

# Výsledky projektu „Genetika a příjmení“ a zapojení Klusáčků do něj (5. upravená verze)

Hlavním cílem projektu ([http://www.genebase.cz/gap\\_pp.html](http://www.genebase.cz/gap_pp.html)) je ověření vazby mužských příjmení na výskyt, v mužské linii děděných, genetických markerů Y chromozomu (Y-STR, Y-SNP). Y chromozom stejně jako většina mužských příjmení jsou na území evropských populací děděny v mužské linii. Předpokládá se sdílení shodných nebo velmi podobných genetických profilů (Y haplotypů) skupinami mužů se stejným příjmením. Na základě odhadu časového intervalu doby vzniku společného předka (zakladatele příjmení) a následné statistické analýzy je možné do skupiny jedinců, kteří nesou stejné příjmení jako zakladatel, zařadit i velmi podobné Y haplotypy (diferencované mutacemi). Příbuznost jedinců vyjádřená shodou příjmení na základě shodnosti Y-haplotypů představuje poměrně nedávný stupeň příbuznosti. Po zjištění vazeb shodných příjmení s určitým Y haplotypem mohou být dále zkoumány binární markery Y chromozomu (SNP), pomocí kterých je možné zkoumat vzdálenou příbuznost vybraných jedinců. Tyto markery vykazují silnou korelaci se zeměpisnou polohou a je možné na jejich základě předvídat s jistou mírou pravděpodobnosti populační, etnickou nebo národnostní příslušnost.

Genealogickým cílem, navázaným na tento výzkum, je uspořádání dílčích informací o jednotlivých rodinách jednoho rodu resp. nositelů stejného příjmení, v našem případě příjmení Klusáček, do celkového rozrodu, počínajícího v polovině 17. století, kdy došlo k obecnému rozšíření matrik. Od této doby lze z písemných pramenů rekonstruovat historii rozrodu až do současnosti. Výsledky testování umožňují přiřadit testované osoby do jednotlivých haploskupin a návazně na to identifikovat i další nyní žijící příslušníky jejich rodin a tak jeden testovaný umožňuje přiřadit k haploskupině mnoho dalších netestovaných osob. Sestavení rozrodu se tak výrazně zjednodušuje, protože na jedné straně – z minulosti – lze postupovat analýzou a sestavováním dílčích rozrodů z matrik a na druhé straně – ze současnosti – lze postupovat k minulosti a verifikovat matriční údaje.

Výzva k zapojení se do výzkumu „Analýza souvislosti Y-DNA s příjmeními české mužské populace“ byla odeslána na 350 adres Klusáčků. Jako nedoručitelné se vrátilo 57 zásilek (27 osob zemřelo, ve 24 případech byla chybná adresa nebo adresát nebyl znám a v 6 případech se odstěhoval neznámo kam), takže reálně bylo k účasti vyzváno 293 osob či spíše domácností, protože v mnoha případech na jedné adrese žije v rodině více osob.

Na výzvu reagovalo 55 osob, tj. 18,8%, z toho však 10 bylo oznámení o úmrtí osloveného nebo jiný důvod proč se zapojit nemohou, 8 osob nevrátilo odběrovou soupravu. Celkem přinesl tento projekt 37 haplotypů.

Z toho přísluší do:

## **1) haploskupiny R1b**

- 17 osob, prakticky jistě potomci Františka Klusáčka z Přibyslavi, žijícího v roce 1653

## **2) haploskupiny I2a**

- 4 osoby, patrně potomci Jakuba z Hrbova, žijícího v roce 1653

## **3) haploskupiny G2a**

- 2 osoby, zřejmě nová mladší větev Klusáčků z Hrbova

## **4) haploskupiny G2a (bez přímé souvislosti s předchozí haploskupinou G2a)**

- 2 osoby, zřejmě potomci Jiříka Klusáčka z Ostrova n. Oslavou žijícího roku 1650

## **5) haploskupiny I2b1**

- 5 osob, zatím bez jasného původu

## **6) haploskupiny E1b1b**

- 4 osoby, potomci Klusáčka zatím neznámého jména narozeného asi v Přibyslavi kolem roku 1840

Po jedné osobě pak **haploskupiny R1a, J1 a I1a**, vzniklé v relativně nedávné minulosti v rámci předchozích haploskupin.

