

IRENA MARTINOVIĆ KLARIĆ

KROMOSOM Y

I POTRAGA ZA NOVOM DOMOVINOM

© Irena Martinović Klarić, 2009.

Izdavač
Sveučilišna knjižara

Urednik
Damir Mikuličić

Recenzenti
akademik Pavao Rudan
prof. dr. sc. Branka Janićijević
prof. dr. sc. Jadranka Grbić
doc. dr. sc. Irena Drmić Hofman

Fotografije
Branimir Butković
Slike 21 do 25
dr. sc. Marijana Peričić Salihović

Lektura i redaktura
Jasna Paunović

Grafička priprema sloga
Stanislav Vidmar

ISBN 978-953-7015-45-9
CIP zapis dostupan u računalnom katalogu
Nacionalne i sveučilišne knjižnice u Zagrebu

*Knjiga je objavljena uz potporu Ministarstva znanosti,
obrazovanja i športa Republike Hrvatske*

Zagreb, siječanj 2009.

Irena Martinović Klarić

KROMOSOM Y I POTRAGA ZA NOVOM DOMOVINOM

TRAGOM KROMOSOMA Y OD JUŽNOAZIJSKIH
DO BALKANSKIH PUSTOPOLJINA: GENETIČKA
PROŠLOST I ZBILJA ROMA I BAJAŠA


sveučilišna knjižara

Okolnosti mog znanstvenog rada, a ne nužno moj izbor, uzrok su činjenici da se ova knjiga temelji na kromosomu Y i muškoj strani priče o genetičkoj prošlosti i sadašnjosti jedne izuzetne populacije u višestoljetnoj, ne sasvim uspješnoj, potrazi za novom domovinom. Stoga neka Vas ne čudi činjenica da ovu knjigu posvećujem ženama, Romkinjama, a posebno Bajašicama koje su hrabrile i poticale svoje muževe, očeve, stričeve, ujake, braću i sinove kako bi došli na pregled kod – kako su nas zvali – “doktorica iz Zagreba”. Bez pomoći ovih odlučnih žena ne bi bilo moguće organizirati terenska istraživanja, a kamoli tek planirati pisanje ovakve knjige. Ne mogu, međutim, izostaviti iz ove posвете sve drage žene u mom životu, male i velike, od kojih je svaka neprocjenjivo vrijedan izvor inspiracije, poticaja, utjehe i vedrine.



SADRŽAJ

ZAHVALE	IX
UVOD.....	XIII
POPIS FOTOGRAFIJA	XVI
1. Ljudski kromosom Y	1
STRUKTURA I ORGANIZACIJA KROMOSOMA Y	2
EVOLUCIJA KROMOSOMA Y	4
MEHANIZMI UOBLIČAVANJA GENETIČKE VARIJABILNOSTI.....	5
GENETIČKI BILJEZI NA KROMOSOMU Y.....	8
FILOGENETIČKO STABLO I OSNOVNA TERMINOLOGIJA	10
KROMOSOM Y U MOLEKULARNO-ANTROPOLOŠKIM ISTRAŽIVANJIMA	24
NASELJAVANJE JUŽNE AZIJE I INDIJE	27
NASELJAVANJE EUROPE	29
NASELJAVANJE JUGOISTOČNE EUROPE I HRVATSKE.....	32
2. Romi	37
KRATKI PREGLED SEOBA ROMA	38
SOCIO-KULTURNA OBILJEŽJA SUVREMENIH ROMSKIH SKUPINA.....	43

VELIČINA ROMSKE POPULACIJE	48
GENETIČKA ISTRAŽIVANJA ROMSKIH POPULACIJA U EUROPI.....	48
3. Bajaši.....	53
ŠTO JE VEĆ POZNATO O BAJAŠIMA?	54
ROPSTVO U RUMUNJSKOJ.....	56
BAJAŠI U HRVATSKOJ.....	61
PRIPREMA I PROVOĐENJE TERENSKIH ISTRAŽIVANJA	62
ŠTO SMO NA TERENU SAZNALI O BAJAŠIMA?.....	67
ZAŠTO SU, UOPĆE, PODUZETA ISTRAŽIVANJA KROMOSOMA Y?.....	69
METODE ANALIZE VARIJABILNOSTI KROMOSOMA Y	70
ŠTO SU O BAJAŠIMA OTKRILA ISTRAŽIVANJA KROMOSOMA Y?.....	72
4. Genetika i identitet	97
KAKVO JE POIMANJE IDENTITETA ROMA I BAJAŠA?	98
DEFINICIJA GENETIČKOG IDENTITETA.....	100
GENETIČKI IDENTITET ROMA I BAJAŠA.....	103
 POJMOVNIK	107
BIBLIOGRAFIJA	115
KAZALO	123

ZAHVALE

Ova je knjiga rezultat dugogodišnjeg rada i potpore niza predanih i nesebičnih ljudi. Mislim da nikada ne bih postala antropologinja pa tako niti autorica ove znanstvene knjige da još davne 1988. godine nisam bila među studentima koje je profesor Pavao Rudan angažirao za pomoć u organizaciji 12. Međunarodnog kongresa antropoloških i etnoloških znanosti. U međuvremenu je profesor Rudan postao akademik, dvije studentice, Lovorka Barać i ja, postale smo antropologinje, a treća studentica, Maja Bakran, diplomatkinja. Zahvaljujem akademiku Rudanu na već dva desetljeća potpore na mom putu od znanstvene novakinje do znanstvene savjetnice pri Institutu za antropologiju u Zagrebu, a posebno zahvaljujem na druženjima s nepredvidivim zapletima i obratima, koja su me osnažila, a akademika, naravno, silno zabavila.

Želim zahvaliti na podršci koju sam dobila od Znanstvenog vijeća Instituta za antropologiju i ravnatelja Instituta za antropologiju, akademika Pavla Rudana, koji su bezrezervno i jednoglasno odobrili moju zamolbu za slobodnom studijskom godinom tijekom koje sam imala priliku razmisliti o dosadašnjim istraživanjima te napisati ovu knjigu.

Toplo zahvaljujem profesorici Branki Jančićjević koja nije niti trenutak oklijevala započeti sasvim novi znanstveni projekt i okrenuti se,

zajedno s nama, tada toliko nepoznatoj populaciji. Branka, hvala što ste uvijek smireni i što nikada, pod nikakvim pritiskom, ne komplicirate. Smatram se velikom sretnicom što sam u ovom projektu, kao i u proteklim godinama, imala priliku raditi sa svojim prijateljicama, dr. sc. Lovorkom Barać Lauc i dr. sc. Marijanom Peričić Salihović. Teško bih vam ovdje, moje cure, uspjela zahvaliti na svakom dragocjenom trenutku naše zajedničke (genetičke) prošlosti koja je tek malim dijelom zabilježena u ovoj knjizi. Marijana, hvala što si izradila filogenetičke mreže i filogenetičko stablo koji krase treće poglavlje ove knjige, a posebno ti hvala što si bespogovorno i hitro udovoljavala svakom mom hiru vezanim uz crtanje spomenutih ilustracija. Lovorka, hvala na pomnom čitanju rukopisa i provjeri literature (zadnja provjera je uvijek bila tvoj zadatak, a tako će, bojim se, i ostati u budućnosti).

Moram priznati da intenzivno bavljenje antropologijom nije bilo moguće bez podrške obitelji. Andrija, hvala što si nesebično dijelio svoje ekonomsko znanje i iskustvo te što si bio odlučan kada je trebalo pomoći u organizaciji i provođenju terenskih istraživanja – a pomoći je uvijek trebalo, bilo da se radilo o posuđivanju kombija, skladišta ili nečeg sličnog. Dragi Duga, Luna i Jurice – dovoljno je što postojite i što ste toliko umiljati, nestašni i znatiželjni. Uz vas je svaki posao teži, no tim i draži.

Hvala svima koji ste sudjelovali u pripremi i izvođenju terenskih antropoloških istraživanja: Bajri Bajriću, prof., prof. dr. sc. Nini Smolej Narančić, dr. sc. Tatjani Škarić Jurić, dr. med., prof. dr. sc. Jasni Miličić, dr. sc. Maji Barbalić, dipl. ing. Mateji Zajc, Branku Petroviću, Jovici Radosavljeviću, Borislavu Đermanoviću, mr. sc. Jasni Čerkez Habek, dr. med., dr. sc. Dubravku Habeku, dr. med., dr. sc. Branku Kolariću, dr. med., ing. Ivanu Radiću, Slađani Viktoriji Petričić, Ljubi Mašiću, Davoru Cerovečkom, Ružici Petrović, Verici Palko, Senadu Balogu, Ireni Sokač i Aleksandri Čirić. Posebnu zahvalnost dugujem Jovici Radosavljeviću, mom neumornom i neiscrpnom vodiču kroz bajaški život. Također, neizmjereno sam zahvalna svim Bajašima koji su našli vremena i strpljenja sudjelovati u našim istraživanjima. Toplo zahvaljujem svima Bajašima koji su se željeli fotografirati te fotografu Branku Butkoviću na prekrasnim portretima.

U knjizi opisana terenska i genetička istraživanja provedena su u sklopu rada na znanstveno-istraživačkim projektu Ministarstva zna-

nosti, obrazovanja i športa Republike Hrvatske pod nazivom “Molekularno-genetička obilježja populacija utemeljitelja – Romi kao model” (196-1962766-2763), kojeg vodi prof. dr. sc. Branka Janićijević te znanstvenog projekta Wenner-Gren Foundation pod nazivom “Population Structure and Genetic History of Western Balkan Roma” (7349), kojeg vodim ja. Donacije koje smo putem javnih natječaja dobili od strane Raiffeisen Bank Austria d.d. Zagreb, Ina d.d. te Zaklade Adris grupe d.d. uvelike su pomogle u zatvaranju financijske konstrukcije za provođenje terenskih istraživanja.

Objavljivanje ove knjige zasluga je strpljivog i predanog rada brojnih ljudi koji su mi pomogli na razne načine. Toplo zahvaljujem recenzentima knjige, akademiku Pavlu Rudanu, prof. dr. sc. Branki Janićijević, prof. dr. sc. Jadranki Grbić i doc. dr. sc. Ireni Drmić Hofman na pomnom čitanju rukopisa te korisnim savjetima i sugestijama. Veliku zahvalnost dugujem uredniku knjige gospodinu Damiru Mikuličiću koji je korigirao, lektorirao i uredio knjigu te osmislio naslovnu stranicu. Srdačno zahvaljujem gospodinu Stanislavu Vidmaru koji je knjigu grafički uredio.

UVOD

Antropologija je jedna od najromantičnijih znanosti. Ono što je čini posebno romantičnom jest mogućnost aktivnog uključivanja u život ljudi koji su predmet interesa antropologa kroz suučesničko promatranje. Premda nažalost nisam, u tradiciji kulturnih antropologa, živjela među Bajašima i dijelila njihovu svakodnevicu kroz dulje vremensko razdoblje, ipak sam zahvaljujući terenskom i laboratorijskom radu te brojnim druženjima koja se nastavljaju skupila hrabrost i napisala antropološku knjigu o Bajašima u kojoj kombiniram znanstvene činjenice i osobna iskustva. Rezultate provedenih molekularno-antropoloških istraživanja kao i podatke iz literature koji se odnose na genetičke, lingvističke, povijesne, demografske i socio-kulturne osobitosti romske i bajaške populacije iznijela sam na način kako sam to uvijek i činila u dosadašnjim znanstvenim radovima publiciranim, nažalost, isključivo u znanstvenim časopisima na engleskom jeziku. Imajući priliku za pisanje svoje prve knjige i prvog velikog teksta, nakon doktorske disertacije, na hrvatskom jeziku o meni već neko vrijeme najdražim dvjema antropološkim temama, nisam mogla odoljeti iskušenju i ne pokazati što mi te dvije teme intimno znače.

Premda se u ovoj knjizi bez milosti raspravlja gotovo jedino o muškarcima i njima svojstvenom kromosomu Y, knjiga je posveće-

na ženama. Gotovo jednako kao što su u ovoj knjizi prkosno pozicionirani njezina osnovna tema i posveta, takvi su i glavni protagonisti same genetičke pripovijesti. S jedne strane je kromosom Y koji poput maloljetnog delinkventa među ljudskim kromosomima krši gotovo sva pravila klasične genetike i tako omogućuje rekonstrukciju genetičke prošlosti čovjeka, a s druge strane su Romi kojima nije svojstvena gotovo nijedna osobina s liste uobičajenih karakteristika populacija.

Uistinu, jedinstvena i do sada tužna sudbina romskog naroda oblikovala je njegovo jedinstveno genetičko nasljeđe satkano od drevnih indijskih i suvremenih europskih, posebice balkanskih, genetičkih signala. Za razliku od očaravajuće homogenosti i očuvanosti drevnog genetičkog sloja kod Roma diljem Europe, skorašnji je sloj toliko heterogen da su Romi primjer genetički najraznolikije populacije u Europi! Drevne nasljedne linije koje pokazuju zajedničko, indijsko podrijetlo svih Roma sačuvane su bez obzira na značajan upliv egzogenih očinskih mutacija u bajašku, i općenito, romsku zalihu gena zahvaljujući relativnoj endogamiji. Međutim, sadašnja genetička struktura romskih i bajaške populacije posljedica je ne samo indijskog podrijetla već i niza povijesnih migracija te raznih, uglavnom za Rome nepovoljnih, društveno-gospodarskih i političkih prilika u Europi koje su uvjetovale cjepkanje romskog korpusa u cijeli mozaik malih skupina, a time preslagivanje i reorganizaciju drevnog i skorašnjeg genetičkog nasljeđa. Zanimljivo, europskim slojem bajaške očinske zalihe gena dominira jedna tipična balkanska haplogrupa unutar koje je došlo do pojave nekoliko novih, privatnih mutacija sačuvanih u visokom postotku, tako da Bajaši Hrvatske nose genetički znak ekskluzivnosti i prepoznatljivosti.

