u obou společností i zmíněných nástrojů nutně neznamenají zásadní nepoužitelnost těchto metod, naopak mnohdy poskytují podněty pro hlubší analýzu a také vybízejí k náležitě interpretační střízlivosti. Protože spousta rodových linií určité haploskupiny časem vymírá, tj. nezanechává mužské potomky, obě společnosti shodně odlišují odhadovanou dobu vzniku dané haploskupiny od TMRCA (Time to Most Recent Ancestor), tedy od doby, kdy přibližně žil poslední (tj. nejmladší) společný předek všech současných nositelů dané haploskupiny.

Časové odhady mohou nabízet zajímavé souvislosti zejména tehdy, když se spolu s nimi zaměříme na samotný tvar fylogenetického stromu určité haploskupiny, tedy způsob jeho větvení a rozrůstání. Malá početnost nových větví může naznačovat období „hrdla láhve“, během kterého se početnost určité mužské linie v populaci prudce snížila až téměř k vymření. Naopak nápadně rychlé větvení, tj. náhlý vznik nových mutací v krátké době může naznačovat prosperitu a šíření dané linie do nových oblastí. „*V obdobích populačního růstu přežívá více potomků, což dává novým SNP mutacím větší možnost přežít a násobit se. Rychlý populační nárůst se tak může geneticky projevit náhlým rozkvětem nových haploskupin, jež vznikají zhruba ve stejném čase z jednoho zakladatele. Migrace nejde pokaždé ruku v ruce s populační expanzí, ale možnost šířit se do nového území je jednou z hlavních příčin náhlého populačního růstu*“ (ibid, 35-36) a jistě i obráceně – populační růst může stimulat hledání nových životních teritorií. Pokud tedy máme určité důvody předpokládat, že daná haploskupina se v určité době nacházela v určité oblasti, a časové odhady jejího náhlého rozrodu se kryjí s archeologicky či historicky doloženými migracemi, může to poskytovat větší jistotu, že přinejmenším nejsme na zcela špatné stopě.

Zdá se být logické, že čím déle se určitá haploskupina v určité oblasti nachází, tím zde má více času k hromadění svých variací, což se u Y-DNA projeví nápadnou početností větví dané haploskupiny v této oblasti. Rozhodně však nelze zevšeobecňovat, že regiony s nejvyšší mírou rozmanitosti určité haploskupiny jsou skutečně místem jejího původu. Tento teoretický předpoklad mohou zásadně narušit pozdější migrace. Konečně je třeba – zejména v případě malých nebo početně kolísajících populací – brát v úvahu i celou řadu příčin či případů genetického driftu, jako je např. „efekt zakladatele“. To je jev, kdy i v malé skupině, která se rozšíří do nové oblasti, velice rychle převládne určitá genetická varianta (což může být i určitá mutace Y-DNA). Podobný je „efekt příboje“, kdy předvoj šířící se skupiny narazí na geografickou či jinou překážku, jež ji zadrží a v této „odražené vlně“ rychle určitá varianta převládne a výsledně je tak v populaci četnější, než původně byla (ibid, 24-25). To je spíše jen namátkový přehled nejčastějších interpretačních obtíží. Navzdory všem těmto i jiným omezením by však bylo neadekvátní na unikátní možnosti chromozomu Y zcela rezignovat a vůbec se nepokusit je využít. Obecně řečeno, teprve pohled na dynamiku dané haploskupiny, jež se může odrážet ve tvaru a větvení jejího fylogenetického stromu, nám spolu

10 Zajímavým způsobem toto zkreslení obchází společnost Family Tree DNA, která ve svém novém nástroji FamilyTreeDNA Discover uvádí geografický původ nositelů dané haploskupiny (v rámci položky Country Frequency) procentuálně vzhledem k celkovému počtu vzorků, jež má z dané oblasti původu ve své databázi. Tímto způsobem se může ukázat, že ačkoli v absolutních číslech je určitá haploskupina zdánlivě nejčetnější v určité oblasti, v poměrných číslech zde může mít obdobné zastoupení jako v oblastech jiných (srov. Y-DNA Haplotype a FamilyTreeDNA Discover, online).

s přihlédnutím k časovým a geografickým odhadům může pomoci odhalit pravděpodobný původ a směr jejího šíření.

### VÝVOJ TERMINOLOGIE A TAXONOMIE Y-DNA HAPLOSKUPIN

Předtím, než se začneme podrobně věnovat vybrané haplo skupině, je třeba ještě upřesnit základy užívané terminologie. Fylogenetický strom Y-DNA se původně tvořil na základě hlavních haplo skupin, jejichž větvení počínalo u tzv. chromozomálního Adama a kterým byla přiřazena velká abecední písmena. Z těch pak vycházely další podřazené větve a jejich podvětve, jež k tomuto velkému tiskacímu písmenu přidávaly řetězce dalších číslic a písmen. V této starší nomenklatuře by tedy naši haplo skupině náležel název I2a1a1b1a1, což vyjadřuje, že jde o jednu z mnoha podřazených větví haplo skupiny I2, jež je sama větví hlavní haplo skupiny I. Od takové taxonomie se začalo postupně upouštět, protože je z hlediska orientace a užití velice nepraktická a především se identifikací a zařazováním dalších (starších i novějších) větví musely tyto řetězce stále nově uspořádávat (takže např. do roku 2016 tato větev nesla označení I2a1a2a1a). Nejprve se k takovému označení haplo skupiny do závorky přidávala příslušná SNP mutace (Vaněk a kol. 2016, 88-117; Hay 2017, online; Bettinger 2019, 102; ISOGG 2020, online), dnes se převážně, především u mladších větví, používají rovnou názvy SNP mutací, k nimž se před pomlčkou pro základní orientaci přidává tiskací písmeno identifikující hlavní haplo skupinu (Vance 2020, 96-98). Haplo skupina I-L233 je tedy jednou z větví haplo skupiny I2 (I-P215), jež spolu s haplo skupinou I1 (I-M253) tvoří dvě větve hlavní haplo skupiny I (I-L758). Ta se oddělila z haplo skupiny IJ (IJ-P214), jež se oddělila z IJK (IJK-L15) atd. až k „chromozomálnímu Adamovi“ jako nositeli haplo skupiny A (A-PR2921) (Y-DNA Haplotree, online). K datu dokončení článku je I-L233 v kontextu celého fylogenetického stromu jednou z dosud známých 9032 větví haplo skupiny I (I-L758). K tomu je třeba dodat, že zde vycházíme z fylogenetického stromu společnosti Family Tree DNA, takže např. fylogenetický strom společnosti YFull (YTree, online) je z důvodu odlišné a méně početné databáze vzorků a jiným metodám čtení SNP mutací postaven trochu odlišně – např. některé větve chybějí nebo jsou jinak pojmenované, protože pro jejich označení používá tato společnost jiné ekvivalentní SNP mutace. V dalším textu budeme vycházet pouze z fylogenetického stromu společnosti Family Tree DNA, který je vzhledem k podstatně většímu množství vzorků rozvětvenější, a má tedy pro nás větší výpovědní hodnotu.

### Y-DNA HAPLOSKUPINA I V MLADŠÍM PALEOLITU

Úvodem druhé poloviny článku bude vhodné ocitovat jiného autora, který svá zjištění o původu své Y-DNA linie předznamenává takto: „Následující část je teorií, nikoli faktem, a neměli bychom se domnívat, že vše je v ní prokázáno testováním DNA. Co zde nabízíme, je pravděpodobná teorie, jak mohly linie potomků této skupiny vzniknout (...). Je otázka, zda z dosud sestavených dílků skládačky můžeme již začít nahlížet celkový obraz. Ještě budou zapotřebí další údaje, které buď navrhnou jinou teorii, nebo ji upraví, nebo shromáždí dostatek dalších podpůrných důkazů, aby mohla být přijata jako fakt“ (Vance 2020, 159). To plně platí i v našem případě.

Y-DNA haplo skupina I se dnes vyskytuje u necelých 20% mužů evropského původu a vznikla v mladším paleolitu ještě před vrcholem poslední doby ledové (Vaněk a kol. 2016, 95; Hay 2017, online; Manco 2018, 64). Frekvence výskytu haplo skupiny I s oběma větvemi I1 a I2 se dnes omezuje takřka výhradně na Evropu, což už dříve vedlo k předpokladu, že jde o jasný doklad kontinuity s původní evropskou populací lovců a sběračů, a to oproti „sesterské“ haplo skupině J, která (spolu s haplo skupinami E a G) svou frekvencí a mírou variability poukazuje na pozdější migraci prvních zemědělců z Blízkého východu. Pozdější analýzy starých vzorků Y-DNA tento předpoklad potvrdily, i když současně přinesly poněkud složitější obraz, protože haplo skupina typická pro lovce a sběrače se do určité míry mohla vyskytovat i u zemědělců a naopak (Kivisild 2017, 536-537). Většinou však jde o důsledek pozdějších vzájemných kontaktů. Haplo skupina I se od nadřazené haplo skupiny IJ podle současných mutačních propočtů oddělila asi před 41 tisíci lety (+/- 5800 let), její nejmladší společný předek (MRCA) žil asi před 34 tisíci lety (+/- 12 000 let) (FamilyTreeDNA Discover, online). Tomu odpovídají i dosud analyzované nejstarší vzorky. Kosterní nálezy asociované s obdobím raného gravettienu z Česka, Rakouska, Belgie a Itálie jsou na základě genetických podobností sdružovány do tzv. věstonického klastru (Svoboda 2016, 358), a to podle nejlépe pokrytého genomu, jenž byl analyzován u nálezu z Dolních Věstonic (ID Věstonice 16) a datován do doby asi před 30 tisíci lety. Jejich Y-DNA byla původně určena jako v mladším paleolitu běžná haplo skupina CT či C (C1a2 a C1b), následná analýza však některé z těchto vzorků identifikovala jako nositele haplo skupiny IJK, IJ a I (Fu et al. 2016; Teschler-Nicola et al. 2020). Těmito vůbec nejstaršími vzorky haplo skupiny I (I-L758) jsou kosterní ostatky tří chlapců (ID I1577, I2483 a I2484), z nichž dva byli jednovaječná dvojčata, datované do doby asi před 31 tisíci lety z rakouského naleziště Krems-Wachtberg, a dále kostra muže z naleziště Pavlov (ID Pavlov1) z doby před 30 400 lety. Ten už nesl mladší, bezprostředně následující mutaci I-M170 (Quiles, online).

Z analýz celého genomu vyplývá, že v době vrcholu poslední doby ledové (LGM) populace gravettienu nadobro zmizela. Z původních evropských skupin lovců a sběračů přežila jen populace aurignacienů na Iberském poloostrově, která se sem uchýlila už před 32 tisíci lety a během LGM zde zůstala geneticky izolovaná Pyrenejským ledovcem. Někteří z přeživších, už asociovaní s magdalénskou kulturou, se až před 18 tisíci lety v závěru LGM začínají během následujících 5 tisíců let šířit za ustupujícími ledovými plotnami na severovýchod, do oblastí dnešní Francie, Německa a střední Evropy. Zde se před 14 tisíci lety, během prvního období silného oteplení známého jako Bølling-Allerød, smísili s neznámou popula-

ci. Z analýz celého genomu vyplývá, že v době vrcholu poslední doby ledové (LGM) populace gravettienu nadobro zmizela. Z původních evropských skupin lovců a sběračů přežila jen populace aurignacienů na Iberském poloostrově, která se sem uchýlila už před 32 tisíci lety a během LGM zde zůstala geneticky izolovaná Pyrenejským ledovcem. Někteří z přeživších, už asociovaní s magdalénskou kulturou, se až před 18 tisíci lety v závěru LGM začínají během následujících 5 tisíců let šířit za ustupujícími ledovými plotnami na severovýchod, do oblastí dnešní Francie, Německa a střední Evropy. Zde se před 14 tisíci lety, během prvního období silného oteplení známého jako Bølling-Allerød, smísili s neznámou popula-



cí přicházející sem z refugia na Balkánském poloostrově, jež obsahovala i genetickou příměs z oblasti Anatolie a tuto magdalénskou populaci nakonec téměř zcela nahradila (Krause – Trappe 2022, 51–52; srov. Reich 2019, 91–93).