Grafické zpracování výsledků je (pro 31 testovaných) uvedeno na: <http://www.genebase.cz/cgi-bin/gap/vysledky.cgi?j=klusacek>

Výchozí hypotéza, že všichni nositelé jména Klusáček jsou potomky jednoho praotce rodu, se zcela nenaplnila, ale o příbuznosti, byť v několika „superklanech“ není pochyb. Máme 6 haploskupin rozhodujících, přičemž haploskupina R1b představuje 45,9 % testovaných. Lze zatím předpokládat, že to je skupina historicky nejstarší a ostatní vznikly až v průběhu let.

Příchod nové Y – DNA do rodu může být ovlivněn těmito skutečnostmi:

- a) adopcí dítěte, které si přináší DNA po svém biologickém otci
- b) nemanželské dítě obdrží jméno po matce, rozené Klusáčkové, ale DNA po svém otci
- c) otcem v manželství narozeného dítěte nebyl manžel, ale jiný biologický otec
- d) manžel převezme jméno po manželce

A tak nám výzkum DNA odkrývá, nyní po staletích, jak ušlechtilé skutky našich předků tak jejich hříchy.

Hovoříme-li o haploskupinách, je třeba upřesnit co to vlastně je a jak se haploskupina určuje. Haploskupina je určena jednak tzv. **STR** (z anglického *Short Tandem Repeat*). Na určitých místech (jinak řečeno lokusech) DNA, které se označují např. jako **DYS** marker (*DNA Y-chromosome Segment*) se zjišťuje jaký je počet opakování a umístění 4 základních složek, tzv. **nukleotidů DNA** (označovaných písmeny A, G, C, T). Například 11ti násobné opakování sekvence **TCTA** na místě markeru **DYS391** se označuje - reportuje jako **DYS391=11**. Haplotyp je potom tabulka s nejméně 9, ale i 12, 17, 43 nebo 67 markery s přiřazeným počtem opakování STR.

Druhým určujícím znakem haplotypu je tzv. **SNP** marker (*Single Nucleotide Polymorphism*), což jsou odchylky **individuálních nukleotidů** v sekvenci DNA. Mutace takových míst probíhají velmi pomalu. Tím jsou předurčeny k mapování historie člověka a sestavení jeho genetického stromu. Označení SNP markeru se skládá z písmena a čísla. Písmeno představuje laboratoř nebo výzkumný tým, který daný marker objevil. Číslo je pak pořadí objevu v rámci příslušného týmu.

Z matrik a berní role víme, že kolem roku 1653 (kdy byla sestavena Berní role, čili soupis daňových poplatníků Českého království) žili v Čechách dva Klusáčkové, držitelé usedlosti. Prvním byl Jakub Klusáček, který žil ve vsi Hrbov (dnes součásti Polné na Vysočině) a druhým František v Přibyslavi. Polná a Přibyslav byly součástí jednoho panství, tehdejší základní správní jednotky. Až v průběhu výzkumu Y-DNA se ukázalo, že nedaleko (24 km) od panství Polná-Přibyslav žil ve stejné době další Klusáček, jménem Jiřík, a to v městečku Ostrov nad Oslavou.