Koliko je kompleksna genetička povijest i genetički identitet Bajaša (i Roma općenito), toliko je dinamično i mnogostruko svakodnevno poimanje identiteta Bajaša u Hrvatskoj kod kojih se romski, rumunjski i hrvatski elementi ne isključuju, već naprotiv, isprepliću i međusobno nadopunjuju. Budućnost će pokazati u kojem smjeru i do koje će se mjere redefinirati romski i bajaški etnički identitet. Kao poseban fenomen, ovisno o osnovnim evolucijskim silama, mijenjat će se romski i bajaški genetički identitet. Međutim, stvarni život, a u slučaju Roma i Bajaša, prvenstveno priroda suodnosa s

većinskim stanovništvom, a time i odnos institucija prema ovoj manjini, imat će važnu ulogu u ovim procesima. Ukoliko nakon čitanja ove knjige zastanete na trenutak i razmislite koliko su utemeljene uobičajene predrasude nas *gadža* prema Romima, cilj ove knjige bit će i više nego postignut.

Dr. sc. Irena Martinović Klarić
U Zagrebu, 29. rujna, 2008. godine

POPIS FOTOGRAFIJA

Crno-bijela fotografija ispred *Sadržaja* (str. vi)

Biserka Mišković drži fotografiju sa svog vjenčanja.

Fotografije u boji:

- 1 Jovica Radosavljević
- 2 Milorad Bugarinović
- 3 Jovo Petrović
- 4 Dragoljub Petrović
- 5 Darko Mišković
- 6 Jasmin Radosavljević
- 7 Slobodan Mihajlović
- 8 Stevo Mihajlović
- 9 Savo Mihajlović
- 10 Stevo Petrović
- 11 Lazo Radosavljević
- 12 Dominik Mišković
- 13 Dalibor Petrović
- 14 Gore s lijeva: Dario Mihajlović, Boško Petrović, Dean Petrović, Irena Martinović Klarić, Nikola Balinović i Dražen Stojanović
- Dolje s lijeva: Miladin Mišković, Kristijan Mihajlović, Vedran Petrović i Nikola Petrović
- 15 Predrag Bugarinović
- 16 Bojan Bugarinović

I.

LJUDSKI KROMOSOM Y

Od svih ljudskih kromosoma, kromosom Y igrao je sve do nedavno ulogu maloljetnog delinkventa – obiluje smećem, siromašan korisnim obilježjima, zazire od druženja sa susjedima i ne uspijeva izbjeći neizbježnu sklonost ka propadanju.

Mark A. Jobling i Chris Tyler-Smith
Nature Reviews Genetics 4:598-612, 2003.

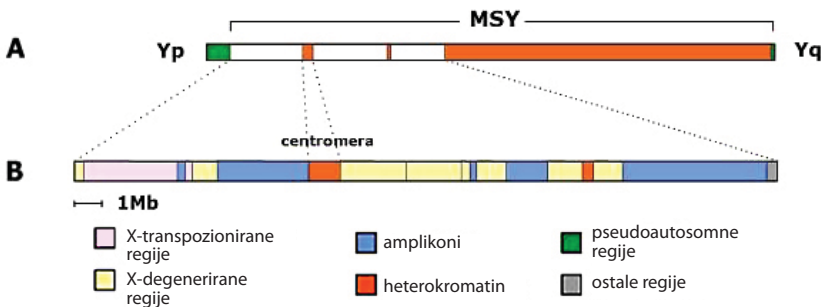
Premda kromosom Y poput istinskog maloljetnog delinkventa prkosno krši gotovo sva pravila klasične genetike, zrači neodoljivom privlačnošću molekularnim antropolozima. Upravo njegovi nestašluci i mane omogućuju jasan i jednostavan uvid u nastanak, podrijetlo i prošlost suvremenih ljudi. Dok čitate ovu knjigu imajte na umu činjenicu da je pomoću kromosoma Y moguće ispričati pripovijest naših praočeva dok je za onu naših pramajki potrebno zaviriti u još jedan prkosni dio ljudskoga genoma, u mitohondrijsku DNK (mtDNK). A mitohondrijska je DNK, poput dame istančanog ukusa i visokih estetskih kriterija, s prezirom odbila boravak u stanici jezgre namijenjenoj običnim kromosomima i nastanila se u malo izdvojenom mjestu, u organelu koji služi kao energetska postrojenje stanice. Navedena lokacija mtDNK ne ide u prilog tezi o aerobiku kao drevnom evulucijskom nasljeđu suvremenih žena, već njihovoj silnoj i obnovljivoj energiji potrebnoj za istodobno obavljanje više poslova, po mogućnosti od pranja posuđa do pisanja znanstvenog rada namijenjenog časopisu pristojnog faktora utjecaja.

STRUKTURA I ORGANIZACIJA KROMOSOMA Y

Kromosom Y je najmanji ljudski kromosom koji sadrži približno 60 milijuna parova baza (Mb) molekule DNK. Zahvaljujući citogenetičkim istraživanjima određena su tri osnovna područja kromosoma Y: pseudoautosomni (sastoji od dva potpodručja PAR1 i PAR2), potom eukromatinski i heterokromatinski dijelovi. PAR1 i PAR2 nalaze se na završnom dijelu kratkog kraka (Yp), odnosno na samom kraju dugog kraka (Yq) i na njih otpada 2600 i 320 tisuća parova baza (kb) molekule DNK. Unutar pseudoautosomnog područja, posebice unutar PAR1, dolazi do sparivanja i izmjene genetičkog materijala s pseudoautosomnim područjem na kromosomu X za vrijeme mejoze kod muškaraca pa se geni smješteni unutar PAR područja nasljeđuju kao autosomni geni.

Dok na PAR1 i PAR2 otpada svega 5% dužine kromosoma Y, preostalih 95% njegove dužine čini područje koje ne podliježe rekombinaciji, a naziva se nerekombinirajuća regija kromosoma Y (NRY) ili muška-specifična regija (MSY). NRY se dijeli na dva osnovna dijela: heterokromatinski i eukromatinski.

Prvu detaljnu fizičku mapu kromosoma Y načinili su Charles A. Tilford i suradnici 2001. godine, dok su Chao Sun i suradnici (1999.) te Tomoko Kuroda-Kawaguchi i suradnici (2001.) prvi objavili slijed nukleotida dvaju područja unutar NRY, AZFa i AZFc. Ovi su rezultati uključeni i nadograđeni u istraživanje koje su proveli Helen Skaletsky i suradnici (2003.), a u kojem je objavljen cjelokupni slijed NRY po-



Slika 1. Muška-specifična regija kromosoma Y (MSY). **A.** Shematski prikaz cijelog kromosoma s pseudoautosomnim i heterokromatinskim regijama. **B.** Uvećani pogled na 24 Mb dug dio eukromatinskog dijela muške-specifične regije kromosoma Y. Preuzeto s dozvolom od Helen Skaletsky i suradnika, Macmillan Publishers Ltd: Nature, 2003.

dručja (Slika 1). Helen Skaletsky i suradnici sekvencirali su 97% NRY područja jednog muškarca i pronašli 156 transkripcijskih jedinica, sve unutar eukromatinskog dijela. Polovica transkripcijskih jedinica kodira 27 različitih proteina ili proteinskih porodica, od kojih je 12 eksprimirano ubikvitaro, a 11 isključivo u testisima.

Heterokromatinski dio kromosoma Y uključuje heterokromatin centromere, duži heterokromatinski blok koji se proteže na 40 Mb molekule DNK i zauzima veći dio distalnog dijela dugog kraka te treći heterokromatinski blok koji sadrži 3000 ponavljanja u nizu dužine 125 parova baza i prekida eukromatinske sljedove na proksimalnom dijelu dugog kraka. Heterokromatinski dio NRY sadrži 6 različitih klasa sljedova koje čine duga, homogena tandemska ponavljanja.

Eukromatinski dio od približno 24 Mb zauzima 8 Mb na kratkom kraku (Yp) i 14,5 Mb na dugom kraku (Yq) te sadrži dvije manje praznine. Gotovo se svi eukromatinski sljedovi mogu podijeliti u tri različite klase: X-transpozicionirani, X-degenerirani i amplikoni.

X-transpozicionirani sljedovi nastali su uslijed transpozicije s kromosoma X na NRY u razdoblju prije 3 do 4 milijuna godina (Rozen i sur. 2003.) pa pokazuju 99%-tnu istovjetnost sa sljedovima DNK na dugom kraku kromosoma X. Kasnije, tijekom evolucije, došlo je do lomljenja X-transpozicioniranog bloka u dva odvojena dijela, a to je obilježje i danas sačuvano kod muškaraca. X-transpozicionirani sljedovi ne sudjeluju u X-Y krosingoveru, a sadrže tek dva gena koji imaju svoje homologe na dugom kraku kromosoma X (Xq12). Od tri klase eukromatinskih NRY sljedova, X-transpozicionirani sljedovi sadrže najmanje gena, a najviše raspršenih ponavljajućih sljedova.

X-degenerirani sljedovi sadrže gene koji se pojavljuju u jednoj kopiji i pseudogenske homologe 27 različitih X-vezanih gena te pokazuju 60 do 96%-tnu sličnost s X-vezanim homolozima. Smatra se kako ovi sljedovi potječu od ancestralnog autosoma od kojeg su koevoluirali kromosomi X i Y. Svih 12 ubikvitaro eksprimiranih NRY gena nalazi se unutar X-degeneriranih sljedova dok je od 11 NRY gena eksprimiranih u testisima samo jedan gen (SRY) unutar X-degeneriranog segmenta.

Amplikoni (segmentarno duplicirano područje NRY regije) su sastavljeni od sljedova vrlo sličnih ostalim NRY sljedovima. Amplikone čine 10.2 Mb duge ponavljajuće jedinice smještene na sedam segme-

nata raspršenih po eukromatinskom duljem kraku i proksimalnom dijelu kraćeg kraka. Od tri klase eukromatinskih sljedova upravo amplikoni sadržavaju najveći broj gena. Otkriveno je 9 različitih kodirajućih genskih porodica koje se ponavljaju od 2 do 35 puta. Amplikonski geni pokazuju ograničenu ekspresiju, većinom ili isključivo u testisima. Najizraženije strukturne karakteristike amplikonskih regija jesu osam velikih palindroma, s visoko simetričnim krakovima koje obilježava 99,94 do 99,997%-tna sličnost nukleotida. Palindromi zajedno čine četvrtinu NRY eukromatina. Šest od osam palindroma nosi poznate kodirajuće gene koji se eksprimiraju specifično u testisima. Kod svih poznatih gena na NRY palindromima postoje identične ili gotovo identične kopije gena na suprotnim stranama palindroma. Pored osam palindroma, amplikonske regije sadrže pet setova široko razmaknutih obrnutih ponavljanja te mnoštvo dugih ponavljajućih sljedova.

EVOLUCIJA KROMOSOMA Y

Kromosomi X i Y sisavaca potekli su od jednog autosomnog para kromosoma prije 300 milijuna godina. Bruce T. Lahn i David C. Page (1999.) zaključili su kako se diferencijacija kromosoma X i Y desila nakon nestanka krosingovera među njima, u razdoblju prije 240 do 320 milijuna godina. Naime, kod 19 X-Y parova gena starost se postupno povećava uzduž kromosoma X u četiri evolucijska sloja, a što znači da su najmanje četiri evolucijska događaja utjecala na spolnu evoluciju tako da je svaki suprimirao X-Y krosingover u jednom sloju, no bez većeg utjecaja na poredak gena kromosoma X. Najmlađi dijelovi kromosoma Y jesu 4 milijuna godina stari X-transpozicionirani sljedovi dok je SRY gen jedan od njegovih najstarijih dijelova čija se starost procjenjuje na približno 300 milijuna godina.

Usklađivanje procesa rekombinacije, krosingovera i genske konverzije imalo je ključnu ulogu u evoluciji i održavanju NRY regije. Na evoluciju X-degeneriranih i amplikonskih sljedova bitno su utjecala dva evolucijski suprotna procesa, gensko propadanje te primanje i zadržavanje gena.

Svi X-degenerirani geni i pseudogeni unutar NRY nastali su kao rezultat supresije krosingovera u ancestralnim autosomima te diferencijacije kromosoma Y od kromosoma X. Inverzije u kromosomu

Y također su mogle biti uzrokom prestanka krosingovera s kromosomom X. Helen Skaletsky i suradnici (2003.) dokazali su da X-degenerirani sljedovi podupiru teoriju o genetičkoj korisnosti krosingovera spolnih kromosoma, tj. pogubnim posljedicama njegovog izostanka. Prema ovom modelu, većina ancestralnih gena na kromosomu X ostala je funkcionalno netaknuta i nastavila sudjelovati u krosingoveru. S druge strane, tijekom evolucije došlo je do postupnog gubitka funkcije gena kromosoma Y zbog nestanka krosingovera.

Za razliku od X-degeneriranih sljedova koji imaju zajedničko podrijetlo s kromosomom X, amplikonski su sljedovi evoluirali iz različitih genomskih izvora, pomoću različitih molekularnih mehanizama. Dio amplikonskih gena nastao je iz zajedničkih predaka kromosoma X i Y, dio transpozicijom i amplifikacijom autosomnih transkripcijskih jedinica koje se još mogu naći u nekim autosomima, a ostatak retrotranspozicijom i amplifikacijom procesirane glasničke RNK iz autosomnog gena. Međutim, neovisno o vrsti genomskih izvora i evolucijskim mehanizmima koji su doveli do stvaranja amplikonskih gena, svi se pojavljuju u višestrukim, gotovo identičnim kopijama te stvaraju jednake obrasce ekspresije u tkivima. Određene genske porodice ekspimiraju se pretežno ili isključivo u spermatogenim stanicama testisa. Stvaranje spolnih kromosoma X i Y tijekom evolucije sisavaca i pojava domene specifične za muški spol, stvorilo je genomsku nišu u kojoj je selekcija krenula u smjeru poboljšanja muških zametnih stanica. Amplifikacija testis-specifičnih gena putem visoke razine ekspresije mogla je poboljšati stvaranje sperme. Međutim, u uvjetima izostanka krosingovera bilo je potrebno razviti drugi tip homologne rekombinacije, gensku konverziju kao sredstvo zadržavanja funkcije gena.