Nicméně pokud bychom tyto výsledky analýzy celého genomu měli uzavřít tvrzením, že „přinejmenším nejsou v genomové skladbě současných Evropanů žádné důkazy svědčící o opaku“ (Krause – Trappe 2022, 51), pak je třeba namítnout, že Y-DNA může naznačovat něco jiného. Pokud totiž haploskupina I vznikla ve středoevropské populaci gravettieniu, jak staré vzorky dokládají, a dodnes jí nese téměř pětina evropských mužů, museli někteří reprezentanti této gravettské populace období vrcholu poslední doby ledové někde přežít. Poslední společný předek všech těchto dnes žijících potomků je datován ještě před poslední glaciální maximum, i když rozmezí +/- 12 tisíc let může spodní hranici zasahovat do jejího vrcholu. Y-DNA tedy nabízí i alternativní možnost. Protože asi před 27 tisíci lety (+/- 4200 let) se haploskupina I rozdělila na mutaci I-Z2699 (směřující k pozdější I1) a mutaci I-P215 (I2) (FamilyTreeDNA Discover, online), mohlo k tomuto rozdělení dojít buď ve společném iberském refugiu (Hay 2017, online), nebo už v různých refugiích jihozápadní a jihovýchodní Evropy, kam se ještě před vrcholem LGM nositelé této haploskupiny mohli uchýlit. Část populace nesoucí haploskupinu I mohla odejít na jihozápad do iberského refugia, kde dala vzniknout podskupině I1, zatímco jiná část mohla odejít na jihovýchod, do adriatického refugia jako podskupina I2. Nejstarší vzorek směřující k haploskupině I1 (nesoucí předcházející mutaci I-Z2699) pochází z jeskyně Carigüela na území dnešního Španělska a je datován do doby asi před 24 500 lety (ID I10899) (Olalde et al. 2019; Quiles, online). V oblasti adriatického refugia se vzorky starých kostí z období vrcholu LGM prozatím nenalezly, možná i proto, že tamní populace z období LGM obývala oblasti, které jsou dnes pod mořem. Nicméně nejstarší vzorek haploskupiny I2 (I-P215) nesoucí bezprostředně následující mutaci I-P214 tento model může potvrzovat – jde o dolní čelist jedince z doby asi před 18 800 lety nalezenou v jeskyni Riparo Tagliente (ID Tagliente2) v dnešní severovýchodní Itálii (Bortolini et al. 2021; Quiles, online). Jde o nález asociovaný s kulturou pozdního epigravettieniu, který představuje zatím nejstarší doklad lidského osídlení jižního svahu Alp (Bortolini et al. 2021, 2484). Tento nález na základě komplexní analýzy dále dokazuje, že „velké migrace, které silně ovlivnily genetický původ všech Evropanů, začaly v jižní Evropě podstatně dříve, než se dosud uvádělo, a probíhaly v této oblasti již během chladné fáze následující po vrcholu LGM, pravděpodobně díky postupnému zmenšování plochy ledovců a rozšiřování lesů ještě před rychlým oteplením Bolling–Allerød. Už v této době byly jižní Evropa, Balkán, východní Evropa a západní Asie součástí jedné sítě refugií a vyměňovaly si geny i kulturní informace“ (ibid, 2490). Y-DNA tak nabízí možnost, že původní populace nositelů kultury středoevropského gravettieniu zcela nezahynula, ale mohla se zčásti přesunout do adriatického refugia v oblasti Balkánského a Apeninského poloostrova, odkud po promíchání s populacemi západní Asie a Anatolie přispěla k oné poněkud záhadné

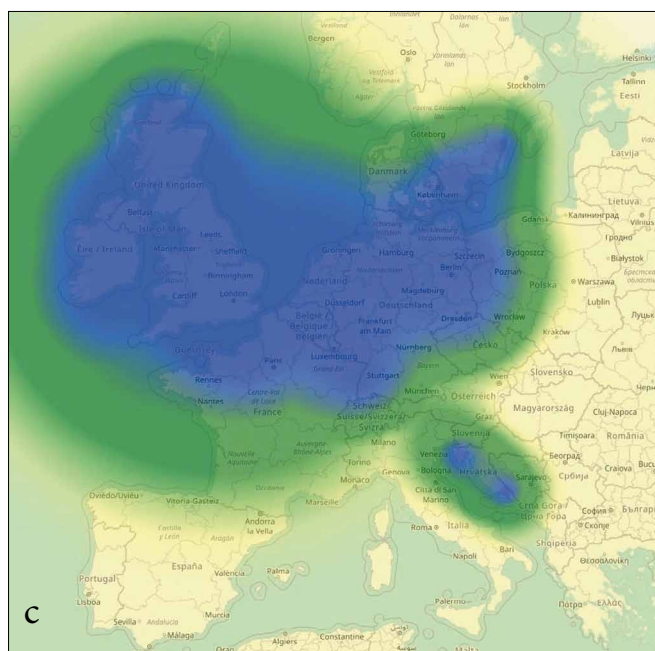
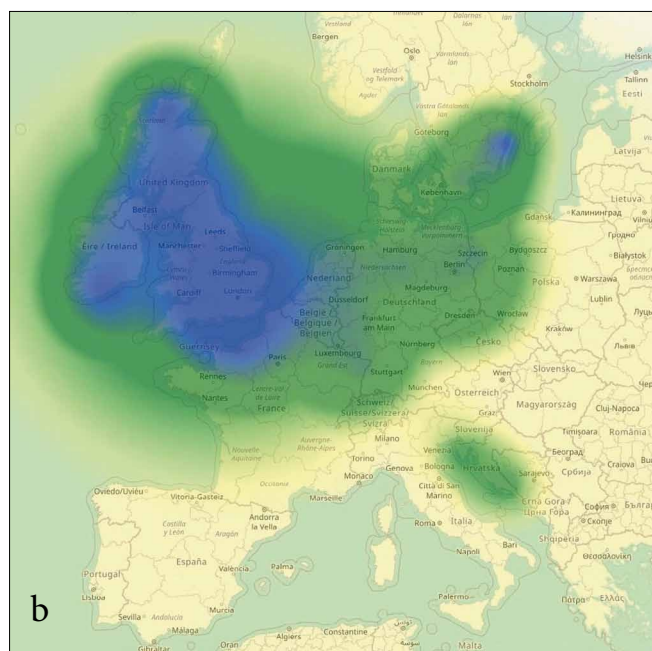
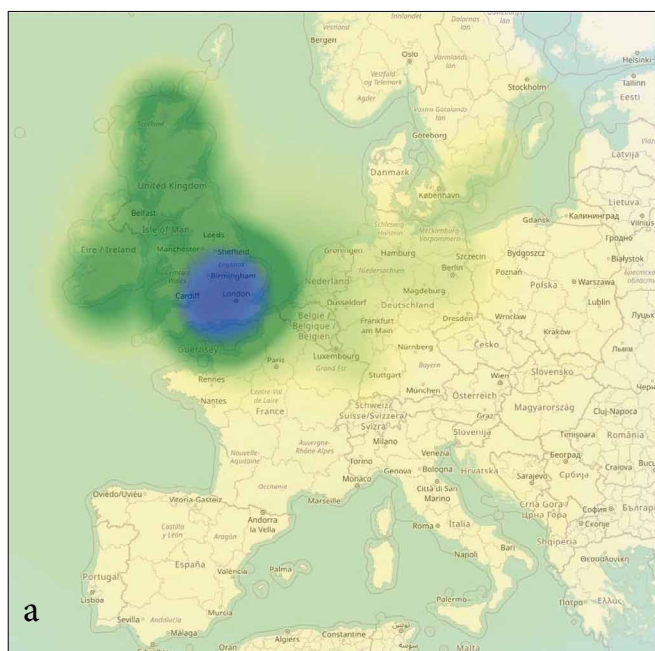
populaci, která spolu s částí populace z Iberského poloostrova znovu zabydlela Evropu na konci doby ledové. V každém případě lze shrnout, že Y-DNA haploskupina I prokazuje jistou míru populační kontinuity mezi Evropou před poslední dobou ledovou a po ní, a to navzdory značnému vymírání a nahrazování některých populací jinými. Stejný závěr ostatně poskytují i mtDNA haploskupiny U2, U4 a U5 (Vaněk a kol. 2016, 128–129; Manco 2018, 50, 63).

## PŮVOD A ROZŠÍŘENÍ HAPLOSKUPINY I-L233 V MEZOLITU

V mezolitu ještě existovala určitá míra diverzity zastoupených Y-DNA haploskupin (Hay, 2020), avšak haploskupina I s nejrůznějšími větvemi I1 a I2 je pro toto období nejtýpější a zcela jasně převládá. Postupně nahradila především větve původně běžné haploskupiny C (C-M216), jež sice zcela nezahynula, ale s ohnisky nejčastějšího výskytu ve střední Asii, jihovýchodní Asii a Oceánii je dnes roztroušena po celém světě, naopak v Evropě je se svými dosud známými cca 100 nositeli extrémně vzácná (Kivisild 217, 534–535; Manco 2018, 64; Haplotree, online). To jen dokládá, že populace Evropy už před příchodem prvních zemědělců prodělávala zásadní změny a naše úsudky založené na rozložení, frekvenci a variabilitě haploskupin v současné době mohou být zavádějící.

Pokud odhlédneme od dalšího větvení haploskupin I1 a I2 a budeme směřovat již přímo k haploskupině I-L233<sup>11</sup>, vše nasvědčuje tomu, že šlo o potomky mužské linie I-S21825+, kteří asi před 17 tisíci lety začali pronikat do postupně se zalesňujících svahů Alp a poté se šířili za migrujícími sobími stády pravděpodobně podél Rýna na sever jako součást populace západoevropských lovců a sběračů (WHG). Nejstaršími vzorky mutace I-S21825 jsou kosterní ostatky z krasové jeskyně Bichon ve Švýcarsku (ID Bichon) z doby asi před 13 750 lety (s nejmladší zjištěnou mutací I-BY33138) a ze skalního úkrytu Rochedane v pohoří Jura ve východní Francii (ID Rochedane) z doby asi před 13 tisíci lety (Jones et al. 2015; Fu et al. 2016; Quiles, online). Šíření větvi této mutace do severní Evropy mohou dokládat nejstarší vzorky bezprostředně následující mutace I-S21204. Jeden z nich (s mladší mutací I-FT344596\*) z doby asi před 8800 lety pochází z naleziště Stora Bjers na Gotlandu (ID SBj), druhý z doby asi před 7700 lety (ID 10015) ze švédského naleziště Motala (Quiles, online). Při pohledu na geografický původ současných otestovaných nositelů haploskupiny I-L233 se nicméně rýsuje patrné ohnisko spíše na severozápadním pobřeží střední Evropy. Proto se pro tuto haploskupinu v zájmu

11 Nejnázornější představu o postupné řadě dosud zjištěných mutací vedoucích k I-L233 (včetně odhadnuté doby dané mutace k poslednímu společnému předkovi, archeologické doby, počtu větví, počtu současných nositelů i starých vzorků) poskytuje položka Ancestral Path v nástroji FamilyTreeDNA Discover (I-L233 Ancestral Path, online).



Obr. 1a, b, c. Model šíření větvi Y-DNA haploskupiny I-L233 na základě jejich diverzity u současných nositelů. Ohnisko umístěné do Británie je zkrácení způsobené převahou zde provedených Y-DNA testů a pozdější migrací – pravděpodobně by mělo ležet více na severovýchodě v oblasti Nizozemí, severního Německa a Dánska. (Y Heatmap Diversity, online).

základní orientace vžilo označení „Western“, dříve poněkud anachronicky „Chauci“<sup>12</sup> (BritainsDNA haplogroup nicknames, online).