Pracovní hypotéza při vstupu do projektu byla následující. František Klusáček přišel do Přibyslavi z Hrbova (jeho příchod je doložen Berní rolí) a byl synem staršího a bohatšího Jakuba, jehož usedlost v Hrbově dodnes existuje, byť se jí, díky komunistické zvlí v padesátých letech, po vyhnání posledního Klusáčka, podařilo zdevastovat. Matrikou tato vazba mezi nimi doložena není, protože první zápis v matrice narozených je v Polné až z roku 1640 a František se narodil zcela jistě před tímto datem. Prokáže-li se, že potomci Klusáčků z Přibyslavi i Hrbova mají totožný haplotyp, a jsou tak geneticky spřízněni, bude také dále možné zkoumat i vazbu na Jana Klusáčka ze Zhoře, který žil v letech cca 1430 - 1492. Působil jako hejtman panství Litomyšl a vlastnil Zhoř a Nadějov, které jsou od Hrbova vzdáleny 7 km. V právních věcech ho zastupoval tehdejší (1464) úředník polenského panství Jan z Radiměvsí. Janova vazba na Polnou a okolí je tedy jednoznačná. Po prodeji svobodného deskového statku Zhoř a Nadějov v roce 1481 jeho stopa jako vlastníka z Moravských zemských desek mizí, ale měl prokazatelně potomky. Druhá pracovní hypotéza je taková, že si on sám nebo některý z jeho potomků zakoupil dvůr v Hrbově. Budou-li haplotypy totožné, bude též možné alespoň hypoteticky předpokládat, že společným prapředkem Klusáčků je Jan Klusáček ze Zhoře z 15. století a dále prohloubit bádání v tomto směru.

### **Haploskupina Rb1 – M207**

Nyní lze již s pravděpodobností hraničící s jistotou říci, že 16 ze 17 nositelů, zatím nejčastěji zjištěné haploskupiny **R1b**, jsou potomky jednoho společného, výše uvedeného, praděda **Františka**

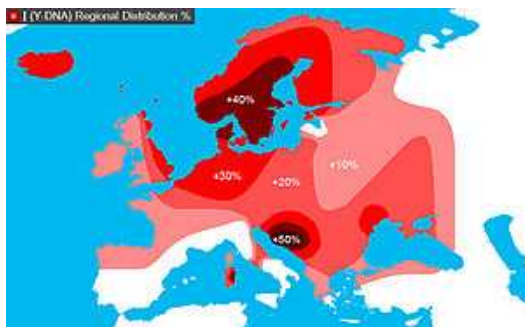


Klusáčci s R1b1b2 jsou tedy svým původem ze strany otce potomkem některého prapředka, který do Evropy dorazil před 8 000 lety (nebo dříve?). Co ovšem není jasné, zda tento prapředek do Čech dorazil již v této době nebo až v době pozdější při stěhování národů před 1 500 lety (50 generací) nebo při kolonizaci Českých zemí před 900 lety (35 generací) či ještě později. Při přepočtu doby na životy generací se nezdá ta vzdálenost mezi dneškem a historií již tak hrozná.

Vzhledem k velkému počtu testovaných lze nyní k této skupině přiřadit 88 žijících potomků Františka z Příbyslavi.

### **Haploskupina I - M170**

**Haploskupina I** se vyčlenila z haploskupiny **IJ**. Informace o ní jsou poněkud méně přesné než o skupině předešlé a dochází k častým změnám její nomenklatury, tak jak dochází k novým objevům v této oblasti. Dnes představuje asi jedenu pětinu obyvatel Evropy. Podle jedné teorie vznik haploskupiny **I** je datován do období paleolitu před 24 000 lety v oblasti Blízkého východu. A její rozšíření je dáváno do souvislosti s rozšířením gravettienské kultury (lovci mamutů) do Evropy. Podle druhé teorie, protože haploskupina **I** téměř neexistuje mimo Evropu, by měla vzniknout až v Evropě. V tomto případě se odhaduje že vznikla, obdobně jako **R1**, před poslední dobou ledovou a v době ledové se uchýlili příslušníci tohoto rodu do útočiště kolem Černého moře a na Balkáně. Po ústupu ledovců se pak šíří do střední a severní Evropy. Rozšíření je zřejmé z mapky.