MEHANIZMI UOBLIČAVANJA GENETIČKE VARIJABILNOSTI

Prije nego što nastavimo razmatrati vrijednost primjene kromosoma Y u molekularno-antropološkim istraživanjima, potrebno se ukratko osvrnuti na mehanizme uobličavanja genetičke varijabilnosti ljudskih populacija. Naime, genetička varijabilnost rezultat je djelovanja temeljnih evolucijskih sila: mutacije, prirodne selekcije i toka gena koji uzrokuju sustavni pritisak na zalihu gena neke populacije te genetič-

kog drifta koji kroz nesustavni pritisak dovodi do slučajnih promjena u učestalosti gena.

Mutacija, odnosno nasljedna promjena, ključni je i sastavni dio evolucije budući da pribavlja novi genetički materijal stvarajući nove alele ili nove gene čija daljnja sudbina u ukupnoj zalihni gena ovisi o prirodnoj selekciji. Mutacija zahvaća somatske i spolne stanice, no samo u slučaju mutacije unutar spolne stanice i pod pretpostavkom da ista ne ugrožava reproduksijski potencijal jedinke, doći će do njezinog prenošenja na sljedeće generacije. Promjene u slijedu nukleotida uzrokovane mutacijom nazivaju se polimorfizmima molekule DNK ukoliko na promatranom lokusu u populaciji postoji više od jednog alela čija je učestalost veća od 1%. Srednja vrijednost heterozigotnosti ljudske DNK iznosi 0,0037, što znači da od 1:250 do 1:300 baza varira između različitih alelskih sljedova. S obzirom na obujam genoma zahvaćenog mutacijom, govorimo o kromosomskim aberacijama i mutacijama molekule DNK.

Mutacije molekule DNK dijele se na: 1) supstitucije (zamjene jednog nukleotida drugim), 2) delecije (uklanjanje jednog ili više nukleotida), 3) insercije (umetanje jednog ili više nukleotida) te 4) inverzije (rotacije dvolančanog dijela molekule DNK koji uključuje dva ili više parova baza za 180°). Supstitucije uključuju tranzicije (zamjena pirimidinske baze drugom pirimidinskom bazom ili zamjena purinske baze drugom purinskom bazom) i transverzije (zamjena pirimidinske baze purinskom ili obrnuto). Ovisno o posljedicama supstitucije kodirajuće DNK, tj. o promjenama koje nastaju u aminokiselinama, govorimo o: 1) tihim supstitucijama (ne uzrokuju promjene u kodiranju aminokiselina), 2) besmislenim mutacijama (dolazi do supstitucije kodona za aminokiselinu sa stop kodonom) i 3) promašenim mutacijama (promjene jednog kodona drugim specifičnim za različitu aminokiselinu).

Prirodna selekcija (diferencijalni reproduktivni uspjeh jedinke ili genotipa) gotovo automatski odabire korisne te uklanja štetne mutacije iz populacije uzimajući u obzir specifičnosti okoliša, što dovodi do funkcionalnog poboljšanja vrste. Drugim riječima, kada mutacije poluču korisne promjene, iste se usvoje putem prirodne selekcije. Većina mutacija, koje uzrokuju promjene u polipeptidu ili funkcionalnoj RNK, smanjuje stopu preživljavanja pojedinca koji ih nose u svom

genomu pa se uklanjaju iz populacije (negativna selekcija). Ponekad novi mutant može biti jednako koristan kao već postojeći alel u populaciji pa se takva mutacija smatra selektivno neutralnom. Vrlo rijetko nova mutacija povećava sposobnost preživljavanja, no ako se dogodi, postaje objektom pozitivne selekcije.

Tok gena je evolucijski čimbenik koji doprinosi zblizavanju različitih populacija putem prijenosa alela/gena tijekom migracijskih procesa pa se bitno umanjuju ili čak dokidaju različitosti među populacijama. Pritom se prekida postojeća ravnoteža, no populacija se prirodnom selekcijom usmjerava k uspostavi novog ravnotežnog stanja. Usprkos čestom izjednačavanju pojma toka gena i migracija populacija, radi se o dva zasebna fenomena. Migracija ne mora uvijek dovesti do toka gena (npr. imigracija u novo nenaseljeno područje). Međutim, u većini slučajeva, migracije mijenjaju ukupnu zalihu gena populacija koje izmjenjuju migrante i ovise o bliskosti tj. diferenciranosti populacija, o broju migranata te o brojnim geografskim, gospodarskim i sociokulturnim čimbenicima. Pojednostavljeno rečeno, tok gena je učestaliji između susjednih populacija sličnih kulturnih, religijskih, lingvističkih ili etničkih obilježja.

Genetički drift ima posebno važnu ulogu u uobličavanju genetičke varijabilnosti malih, izoliranih populacija, dok se u velikim populacijama njegov učinak prikriva selekcijom. Genetički drift podrazumijeva kumulativne učinke svih slučajnih procesa koji mogu uzrokovati promjene u učestalosti gena: 1) slučajan odabir gameta u procesu njihova prenošenja iz jedne generacije u drugu (u užem smislu, pojam genetički drift odnosi se upravo na ovaj slučaj), 2) slučajne promjene u jačini i smjeru selektivne sile i drugih sistematskih sila uključujući slučajne fluktuacije stopa mutacije, selektivnog pritiska i različitih populacijskih kretanja te 3) posebni, slučajni događaji poput novih povoljnih mutacija, jedinstvenih rekombinacija, zasićenja populacija masovnom imigracijom, jedinstvenih selekcijskih događaja te drastičnog smanjenja veličine populacije (učinak utemeljitelja ili učinak uskog grla).

Spomenimo ukratko i posljedice međudjelovanja genetičkog drifta i ostalih evolucijskih sila. Kvantitativni učinak genetičkog drifta sličan je na svim genima, premda je svaki gen zahvaćen slučajno i zasebno u odnosu na neki drugi gen. Genetički drift uzrokuje velike fluktuacije

svih gena u malim populacijama te manje promjene u velikim populacijama, no opet na svim genima. Suprotno tome, utjecaj prirodne selekcije jedinstven je s obzirom na svaki gen, no većina gena koji se izučavaju u molekularno-antropološkim istraživanjima (uključujući i polimorfizme na kromosomu Y o kojima je riječ u ovoj knjizi) je selektivno neutralna. Svi su geni, međutim, pod utjecajem genetičkog drifta koji može uzrokovati čak i gubitak pozitivno selektiranih mutacija (genetički drift ima malen utjecaj na selekciju korisnih alela do trenutka kad korisni aleli dosegnu dovoljno visoku učestalost). Dok se korisne i štetne mutacije zadržavaju ili uklanjaju iz populacije putem prirodne selekcije, neutralne mutacije su pod utjecajem genetičkog drifta koji uzrokuje njihovu fiksaciju ili nestanak. Učinak mutacija u evolucijskom smislu jest bitan jer se rijetkost njihova pojavljivanja nadoknađuje mnogobrojnošću jedinki koje čine populaciju, a od kojih je svaka izložena mogućnosti mutacijskog procesa. Dakle, evolucija čovjeka i raznolikost njegova genoma usko su vezani jer je razdioba različitosti u sljedovima molekule DNK unutar i između ljudskih populacija odraz djelovanja četiriju evolucijskih sila koje uobličavaju genetičku povijest čovjeka i njegovih bliskih predaka. Jedan od načina izučavanja genetičke varijabilnosti populacija i složenih mehanizama koji je uzrokuju moguć je temeljem uporabe genetičkih biljega.

Genetički biljeg je pojam koji se odnosi na zasebna, segregirajuća svojstva koja se na temelju svoje prisutnosti, odsutnosti, ili pak visoke učestalosti u jednim i/ili niske u drugim populacijama, mogu koristiti za njihovo opisivanje. Genetički su biljezi biološke osobitosti koje se nasljeđuju u skladu s Mendelovim zakonima, a klasificiraju se u mnogobrojne polimorfne sustave znatnih genetičkih varijacija.

GENETIČKI BILJEZI NA KROMOSOMU Y

Usprkos mnoštvu polimorfnih biljega na kromosomu Y, u molekularno-antropološkim istraživanjima koriste se dvije osnovne klase genetičkih biljega: bialelni (binarni) i multialelni.

Bialelni (binarni) biljezi uključuju polimorfizme jednog nukleotida (SNP) te insercije i delecije (indel polimorfizmi). SNP biljezi su općenito najučestaliji polimorfizmi u ljudskom genomu na koje otpada 90% ukupnih polimorfizama molekule DNK (Collins i sur. 1997.).

Budući da ih odlikuje niska stopa mutacije, koja u prosjeku iznosi 2×10^{-8} po bazi po generaciji (Nachman i Crowell 2000.), pogodni su za izučavanje ranih demografskih događaja u ljudskoj prapovijesti. Kod indel polimorfizama određuje se prisutnost ili odsutnost dijela molekule DNK u odnosu na ancestralno stanje koje je poznato iz komparativnih istraživanja srodnih vrsta (čimpanza, gorila i orangutana). Najpoznatiji indel polimorfizmi, koji nisu vezani uz nastanak neplodnosti muškaraca, a sustavno se nasljeđuju iz generacije u generaciju i dovoljno su učestali, jesu YAP insercija i 12f2 delecija. Postoje i brojni drugi primjeri delecija unutar gena kromosoma Y (AZFa, AZFb, AZFc), no vezani su uz nastanak različitih bolesti koje vode do neplodnosti muškaraca te ne pripadaju tradicionalnom odabiru biljega u suvremenim molekularno-antropološkim istraživanjima. U načelu, najviše se istražuju bialelne mutacije za koje je dokazano da su se pojavile jednom tijekom ljudske evolucije (u literaturi se spominju i kao UEP ili jedinstven evolucijski polimorfizam), a pokazuju dovoljno visoku učestalost (polimorfnost) da se mogu uočiti u ljudskim populacijama. Iznimka su bialelne mutacije za koje se zna da su se pojavile više puta tijekom ljudske evolucije, smještene na odvojenim granama filogenetičkog stabla kromosoma Y, poput bialelnog biljega $SRY_{10831a,b}$ (istovjetan je biljegu SRY_{1532}) temeljem kojeg se određuju filogenetički vrlo udaljene haplogrupe, A i R1a.

Multialelni biljezi uključuju polimorfizme dužine ponavljajućih nizova molekule DNK koji su smješteni uglavnom unutar nekodirajućih regija. S obzirom na dužinu, ovi se polimorfizmi klasificiraju kao satelitska DNK (sadrži ponavljajuće jedinice od jedne do nekoliko tisuća parova baza) koja se dalje dijeli na minisatelitsku i mikrosatelitsku DNK. Minisateliti ili VNTR polimorfizmi (varijabilni broj ponavljajućih nizova) sadrže ponavljajuće nizove dužine od 10 do 100 parova baza (pb) dok mikrosateliti ili STR polimorfizmi (kratki ponavljajući nizovi) sadrže ponavljajuće jedinice čija je dužina manja od 10 pb, najčešće u rasponu od dvije do šest pb. Za razliku od minisatelita, koji se koriste u ograničenom broju istraživanja, mikrosateliti su pronašli široku primjenu ne samo u molekularnoj antropologiji, već i suvremenoj forenzičkoj genetici. Nadalje, mikrosateliti se odlikuju izrazito visokom mutacijskom stopom. Mutacijska stopa mikrosatelita smještenih na kromosomu Y kreće se u rasponu od $2,0 \times 10^{-3}$ do

$6,9 \times 10^{-4}$ pa su oni pogodni za izučavanje demografskih događaja iz nedavne povijesti današnjih populacija. Međutim, u molekularno-antropološkim istraživanjima mikrosateliti se kombiniraju s bialelnim polimorfizmima kako bi se omogućila analiza raznolikosti haplogrupa i procijenila njihova starost.

Prvi otkriveni binarni biljezi kromosoma Y koji su primijenjeni u molekularno-antropološkim istraživanjima jesu 12f2 i 49f. Miriam Casanova i suradnici opisali su 1985. godine polimorfizam 12f2, a Kim Yen Ngo i suradnici su godinu dana poslije opisali polimorfizam 49f. Prvi otkriveni mikrosatelit na kromosomu Y jest Y-27H39, danas poznat kao DYS19, a opisali su ga Lutz Roewer i suradnici 1992. godine.

FILOGENETIČKO STABLO I OSNOVNA TERMINOLOGIJA

Usporedo s tehnološkim napretkom i razvojem novih metoda kao što su lančana reakcija polimerazom (PCR), automatizirano sekvencioniranje za velike projekte poput otkrivanja ljudskog genoma i denaturirajuća tekuća kromatografija visoke učinkovitosti (DHPLC), došlo je do otkrića sve većeg broja biljega na kromosomu Y koji su se mogli upotrijebiti u molekularno-antropološkim istraživanjima. Nakon što su Peter A. Underhill i suradnici 1997. upotrijebili DHPLC za otkrivanje i genotipizaciju 19, tada novih, binarnih biljega pogodnih za PCR tehniku, započeo je strelovit napredak u otkrivanju sve većeg broja informativnih biljega. Zahvaljujući naporima mnogih znanstvenika koji se bave istraživanjima kromosoma Y u molekularnoj antropologiji i srodnim disciplinama, danas raspolažemo sa 600 binarnih biljega i više od 200 mikrosatelita za vrlo precizno razlučivanje različitih nasljednih linija kromosoma Y.