Tato oblast pravděpodobně nebude náhodná, neboť se zde v této době nacházelo území tzv. Doggerlandu, který přes dnešní Severní moře spojoval jako obrovský pevninský most evropské pobřeží s Jutským poloostrovem a Británií až po Skotsko a zasahoval až do západního Baltu, kde propojoval kontinent s dnešním Švédskem (Bojsová 2018, 80-89). Nížinný, ale kopcovitě zvlněný Doggerland s jezery,

mokřady, deltami řek a pláněmi postupně zarůstajícími lesem musel na konci doby ledové svojí ekologickou pestrostí představovat pro zvěř i lovce jakousi spádovou oblast. V té době šlo možná o „nejpříznivější místo k životu v celé tehdejší Evropě“ (ibid, 82) – určitě na rozdíl od dnešní Anglie a Skotska, které oproti Doggerlandu představovaly pro mezolitické lovce a sběrače nehostinné horské oblasti (ibid, 84-85). Ačkoli odhady genetické trasy umísťují původ haploskupiny I-L233 včetně několika předchozích mutací do Británie už od mezolitu, jde spíše o zkrácení dané tím, že v Británii se dnes testuje výrazně více lidí než kdekoli jinde, případně pozdějšími migracemi (obr. 1a, b, c). Je příznačné (viz pozn. 10), že ačkoli současní nositelé této haploskupiny dosahují v absolutních číslech v Británii a Irsku až 80% (Y-DNA Haplotree, online), v poměrných číslech zde tvoří pouze 1%, podobně jako v kontinentální Evropě (FamilyTreeDNA Discover, online). Stále jde tedy o Y-DNA linii, která je (k datu dokončení článku) se svými přes 500 současnými nositeli velmi minoritní. Nezdá se pravděpodobné, že by tak vzácná haploskupina přečkala několik pozdějších masivních migrací, které Británii zabydly v neolitu, době bronzové, římské a raném středověku.

Analýza celého genomu například ukázala, že neolitická populace, jež osídlila Británii před 6 tisíci lety, odvozovala 80% svého původu od prvních zemědělců přicházejících do Evropy z Anatólie a 20% původu západoevropských lovců a sběračů – k tomuto smísení však došlo ještě v kontinentální Evropě před rozšířením zemědělců do Británie, což zna-

12 Podle germánského kmene Chauků, kteří obývali pobřežní oblasti Severního moře mezi Labem a Emží (Künzl 2019, 52).



Obr. 2. Caspar David Friedrich: "Severní moře v měsíční záři" (1823-1824), Národní galerie Praha (Zdroj: Wikimedia Commons).

mená, že podíl místních lovců a sběračů na genofondu pozdější britské populace byl zcela mizivý (Patterson et al. 2022, 588). Tato zemědělská populace byla navíc před 4450 lety minimálně z 90% zcela nahrazena indoevropskou populací kultury zvoncových pohárů původem z pontských stepí (Reich 2019, 114-116; srov. Krause – Trappe 2022, 106). Ta byla v pozdní době bronzové před 3300 až 2800 lety následovaná dlouhodobým genovým tokem mezi Británií a kontinentální Evropou, jenž opět zvedl podíl genetické složky prvních evropských zemědělců v jižní Británii až na 38% (Patterson et al. 2022, 589). V době železné se tak podíl genetických složek obyvatelstva ve Walesu, Anglii a Skotsku ustálil (dle různých regionů) na 47-54% indoevropského původu ze stepí, 32-38% původu raných evropských zemědělců a pouze 12-14% západoevropských lovců a sběračů (ibid, 591). Po přihlédnutí k těmto silným populačním výměnám se tak jeví pravděpodobnější, že současní nositelé mutace I-L233 se dostali do Británie spíše s některou z pozdějších událostí, než že by zde byli autochtonní už od mezolitu. Na druhou stranu nelze samozřejmě vyloučit, že různé větve předchůdců či zástupců linie I-L233 vznikly po obou stranách pozdějšího moře. Žádný starý vzorek I-L233 z území Británie,

jenž by dokládal přítomnost této haploskupiny na ostrovech dříve než v raném středověku, však prozatím nemáme k dispozici.<sup>13</sup>

Podle současných propočtů FamilyTreeDNA Discover (online) vznikla mutace I-L233 asi před 8400 lety (+/- 1300), což je v době, kdy území Doggerlandu postupně mizí pod vodou, než je po katastrofální vlně tsunami zvané Storegga asi před 8100 lety definitivně zaplaveno mořem. Tuto událost, která jistě vedla k vymření mnoha populací a s nimi i řady Y-DNA linií, může odrážet i fakt, že současní nositelé mutace I-L233 sdílejí posledního společného předka (MRCA) z doby až o dvě tisíciletí později, tedy asi před 6400 lety (+/- 1000). Přesto tato událost nebyla pro všechny tamější mezolitické populace stejně devastující a velký vliv zde měly regionální rozdíly v cha-

<sup>13</sup> Řada vzorků starší mutace I-S21825+ nesoucích linií I-FT344600 pochází z území Irska, všechny však jsou z období neolitu (Quiles, online) a je pravděpodobné, že se sem rozšířily až se zemědělci. Jde o odlišnou linii, která nesměřovala k I-L233. Příznačné je, že tato větev už nemá žádné další pokračující mutace, protože nebyla zjištěna u žádného současného nositele (Y-DNA Haplotree, online). Jde tedy zřejmě o větev vymřelou.

rakteru krajiny. „Rozsáhlé oblasti Doggerského pobřeží, a možná i zbytky souostroví, mohly přetrvat i po tsunami Storegga až do neolitu, což je možnost, která nám usnadňuje porozumět přechodu mezi mezolitem a neolitem v severozápadní Evropě“ (Walker et al. 2020, 1421). Zatímco celá řada přeživších skupin a s nimi i Y-DNA linií tuto oblast opouští, populace zahrnující nositele mutace I-L233 v oblasti zbytků Doggerlandu, zřejmě na severozápadním pobřeží střední Evropy, pravděpodobně zůstává (Vaněk a kol. 2016, 99; Hay 2017, online) a pokračuje v rybářském, lovecko-sběračském způsobu života. Toto nížinné, často zaplavované území mezi deltami řek na pobřeží moře byla specifická ekologická kapsa a dobré útočiště, které bylo nezajímavé jak pro postupně přicházející zemědělce, tak i pro pozdější indoevropské pastevce, takže si tato skupina mohla udržet svůj původní způsob života velmi dlouho i za cenu nízkého počtu obyvatel, jež se na úrovni Y-DNA projevuje dodnes.

Původ Y-DNA haploskupiny I-L233 tedy snad můžeme klást do oblasti dnešního Waddenského moře, jež tvoří pobřežní část Severního moře na území dnešního Nizozemí, Německa a Dánska (obr. 2). Tato oblast, dnes tvořená solnými bažinami a rekultivovanými pobřežními rašelinisti, má z 66% status Světového dědictví UNESCO, protože (spolu s dalšími 15 nízko položenými pobřežními oblastmi na světě) představuje kulturní krajinu zcela výjimečné hodnoty, jež vznikla důmyslnou adaptací člověka (pomocí náspů, hrází, kanálů, poldrů atd.) na zcela mimořádné přírodní podmínky (Bazelmans et al. 2012, 114). Do začátku holocénu byla celá tato oblast součástí obrovské otevřené stepi s větrem unášenými písky. Následně ustoupila lesu, nejprve borovému a březovému, poté smíšeným lesům s převahou dubu a lípy. S postupným zvedáním mořské hladiny se nejnižší položená údolí a písčité oblasti proměňovaly ve velké přílivové pánve, často ohraničené písčitymi lavicemi a ostrovy vzdálenými až několik kilometrů od dnešního pobřeží. Krajina se začala podobat té, kterou zde vidíme dnes. Zaplavování oblasti skončilo před 5 850 lety, kdy moře sice stále stoupalo, ale současně se pevnina zvedala usazováním písku a hlíny. Ve vnitrozemí tak vznikala rozsáhlá rašelinisti. V tomto velice specifickém prostředí se pohybovaly malé skupiny mezolitických lovců, sběračů a rybářů (ibid, 115), z nichž někteří patrně nesli Y-DNA mutaci I-L233(+).

Také je ale možné, že populace s nositeli mutace I-L233(+) se původně pohybovala na podstatně širším území, což by odpovídalo územnímu rozsahu původního Doggerlandu, ale postupně byla do této pobřežní oblasti zatlačena nebo pouze tady se udržela. Tomu nasvědčuje vůbec nejstarší vzorek mutace I-L233, který byl nalezen až na území dnešní Litvy (Mittnik et al. 2018; Quiles, online). Tento vzorek (ID Spiginas1) byl analyzován u kosterních zbytků v hrobě na bývalém ostrově Spiginas v bažinaté jižní části jezera Biržulis, které pravděpodobně tvořilo ritualizovanou pohřební krajinu s pohřebišti, obětními ohništi a místy pro pohřební hostiny od mezolitu až do historické doby. Tyto zbytky patřily asi 35–45 letému muži, který žil asi před 6300 lety, a mohl tak již sdílet se současnými nositeli I-L233 společného předka. Ačkoli byl jeho hrob výrazně poničený během 2. světové války a z zbytků se dochova-

ly jen fragmenty dlouhých kostí a lebka, dochovaná hrobová výbava (mikrolitické úlomky pazourkových šípových hrotů a obláčky se stopami okru) je asociovaný s narevskou kulturou (Clement 2022b, online). Narevská kultura používala keramiku a žila usedlým, avšak rybářským a lovecko-sběračským způsobem života, a představuje tak jednu z posledních lovecko-sběračských kultur na pomezí pozdního mezolitu a raného neolitu. Ačkoli jde o archeologickou kulturu a oblast poměrně vzdálenou od předpokládaného původu haploskupiny I-L233, může tento vzácný vzorek dokládat, že populace obsahující tuto Y-DNA haploskupinu patřily k posledním lovecko-sběračským kulturám severní Evropy, které si udržely svůj způsob života ještě dva tisíce let po příchodu zemědělců z Anatolie v příhodných oblastech Severního a Baltského moře.

### LOVCI A SBĚRAČI NA PŘECHODU K NEOLITU

Analýzy celého genomu ukazují, že zemědělci, kteří začali osidlovat Evropu před 8 tisíci lety, se s lovci a sběrači mísili zpočátku jen minimálně a nejméně z 90% si uchovávali svou původní DNA, jež se od lovecko-sběračské lišila asi stejnou měrou jako DNA dnešních Evropanů a Východoasijských, což vyvrací starší hypotézy o silném míšení obou populací (Reich 2019, 101). Do té doby můžeme hovořit o paralelních společnostech, jak ukazují archeogenetické analýzy z několika konkrétních evropských lokalit (Krause – Trappe 2022, 84–85). Teprve před 6000–5400 lety pozorujeme genetický posun, kdy zemědělské populace získávají zhruba 20% genetické příměsi původních lovců a sběračů (Reich 2019, 105). Stojí však za zmínku, že toto míšení probíhalo genderově specifickým způsobem. Analýza mtDNA z těchto nalezišť ukazuje, že k míšení docházelo nejčastěji tak, že muži ze zemědělských populací si brali ženy z populací lovecko-sběračských, zatímco muži lovců a sběračů nebyli pro ženy zemědělců atraktivní. Zajímavé je, že tentýž převažující model byl vyzpozorován i ve vztahu současných či nedávných lovecko-sběračských skupin k zemědělcům (Krause – Trappe 2022, 85).<sup>14</sup> To znamená, že ani po míšení s daleko rychleji se rozrůstajícími ze-

<sup>14</sup> To se však kupodivu neodráží v distribuci Y-DNA a mtDNA haploskupin v současné evropské populaci, kde lovecko-sběračská Y-DNA haploskupina I je v některých oblastech početně rovnocenná zemědělským haploskupinám (zejména E, J a G) a v jiných je dokonce překonává, zatímco zemědělská mtDNA haploskupina H dalece převažuje nad původní lovecko-sběračskými haploskupinami U2, U4 a U5 (srov. Vaněk a kol. 2016, 88–175; Hay 2017, online; Manco 2018, 63–66, 83–88). Zejména silná dominance mtDNA haploskupiny H v dnešní evropské populaci vede i k úvahám o možných evolučních výhodách nositelů haploskupiny H, jež spočívají ve větší odolnosti při zasažení sepsi (Vaněk a kol. 2016, 124; Manco 2018, 62, 153) a také ve vyšší maximální aerobní kapacitě, což se projevuje větší fyzickou výdrží (Vaněk a kol. 2016, 124). V případě mtDNA totiž oproti Y-DNA vstupuje do hry i to, že mitochondrie mají pro fyziologii zásadní roli při energetické produkci, takže mutace v této oblasti mohou mít fyziologický dopad na schopnost adaptace a snadno se mohou stát předmětem přírodního výběru (Manco 2018, 34).

mědělskými skupinami nemusely Y-DNA linie lovců a sběračů začít prosperovat a šířit se, ale mnohé mohly vymřít nebo dlouhou dobu sotva přežívat v tzv. hrdlu láhve. Právě tento druhý případ vidíme u haploskupiny I-L233, kde nápadný rozkvet do mnoha nových větví nastává až daleko později na přelomu letopočtu. Samozřejmě se u dosud netestovaných mužů mohou objevit zatím neznámé starší větve, nezdá se ale, že by to mohlo nějak zásadně pozměnit tvar fylogenetického stromu, pro který je typický časově velmi dlouhý kmen a teprve v nedávné době náhlé větvení.