### **Podskupina I2b1**

Pět Klusáčků má identifikovanou haploskupinu **I2b1**. Rozšíření této haploskupiny koreluje s rozsahem historického vlivu germánských národů. Více než 4% populace je v Německu, Nizozemsku, Belgii, Dánsku, Anglii, jihu Švédska a Norska, Normandii, v severozápadní Francii, v Provence na jihovýchodě Francie, v Toskánsku, Umbrii a Laziu (Latium) v Itálii a v Moldávii a Rjazaňské oblasti Ruska. Podskupina k **I2b1**, tedy I2b1a (M284), byla zjištěna téměř výhradně u obyvatel Velké Británie. Haploskupina vznikla asi před 15 000 roky. Prapředek těchto Klusáčků mohl opět dorazit na Vysočinu již v době po ukončení doby ledové nebo při německé kolonizaci Čech od 11. do poloviny 14. století.

Přiřazení této haploskupiny k rodopisným datům se zatím nedaří, vzhledem k mlčení testovaných o jejich předcích i současnicích. Nejstaršího předka této skupiny máme doloženo k roku 1868. Vzdálenost mezi zakladatelem tohoto klanu a nejstarším testovaným lze odhadnout na 5 generací. Do této skupiny lze zařadit nyní 18 žijících osob.

### **Podskupina I2a2 – M 423**

Čtyři Klusáčkové mají haploskupinu **I2a** (dříve **I1b1**), resp. s největší pravděpodobností podskupinu **I2a2 - M423**, která je typická pro obyvatele jihovýchodní Evropy. V Dalmácii (Chorvatsko) a Bosně - Hercegovině je jejím nositelem více než 50% populace. Haploskupina **I2a2** se také běžně vyskytuje i u jiných slovanských národů, Rumunů, Moldavanů, Maďarů, Albánců, Řeků a Italů. Nejvyšší četnost a rozmanitost skupiny **I2a2** u obyvatel západního Balkánu podporuje hypotézu, že pobřeží Jadranu v Chorvatsku sloužilo jako tzv. útočiště pro obyvatelstvo během poslední doby ledové. Vznik haploskupiny **I2a2** se klade do doby asi před 14 000 lety, kdy končila poslední doba ledová. Mezi zakladatelem rodu a současností se narodilo cca 490 generací. Rozšíření této skupiny ukazuje mapka.



Tito čtyři Klusáčkové jsou všichni se největší pravděpodobností potomky Klusáčků z Hrbova. Zatím se zdá, že Klusáčkové z Hrbova přísluší k uvedenému haplotypu a mají tak odlišného předka od Klusáčků rozrozených od Františka z Přibyslavi. Hypotéza, že František je synem (popř. bratrem) Jakuba Klusáčka, prokazatelně doloženého v Hrbově roku 1653 a letech následujících, se tak zatím nepodařilo prokázat. Ale testovaných hrbovských Klusáčků je stále málo, aby tento závěr byl stoprocentní. Vzdálenost mezi Jakubem a nejstarším testovaným je 10 generací. K této skupině lze patrně (nepřinesou-li nové testy jiné výsledky) přiřadit 21 žijících příslušníků rodu.

### Haploskupina E1b1b - M215

Čtyři jmenovci mají zcela shodnou Y-DNA haploskupiny **E1b1b** (dříve E3b-M35). Také tato haploskupina je předmětem revizí a došlo zde k přečíslování nomenklatury. Jde o podskupinu haploskupiny E, která se oddělila v Africe před 50 000 lety ze skupiny **CR** a později **DE**. Tato Haploskupina E1b1b má svůj původ pravděpodobně v severní Africe před 22 000 lety, odkud migrovala do Evropy přes Sinajský poloostrov v Egyptě, odkud se prostřednictvím neolitické expanze rozšířila do oblasti Středomoří. V současné době je zastoupena ve východní Africe - Etiopané a Somálci, Severní Africe – Berbeři, na Blízkém Východě a ve Středomoří mezi Řeky, Albánci a Italy. Procentní zastoupení v Evropě dokládá tabulka a pokrytí ostatních území mapky. Jak se dostali předci Klusáčků této skupiny do Čech, je opět velkou neznámou.