Od 2002. do travnja 2008. godine primjenjivao se jedinstven sustav nomenklature za filogenetičko stablo kromosoma Y koji je zamijenio dotadašnjih sedam različitih i nepodudarnih sustava. Skupina znanstvenika okupljena u Konzorcij za kromosom Y (YCC) iznjedrila je 2002. godine parsimono filogenetičko stablo binarnih haplogrupa kromosoma Y. Filogenetičko stablo kromosoma Y iz 2002. godine obuhvaćalo je 243 binarna biljega genotipizirana u reprezentativnom globalnom uzorku populacija te 153 binarne haplogrupe (sadržane unutar 18 glavnih haplogrupa). Prihvaćen je hijerarhijski sustav

nomenklature kako bi se buduće otkrivene mutacije i haplogrupe mogle ugraditi u filogenetičko stablo. Imajući u vidu činjenicu da je kromosom Y haploidan, tom je prilikom propisano kako se termin HAPLOGRUPA ili klada koristi u slučajevima kada su nerekombinirajući dijelovi kromosoma Y definirani binarnim biljezima. Termin HAPLOTIP određen je za skupine kromosoma Y definirane mikrosatelitima. Također je dogovoreno kako se termin NASLJEDNA LINIJA koristi u slučajevima kada se kombiniraju podaci dobiveni testiranjem bialelnih i mikrosatelitskih biljega. Haplogrupe su označene velikim tiskanim slovima od A do R, a podhaplogrupe (subklade) odgovarajućim velikim tiskanim slovima, arapskim brojevima te malim tiskanim slovima (npr. I1a).

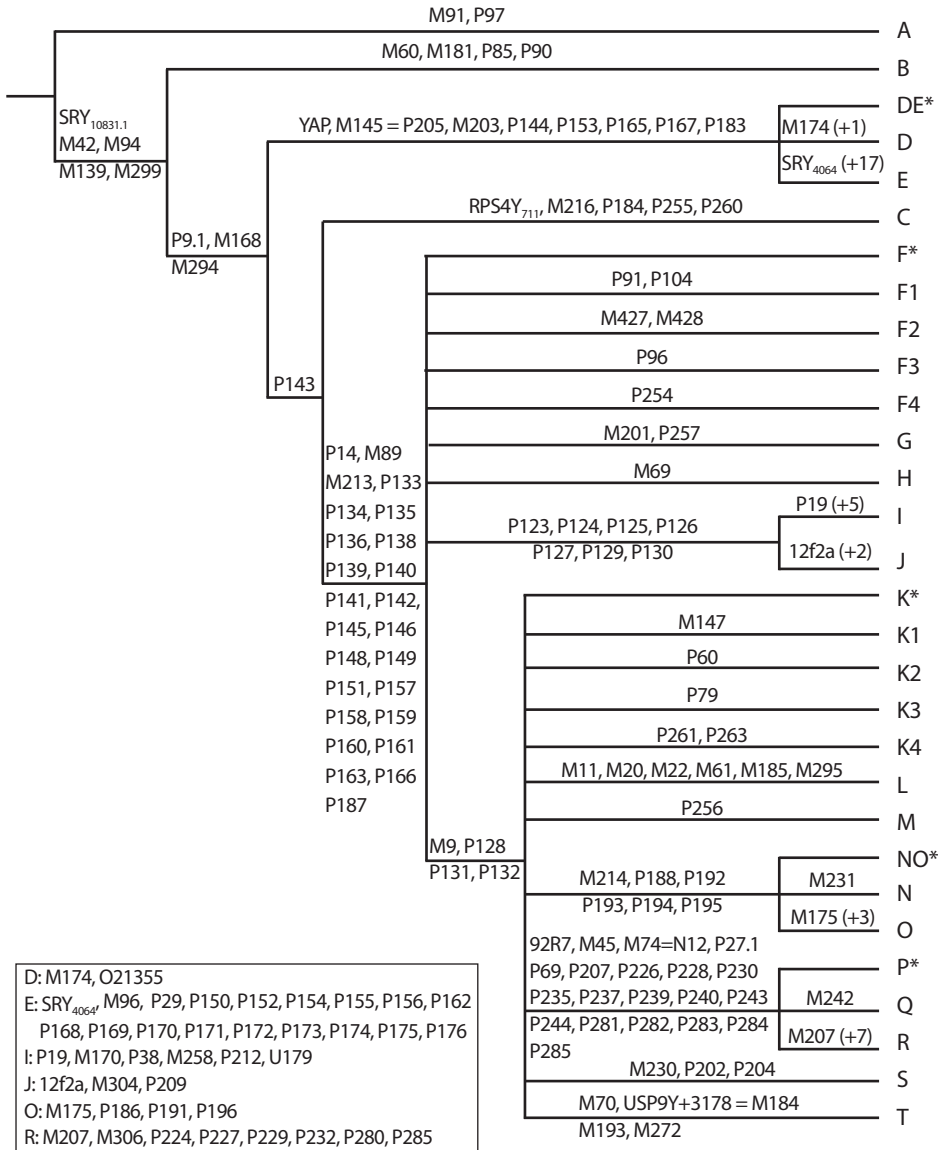
Prva dva grananja filogenetičkog stabla rezultirala su nastankom najstarijih haplogrupa A i B koje se pojavljuju jedino u Africi gdje je ujedno i ukorijenjeno filogenetičko stablo kromosoma Y. Preostali stariji dio filogenetičkog stabla čine tri subklastera sa zajedničkim izvorištem koje definira mutacija M168, a koji sadržava glavninu afričkih i ne-afričkih haplogrupa. Radi se o DE haplogrupama prisutnim i u Africi i Aziji, ne-afričkoj haplogrupi C rasprostranjenoj u istočnoj Aziji, Oceaniji i Sjevernoj Americi, te haplogrupi F koja sadrži vrlo razgranatu haplogrupu K. Visoka regionalizacija haplogrupa uočljiva je kod subklada F i K. Haplogrupe F* i H ograničene su na Aziju, a haplogrupe I i J na Europu i Bliski istok. Iz haplogrupe K također su nastale haplogrupe N i O koje su najzastupljenije u istočnoj Aziji, haplogrupe Q u sjeveroistočnoj Aziji i Amerikama kao i haplogrupa R koja se proteže od sjeverne Afrike preko Europe sve do zapadne Azije.

Filogenetičko stablo ukorijenjeno je pomoću sekvencioniranja homolognih dijelova NRY regije kod suvremenih muškaraca i srodnih nam primata kako bi se ustvrdili najvjerojatniji ancestralni aleli za utvrđene polimorfizme na ljudskom kromosomu Y. Monofiletičke haplogrupe u filogenetičkom stablu definirane su deriviranim mutacijama binarnih biljega. Patrilinearne nasljedne linije koje nisu određene deriviranim mutacijama potencijalno su parafiletičke pa se za njih rabi termin PARAGRUPA. Paragrupe se označuju zvjezdicom (*) kako bi se istakla činjenica da sadrže kromosome koji pripadaju istoj kladi, ali ne i njezinim subkladama. U slučajevima kada nisu genotipizirani svi

poznati genetički biljezi unutar klade, uvodi se zagrada i znak “x” te se na taj način označuju nasljedne linije koje su isključene. Spomenimo također kako je većina mutacija označena velikim tiskanim slovom M (zamjena za riječ mutacija, a ujedno označava biljege otkrivene u laboratoriju Petera A. Underhilla) ili P (zamjena za riječ polimorfizam, a ujedno označava biljege otkrivene u laboratoriju Michaela F. Hammera). Haplogrupe se mogu označavati prema nasljednim linijama (velikim tiskanim slovima, npr. haplogrupa I) ili i prema nasljednim linijama i mutacijama koje ih određuju (npr. haplogrupa I-M170).

Mark Jobling i Chris Tyler-Smith objavili su 2003. godine drugo izdanje YCC filogenetičkog stabla kromosoma Y s nekoliko manjih promjena u odnosu na 2002. godinu.

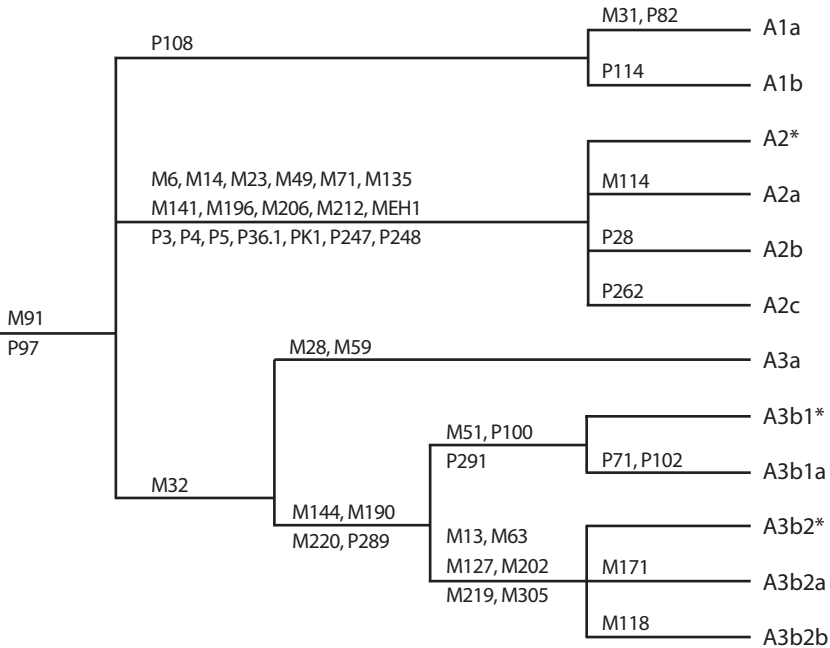
Tatiana M. Karafet, Fernando L. Mendez, Monica B. Meilerman, Peter A. Underhill, Stephan L. Zegura i Michael F. Hammer su 2. travnja 2008. godine objavili novo izdanje filogenetičkog stabla kromosoma Y (Slika 2) s 311 različitih haplogrupa (sadržanih u 20 glavnih haplogrupa, uključujući dvije nove glavne haplogrupe, S i T – Slike 3 do 20) i 600 binarnih biljega. Budući da je od 2002. do početka 2008. godine otkriveno više od 300 novih binarnih biljega koji su objavljeni u znanstvenim radovima dvaju, gore spomenutih laboratorija (biljezi od M226 do M450 te od P45 do P122) ili su postali dostupni zahvaljujući različitim javnim bazama podataka (većina biljega od P123 do P297), ukazala se potreba za objedinjavanjem novih podataka te mijenjanjem prijašnje topologije filogenetičkog stabla i nomenklature novootkrivenih nasljednih linija. Ključne promjene u odnosu na prvo YCC izdanje filogenetičkog stabla kromosoma Y iz 2002. godine su sljedeće. Prvo, novootkriveni biljeg P143 jest zajednička mutacija haplogrupama C i FT, a budući se superklaster C-FT pojavljuje obično izvan subsaharske Afrike, logično je pretpostaviti da su ancestralni C-FT kromosomi izneseni iz Afrike vrlo rano tijekom dijaspore anatomske suvremenih ljudi. Drugo, sedam mutacija ujedinjuju haplogrupe I i J u kladu IJ. Treće, šest polimorfizama ujedinjuje nasljedne linije N i O u kladu NO. Četvrto, novootkriveni genetički biljeg P256 ujedinjuje nasljedne linije M s dvjema K haplogrupama, K-M353/M387 i K-P117/P118, u superkladu M. Peto, dvije nove nasljedne linije K, definirane mutacijama M230 i M70, označene su kao nove glavne haplogrupe S i T.



Slika 2. Pojednostavljeni prikaz filogenetičkog stabla kromosoma Y. Imena haplogrupa naznačena su na krajevima pojedinačnih grana, a mutacije iznad. Dužina grana nije proporcionalna niti broju niti starosti mutacija. Redoslijed kojim su nabrojani filogenetički jednakovrijedni biljezi je proizvoljan (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).

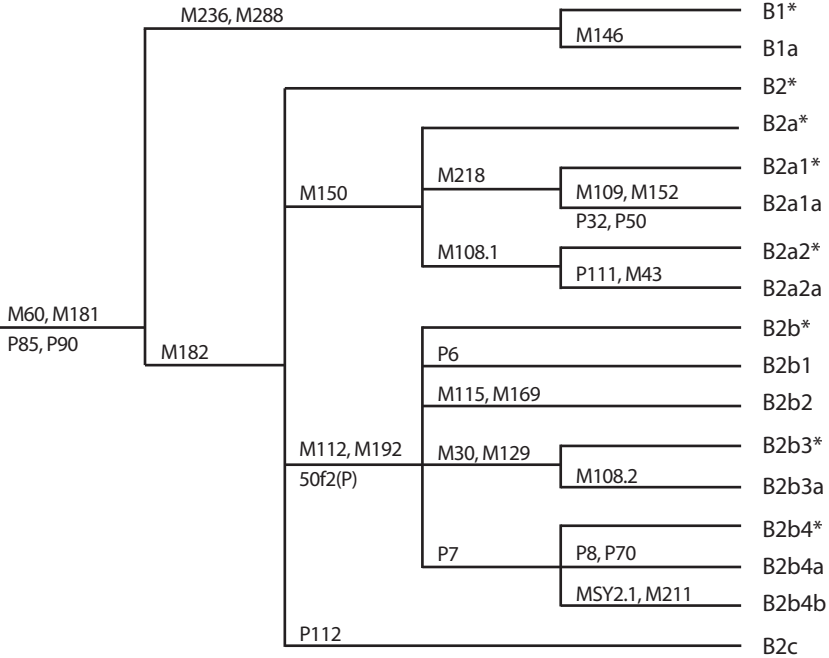
U ovoj knjizi koristit će se preporuke za nomenklaturu iz 2008. godine. U prvom i drugom poglavlju analiziran je i određeni broj starijih radova, od kojih nekolicina zavrjeđuje epitet “klasični”, te će prvo biti napisana nova nomenklatura, i ukoliko je došlo do promjene, nomenklatura iz 2002. godine bit će napisana u zagradi. U trećem poglavlju o najnovijim istraživanjima varijabilnosti kromosoma Y u bajaškoj populaciji u Hrvatskoj, koristit će se isključivo nova nomenklatura.

