

Gdzie podziiali się Germanie?

23 marca 2012

W szkole uczono nas, że Europę Środkową zamieszkiwali kolejno Celtowie, Germanie, Słowianie i ludy ugrofińskie na północy i na Węgrzech. Że były wędrówki ludów i najazdy Wandalii i Hunów. Dziś już to wszystko nie wydaje się takie proste.

Dawniej wiedzą o pochodzeniu człowieka zajmowali się archeolodzy i paleoantropolodzy. Grzebali w ziemi, odnajdywali ślady wpływu człowieka na otoczenie, jakieś wzniesienia lub inną niż okoliczna szatę roślinną, wykopywali skamieniałe kości i narzędzia, porównywali z artefaktami z innych stanowisk i na podstawie podobieństw określali kultury i czas, w jakim one trwały. Ustalając chronologię opierali się na kolejności warstw, w jakich odnajdywali poszczególne szczątki, później wynaleźli datowanie węglowe, ustalając zasięg występowania danego ludu i jego wędrówki opierali się na podobieństwach wytworów i zachowań, a dla czasów nam nieco bliższych poszukiwali informacji w najstarszych znanych dokumentach pisanych. Systematycznie tworzyli w miarę spójny obraz przeszłości człowieka i wiedli spokojny żywot przerywany tylko gwałtownymi sporami naukowymi nad nowym wygrzebanym eksponatem, burzącym nieraz dotychczasowe ustalenia. Spór ucichał, gdy nowe znalezisko udawało się umieścić w odpowiednim miejscu i czasie, ale czasem rodziły się takie rozbieżności, że powstawały nowe hipotezy, a środowisko archeologów dzieliło się na różne nurty.

Ten ich względnie jednak spokojny żywot zakłócili naukowcy, reprezentujący zupełnie inną, wręcz nowoczesną dziedzinę nauki – genetycy. Doszli oni do wniosku, że genetyka może powiedzieć o naszym pochodzeniu znacznie więcej niż wygrzebywane przez archeologów eksponaty. Wzbudziło to początkowo duży protest środowiska, ale z czasem wielu naukowców obu dyscyplin podjęło owocną współpracę.

PRAMATKA EWA

Pierwszą wielką awanturę w świecie historyków wywołała teoria mitochondrialnej Ewy. Otóż genetycy doszli do wniosku, że na podstawie średniej prędkości mutacji DNA można wyliczyć, kiedy żył przodek wszystkich obecnie żyjących ludzi. Ponieważ obliczenia oparte na całym DNA były zbyt skomplikowane z powodu ilości genów, oparto się na mtDNA, czyli DNA mitochondrialnym. Mitochondria to jedyne organelle komórkowe posiadające własny materiał genetyczny, odmienny od DNA jądrowego, dziedziczony u ludzi tylko po linii żeńskiej – dlatego obliczenia oparte na mtDNA wskazały tylko pramatkę obecnie żyjących ludzi, symbolicznie nazwaną mitochondrialną Ewą. Badania te początkowo wykazały, że ludzkość jest znacznie młodsza niż to określali dotychczasowi znawcy tematu, a rozbieżność w datowaniu wynosiła około 60 tys. lat (wg niektórych badań nawet więcej), co było oczywiście nie do przyjęcia dla archeologii i stanowiło dla wielu doskonały pretekst do dyskredytacji nowej metody. Na szczęście znaleźli się ludzie, którzy uznali, że warto przeprowadzić analizę badania i dojść powodu rozbieżności. Koniec końców sprawa skończyła się ujednoznacznieniem wyników m.in. dzięki hipotezie wąskiego gardła populacji, potwierdzonej i przez genetyków w formie porównania zmienności genetycznej ludzi, jak i przez archeologów poprzez odnalezienie fizycznych śladów wielkiej katastrofy, jaka zdziesiątkowała nasz gatunek. Genetyka wykazała swoją przydatność w odkrywaniu tajemnic przeszłości i stała się coraz częściej wykorzystywanym narzędziem w archeologii.