E31b1		
Libanon	25,8	% pop.
Řecko	22,4	% pop.
Albánie	21,6	% pop.
Makedonie	15,0	% pop.
Kalábrie	13,5	% pop.
Turecko	13,3	% pop.
Sardinie	10,4	% pop.
Sýrie	10,0	% pop.



Rozrod této skupiny je značně detailní, ukazuje na prapředka odrozené větve patrně do Přibyslavi kolem roku 1840. Další pátrání v matrikách může tuto větev přesně definovat. Vzdálenost mezi nejstarším testovaným a zakladatelem klanu jsou asi 4 generace. Nyní k ní přísluší 30 žijících nositelů jména Klusáček.

### Haploskupina G2a - M201 – první klan

Nositelem této haploskupiny jsou dvě osoby. Vznikla pravděpodobně na Středním východě před 10 000 – 17 000 lety, odtud se rozšířila do střední Asie, na Blízký východ a společně se zemědělstvím také do Evropy. Její nositelé se nachází nejvíce na Kavkazu, v Severní Osetii k ní patří více než 60% mužů a také 30% Gruzínců a Azerbajdžánců. Vyskytuje se též v Iránu u 15 % Peršanů, 9 % v Egyptě a 8 % Libyi. Také 2,3 % Číňanů má tento haplotyp. V severozápadní Evropě se vyskytuje jen asi u 2 % mužů. Frekvence je vyšší v jižní Evropě, cca 8-10 % ve Španělsku, Itálii, Řecku a Turecku, 11% na Krétě a 8% v Tyrolsku. Menší počet nositelů haploskupiny G do severozápadní Evropy pravděpodobně dorazil s neolitickou expanzí zemědělství a částečně v době Říše římské. Haploskupina G má tři hlavní sub-haploskupiny G1, G2 a G5. Zdaleka nejčastější podskupina v západní Evropě je G2a. G1 je běžná v Iránu. Do skupiny G5 v Evropě patří Aškenázští

Židé a do G přísluší též asi 20% z marockých Židů. Příslušnost prapředka Klusáčků v této skupině je asi nejsložitěji vysvětlitelná.

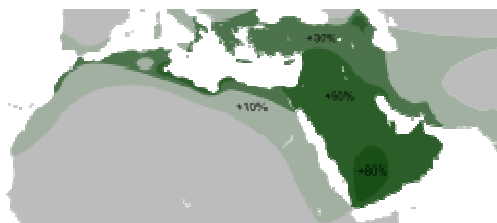
Do této skupiny patří potomci Jiříka (Jíry) Klusáčka z Ostrova nad Oslavou, který se zmiňuje již k roku 1641 jako člen městské rady a v letech 1657 až 1665 byl purkmistrem města. Dnes lze do této skupiny přiřadit 11 žijících příslušníků rodu. Vzdálenost mezi nejstarším testovaným a zakladatelem klanu je 11 (ovšem matrikou nedoložených) generací.

### **Haploskupina G2a - M201 – druhý klan**

Dvě osoby se haplotypem G2a nejsou zřejmě přímo příbuzní s Klusáčky z Ostrova nad Oslavou, protože ze 17 markerů je jich celkem 6 odlišných. Z matrik vyplývá, že jde o nově založenou větev Klusáčků z Hrbova. Upřesnění vzájemných vazeb však bude možné až po hlubším rozboru matričních zápisů. Nyní žije 15 příslušníků této větve.