Napomenimo također pojam filogeografije koji je u literaturu prvi uveo John C. Avise još 1987. godine, a odnosi se na analizu geografske raspodjele različitih grana (genealoških linija) filogenetičkog stabla. Upravo je filogeografski pristup, zbog mogućnosti kombiniranja vremenske dimenzije (iz filogenetičkog stabla) s prostornom (geografijom), postao dominantan u suvremenim molekularno-antropološkim istraživanjima temeljenim na uniparentalnim polimorfizmima.

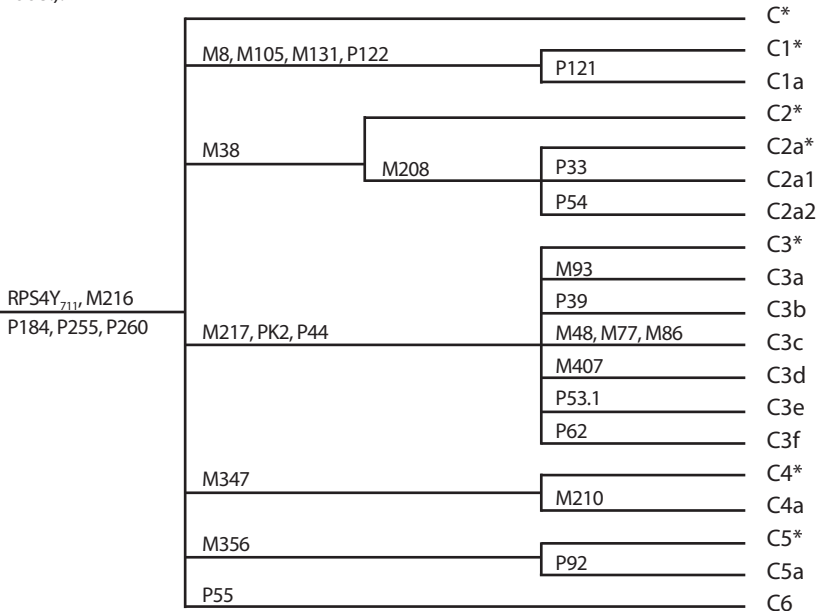


Slika 3. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi A (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).

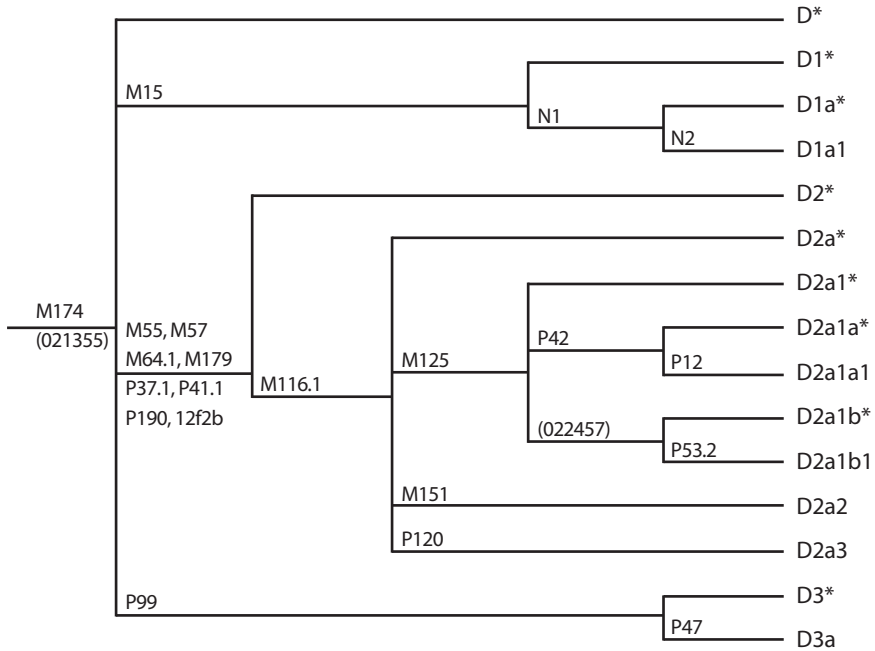
I. DIO: LJUDSKI KROMOSOM Y



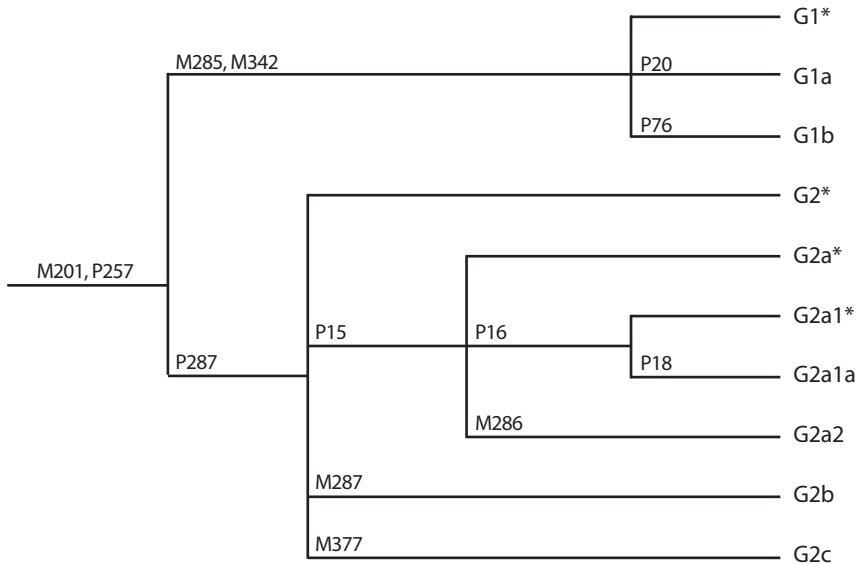
Slika 4. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi B (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



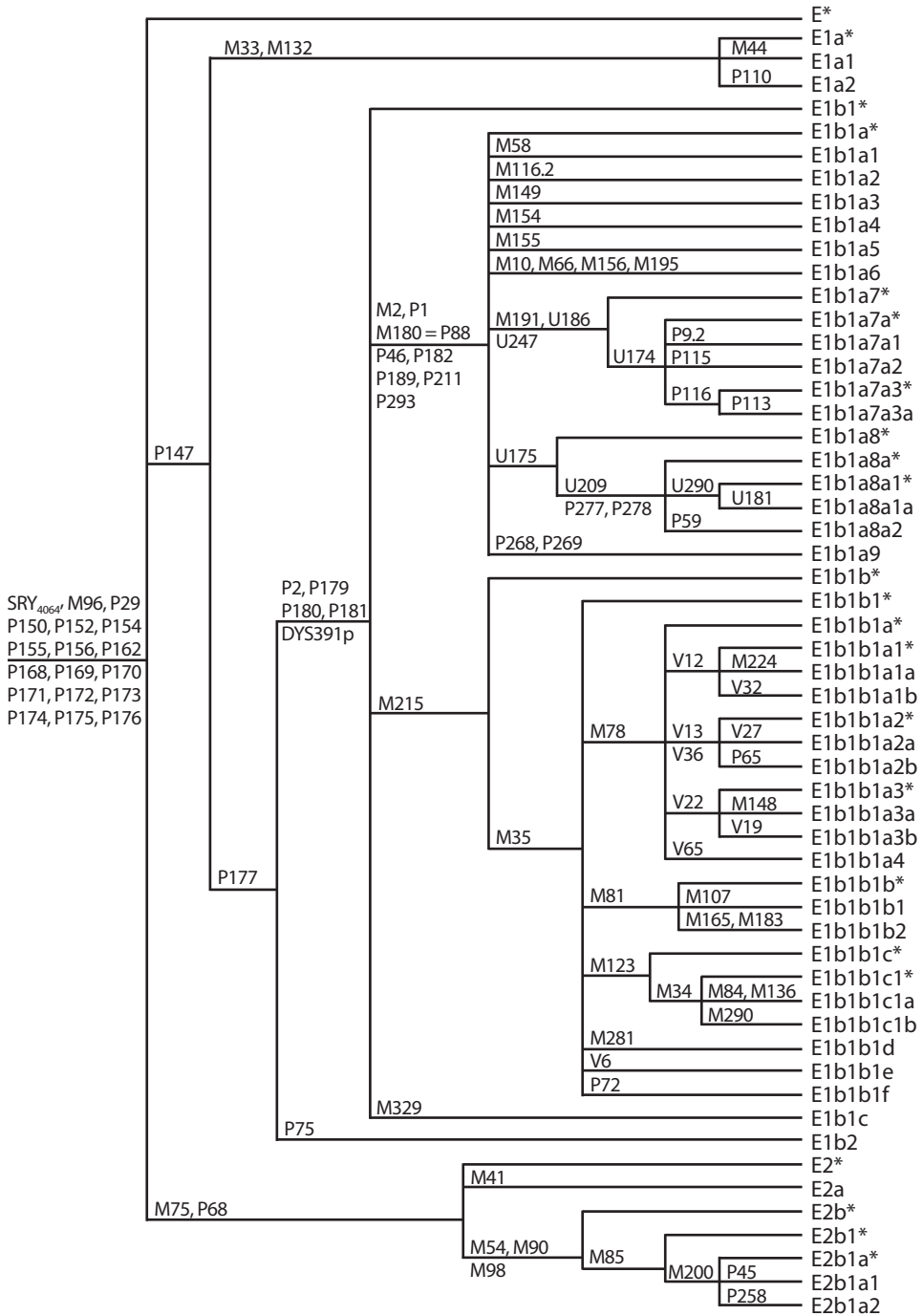
Slika 5. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi C (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



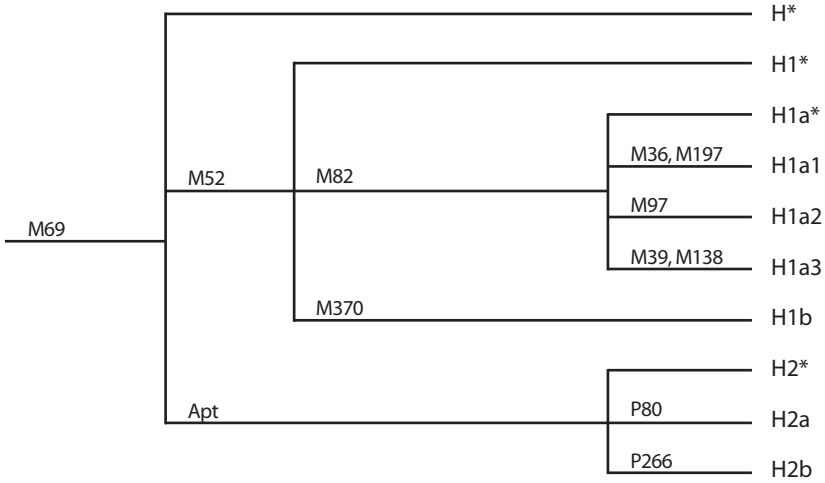
Slika 6. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi D (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



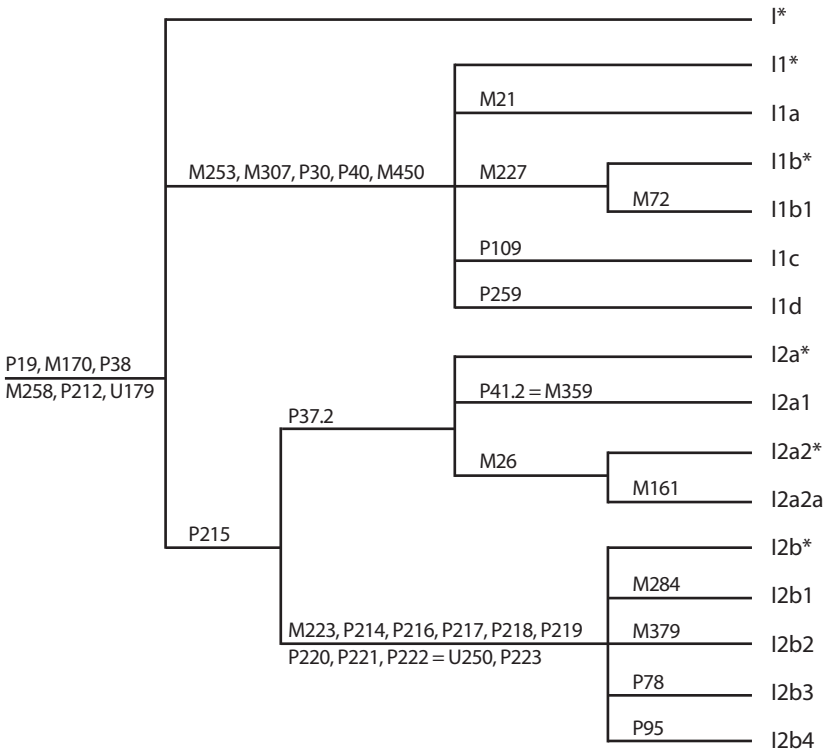
Slika 8. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi G (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