Zatímco v úrodných oblastech Evropy byla dominance zemědělců oproti původním lovcům a sběračům patrná, ve Skandinávii a na pobřeží Severního a Baltského moře se dlouhou dobu lépe dařilo lovcům a sběračům, kteří zde i díky teplému Gólfskému proudu, který přitahoval množství tuleňů a velryb, žili v dostatečném nadbytku na to, aby bylo pro ně zemědělství atraktivní. Naopak zemědělci se těmto silně zalesněným oblastem vyhýbali (Krause – Trappe 2022, 89). „Všude tam, kde lovci a sběrači obsadili výjimečně produktivní niku pro lov a/nebo rybolov, zvláště takovou, která byla méně vhodná pro pěstování plodin, měli lepší šanci přežít.“ (Manco 2018, 91-92). Oblast pobřeží Waddenského moře mezi dnešním Nizozemím, severním Německem a Dánskem, kde předpokládáme ohnisko Y-DNA haploskupiny I-L233, byla právě taková nika. Zemědělci, prozatím vybavení jen ručními nástroji, se zastavili na okraji severních plání, jižně od nejtěžších náplavových půd. To umožnilo původním obyvatelům se během tisíce let pozvolna přizpůsobovat novému životnímu stylu jižních sousedů, od kterých přebírali mnoho kulturních prvků, adaptovali a modifikovali je na nové podmínky, ačkoli současně si řadu lovecko-sběračských prvků uchovávali. Před 6-5 tisíci lety pozorujeme v oblastech Severního a Baltského moře výrazný průnik DNA zemědělců a nárůst genetického míšení, v němž menší porci lovecko-sběračské DNA nakonec obohatila větší porce DNA zemědělců, zatímco nepromíšené populace lovců a sběračů mizí nebo se udržují v posledních, nejčastěji ostrovních ekologických kapsách. Genetickým a kulturním smísením obou populací dochází ke vzniku neolitické kultury nálevkovitých pohárů (Reich 2019, 106).

Kultura nálevkovitých pohárů se v době své největší expanze prostírala mezi Karpatami a jižním Norskem a od Nizozemí po východní Polsko. Zasahovala tedy i na území předpokládaného původu I-L233. Pro její inovativnost a schopnost přejímání a modifikování nových podnětů ji lze považovat za jednu z nejúspěšnějších neolitických kultur (Krause – Trappe 2022, 90). Značný územní rozsah umožňoval přejímání kulturních prvků až z oblasti Panonské pánve a Cucutensko-tripolské kultury, jak prozrazuje mimo jiné i technika zdobení keramiky pastou vyrobenou z kosti, jež má možná právě zde svůj původ (Manco 2018, 100). Klíčovou technologickou inovací z doby asi před 5400 lety však bylo využití kola k transportu i orbě, což v kombinaci se zavedením dřevěného rádlu s volským záprahem pomoci jha umožnilo obdělávání do té doby nevyužitelných těžkých půd dnešního severního Polska, Německa a Nizozemí (Bojsová 2018, 195-196), ale i odstraňování kořenů a odvážení velkých balvanů, které v severní Evro-

pě zanechal poslední ledovec. To mohlo i podnítit a inspirovat stavbu megalitických hrobek, kterými tato kultura proslula (Krause – Trappe 2022, 89-90).

Změnu způsobu života v severnějších oblastech Evropy, jež se nacházely pod vlivem Severoatlantského proudu, umožnila i klimatická změna, která přinesla změnu směru větrů, kdy jižní vítr sem přinášel sušší zimy a teplejší léta (Manco 2018, 99). Také v oblasti Waddenského moře přestává být lov, rybolov a sběr hlavním zdrojem obživy a dochází k postupnému, i když ne zcela snadnému přechodu k zemědělství a chovu dobytka. Neolitické osídlení se zde soustředilo do oblastí s obdělávatelnou půdou, a zpočátku šlo tedy o spíše rozptýlené zemědělské usedlosti. S růstem početnosti i hustoty populace se k sobě hospodářství začínají přibližovat a v některých příhodných oblastech vznikají menší osady (Bazelmans et al. 2012, 116).

### OD PŘÍCHODU INDOEVROPAŇ PO MLADŠÍ DOBU ŽELEZNOU

Ještě větší kulturní a genetický dopad, než měl příchod a šíření zemědělců z Anatólie před 8 tisíci lety, měla na evropskou populaci indoevropská, převážně pastevecká expanze z východních pontských stepí před 4800 lety. Ta s sebou kromě schopnosti jízdy na koni a koňského záprahu do vozů přinesla i znalost zpracování bronzů, tkaní vlněných látek a nový jazyk (Anthony 2007; Bojsová 2018, 222-293; Manco 2018, 122-170; Reich 2019, 102-121; Krause – Trappe 2022, 95-118). Zásadní ale byla i proměna zbývajících, zemědělců dosud nevyužívaných krajiny. Pylové analýzy dokazují, že s příchodem lidí kultury se šňůrovou keramikou byly mnohé zbývajících lesy v Evropě vykáceny a přeměněny na louky, pastviny a travnaté pláně – tímto způsobem si nově příchozí uzpůsobovali krajinu podle způsobu života, na který byli zvyklí (Reich 2019, 113). V pravděpodobné souvislosti s koňmi se zřejmě s touto migrací mohla do Evropy dostat (nebo se zde alespoň efektivněji šířit) bakterie *Yersinia pestis* (Reich 2019, 113; Krause – Trappe 2022, 158-186), jež v následujících tisíciletích opakovaně pustošila evropskou populaci morem (Rutherford 2021, 144-145). Genetická skladba tehdejší Evropy se zcela zásadně proměňuje. Například na pohřebištích kultury se šňůrovou keramikou na území dnešního Německa převládalo ze tří čtvrtin genetické dědictví stepního původu nad třetinou předchozích evropských zemědělců s pouze mírnou příměsí původních lovců a sběračů (Reich 2019, 110), zemědělská populace v Británii byla po příchodu populace s kulturou zvoncových pohárů nahrazena dokonce z 90% (Reich 2019, 114-116; Krause – Trappe 2022, 106). Ačkoli mezi těmito nově příchozími ze stepí byly i ženy (Papac et al. 2001, 9), nepoměr mtDNA a Y-DNA linií ze stepí naznačuje, že až z 80% šlo převážně o muže, kteří si brali místní ženy a měli s nimi velké množství dětí (Krause – Trappe 2022, 112). Tím dochází ke zcela zásadnímu genetickému posunu v oblasti linií chromozomu Y. V době bronzové už bylo v Evropě 80-90% Y-DNA linií zcela nových. Nápadná dominance Y-DNA haploskupin R (R-M207) původem ze stepí nad lovecko-sběračskými hap-

loskupinami I1 (I-M253) a I2 (I-P215) i zemědělskými E1b1b (E-M215), J1 (J-M267), J2 (J-M172) a G2a (G-P15) je v Evropě patrná dodnes. Ve většině oblastí zde tvoří R1b (R-M343) a R1a (R-M420), jež byla v 6. století ve východní Evropě navíc posílena slovanskou migrací, dohromady 60-80% (Vaněk a kol. 2016, 88-94; Hay 2017, online; Manco 2018, 146-153; Bojsová 2018, 259; Krause – Trappe 2022, 113-114). Dokonce i v rámci těchto nových linií, jež se objevily v Evropě s kulturou šňůrové keramiky a zvoncových pohárů, lze pozorovat v kontrastu s autozomální genetickou rozmanitostí poměrně rychlý úbytek variability větví Y-DNA (Papac et al. 2021, 1, 6), což může potvrzovat starší hypotézy o silně propracované hierarchické struktuře dominantních mužských klanů (Reich 2019, 237-239). V tomto kontextu je až překvapivé, že se v Evropě nějaké Y-DNA linie původních lovců a sběračů vůbec uchovaly.

Podíváme-li se na tvar fylogenetického stromu Y-DNA haploskupiny I-L233, nic nenasvědčuje tomu, že by v době bronzové překonala dlouhé období hrdla láhve. V mladší a pozdní době bronzové se mezi kontinentální Evropou a Británií rozvinuly mimořádně intenzivní obchodní, kulturní a genetické kontakty všech vrstev obyvatelstva zejména prostřednictvím sítě obchodních cest, jež umožňovala distribuci surovin a znalostí pro výrobu bronzu i směnu hotových bronzových artefaktů (Patterson et al. 2022). Nezdá se však, že by z toho pro málo početnou populaci oblasti Waddenského moře vyplývala výhoda, jež by se odrazila v nápadné populační explozi, i když nelze vyloučit, že se v této době některé z linií I-L233+ dostávají do Británie. Z archeologických dokladů, ale i ojedinelých písemných pramenů víme, že období mezi 14. až 11. stoletím př. n. l. bylo dobou kontaktů napříč celou Evropou, kdy až do Středomoří přicházeli muži ze středních a severních oblastí Evropy, často i s rodinami, aby se zde jako najatí žoldnéři účastnili bitev rozvinutějších armád mezi tamními znepřátelenými státy a říšemi (Bouzek 2013, 156, 158). Tím se některé Y-DNA linie mohly objevit na místech velmi vzdálených od oblastí svého původu a největšího rozšíření. Zejména kontakt jižní Evropy s Pobaltím se udržel velmi dlouhou dobu díky posílenému významu střeoevropské varianty Jantarové stezky.<sup>15</sup>

Toto pozoruhodné sepětí severní a jižní Evropy v době bronzové vysvětluje o pět století mladší a poněkud překvapivý kontext nálezů druhého nejstaršího vzorku I-L233\* (ID I10949)<sup>16</sup> z období klasického Řecka. Autozomální analýza ukázala, že pocházel (stejně jako vzorek první) z východního Pobaltí, byl však identifikován u mladého vojáka najatého

do řecké armády, který byl pohřben spolu s ostatními žoldnéři z Pobaltí, střední Evropy, střední Asie a Kavkazu v hromadném hrobě v řecko-sicilské kolonii Himera v roce 480 př. n. l. bezprostředně po vyhrané bitvě proti Kartágu. Tento náález je unikátním genetickým dokladem mobility námezdnicích vojáků a archeologicky dosud jen naznačených kontaktů mezi Středomořím a velmi vzdálenými oblastmi Evropy i Asie (Reitsema et al. 2022). Také z něj ale vyplývá, že i při předpokládaném původu většiny současných větví I-L233+ v oblasti Severního moře nesmíme ztratit ze zřetele oblast Pobaltí, přestože pohled na geografickou distribuci současných nositelů nenasvědčuje, že by se zde tato Y-DNA linie (kromě několika vzorků původem ze Švédska, Dánska a Polska) výrazněji vyskytovala. Buď se zde větve I-L233+ skutečně téměř nezachovaly a budoucnost patřila spíše mužským liniím západně od Jutského poloostrova, nebo jde o opačný problém zkreslení než v případě Británie, a tedy důsledek zatím malého počtu otestovaných v oblasti dnešní Litvy, Lotyšska a Estonska. V každém případě jde o otázku velmi podnětnou pro další bádání, jež může korigovat základní východiska tohoto článku.