Nieco później pojawił się inny temat poruszający już nie tylko wąską grupę naukowców, ale całe narody określające się jako potomkowie plemion germańskich – haplogrupy.

NASZA SZKOLNA WIEDZA HISTORYCZNA...

Zacznijmy jednak od wiedzy historycznej, czyli wiadomego i opisanego przez starożytnych stanu Europy w VI-VII w. Cóż w

tych sprawach wiemy? Dużą część Europy, od Łaby po bezkresy wschodu, prawie od Bałtyku (bo musimy pamiętać o pasie nadbałtyckim zamieszkanym przez ludy bałtyjskie) po Cesarstwo Bizantyjskie zamieszkują Słowianie. Pas od Skandynawii przez średniowieczną Saksonię (ziemie na zachód od Łaby, dziś to Brema, Dolna Saksonia i Nadrenia Północna) po Bawarię zajmują m.in. Goci, Anglowie i Sasi, Turyingowie i Bawarowie (w VIII w. dostaną się pod panowanie Karola Wielkiego). Dalej na zachód rozciąga się państwo Franków zamieszkane przez różne ludy germańskie.

Germanie w swej ekspansji na zachód wyparli Celtów, którzy znaleźli swe miejsce na Wyspach Brytyjskich, a ich ostatnim bastionem na kontynencie jest jeszcze Bretania. Zaś po inwazji na Wyspy Brytyjskie Sasów i Anglów Celtowie odsunęli się do Walii, Szkocji i Irlandii.

W późniejszym okresie (aż do XII w.) Sasi i Bawarowie tworzący już z innymi ludami Królestwo Niemieckie przy współdziałaniu książąt polskich i w mniejszym stopniu czeskich, przejmują kontrolę nad Słowianami Zachodnimi zamieszkującymi od Łaby po Odrę narzucając im swą władzę i język.

Na koniec, wojownicze ludy ugrofińskie najeżdżają kilkakrotnie Europę, w X wieku próbują podbić nawet niemiecką Bawarię, ostatecznie zajmują tereny dzisiejszych Węgier, Estonii i Finlandii.

HAPLOGRUPY CHROMOSOMU Y

Haplogrupą nazwano zestaw haplotypów, czyli sekwencji alleli (allel – jedna z dwóch wersji genu) sprzężonych ze sobą i przekazywanych wspólnie. Rodzaj i tempo mutacji pozwoliły nie tylko na wyodrębnienie różnych haplogrup u obecnie żyjących, ale także na wskazanie czasu ich powstania. Dzięki temu można śledzić pokrewieństwa i migracje populacji.

Tym razem genetycy zabrali się za informacje przekazywane po linii męskiej, czyli z ojca na syna, bo tak przekazywany jest

chromosom Y. Haplogrupy chromosomu Y oznaczane są wielkimi literami, a kolejne podziały liczbami i małymi literami. Badając przedstawicieli ludności Europy stwierdzono, że najliczniej występują w niej dwie haplogrupy: R1a (najczęstsza wśród Słowian i Bałtów) oraz R1b (Italo-Celtowie i ludy germańskie). Do grup ważnych dla Europy należy wymienić jeszcze N1c1 (ludy ugrofińskie i północnosyberyjskie) oraz I1 (powstała w populacji zamieszkującej Jutlandię i Skandynawię). W Europie występują jeszcze inne haplogrupy, jednak ze względu na tematykę tego tekstu nie będę ich omawiać.

HAPLOGRUPA R1A

Poznawanie haplogrup zaczniemy od chyba dla nas najciekawszej, bo nosi ją ponad 50% obywateli naszego kraju, jak i krajów sąsiednich. Mutacja pojawiła się około 21 tys. lat temu na terenach południowej Rosji. Na naszych terenach jej przedstawiciele to kultura ceramiki sznurowej 3300 – 2500 lat p.n.e. Ekspansja tej haplogrupy związana jest z udomowieniem konia na stepach Eurazji. Ludność ta była na tyle ekspansywna, że dziś stanowi ponad 20% populacji tak oddalonych obszarów jak zachodnia część Skandynawii i Islandia.