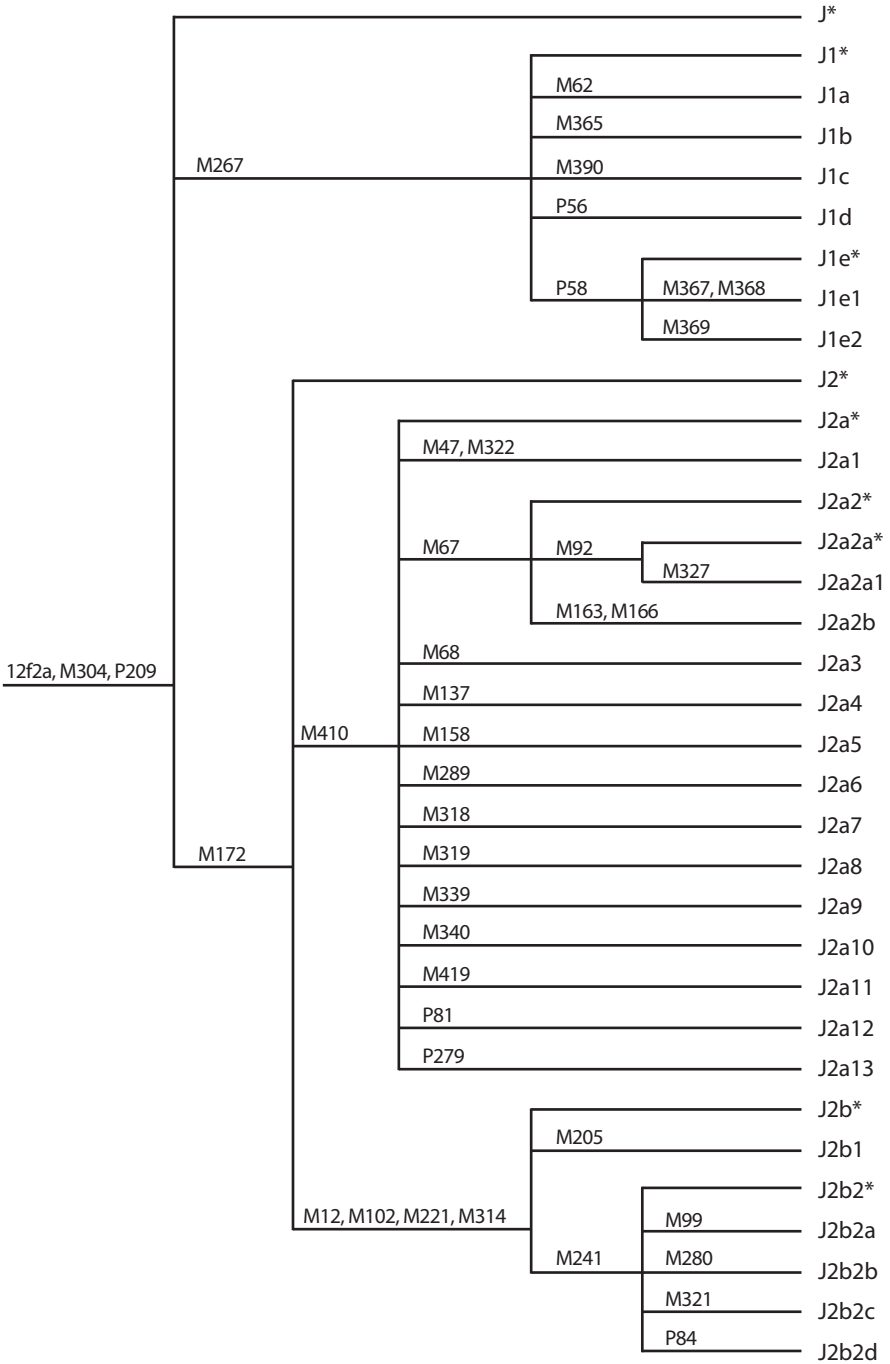
Slika 7. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi E (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



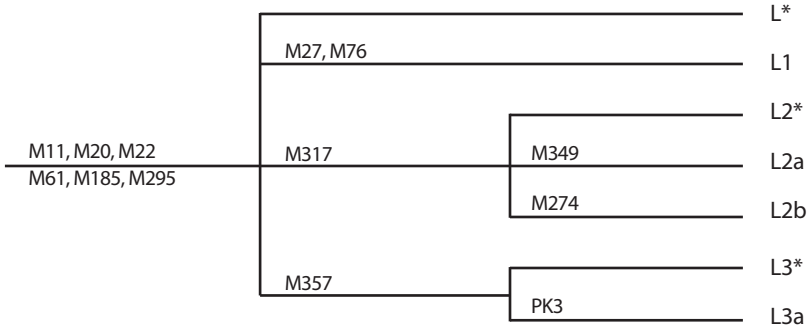
Slika 9. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi H (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



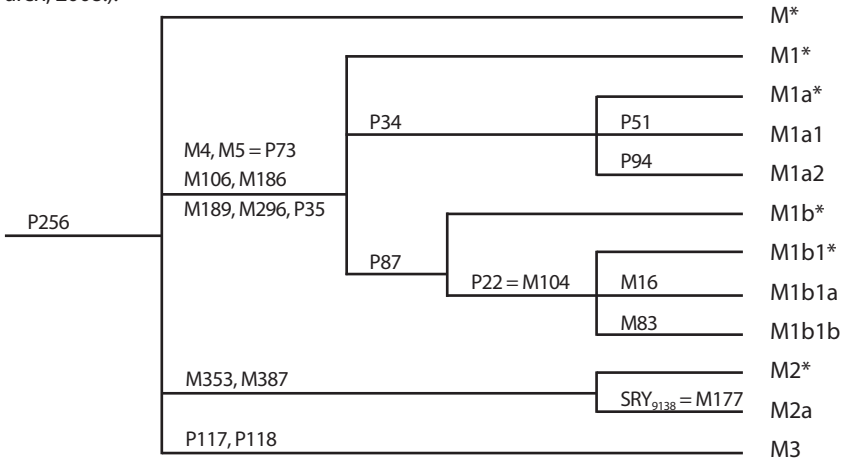
Slika 10. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi I (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



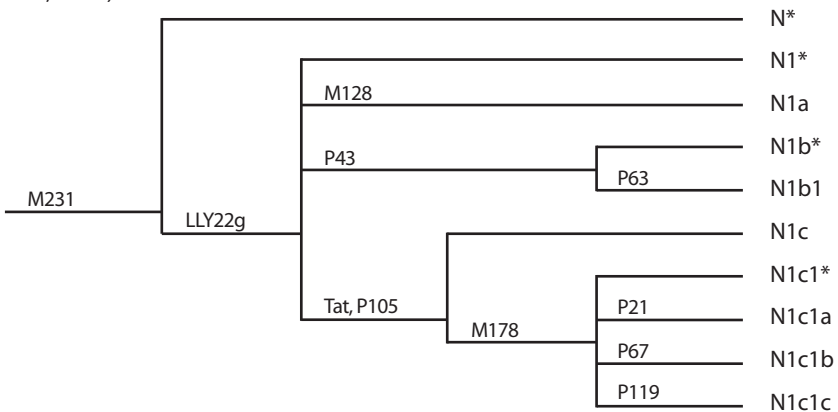
Slika 11. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi J (preuzeto s dozvolom od Tati-
ane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



Slika 12. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi L (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).

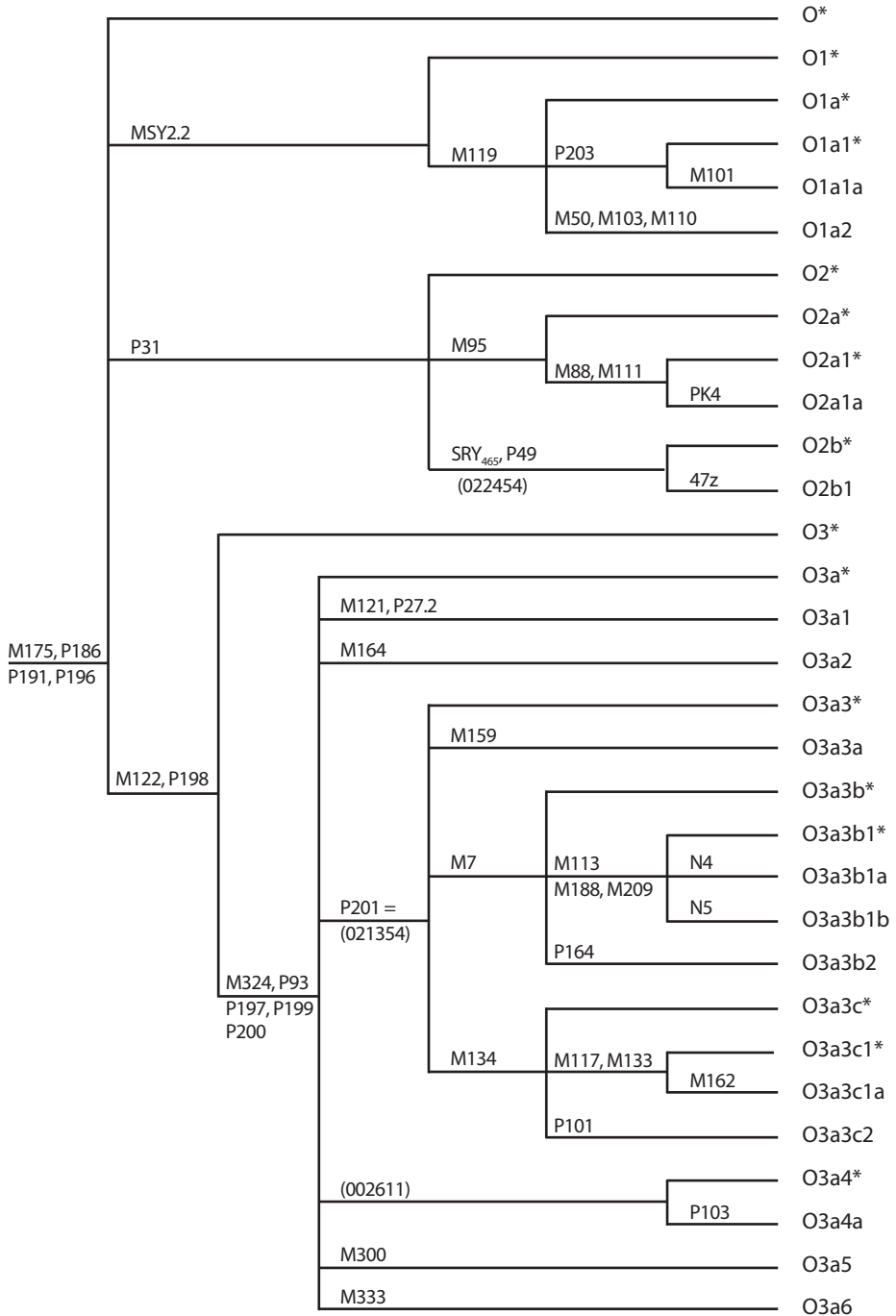


Slika 13. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi M (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).

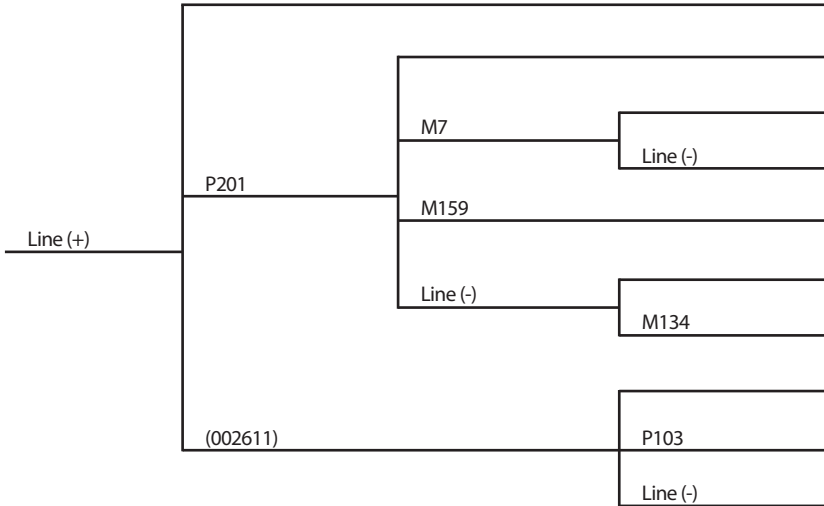


Slika 14. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi N (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).