Pokud se tedy vrátíme v prostoru i čase do oblasti severomořského pobřeží, je nápadné, že počátkem doby železné začínají obyvatelé přímořské části dnešní Belgie, Nizozemí, Německa a Dánska pocítovat potřebu zvětšit svůj životní prostor budováním mohylových plošin z navezených bažinných drnů. S tehdejšími technologickými prostředky to jistě bylo možné jen s rozvojem kooperace rodin a sousedů, což může svědčit o rostoucí populační hustotě. Takto začaly už v 7. až 6. stol. př. n. l. vznikat nejstarší charakteristické terpy, které daly celé oblasti ráz výrazně proměněné, kulturní krajiny (Bazelmans et al. 2012, 115-116). Zdá se, že právě mimořádný rozvoj těchto důmyslných útočišť, ke kterému došlo především na konci minulého letopočtu a až s počátkem doby římské (Todd 1999, 62), se stal zdrojem poněkud překvapivé budoucí prosperity. Ve staré fríštině pojem „terp“ vyjadřoval „vesnici“, stará saštiná požívala pojmem „wurt“, který znamenal „haldu“ či „hromadu“. Oba slovní základy, od kterých se odvozuje celá řada alternativních názvů specifických pro různé oblasti, vystihují hlavní funkce této inovace. Terpy významně zvětšovaly obyvatelnou zemi, ale současně chránily před mořskými bouřemi, přílivem nebo mořskými a říčními záplavami, a to nejen svojí výškou, ale i díky značné akumulární schopnosti rozsáhlých bahnitých a slaných močálů v jejich okolí (obr. 3). Lidé se přizpůsobovali neustálému zaplavování a usazování sedimentů také tím, že v případě potřeby zvyšovali a rozšiřovali obytnou plochu. Zpočátku byly terpy jen o málo větší než obytná stavení, postupně se ale navyšovaly a zvětšovaly, až začaly být některé z nich propojovány. Tak vznikl pestrý vzorec větších vesnic, menších osad i jednotlivých usedlostí. Orné zemědělství kolem vurtů bylo sice vzhledem ke slané půdě, riziku záplav a mořskému větru velmi komplikované, výzkumy však ukázaly důmyslné způsoby, s jakými lidé dokázali těmto potížím čelit (Bazelmans et al. 2012, 118). Na druhou stranu „*antičtí spisovatelé vícekrát poznamenávají, že germánským mužům bylo milejší válčit, než v potu*

15 Trvalou ozvěnou tohoto kontaktu je legenda, zaznamenaná Hérododem, o každoročním zimním putování boha Apollóna na sever k bájným Hyperborejcům a hyperborejských pannách, které byly na oplátku jako kněžky vysílány do jeho svatyně na řeckém ostrově Délosu. Později je nahradily dary jantaru zabalného do slámy dopravované do Řecka štafetovou cestou napříč střední Evropou (Bouzek 2013, 129-130, 152-153, 161).

16 Původní studie zařazuje vzorek pod I-L233, jde však o nepříliš zachovalý vzorek se slabým sekvenčním pokrytím. Proto jej společnost Family Tree DNA přiřadila pouze k předchozí mutaci I-L1287.



Obr. 3. Alexander Eckener: „Terp (wurt) na souostroví Hallig za bouřného přílivu“ (1906), NordseeMuseum Husum (Zdroj: Wikimedia Commons).

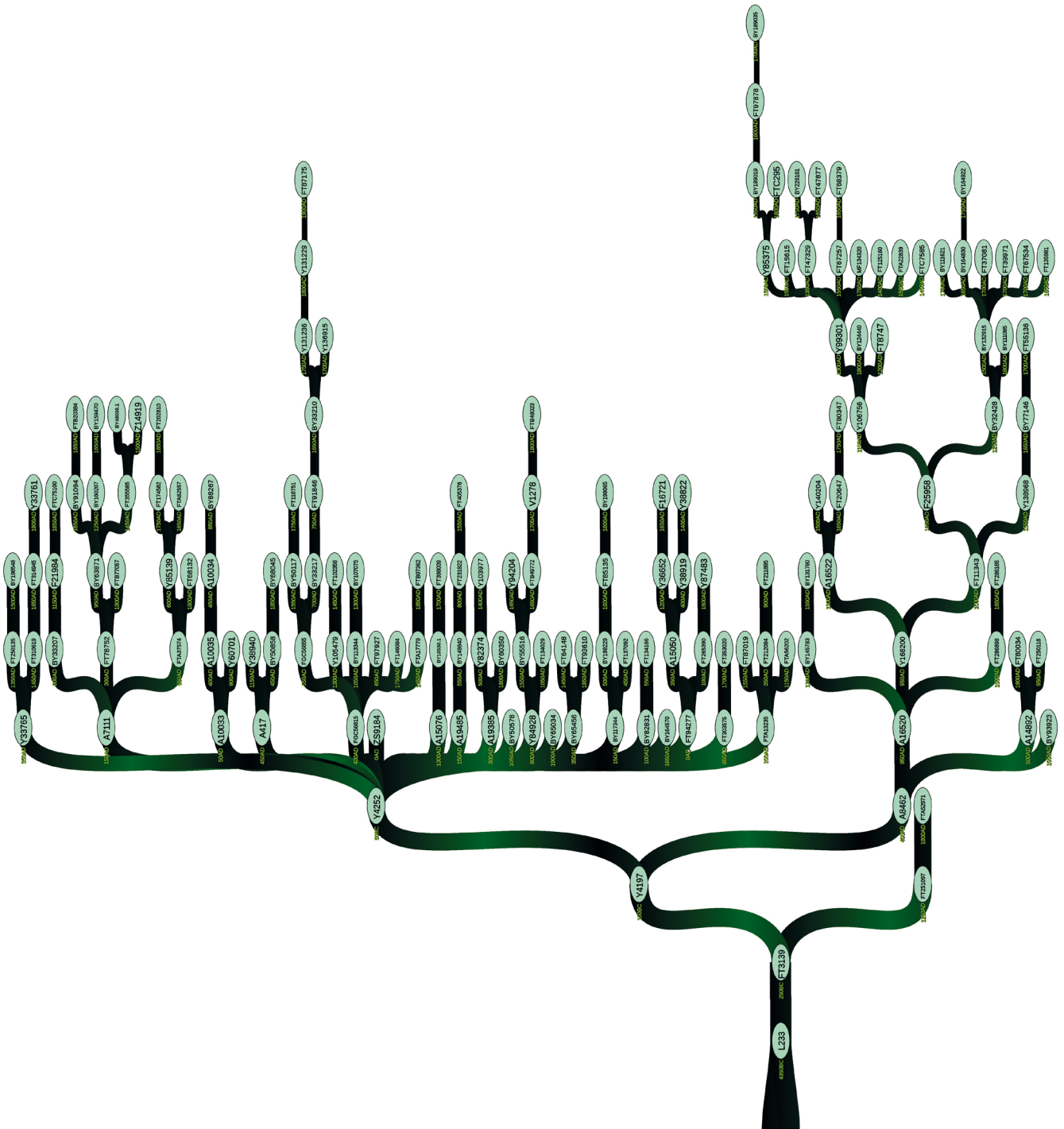
*tváře obdělávat půdu a sklízet úrodu; to přenechávali ženám, starým lidem a slabším členům rodiny“ (Schlette 1977, 56). Ani lov, rybolov a sběr nepatřily k hlavním obživným aktivitám – kosti divokých zvířat, ryb, tuleňů či skořápky měkkýšů tvoří překvapivě jen malou část jinak hojných zvířecích kostí nalézáných v terpech (Schlette 1977, 61-62; Todd 1999, 74; Bazelmans et al. 2012, 118). Hlavním zdrojem obživy tu byl chov domácích zvířat, především skotu, méně pak ovcí, koz a prasat (Schlette 1977, 52; Todd 1999, 73). „A konečně byla slaniska také součástí námořní krajiny s možností obchodních styků se zámořím. Jinými slovy, stavba terpů představuje úspěšnou, bezpečnou a produktivní adaptaci na velmi specifické prostředí“ (Bazelmans et al. 2012, 116). Archeologie tedy značně koriguje často citované dobové zprávy Plinia Staršího o „bídém, ubohém“ životě kmenů v této oblasti.*

#### ŠÍŘENÍ I-L233 V DOBĚ ŘÍMSKÉ A RANÉM STŘEDOVĚKU

K prvnímu větvení linie I-L233, které zjevně ukončuje několik tisíciletí dlouhé období „hrdla láhve“ a předznamená-

vá budoucí prosperitu, dochází u její mladší mutace I-Y4197 (v následnosti L233 >FT3139 >Y4197). Ta vzniká asi před 2250 lety (+/- 400) s nejmladším společným předkem všech dosud testovaných před 2150 lety (+/- 350) (FamilyTreeDNA Discover, online). Jde o dobu etnogeneze germánských kmenů, v oblasti Waddenského moře především Chauků (kteří se na konci 3. století smísili s kmenovým svazem Sasů), Anglů, Frísů a Batavů (Künzl 2015, 46-60). Pozdější výbojný a pirátský způsob života, díky kterému se tyto kmeny dostávaly do nejrůznějších forem kontaktu s expandující římskou říší na hranicích podél Rýna a především v Británii, se zcela jistě musel odrazit v šíření celé řady tamních Y-DNA linií, a to především haploskupiny R-U106, která je dodnes nejčastější v Německu, Nizozemsku a Británii (Hay 2017, online, FamilyTreeDNA Discover, online). Mezi nimi svou jistě minoritní část tvořily zřejmě i linie haploskupiny I-Y4197+. Mimořádně nápadný a náhlý rozkvět do celé řady dalších větví představuje zejména bezprostředně navazující mutace I-Y4252 (Y4197>Y4252), jež vznikla asi před 2150 lety (+/- 350) s nejmladším předkem narozeným asi před 2050 lety (+/- 350) (FamilyTreeDNA Discover, online).

Stojí za pozornost, že vznik a expanze více než stovky větví



Obr. 4. Schéma fylogenetického stromu dosud zjištěných větví Y-DNA haploskupiny I-L233 (cca 4350 BC); vlevo pod mutací I-Y4252 je patrné náhlé rozvětvení na počátku letopočtu; autorovi článku náleží místo uprostřed třetí větve zleva (Zdroj: SAPP. Still Another Phylogeny Program, online).

I-Y4252+ (obr. 4) se časově kryje s rozšířením velmi efektivních lodí s tzv. klinkerovou obšívku (tedy od kýlu postupně překrývaným prkenným obložím), což byla velmi významná inovace, která urychlila kontakty v oblasti Severního a Baltského moře (a později, ve vikingské době, umožnila obchodní, kulturní a genetické výměny na ještě mnohem delší vzdálenosti).