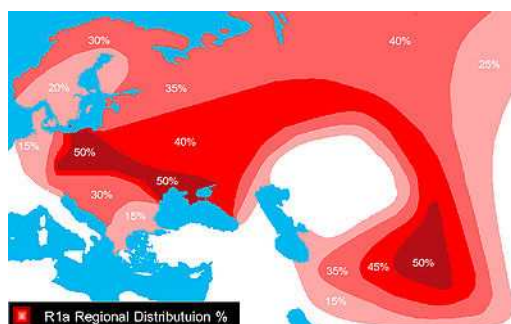
### **Haploskupina J**

K této haploskupině zatím přísluší jeden Klusáček. Je příbuzná haploskupině I, se kterou má společného předka IJ. Hlavní podskupiny J1 a J2 se objevily asi před 10 000 lety. Jejich největší koncentrace je v jihozápadní Asii. Mimo tuto oblast se vyskytuje v jižní Evropě (zejména ve střední a jižní Itálii, na Maltě, v Řecku a Albánii). Haploskupina J1 je nejčastější na Arabském poloostrově (Jemen (76%), Saúdská (64%), Katar (58%), a Dagestán (56%). Vyskytuje se mezi arabskými beduíny (62%) a je také velmi běžná mezi jinými Araby, jako palestinští Arabové (38,4%), v Alžírsku (35%), Iráku (28,2%), Tunisku (31%), Sýrii (30%), Egyptě (20%) a na Sinajském poloostrově. Rodopisné vazby nelze zatím identifikovat.



### **Haploskupina R1a**

K této haploskupině přísluší rovněž jeden Klusáček. Vznikla odrozením před 2 generacemi od haploskupiny R1b. Prvními nositeli haploskupiny R1a byli lidé obývající v době ledové útočiště na území Ukrajiny před asi 15 000 lety. Patrně souvisí s šířiteli protoindoevropského jazyka a mohylovou kulturou, díky nimž se geny rozšířily dále do Asie a většiny Evropy. Na území Evropy se haploskupina R1a1 vyskytuje nejčastěji ve Střední a Východní Evropě – v Polsku a Maďarsku (56 % až 60 %), na Ukrajině (44 % až 54 %), v Rusku (50 %). V případě Maďarska 20 % ale i 60 %. Relativně vysoké hodnoty byly zjištěny u Lužických Srbů (63 %) ve východním Německu a 23 % na Islandu. Na Ukrajině byla zaznamenána nejvyšší frekvence haplotypů a tudíž je tato oblast považována za místo vzniku této haploskupiny. Vysoká diverzita haplotypů byla dále zaznamenána na severu Polska a také na Balkáně v Makedonii. Rozšíření haploskupiny R1a na území Evropy lze přičíst třem hlavním faktorům: rekolonizaci Evropy po ústupu ledovce z ukrajinského útočiště, migraci ze severních stepí před 5 000 až 3 000 lety a masivní slovanské migraci před 1 300 až 1 500 lety. V Asii je haploskupina R1a1 nejvíce zastoupena mezi Iškašimy (68 %), Tádžiky (64 %) a Kyrgyzy (63 %).



### **Haploskupina I1a**

Jeden Klusáček má podskupinu **I1a**, která se nově (od 2008) označuje **I1** a je spojena s mutací označené jako M253, M307, P30 a P40. Kdy tato skupina vznikla, je zatím předmětem několika rozporných teorií. Jedna z nich říká, že poslední společný předek skupiny **I1** žil před 6 000 roky daleko v severní části Evropy. Vyskytuje se nejvíce ve Skandinávii. Je zastoupena asi u 40 % obyvatel západního Finska (více než 50 % v provincii Satakunta), kolem 35 % v jižním Norsku, jihozápadním Švédsko zejména na ostrově Gotland a Dánsku. Její frekvence rychle klesá směrem k okrajům historické germánské sféry vlivu. Jak a kdy se dostal předek této linie Klusáčků do Čech je zatím těžko odhadnutelné, ovšem pobyt švédské armády v oblasti Jihlavska, Polenska a Přibyslavska koncem 30leté války v letech 1643 až 1647 může hovořit o mnohém. Vznikla odrozením před 3 generacemi od haploskupiny R1b

V Praze dne 1. srpna 2014  
Jiří Klusáček, Praha–Ruzyně