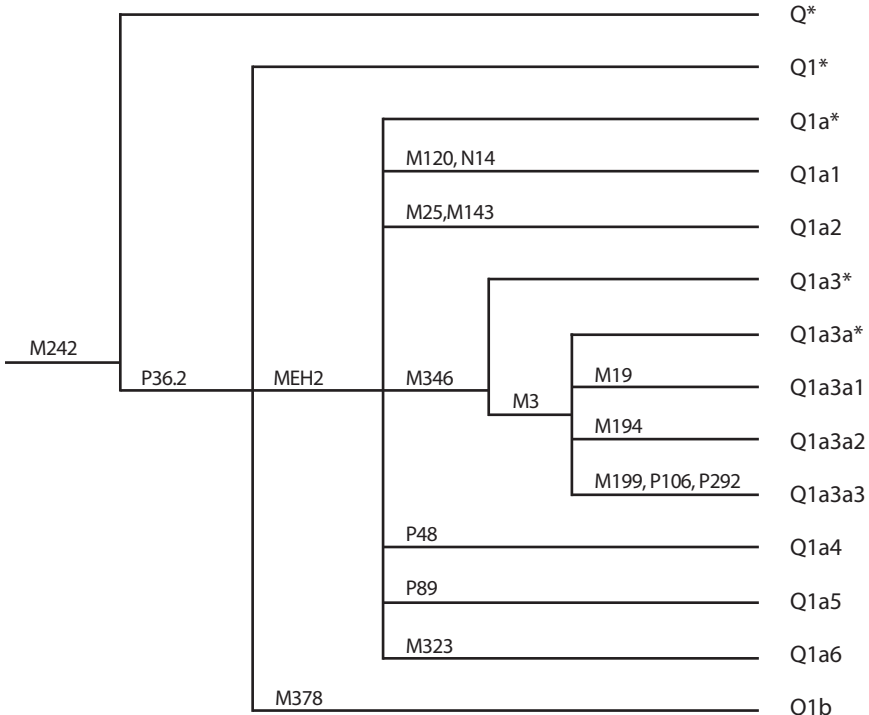
I. DIO: LJUDSKI KROMOSOM Y



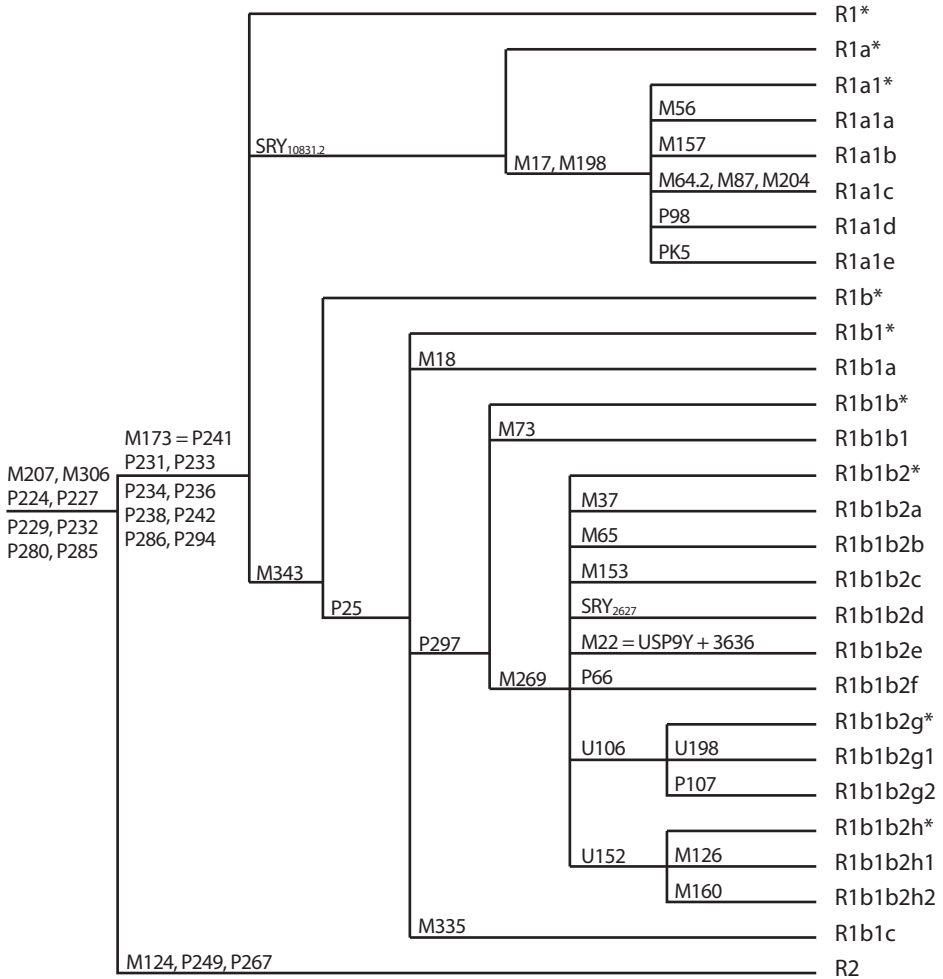
Slika 15. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi O (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



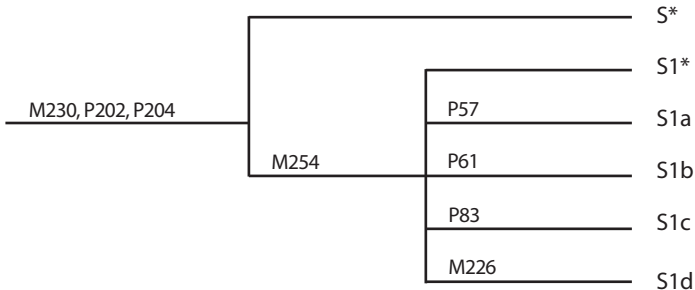
Slika 16. Hipotetski dio filogenetičkog stabla definiran LINE-1 insercijom u haplogrupi O. Postoje barem dvije neovisne delecije LINE-1 insercije (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



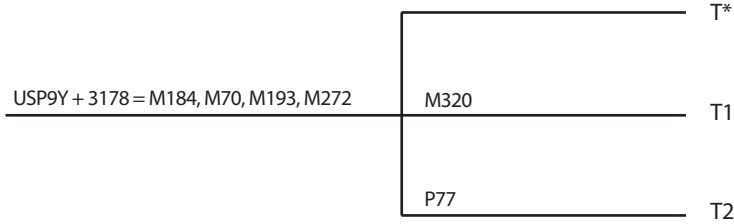
Slika 17. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi Q (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



Slika 18. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi R (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



Slika 19. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi S (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).



Slika 20. Dio filogenetičkog stabla koji odgovara haplogrupi T (preuzeto s dozvolom od Tatiane M. Karafet i suradnika, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Genome Research, 2008.).

KROMOSOM Y U MOLEKULARNO-ANTROPOLOŠKIM ISTRAŽIVANJIMA

S pravom se možemo pitati zbog čega su molekularni antropolozi zaintrigirani već više od 20 godina tako malim dijelom ljudskog genoma koji se odnosi tek na jednu polovicu populacije. Obrazloženja su mnogostruka. Uslijed svoje uloge u određivanju muškog spola, kromosom Y pojavljuje se isključivo kod muškaraca kao haploidan kromosom (muškarci imaju jedan par spolnih kromosoma koji čini jedan kromosom Y i jedan kromosom X, za razliku od žena čiji je spolni par kromosoma sačinjen od dva kromosoma X koji su diploidi kao i svi autosomni kromosomi). Kromosom Y nasljeđuje se patrilinearno ili po očinskoj nasljednoj liniji, od oca na sina te, za razliku od ostalih kromosoma, ne podliježe rekombinaciji tijekom mejoze (s izuzetkom PAR područja koje zauzima tek manje od 3 Mb od ukupnih 60 Mb dužine kromosoma Y). Najznačajnija prednost izostanka rekombinacije jest činjenica da se kombinacije alelnih stanja na biljezima unutar NRY područja nasljeđuju nepromijenjene iz generacije u generaciju, poput jednog lokusa. Budući da je jedini izvor promjene na NRY pojava mutacije, moguće je na relativno jednostavan način rekonstruirati evolucijski slijed od suvremenih muškaraca do zadnjeg zajedničkog muškog pretka, tj. rekonstruirati genetičku povijest suvremenih muškaraca.

Kromosom Y pogodan je za molekularno-antropološka istraživanja suvremenih populacija i zbog činjenice da je uslijed svoje male efektivne veličine populacije izuzetno podložan utjecaju genetičkog drifta. Naime, zbog utjecaja genetičkog drifta dolazi do slučajnih pro-

mjena u učestalosti haplotipova i haplogrupa te do ubrzanje diferencijacije skupina kromosoma Y u različitim populacijama (tzv. geografsko klasteriranje). U slučaju ravnomjernog odnosa spolova (1:1), u populaciji koju čine jedna žena i jedan muškarac, postoje četiri kopije svakog autosomnog kromosoma, tri kromosoma X i jedan kromosom Y pa je tako efektivna veličina populacije kromosoma Y jednaka jednoj četvrtini efektivne veličine populacije bilo kojeg autosoma te jednoj trećini efektivne veličine populacije kromosoma X (a ima i gotovo identičnu efektivnu veličinu populacije poput mtDNK koja je također haploidna).

Diferencijacija populacija s obzirom na prisutnost različitih haplogrupa i haplotipova kromosoma Y rezultat je i ponašanja samih muškaraca prilikom odabira mjesta stanovanja nakon sklapanja i tijekom braka. Patrilokalno naseljavanje prevladava u gotovo 70% suvremenih populacija u svijetu (Burton i sur. 1996., Seielstad i sur. 1998.) pa budući da većina muškaraca živi bliže mjestu rođenja nego što je to slučaj kod žena, pojačava se diferencijacija unutar skupine kod mtDNK i smanjuje kod NRY, dok se diferencijacija između različitih skupina povećava kod NRY i smanjuje kod mtDNK. Kod matrilokalnih društava očekujemo obrnut proces, dok kod bilokalnih takve razlike, u pravilu, izostaju. Hiroki Oota i suradnici (2001.) uočili su spomenute razlike između patrilokalnih i matrilokalnih plemena u sjevernom Tajlandu, suprotno od istraživanja Raphaëllea Chaixa i suradnika (2007.) koje je provedeno na patrilokalnim stočarskim i bilokalnim zemljoradničkim populacijama u središnjoj Aziji među kojima očekivani obrasci diferencijacije jesu uočeni kod NRY, no nisu kod mtDNK. U trećem istraživanju ove vrste, koje su proveli Vikrant Kumar i suradnici (2006.), nisu uočene razlike u obrascima varijabilnosti NRY i mtDNK između patrilokalnih i matrilokalnih kasta i plemena u Indiji. Ovakvi nalazi mogući su uslijed barem dva razloga. Prvo, očekivane korelacije između suvremene genetičke varijabilnosti i izbora mjesta stanovanja bračnih ili reproduksijskih partnera mogu izostati ukoliko analize varijabilnosti mtDNK i NRY uključuju širi okvir društvene organizacije od razine skupine u kojoj se primjenjuju određeni obrasci naseljavanja. Lokalne migracije u kojima je jedan spol zastupljeniji više od drugog ne moraju nužno utjecati na genetičku raznolikost na regionalnoj ili globalnoj razini. Dapače, usprkos prevazi patrilokalnih društava u ci-

jelom svijetu, nije uočena veća genetička raznolikost među kontinentima kod NRY u odnosu na mtDNK (Seielstad i sur. 1998.). Drugo, moramo sa sigurnošću znati koliko dugo neka društvena skupina slijedi određeni tip naseljavanja. Kod nekih društava je prijelaz iz lovačko-sakupljačkih na zajednice koje proizvode hranu prije približno 10.000 godina označio promjenu iz bilokalnog u patrilokalno naseljavanje. S druge strane, imamo i primjere društava u kojima je došlo do nedavne i brze promjene u odabiru mjesta stanovanja. U takvim slučajevima, a ukoliko nije prošlo dovoljno vremena da se ujednače suprotni učinci toka gena i genetičkog drifta, genetička raznolikost može ocrtavati povijesne, a ne suvremene obrasce naseljavanja.

Diferencijacija kromosoma Y ovisna je i o nizu drugih populacijskih i demografskih čimbenika. Primjerice, ukoliko se radi o velikim i sjedilačkim (nenomadskim) populacijama, očekivano je da će genetički drift uzrokovati spore promjene u učestalosti haplogrupa i haplotipova kromosoma Y te da će pod utjecajem toka gena između susjednih populacija doći do nastanka kline, tj. do postupnih promjena u učestalosti u susjednim geografskim područjima. Upravo su takvi uvjeti bili karakteristični za europske populacije tijekom holocena pa je danas u Europi moguće uočiti klinalni obrazac promjena kod nekoliko tipičnih europskih haplogrupa, a o čemu će još biti riječi u ovoj knjizi.

S druge pak strane, središnja i sjeverna Azija primjer su rijetko naseljenih područja čije su populacije uglavnom malene i u kojima pod utjecajem genetičkog drifta (a uz izostanak toka gena) dolazi do dramatičnih promjena u učestalosti haplogrupa tj. do dominacije jedne nasljedne linije u populaciji, a time i nestanka klina. U takvim slučajevima susjedne populacije mogu pokazivati velike genetičke udaljenosti jer svaka populacija može imati jednu ili nekoliko dominantnih haplogrupa. Ukoliko bi ovakve populacije bile nomadske (kao npr. neke sibirске populacije), mogli bismo očekivati da će genetička varijabilnost među njima biti ovisnija o jeziku kao stabilnijoj socio-kulturnoj populacijskoj odrednici nego o promjenljivoj prirodi geografskog područja koje se može u određenom trenutku ili okolnostima naseljavati. Premda suvremene populacije nisu slične pretpovijesnim populacijama, ne treba izgubiti iz vida činjenicu da obrasci genetičke varijabilnosti kromosoma Y u područjima poput središnje i sjeverne Azije (a ne gusto naseljenih i visoko urbaniziranih dijelova svijeta) mogu biti dobri po-

kazatelji mogućih populacijsko-genetičkih fenomena koji su bili prisutni u rijetko naseljenim pretpovijesnim populacijama.

Naposljetku, Indija je primjer modela uobličavanja genetičke varijabilnosti kromosoma Y u vrlo velikoj (šestina ukupne svjetske populacije) i izraženo društveno strukturiranoj populaciji organiziranoj prema kompleksnim kastinskim i plemenskim pravilima u kojima rođenje određuje gotovo sve važnije životne okolnosti, uključujući i odabir bračnog partnera. Kastinsko-plemenski sustav doveo je do nastanka “mnoštva endogamnih džepova” (Chaubey i suradnici 2006.) te visokog stupnja genetičke diferencijacije između populacija koje su nastanjene u neposrednoj geografskoj blizini. Iz mnoštva istraživanja genetičke strukturiranosti Indije, s obzirom na plemensko-kastinski sustav, bez obzira na određene kontradiktorne nalaze, o kojima će još biti riječi u ovoj knjizi, naziru se dva opća zaključka: usprkos visokoj genetičkoj diferenciranosti, različite kaste i plemena u Indiji sličnije su međusobno nego bilo kojoj drugoj populaciji s nekog drugog kontinenta, odnosno, genetička struktura indijskog potkontinenta bitno se razlikuje od genetičke strukture populacija s drugih kontinenta.