Je tedy pravděpodobné, že mimo jiné i právě tato technologická inovace vedla k šíření a nárůstu nových větví pod I-L233+ (Clement, 2022a, online). Zdrojem dnešní relativní početnosti nejrůznějších větví haploskupiny I-L233 v Británii tak pravděpodobně stojí pirátské nájezdy různých germánských kmenů na britské a galské pobřeží v prvních stoletích



letopočtu, od 2. poloviny 3. století najímání germánských vojáků do římských legií na ochranu Británie jako tzv. foederati a konečně anglosaská expanze (jež však zahrnovala i Fríso), která v 5. století zbytky keltsko-římské Británie definitivně vyvrátila (Todd 1999, 204-213; srov. Bednařiková 2013, 257-261). Ačkoli starší názory chápaly toto podmanění Británie (oproti tvrzení nejstarších písemných pramenů) jako asimilaci a akulturaci prostřednictvím menšinových elitních skupin bojovníků, a nikoli tedy masivní migraci vedoucí k prudké populační změně (Gretzinger et al. 2022, 112; srov. Rutherford 2021, 128), nejnovější analýzy celého genomu ukazují, že genetický otisk, který v 5. století do současné populace Anglie přinesla anglosaská expanze z oblasti Nizozemí, Německa a Dánska, byl skutečně masivní. Starší studie s velmi malým počtem vzorků uváděla průměrně 38% tohoto kontinentálního dědicství ve východní Anglii (dle různých regionů v rozmezí mezi 25% a 50%) a 30% ve Walesu a Skotsku (Schiffels et al. 2016, 3), nejnovější studie s celkem 460 vzorky (z toho 278 z Anglie) dospěla až k 76%, byť s velkým rozdílem v různých regionech i variabilitou v rámci jednotlivých nalezišť (Gretzinger et al. 2022, 112). Ačkoli nešlo výhradně o mužské dobyvatele a součástí této expanze byly i ženy, jež se s původním obyvatelstvem mísily stejnou měrou jako muži (ibid, 116, 118), dostala se v této době do Anglie řada nových Y-DNA linií z nizozemského, německého a dánského pobřeží Severního moře, ale i západních oblastí Baltu – především R1b-U106 a R1a-M420, ale také I1-M253 a I2-L460 (ibid, 116).

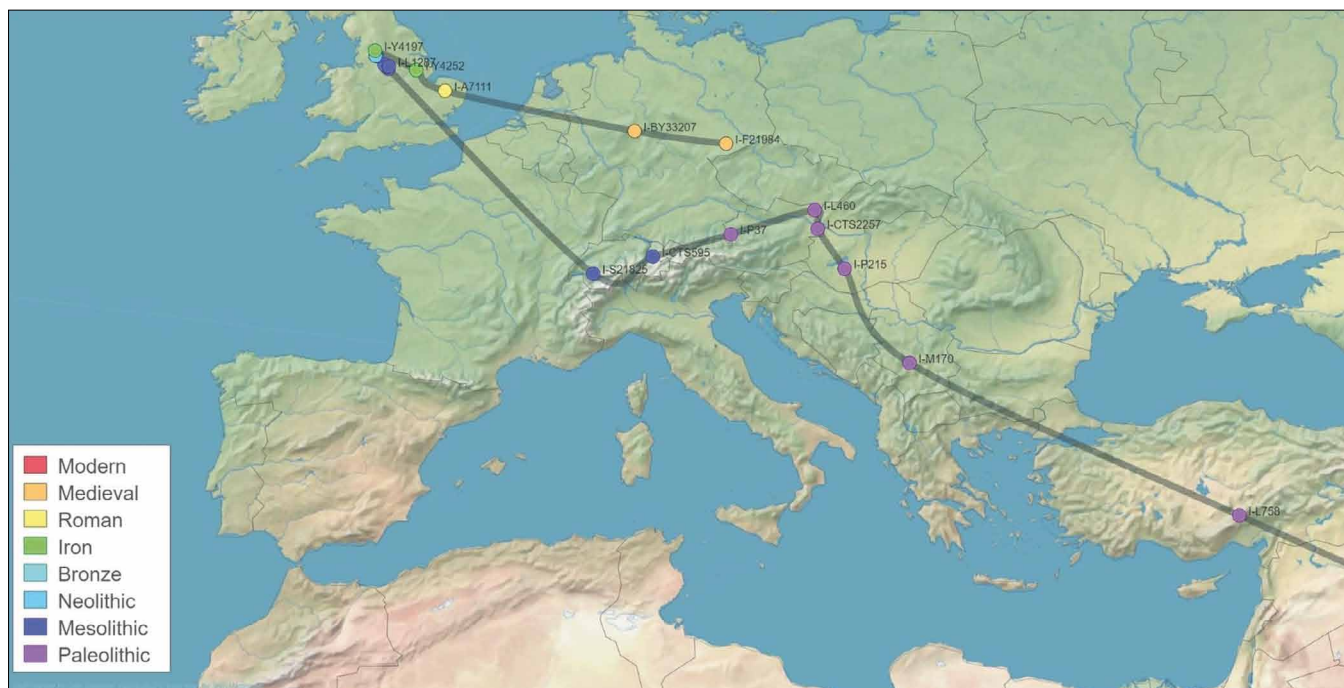
Dva z těchto starých vzorků patří k haploskupině I-L233+. Jeden vzorek pochází z pohřebiště v Lakenheathu v anglickém Suffolku (ID LAK006) s větví I-Y4252 (po upřesnění I-A19485). Jde o anglosaského válečníka z 5. až 7. století, který zemřel v mladém věku a z jeho hrobové výbavy se dochoval hrot kopí, nůž, štítová puklice, keramická nádoba a spona. Druhý vzorek pochází z nizozemského Groningenu (ID GRO002) a patří muži, který s mutací I-FT3139 (po upřesnění I-Y4252) žil mezi 8. až 10. stoletím, tedy v době, kdy bylo původně nezávislé Fríské království ovládnuto Franskou říší. Raně středověký Groningen byl venkovskou osadou, která se v 9. století díky své strategické poloze na hranici fríských pobřežních oblastí začala stávat velice významným tržištěm a střediskem dálkového obchodu. Ten později zasahoval až do dnešní Skandinávie a Ruska. Autozomální analýza obou vzorků vykazuje 100% podíl kontinentálního původu z oblasti severu střední Evropy a tedy žádné stopy ostrovního původu z doby bronzové (Gretzinger et al. 2022; srov. FamilyTreeDNA Discover, online). První vzorek dokládá minoritní, avšak průkazné zastoupení linie I-L233 v době anglosaské expanze, druhý vzorek současně ukazuje, že někteří nositelé mutace I-L233 součástí této masivní migrace do Británie nebyli a zůstali na kontinentu. Oba tyto vzorky odpovídají předpokládanému ohnisku větví L233+ v oblasti Waddenského moře, především dnes nejrozšířenější větve I-Y4252.

Anglosaská expanze však nebyla poslední událost, která proměnila populaci v Británii a není tedy jedinou možností výkladu, jak se sem mohly linie I-L233+ rozšířit. Určitý, i když v porovnání s anglosaskou expanzí menší genetický otisk za-

nechaly též pozdější vikingské nájezdy v 9. až 11. století (Rutherford 2021, 129-130) a především normanské dobytí Británie v roce 1066. Tento druhý případ je prokázán u skotského šlechtického rodu Lindsay. Všichni nositelé tohoto příjmení (dnes rozšíření nejvíce ve Skotsku, Anglii, Irsku a USA) mají poslední společnou nadřazenou haploskupinu I-FT11343, (jde o odlišnou větev I-L233+ než nejpočetnější I-Y4252), a sdílejí tedy posledního společného předka asi před 1000 lety (FamilyTreeDNA Discover, online). To se pozoruhodně shoduje s dalšími zdroji informací. Genealogicko-heraldický průzkum totiž ukázal, že tento rod přišel do Británie z Flander spolu s Normany. Vlámský vévoda Gilbert de Ghent (1048-1095) byl příbuzným manželky Viléma I. „Dobyvatele“ a v bitvě u Hastingsu v roce 1066 jej podpořil svojí vojenskou jednotkou proslulých vlámských pěších kopiníků (Gravett 2008, 15, 75). Za tyto své služby pak obdržel rozsáhlé državy u Lincolnu a přilehlou oblast Lindsey. Jeho potomci se pak psali «de Lindsay» a v úzké spolupráci (následně i v příbuzenském vztahu) s králem Davidem I. Skotským se později usídlili ve Skotsku, kde už se z přízviska stalo příjmení Lindsay (Lindsay 2016, online). Není bez zajímavosti, že řada britských příjmení (a některých britských nositelů I-L233+) skutečně prozrazuje spíše vlámský než anglosaský jazykový původ (Irvine – Fleming 2012, online; Mason – Fleming 2019).

Šíření větví I-L233+ v období raného středověku významně dokládá i zatím nejmladší ze starých vzorků této haploskupiny (ID VK22), který patří do větve I-A8462 (Margaryan et al. 2020; Quiles, online). Jde o muže, který byl pochovaný už podle křesťanského ritu asi v polovině 11. století na vikingském pohřebišti v obci Staraja Ladoga poblíž kostela sv. Klementa v severozápadním Rusku. Ve středověku se v Ladožské oblasti kolem řeky Volchov (jako jedné z hlavních cest spojujících Skandinávii s Černým mořem a východní částí Římské říše) rozvinulo významné obchodní impérium vikingské doby. Na základě porovnání hodnot stroncia a také výskytu současných nositelů zjištěné haploskupiny je patrné, že tento muž, podobně jako ostatní jedinci na tomto pohřebišti, nebyl místní, avšak na rozdíl od nich nepocházel ze Švédska, nýbrž buď z Gotlandu, nebo pravděpodobněji z Británie, kde se tato haploskupina dnes téměř výhradně vyskytuje. To by dokládalo obousměrné kontakty mezi Británií, Švédskem a Pobaltím i ve vikingské době a šíření mladších větví haploskupiny I-L233+ po moři (Clement 2022c, online).

Podle dosavadního stavu poznatků a testů provedených u společnosti Family Tree DNA k datu dokončení článku má Y-DNA haploskupina I-L233 momentálně 155 dalších větví z doby od prvních staletí našeho letopočtu až po současnost a nese ji 522 testovaných mužů (Y-DNA Haplotree, online). Podíváme-li se na tvar jejího současného fylogenetického stromu, vidíme, že I-L233, následovaná mutací I-FT3139, má dvě bezprostředně podřazené větve – izolovanou I-FT251097 (tu tvoří několik příbuzných rodin ze Skotska) a naopak velmi rozvětvenou I-Y4197. Ta má pod sebou také dvě bezprostředně podřazené větve, a to I-A8462 (s dalšími 48 větvemi a 87 nositeli), která se výjimkou jediného původu z oblasti Německa vyskytuje výhradně v Británii a Irsku (sem patří jak vikingský starý



Obr. 5. Hrubá a přibližná cesta předků otcovské linie podle zjištěných Y-DNA mutací přes I-L233 až k mutaci I-F21984; algoritmus vyhodnocuje původ současných nositelů těchto mutací a nálezy starých vzorků; cesta přes Británii je patrně zkreslení způsobené výraznou převahou zde provedených Y-DNA testů (Zdroj: SNP Tracker, online).

vzorek, tak i hojně testovaný rod Lindsay), a již zmiňovanou a nejrozšířenější Y4254 (s anglosaským a fríským vzorkem, 101 současnými větvemi a 189 nositeli), jež se vyskytuje jak v Británii a Irsku, tak i v kontinentální Evropě, a to především v Německu, Nizozemí, Francii a Švédsku. V nižších počtech ji najdeme i v Belgii, Dánsku, ale také v Polsku a Česku. Jeden vzorek pochází z Chorvatska a také Itálie (I2a Y-Haplogroup Project, online).<sup>17</sup> V žádné z těchto oblastí (tedy včetně Británie s největším počtem testů) však nepřesahuje 1% testovaných mužů, takže i po nebyvalém rozkvětu v době římské jde stále o poměrně vzácnou a minoritní Y-DNA haploskupinu, jež představuje jednu ze zachovalých genetických linií původních západoevropských lovců a sběračů (WHG). Asi nejlepší představu o časovém větvení I-L233 a geografickém původu jejich nositelů včetně vyznačených starých vzorků poskytuje nástroj Time Tree na FamilyTreeDNA Discover (I-L233 Time Tree, online).