HAPLOGRUPA R1B

Mówiąc o tej haplogrupie należy wspomnieć dzieje Europy z okresów V-VIII w. Dotychczasowa historia opisywała ten czas jako ekspansję ludów germańskich, które spychały Celtów na tereny dzisiejszej Brytanii, Walii, Szkocji. Ale porównajmy te informacje z częstotliwością występowania haplogrupy R1b na tych terenach. O ile w krajach dziś uważanych za germańskie (Niemcy, Austria, Szwajcaria) haplogrupa R1b występuje u 40-50% mieszkańców, o tyle w Irlandii, Szkocji, Walii, zachodniej Francji, gdzie mówimy o potomkach Celtów, występuje ona u około 80% mieszkańców. To grupa ewidentnie skojarzona z Celtami. I co ciekawe, jest to haplogrupa młodsza od R1a, bo pojawiła się około 20 tys. lat temu w okolicach Morza Kaspijskiego i centralnej Azji.

HAPLOGRUPA I1

Jako pre-germańską haplogrupę niektórzy chcą określić haplogrupę I1. Haplogrupa I jest to najstarsza haplogrupa Europy, występowała z bardzo dużym prawdopodobieństwem u przeważającej większości ludzi z Cro-Magnon. Tak samo najstarsze budowle megalityczne tworzyli ludzie z tą haplogrupą. Później, między 10 a 5 tys. lat temu w Jutlandii i Skandynawii wyizolowała się z niej haplogrupa I1. Jest to grupa dziś stosunkowo nieliczna. Praktycznie nosi ją 30-40% ludności w środkowej Skandynawii i na Islandii. W krajach historycznie określanych jako germańskie występowanie I1 odnotowuje się w zakresie 10-20%. Nie ulega wątpliwości, że to lokalna, skandynawska i stara mutacja mająca niewielkie znaczenie w dzisiejszej Europie i na pewno nie byli to ci Germanie, którzy mogliby podbijać rozwinięte cywilizacje takie jak Cesarstwo Rzymskie.

GDZIE SĄ WIĘC CI GERMANIE?

Powyżej przedstawiony sposób rozumowania i uzyskane wartości wskazywałyby wyraźnie, że nie było migracji ludów germańskich do Europy. Ludy, jakie przywykliśmy określać plemionami germańskimi to przemieszana ludność skandynawska I1, słowiańska R1a i celtycka R1b, którą połączyły wspólne interesy, wspólnota zamieszkiwanych terenów i wreszcie wspólny wódz, który poruszył ich do parcia na Rzym.

Jednak oddajmy głos obrońcom tezy, że Germanie wywodzą się od potomków starej europejskiej haplogrupy I1, której nosiciele zostali zastąpieni R1b. Jakie mają argumenty? Po pierwsze poligamia. Mężczyzna o wyższym statusie społecznym miał szansę spłodzić dzieci z większą liczbą kobiet. Indoeuropejczycy, którzy wnieśli do Europy zarówno udomowienie konia, jak i brąz, musieli uzyskać wyższy status materialny nad autochtoniczną grupą ludności I1, co zapewniało im więcej potomstwa. Po drugie w wyniku walk ginęli mężczyźni lokalnych ludów (gorzej uzbrojeni i mniej waleczni), co w połączeniu z

tym, że w grupie najeźdźców było zwykle więcej mężczyzn niż kobiet, tworzyło sytuację, w której po inwazji rodziło się więcej dzieci przybyszów niż dzieci ocalałych autochtonów. Po trzecie wskazują, że posiadacze R1b mogą wykazywać się większą predyspozycją do płodzenia chłopców w porównaniu do I1. O sukcesie rozprzestrzeniania się haplogrupy chromosomu Y decyduje sprawność plemnika niosącego chromosom Y. Jeżeli więc któraś z mutacji ograniczałaby sprawność tego plemnika w stosunku do niosącego chromosom X u mężczyzn z haplogrupą I1, prawdopodobieństwo spłodzenia przez takiego mężczyznę potomka męskiego byłoby mniejsze niż u nosicieli R1b.