### CESTA I-L233 DO STŘEDNÍ EVROPY

Závěrem můžeme nabídnout jednu z možných hypotéz, jak se vlastně I-L233+ z oblasti severozápadního pobřeží střední Evropy dostala do středoevropského vnitrozemí, a tedy

<sup>17</sup> Do vzdálených jižních částí Evropy se tato Y-DNA linie mohla dostat např. v době Sicilského hrabství založeného Normany v 11. století nebo s navazujícími křížovými výpravami, ale možná i podstatně dříve v souvislosti s námezdními vojáky, jak jsme viděli výše.

i k prozatím třem nositelům původem z Česka<sup>18</sup>. Autor tohoto článku s otcovskou linií původem z Podkrkonoší (Erban 2021) nese zatím poslední Y-DNA mutaci I-F21984, jež je jednou z mnoha větví v rámci I-L233 nejrozšířenější linie I-Y4252 (obr. 5). Poslední společný předek této větve se podle mutačních propočtů narodil nejpravděpodobněji kolem roku 1200. Do bezprostředně nadřazené větve (I-BY33207) se společným předkem zhruba z poloviny 9. století patří tři Američané, z nichž jeden má původ své otcovské linie v Polsku a druzí dva svůj původ neznají, ale podle jejich příjmení jde pravděpodobně o Německo a Británii. Do bezprostředně podřazené větve (I-FTC75100) patří dva bratři, též Američané s původem z Německa (FamilyTreeDNA Discover, online; I2a Y-Haplogroup Project, online). Co z toho lze v kombinaci s historickými poznatky odvodit?

Začneme tam, kde jsme ve svém historickém výkladu o původu a šíření větvi I-L233 skončili. Dosud poměrně autonomní fríské a saské oblasti Waddenského moře byly v 8. století začleněny do Franské říše. Spolu s budováním obchodních osad jako středisek dálkového obchodu začíná celá oblast těžit ze své výhodné polohy mezi Franskou říší, Skandinávií a východní Evropou, protože tudy nejen proudí luxusní zboží, ale také se odtud vyváží sůl, která se vyrábí pálením solných drnů. Rychlý růst populace umožněný prosperitou celé oblas-

<sup>18</sup> Databáze Family Tree DNA obsahuje k datu dokončení článku dva nositele této haploskupiny původem z Česka (včetně autora článku), třetí nositel se u této společnosti netestoval a je zahrnutý pouze v české databázi Y-DNA vzorků, kde jsou haploskupiny odvozené pouze na základě STR markerů (Genebáze, online).



Obr. 6. Miniatura ze Saského zrcadla (kolem roku 1300) jako dobové vyobrazení "Ostsiedlung" – osadníci klučí les a stavějí domy, v klobouku lokátor, který nahore přijímá pověření od zeměpána, dole vykonává soudní pravomoc, Saxon State and University Library Dresden (Zdroj: Wikimedia Commons).

ti postupně vede v následujících stoletích ke kolonizaci a kultivaci dalších území, později už směrem od pobřeží. Od konce 12. století tu navíc z antropogenních příčin dochází k čím dále častějším útokům moře na pevninu, což má za následek katastrofální povodně v řadě zdejších oblastí (Bazelmans et al. 2012, 120-122). Patrně i to dává do pohybu či alespoň urychluje postupující velkou východní kolonizaci (tzv. Ostsiedlung). „Na východ chceme táhnout, na východ, na zelená vřesoviště“ (...). Tak a podobně si měli popěvovat vlámští sedláci, opouštějící stará bydliště a hledající štěstí i lepší živobytí na východě. Nebyli sami. K Labi a ještě dále mířily rodiny, celá příbuzenstva a sousedstva ze Saska, Frank, Porýní, Fríska i nizozemského přímoří. Vstupujeme na scénu tradičně, ač ne přesně a zcela šťastně označovanou jako německá kolonizace“ (Žemlička 2014, 61).

Tato kolonizace byla součástí celoevropské expanze, jež formovala Evropu už od raného středověku, avšak teprve od 12. století dochází k jejímu zrychlení. Za její počátek se považuje smlouva z počátku 12. století, v níž se skupina obyvatel dnešního Holandska zavázala brémsko-hamburskému arcibiskupovi Fridrichovi zkulturnovat zamokřenou půdu při ústí řeky Vezeru. Tito lidé, kteří tak opustili své domovy a vydali se 300 km na východ, měli k takovým melioračním a odvodňovacím podnikům samozřejmě potřebné zkušenosti. Tím se ohlašuje proces označovaný jako „holandská“ či „vlámská kolonizace“ (ibid, 66-67). Postupně se tímto směrem začali vydávat další Holanďané, Vlámové, Frísové, obyvatelé Vestfálska, k nimž se později přidávali sedláci ze Saska a Frank, a ti všichni (někdy přímo, jindy i v průběhu 2-3 generací) postupovali za Labe, za Odru, východním a jihovýchodním směrem, kde už kultivovali nejen zamokřené nížiny, ale také mýtili a zúrodnňovali výše položené lesní oblasti (obr. 6). Mnozí z nich pak na pozvání Přemysla Otakara II., církevních institucí (především klášterů) a šlechtických rodů dorazili ve 13. i do českých zemí



Obr. 7. Praděd autora článku za tkalcovským stavem kolem roku 1920 (Zdroj: archiv autora).

jako součást kolonizace, jež se v domácí literatuře tradičně označuje jako „velká“, „vrcholná“, „vnější“ či „německá“. Toto cílené osidlování se týkalo zvláště výše položených oblastí, mimo jiné západního a východního Podkrkonoší (Čechura – Felcman – Musil 2009, 323-333). O různém původu těchto kolonizačních proudů ještě donedávna vypovídala i specifická nářečí, jež se tu lišila a současně mísila (Beneš 2020, 41-42). Kromě početného zemědělského obyvatelstva ze Saska, Horní Lužice a Slezska k nám v tu dobu přichází i množství německých, vlámských a valonských obchodníků a řemeslníků, mezi nimi i tkalci z Flander. Soukeníci se usazují ve městech, pláteníci zabydlují spíše menší městečka a zejména podhorský venkov oblasti Podkrkonoší a Jeseníků, ale také Vysočinu, kde se velmi dobře dařilo lnu (Březinová 2007, 63). Území mezi Krkonošemi a Labem se dříve dokonce nazývalo «český Nýdrlant» (Horst 2005, 557), protože kontakty s Nizozemím se tu zejména přes tkalce a obchodníky s plátnem rozvíjely už od středověku (Flousek 2007, 503). Otcovská linie autora tohoto článku pochází z podkrkonošského Studence (obr. 7),

kde má výroba plátna natolik silnou tradici, že se odrazila i v dnes už zapomenutém přídomku „vesnice tkalců“ (Šorm 1925, 1926). Toto označení sice vzniklo asi až v poslední třetině 18. století, když se řada obyvatel začala předem a tkalcováním výhradně živit (Junek – Benešová 2000, 24), jistě však šlo o rozvinutí řemesla, které se tu podomácku provozovalo od podstatně starších dob (Jílek-Oberpfalcer 1946, 309-318). Ačkoli v jazykově smíšeném Podkrkonoší byl Studenec minimálně od doby, kam sahají písemné prameny, výhradně český (Junek – Benešová 2000, 24-25), jeho půdorys se staveními rozloženými v řadě podél hlavních cest a potoka, dříve s úzkými polnostmi vybíhajícími vzhůru do okolních svahů, prozrazuje založení na tzv. emfyteutickém právním základě (Flousek 2007, 397-398). Emfyteutické neboli „zákupné“ (či též „německé“) právo, které poskytovalo poddaným kromě jiných výhod možnost zakupu půdy do dědičné držby, přichází do českých zemí právě s touto kolonizační vlnou a teprve postupně se šíří i do převážně českého vnitrozemí (Tyllner 2014, 460). Vzhledem k tomu, že příjmení autora tohoto článku znamená „potomek“ či „dědic“ ve významu „dědičný vlastník“ (Moldanová 2015, 47; Beneš 2020, 309) a jde o počestěné nebo krkonošským nářečím modifikované jméno německého původu (Beneš 2020, 159), nabízí se velice spekulativní, i když lákavá hypotéza, jestli i toto příjmení nemůže nějakým způsobem souviset s emfyteutickou kolonizací Podkrkonoší. První „příjmi“ neboli přízviska, z nichž teprve později vznikají trvalejší dědičná příjmení, se v našich zemích objevují sice až ve 14. století, ve venkovském prostředí ještě později (Moldanová 2015, 7-10), přesto ale nelze vyloučit u některých z nich (např. těch, které vyjadřují majetkové či právní poměry) starší tradici nebo alespoň setrvačnost označování rodinných poměrů ve vícegenerační paměti. Ostatně některá německá příjmi z doby kolonizace jsou doložena ještě z předhusitské doby (Beneš 2020, 43). Nápadná frekvence tohoto příjmení (spolu s častější a zřejmě i původní variantou Erben) ve východních Čechách a především Krkonoších (KdeJsmo, online), kde je dokonce ještě častější než v Německu (Forebears, online), by si však zasloužila samostatný a důkladnější průzkum, např. pomocí českého projektu „Genetika a příjmení“ (online). V každém případě, nejopatrnější a nejstřídmější hypotéza, jak se tato jedna konkrétní Y-DNA linie haploskupiny I-L233 dostala do Čech, zní, že mohla přijít pravděpodobně z Flander, Fríska, Saska nebo Slezska ve 13. století v souvislosti s kolonizační krkonošského podhůří a rozvojem tkalcovství.

### ZÁVĚR (ANEK STÁLE NA CESTĚ)

Pokusili jsme se při pátrání po původu a šíření jedné otcovské linie zjistit maximum možného a načrtnout dostatečně široký rámec možností, jež se nabízejí s jistou mírou pravděpodobnosti. Současně je ale třeba připustit, že pravděpodobnost nemusí být na cestě za svými předky zcela spolehlivým vodítkem. Ve skutečnosti mohlo jít o individuální či vícegenerační cestu – možná podstatně složitější, možná daleko jednodušší –, která se nemusí překrývat s žádnými archeologickými či

historicky zachycenými událostmi a migracemi. Celý tento článek tak nelze chápat jinak než jen jako přiblížení dosavadního stavu poznání v oblasti, která se v současnosti rozvíjí až příliš překotně na to, aby jej bylo možné uzavřít jakýmkoli tvrzením s konečnou platností. Dovolíme si proto zakončit citátem populačního genetika Davida Reicha, který pátrání po tom „kdo jsme a jak jsme se sem dostali“ shrnuje slovy, jež si i v budoucnosti jistě podrží svoji platnost: „V několika posledních letech genomová revoluce – urychlená a posílená starou DNA – odhalila, že lidské populace jsou navzájem spřízněné způsoby, které nikdo neočekával. Příběh, který se tak vynořuje, se liší od toho, co jsme se jako děti učili ve škole, nebo od populární kultury. Je plný překvapení: rozsáhlých mísení původně rozrůzněných populací; naprostých populačních výměn a expanzí; a prehistorických populačních dělení, které se neodvíjely podle populačních rozdílů, jež existují dnes. Je to příběh o tom, že naše vzájemně propojená lidská rodina vznikla bezpočtem způsobů, o kterých se nám dosud ani nesnilo“ (Reich 2019, 22). Snad i tento článek prokázal, že „snění o vlastním původu“ nemusí být založené pouze na komerčně zneužitelných dezinterpretacích, mýtech a omylech, ale též určité míře interpretační opatrnosti.

### PODĚKOVÁNÍ

Za možnost setrvale se učit, držet krok s aktuálním stavem poznání a tříbit poznatky v diskuzi autor děkuje výzkumné platformě *Y2a Haplogroup-Y Project*, české facebookové skupině *Genetická genealogie* a mezinárodním skupinám *Y-DNA Haplogroup I, Subclade I2a1 (L460+)*, *YFull a FTDNA Big Y \* YSEQ \* YFULL \* FGC - NGS Discussion Forum*.