Jednak ta linia obrony Skandynawii jako kolebki Germanów wykazuje, że I1 zarówno pod względem możliwości przekazywania genów, jak i cywilizacyjnym była recesywna. Tak więc ludność nosząca ten chromosom nie mogła być terytorialnie ekspansywna, czym wykazały się w historii ludy zwane Germanami.

Jednak jakby nie patrzeć, sukces tzw. ludów germańskich to okres, w skali genetyki, stosunkowo niedługi. Ostatecznie to niewiele ponad 1000 lat. Tak więc ludami, które w historii zapisały się jako ludy germańskie były połączone wspólnym interesem ludy niosące mutacje I1, R1a i R1b, czyli Skandynawowie, Słowianie i Celtowie z dzisiejszym udziałem w populacji (<20%/>20%/>40%).

A KIM SĄ POLACY?

W roku 2009 w haplogrupie R1a1 odnaleziono kolejne mutacje wyodrębniając bardzo ciekawą dla nas haplogrupę R1a1a7, której wiek określono na 10,7 tys. lat. Patrząc na rozkład w populacjach genetycy stwierdzili, że najwięcej nosicieli tej haplogrupy mieszka w centralnej, a później w południowej Polsce. Stąd przyjmuje się, że właśnie w Polsce 10,7 tys. lat pojawiła się mutacja, której posiadacze co najmniej od tego czasu zamieszkują tereny dzisiejszej Polski. I właśnie stąd ta mutacja rozprzestrzeniała się na zewnątrz m.in. na Bałkany, do Grecji, na Kretę, gdzie występuje u 2-3% populacji. Prowadzone

badania antropologiczne kultur zamieszkujących Polskę zdają się to potwierdzać. Ale potrzeba na to czasu.

A GDZIE UGROFINOWIE?

Skoro jednak wspomnieliśmy już o Ugrofinach, to warto powiedzieć kilka słów i o mutacji N1c1, charakteryzującej te ludy, których należałoby poszukiwać wśród ludów mówiących językami ugrofińskimi, czyli dzisiejszych mieszkańców Finlandii, Estonii i Węgier. Mutacja ta pojawiła się około 12 tys. lat temu na Syberii. Do Europy przyniósł ją wojowniczy lud stepowy, zdobywając tereny państw, w których dziś mutacja ta występuje. Finlandia (58%), Estonia (34%), Węgry (1%). I tu zauważamy sprzeczność. Finlandia i Estonia to kraje, gdzie przeważa ludność ugrofińska, obecność R1a Słowian (w Finlandii 7.5%, w Estonii 32%) oraz mutacji I1 (w Finlandii 28%, w Estonii 15%) jest uzasadniona bliskością krajów skandynawskich oraz Rosji. Co z Węgrami, posługującymi się językiem z grupy ugrofińskich i szczycącymi się tylko 1% charakterystycznej dla Ugrofinów N1c1? Tajemnica tkwi w tym, że na osiadłą ludność słowiańską najechała stosunkowo niewielka liczba wojowniczych Madziarów, którzy dali im język, nazwę, ale nie byli w stanie zapisać się w genetyce. I tak wśród współczesnych Węgrów jest 32% (wg innych niż podane w artykule źródeł waha się od 20 do nawet 60%) nosicieli haplogrupy R1a.

Podsumowując, badania genetyczne są bardzo silnym, lecz równocześnie bardzo młodym narzędziem badawczym, dają nam dodatkowe argumenty na tyle silne, że mogą obrócić naszą wiedzę nabytą w szkole do góry nogami. Ale nie można ukrywać, że potrzeba czasu, by potwierdzić wyniki uzyskiwane tą metodą. Tak więc nasi przodkowie wciąż zazdrośnie ukrywają swoje tajemnice, i tylko wytrwałym je zdradzą.

Autor: Faral

Źródło: [Nowy Ekran](#)

OD AUTORA

Dane do artykułu podawane są na podstawie opracowania „Distribution of European Y-chromosome DNA (Y-DNA) haplogroups by country in percentage”.