### LITERATURA

- Anthony, David W. (2007): *The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World*. Princeton and Oxford: Princeton University Press.
- Bazelmans, Jos et al. (2012): Understanding the cultural historical value of the Wadden Sea region. The co-evolution of environment and society in the Wadden Sea area in the Holocene up until early modern times (11,700 BCE-1800 AD). An outline. *Ocean & Coastal Management*, 68, 114–126. (online). <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0964569112001238>
- Bednaříková, Jarmila (2013): *Stěhování národů*. Praha: Vyšehrad.
- Beneš, Josef (2020): *Německá příjmení u Čechů*. Praha: Agentura Pankrác.
- Bennett, E.Andrew et al. (2019): The origin of the Gravettians: genomic evidence from a 36,000-year-old Eastern European. bioRxiv: The Preprint Server for Biology. (online). <https://doi.org/10.1101/685404>
- Bettinger, Blaine T. (2019): *The Family Tree Guide to DNA Testing and Genetic Genealogy*. New York: Family Tree Books / Penguin Random House.
- Bortolini, Eugenio et al. (2021): Early Alpine occupation backdates westward human migration in Late Glacial Europe. *Current Biology* 31(11), 2484–2493. (online). <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.078>
- Bouzek, Jan (2013): *Vznik Evropy*. Praha: Triton.
- Březinová, Helena (2007): *Textilní výroba v českých zemích ve 13. – 15. století. Poznání textilní produkce na základě archeologických nálezů*. Praha: Univerzita Karlova, Filozofická fakulta.
- Clement, John (2022a): I-Y33765 and other Baltic Sea branches of I-Y4252. *A Viking Age Y-DNA marker from Sweden*. (online). <https://y33765.blogspot.com/2022/04/i-y33765-and-other-baltic-sea-branches.html>

- Clement, John (2022b): I-Y33765 and ancient DNA - Spiginas 1. A Viking Age Y-DNA marker from Sweden. (online). <https://y33765.blogspot.com/2022/05/i-y33765-and-ancient-dna-spiginas-1.html>
- Clement, John (2022c): I-Y33765 and ancient DNA - 5680-13 (VK22). A Viking Age Y-DNA marker from Sweden. (online). <https://y33765.blogspot.com/2022/06/i-y33765-and-ancient-dna-5680-13-vk22.html>
- Čechura, Jaroslav – Felcman, Ondřej – Musil, František (2009): *Dějiny východních Čech v pravěku a středověku (do roku 1526)*. Praha: Nakladatelství Lidové noviny.
- Erban, Vít (2021): Genetická odysea jednoho rodu Erbanů. *Genealogické a heraldické listy*, XLI(2), 38-40.
- Flousek, Jiří a kol. (2007): *Krkonoše. Příroda, historie, život*. Praha: Baset.
- Fu, Qiaomei et al. (2016): The genetic history of Ice Age Europe. *Nature*, 534, 200–205. (online). <https://doi.org/10.1038/nature17993>
- Gretzinger, Joscha et al. (2022) The Anglo-Saxon migration and the formation of the early English gene pool. *Nature*. (online). <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05247-2>
- Gravett, Christopher (2008): *Hastings 1066. Pád anglosaské Anglie*. Praha: Grada.
- Hay, Maciamo (2017): European Prehistory, Anthropology & Genetics. *Eupedia*. (online). <https://www.eupedia.com/genetics/>
- Horst, Han van der (2005): *Dějiny Nizozemska*. Praha: Nakladatelství Lidové noviny.
- Irvine, James M. (2021): Y-DNA SNP-Based TMRCA Calculations for Surname Project Administrators. *Journal of Genetic Genealogy*, (9)1, 1-23. (online). <https://jogg.info/wp-content/uploads/2021/12/91.007-Article.pdf>
- Irvine, John – Fleming, Alex (2012): *The Flemish People in Scotland – A Family and Local History Project Based on Flemish Surnames*. (online). <https://blog.britishnewspaperarchive.co.uk/2012/08/14/the-flemish-people-in-scotland-a-family-and-local-history-project-based-on-flemish-surnames/>
- Jílek-Oberpfalcer, František (1946): *Jak žili naši otcové. Mezi písmáky pod Krkonošemi*. Vrchlabí: Nákladem Josefa Krbala.
- Jones, Eppie R. et al. (2015): Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians. *Nature Communications*, 6. (online). <https://doi.org/10.1038/ncomms9912>
- Junek, Petr – Benešová, Irena (2000): *Povídání o Studenci a Zálesní Lhotě*. Studenec: Obecní úřad ve Studenci.
- Kivisild, Toomas (2017): The study of human Y chromosome variation through ancient DNA. *Hum Genet*, 136(5), 529–546. (online). <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1773-z>
- Krause, Johannes – Trappe, Thomas (2022): *A Short History of Humanity. A new history of Old Europe*. New York: Random House.
- Künzl, Ernst (2015): *Germáni. Tajemné národy ze severu*. Praha: Vyšehrad.
- Lindsay, Diarmid F. (2016): “The Lightsome Lindsays” – Roots and Branches. University of St Andrews. (online). <https://flemish.wp.st-andrews.ac.uk/2016/01/29/the-lightsome-lindsays-roots-and-branches/>
- Manco, Jean (2018): *Ancestral Journeys. The peopling of Europe from the First Venturers to the Vikings*. London: Thames & Hudson.
- Margaryan, Ashot et al. (2020): Population genomics of the Viking world. *Nature*, 585, 390–396. (online). <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- Mason, Roger – Fleming, Alexander, eds. (2019): *Scotland and the Flemish People*. Edinburgh: John Donald Publishers.
- McDonald, Ian (2021): Improved Models of Coalescence Ages of Y-DNA Haplogroups. *Genes*, (6)12, 1-28. (online). [https://www.researchgate.net/publication/352149676\\_Improved\\_Models\\_of\\_Coalescence\\_Ages\\_of\\_Y-DNA\\_Haplogroups](https://www.researchgate.net/publication/352149676_Improved_Models_of_Coalescence_Ages_of_Y-DNA_Haplogroups)
- Mittnik, Alissa et al. (2018): The genetic prehistory of the Baltic Sea region. *Nature Communications*, 9. (online). <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>
- Moldanová, Dobrava (2015): *Naše příjmení*. Praha: Agentura Pankrác.
- Olalde, Iñigo et al. (2019): The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years. *Science* 363(6432), 1230-1234. (online). <https://www.science.org/doi/10.1126/science.aav4040>
- Papac, Luka et al. (2021): Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe. *Science Advances*, 35(7). (online). <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.abi6941>
- Patterson, Nick et al. (2022): Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age. *Nature*, 601, 588–594. (online). <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04287-4>
- Reich, David (2019): *Who We Are and How We Got Here. Ancient DNA and the New Science of the Human Past*. Oxford: Oxford University Press.
- Reitsema, Laurie J. et al. (2022): The diverse genetic origins of a Classical period Greek army. *PNAS* 119(41). (online). <https://www.pnas.org/doi/full/10.1073/pnas.2205272119>
- Rutherford, Adam (2021): *Stručné dějiny každého z nás*. Voznice: Leda.
- Schiffels, Stephan et al. (2016): Iron Age and Anglo-Saxon genomes from East England reveal British migration history. *Nature Communications*, 7. (online). <https://doi.org/10.1038/ncomms10408>
- Schlette, Friedrich (1977): *Germáni mezi Thorsbergem a Ravennou. Kulturní dějiny Germánů do konce doby stěhování národů*. Praha: Orbis.
- Soukup, Václav (2015): *Prehistorie rodu Homo*. Praha: Karolinum.
- Svoboda, Jiří A. (2016): *Dolní Věstonice – Pavlov*. Praha: Academia.
- Svoboda, Jiří A. (2017): *Předkové. Evoluce člověka*. Praha: Academia.
- Sykes, Bryan (2004): *Sedm dcer Eviných. Pramátky Evropanů*. Praha: Paseka.
- Šorm, Antonín (ed.) (1925-1926): *Vesnice tkalců. Vlastivědný sborníček podkrkonošské obce Studence u Jilemnice I-II*. Nákladem vlastním.
- Teschler-Nicola, Maria et al. (2020): Ancient DNA reveals monozygotic newborn twins from the Upper Palaeolithic. *Communications Biology*, 650(3). (online). <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01372-8>
- Todd, Malcom (1999): *Germáni*. Praha: Nakladatelství Lidové noviny.
- Tyllner, Lubomír (ed.) (2014): *Velké dějiny země Koruny české. Tematická řada, Lidová kultura*. Litomyšl: Paseka.
- Vance, David (2020): *The Genealogist's Guide to Y-DNA Testing for Genetic Genealogy*. Independently published.
- Vaněk, Daniel a kol. (2016): *Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií*. Praha: Forenzní DNA servis.
- Walker, James et al. (2020): A great wave: the Storegga tsunami and the end of Doggerland? *Antiquity* 94(378), 1409-1425. (online). [https://www.researchgate.net/publication/346522800\\_A\\_great\\_wave\\_the\\_Storegga\\_tsunami\\_and\\_the\\_end\\_of\\_Doggerland](https://www.researchgate.net/publication/346522800_A_great_wave_the_Storegga_tsunami_and_the_end_of_Doggerland)
- Wells, Spencer (2005): *Adam a jeho rod. Genetická odysea člověka*. Praha: Argo.
- Y-DNA Haplotype Reaches 50,000 Branches, a Milestone for Genealogy. *FamilyTreeDNA Blog*. (online). <https://blog.familytreedna.com/y-dna-haplotype-reaches-50000-branches/>
- Žemlička, Josef (2014): *Království v pohybu. Kolonizace, města a stříbro v závěru přemyslovské epochy*. Praha: Nakladatelství Lidové noviny.

## INTERNETOVÉ DATABÁZE A NÁSTROJE

- Allen Ancient DNA Resource (AADR): *Downloadable genotypes of present-day and ancient DNA data*. David Reich Lab. (online). <https://reich.hms.harvard.edu/allen-ancient-dna-resource-aadr-downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data>
- BritainsDNA haplogroup nicknames. ISOGG (International Society of Genetic Genealogy). (online). [https://isogg.org/wiki/BritainsDNA\\_haplogroup\\_nicknames](https://isogg.org/wiki/BritainsDNA_haplogroup_nicknames)
- FamilyTreeDNA Discover (Beta). (online). <https://discover.familytreedna.com/>
- Forebears: Names & Genealogy Resources. (online). <https://forebears.io/>
- Genebáze: Česká Y-DNA. (online). <https://www.genebaze.cz/>
- Genetika a příjmení. (online). <https://gap.genebaze.cz/>
- I2a Y-Haplogroup Project. (online). <https://www.familytreedna.com/groups/i-2a-hap-group/about>
- I-L233 Ancestral Path. FamilyTreeDNA Discover. (online). <https://discover.familytreedna.com/y-dna/I-L233/path>
- I-L233 Time Tree. FamilyTreeDNA Discover. (online). <https://discover.familytreedna.com/y-dna/I-L233/tree>
- Kdejsme. Četnost příjmení nebo jména v České republice. (online). <https://www.kdejsme.cz>.
- mtDNA Haplotype. FamilyTreeDNA. (online). <https://www.familytreedna.com/public/mt-dna-haplotype>
- MTree. YFull. (online). <https://www.yfull.com/mtree/>
- Quiles, Carlos: Ancient Y-DNA and mtDNA. *Indo-European.eu: Languages, Cultures & Peoples*. (online). <https://indo-european.eu/ancient-dna/SAPP.Still.Another.Phylogeny.Program>. Developed by David Vance. (online). <https://www.jdvsite.com/>

*SNP Tracker. Tracking Back: a website for genetic genealogy tools, experimentation and discussion.* Developed by Rob Spencer. (online). <http://scale-dinnovation.com/gg/snpTracker.html>

*Y Heatmap Diversity (Beta). A Relative Diversity Map for Y Haplogroups.* Developed by Hunter Probyn and Thomas Krahn. (online). <https://phylogeographer.com/scripts/diversitymap.php>

*Y-DNA Haplotree.* FamilyTreeDNA. (online). <https://www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree>

*Y-DNA Haplogroup Tree 2019-2020.* ISOGG (International Society of Genetic Genealogy). (online). <https://isogg.org/tree/index.html>

*YTree. YFull.* (online). <https://www.yfull.com/tree/>