NASELJAVANJE JUŽNE AZIJE I INDIJE

Većina se molekularnih antropologa slaže da je migracija iz Afrike bila usmjerena upravo prema južnoj Aziji koja je bila prvi kutak Euroazije u kojem je došlo do ekspanzije i diversifikacije anatomski suvremenih ljudi. Istraživanja mtDNK slažu se s prije spomenutim istraživanjima kromosoma Y te se smatra da je južna Azija naseljena prije 40.000 do 70.000 godina južnim obalnim putem.

U slučaju južne Azije znanstvena koplja su se lomila zbog većine procesa koji su nastupili nakon inicijalnog naseljavanja. Naime, postoje uistinu brojna, no često kontradiktorna, istraživanja uniparentalnih polimorfizama koja su pokušala s više ili manje uspjeha procijeniti genetičku strukturu i podrijetlo indijskih populacija, način širenja zemljoradnje i jezika te razinu genetičke varijabilnosti između populacija koje pripadaju različitim lingvističkim porodicama te društvenim i descendentnim skupinama poput kasta i plemena.

Dosadašnja su istraživanja iznjedrila dva suprotstavljena modela koja objašnjavaju genetičko podrijetlo kasta i plemena. Model Too-

masa Kivisilda i suradnika (2003.) zagovara zajedničko, pleistocensko podrijetlo plemena i kasta s minimalnom razinom recentnog toka gena među njima, dok model Richarda Cordauxa i suradnika (2004.) podrazumijeva odvojeno podrijetlo, vežući prisutnost haplogrupa J2, R1a, R2 i L s migracijama indoeuropskih populacija, širenjem zemljoradnje i uvođenjem kasta iz područja središnje Azije. Cordauxov se model nastavlja na tezu Spencera Wellsa i suradnika (2001.) o malim genetičkim udaljenostima između indijskih i zapadno-euroazijskih populacija uslijed indoarijskih migracija koje su uzrokovale postupno smanjenje R1a od središnje prema južnoj Aziji. Jednako tako nisu usuglašena niti mišljenja o podrijetlu dravidskih jezika. Istraživanja Toomasa Kivisilda (1999.) potvrdila su pretpostavke Colina Renfrewa (1996.) o dolasku dravidskog poljoprivrednog stanovništva s Bliskog istoka u Indiju. S druge strane, Dorian Q. Fuller (2003.) je u arheobotaničkom materijalu i kolokvijalnim izrazima vezanim za zemljoradnju našao uporište tezi o epipaleolitičkom razvoju dravidskih jezika u južnoj Aziji pa to područje smatra još jednim središtem domestikacije biljaka od strane starosjedilačkog stanovništva.

S obzirom da je kontradiktornost većine provedenih istraživanja uslijedila zbog oskudnog uzorkovanja populacija indijskog potkontinenta, neadekvatnog definiranja različitih etničkih skupina te nezadovoljavajuće razine molekularne rezolucije, nekoliko se skupina eminentnih znanstvenika nedavno upustilo u niz istraživanja visoke rezolucije kromosoma Y na geografski, lingvistički i društveno reprezentativnom uzorku južne Azije (na primjer Sengupta i suradnici 2006., Sahoo i suradnici 2006., Chaubey i suradnici 2006.). Prije pregleda i ocjene rezultata navedenih istraživanja, važno je spomenuti dva dodatna fenomena važna za razumijevanje kompleksne genetičke strukture mnogobrojnih indijskih naroda. Prvo, definicija pojedinih kasta i plemena mijenjala se usporedo s promjenama vladajućih slojeva i legislativa, a dinamika apsorpcije plemena u sustav kasta nije bila ujednačena u različitim vremenskim razdobljima i regijama – plemena lovaca-sakupljača nisu jednakom brzinom gubila tradicionalni habitat zbog deforestacije uzrokovane razvojem zemljoradnje, kao što nisu niti sva plemena jednakom brzinom prihvaćala uzgoj žitarica i ostala sa zemljoradnjom povezana zanimanja. Drugo, gotra ili klan jest temeljna descendentna jedinica indijskog društva u kojoj se pripadništvo određuje muškom nasljednom

linijom. Sustav gotri oblikuje mreže endogamnih brakova, a zamjećuje se podjednako, kako unutar kasta, tako i plemena.

Veći dio indijske očinske zalihe gena čine haplogrupe H, R1a1, O2a, R2, J2, O3a3c (O3e), L1 i F*. Uočeni filogeografski obrasci haplogrupa C5, F*, H, R2 i L1 upućuju na njihovo endogeno podrijetlo, unutar granica Indije. Međutim, haplogrupi R1a1, usprkos maksimumu varijabilnosti u sjeverozapadnoj Indiji, a zbog široke zastupljenosti diljem Euroazije te sadašnjeg nedostatka informativnih subklada definiranih binarnim biljezima, ipak se ne može sa sigurnošću pripisati već prije pretpostavljeno indijsko podrijetlo. Visoka učestalost i varijabilnost haplogrupe R2 potvrđuje indijsko podrijetlo, a njezina niska učestalost u središnjoj Aziji i Iranu upućuje na tok gena iz Indije. Vrlo je zanimljivo da je R2 prisutna u visokoj učestalosti kod Roma iz Uzbekistana (53%), a izostaje kod europskih Roma kod kojih dominira haplogrupa H. Budući da se u kontinentalnom dijelu Euroazije sveprisutna haplogrupa R i njezine subklade preklapaju s rasprostranjenošću indoeuropskih jezika, očekivano je da će otkriće novih binarnih biljega unutar R pridonijeti skorijem razrješenju pitanja podrijetla indoeuropskih jezika. Haplogrupa O2 rasprostranjena je među govornicima austroazijskih jezika na sjeveroistoku Indije i u jugoistočnoj Aziji. Rasprostranjenost haplogrupe O i njezinih subklada u istočnoj i središnjoj Indiji najvjerojatnije je posljedica činjenice da su govornici austroazijskih i tibetskoburmanskih jezika u Indiji podrijetlom iz jugoistočne Azije. Procijenjeno vrijeme koalescencije većine indijskih haplogrupa od 10.000 do 15.000 godina prije sadašnjosti govori u prilog drevnim počecima regionalne diferenciranosti brojnih indijskih populacija koja potječe iz razdoblja prije i za vrijeme holocena, a ne tijekom ekspanzija indoeuropskog stanovništva.

NASELJAVANJE EUROPE

Razumijevanje procesa naseljavanja europskog kontinenta iz perspektive kromosoma Y omogućila su dva velika, pan-europska, gotovo istodobna istraživanja koja su 2000. objavili Ornella Semino i suradnici te Zoë H. Rosser i suradnici. Premda je istraživanje Z. Rosser i suradnika provedeno na nižoj razini filogenetičke rezolucije (no na tri puta brojnijem uzorku), u oba su rada uočeni slični geografski gra-

dijenti učestalosti osnovnih europskih haplogrupa koji su objašnjeni sličnim genetičkim scenarijima.

Istraživanje Zoë Rosser i suradnika (2000.) posebno je značajno jer su autori pokazali kako varijabilnost kromosoma Y u Europi nije slučajno raspoređena budući su potvrđene statistički značajne kline kod pet od šest analiziranih haplogrupa. Nadalje, autori su dokazali kako genetičke veze među populacijama nisu uvjetovane bliskošću jezičnih skupina, već primarno geografskim položajem i udaljenostima.

Ornella Semino i suradnici (2000.) pronašli su kod približno 80% europskog stanovništva mutacije svojstvene haplogrupama R1a1, R1, I i N1c (N3) koje su nastale kao rezultat različitih pretpovijesnih migracija od kojih su najveću ulogu imale dvije tijekom paleolitika. Ostatku stanovništva (~20%) pripisane su haplogrupe J2, E1b1b1 (E3b) i G koje su nastale kao rezultat migracija tijekom neolitika.

Najstarija mutacija na europskom tlu, M173 proširila se iz središnje Azije prema Europi prije 40.000 do 35.000 godina, najvjerojatnije u uskoj vezi sa širenjem orinjačke kulture. Polovica suvremenih Europljana ima mutaciju na M173 biljegu. Već je tada uočeno da nešto mlađa mutacija M17 definira još jednu haplogrupu koja je sasvim suprotno raspoređena od one definirane M173 biljekom.

Naime, danas je jasno da se u istraživanju Ornelle Semino i suradnika iz 2000. godine raspravljalo o haplogrupi R1a-SRY₁₅₃₂ (odnosno jednoj od njezinih subklada R1a1-M17) koja se pojavljuje u istočnoj Europi, posebno među populacijama koje govore slavenskim jezicima. S druge strane, dio nasljednih linija karakteriziran mutacijom na M173 biljegu u biti se odnosi na haplogrupu R1b1b2-M269 koja je rasprostranjena po zapadnoj Europi.

Uočena rasprostranjenost haplogrupa R1a i R1b1b2 (R1b) posljedica je migracija uvjetovanim klimatskim prilikama u ondašnjoj Europi. Posljednje ledeno doba (23.000 do 14.000 godina prije sadašnjosti) je razdoblje koje je vjerojatno najviše utjecalo na genetičko nasljeđe današnjeg autohtonog europskog stanovništva. Temeljem arheoloških nalaza znamo da se za vrijeme nepovoljnih klimatskih uvjeta tadašnje stanovništvo, a to su bile skupine lovaca-sakupljača, sklanjalo u dva velika utočišta od kojih je jedno zasigurno bilo smješteno na Iberijskom poluotoku, a drugo na području današnje Ukrajine. Nakon povlačenja leda, došlo je do disperzije stanovništva iz dvaju utočišta te do postu-

pne rekolonizacije Europe. Haplogrupa R1b1b2 (R1b) proširila se iz Iberije prema ostatku zapadne Europe pa je danas moguće pratiti smanjenje gradijenta učestalosti i varijabilnosti u smjeru od zapada prema istoku. Suprotno potonje spomenutom, haplogrupa R1a proširila se iz Ukrajine po istoku Europe, o čemu svjedoči smanjenje gradijenta učestalosti i varijabilnosti od istoka prema zapadu.

Mutacija M170 koja označava haplogrupu I, jedinu autohtonu europsku haplogrupu čija je rasprostranjenost gotovo sasvim ograničena na europski kontinent, nastala je među potomcima muškaraca koji su doselili s Bliskog istoka u Europu prije 25.000 do 20.000 godina, a koji su najvjerojatnije sudjelovali u širenju epigravetijanske kulture. Haplogrupa I pokazuje najveće učestalosti u dvije europske regije, u Skandinaviji i na području jugoistočne Europe, dok je u Sardiniji i Baskiji prisutna filogenetički bliska mutacija M26.

Haplogrupa N1c (N3) koju definira Tat C mutacija pojavljuje se u sjevernoj i istočnoj Europi, te sjevernoj Aziji, a gotovo je nikad ne nalazimo u zapadnoj i južnoj Europi.

Haplogrupe E1b1b1 (E3b), J2 i G pokazuju specifičnu geografsku raspodjelu, tj. najviše učestalosti na Bliskom istoku koje se postupno smanjuju od juga prema sjeveru Europe. Smatralo se da spomenuti geografski gradijenti oslikavaju migracije zemljoradničkog stanovništva nakon što je usvojena tehnologija proizvodnje žitarica na području Bliskog istoka prije 10.000 godina. Raspodjela tih, tzv. neolitičkih haplogrupa, naglašenija je uz obale Mediterana nego što je to slučaj u kontinentalnoj Europi.

Premda se molekularni antropolozi uglavnom slažu da je zemljoradnja nastala na Bliskom istoku, vode se rasprave oko načina njezina širenja. Izdvajaju se dvije škole koje zagovaraju dva temeljna modela. Albert J. Ammerman i Luigi Luca Cavalli-Sforza predložili su 1984. model demske difuzije. Najjednostavnije rečeno, model demske difuzije pretpostavlja da je došlo do velikih migracija zemljoradničkih zajednica jer je proizvodnja hrane dovela do naglog povećanja brojnosti stanovništva. Ekstremni zagovaratelji modela demske difuzije smatraju da je došlo do minimalnog toka gena između neolitičkih zemljoradnika i mezolitičkih starijodilaca. Robin Dennell (1983.) i Marek Zvebil (1986.), neovisno jedan od drugog, predložili su model kulturne difuzije koji pretpostavlja da je došlo do širenja tehnoloških inovacija bez

ekspanzije zemljoradničkog stanovništva te da većina današnjih Europljana ima paleolitičke korijene. Međutim, u posljednje vrijeme većina genetičara i arheologa izbjegava interpretacije temeljene na suviše pojednostavljenom konceptu podvojenosti autohtonog usvajanja novih tehnologija nasuprot doseljavanju zemljoradnika. Većina suvremenih znanstvenika prepoznaje kompleksnost procesa širenja zemljoradnje i stočarstva kao i prihvaćanja neolitičkog paketa (udomaćenih biljaka i životinja, lončarije, glačanog kamena, sedentarnih naselja i trajne arhitekture). U tom smislu posebno je zanimljiv model Mareka Zvelebila i Malcolma Lilliea (2000.) koji opisuje šest načina premještanja populacija u Europi na prijelazu iz mezolitika u neolitik: demska difuzija, seoba naroda, dominacija elite, infiltracija, kolonizacija u skokovima te individualna pokretljivost u zoni dodira mezolitičkih i neolitičkih zajednica.

NASELJAVANJE JUGOISTOČNE EUROPE I HRVATSKE

Znanstvenici zagrebačkog Instituta za antropologiju proveli su filogeografsku analizu mutacija na kromosomu Y u području jugoistočne Europe te obuhvatili sedam različitih populacija, Hrvate, Srbe, Bošnjake, Hercegovce, Makedonce, Albance s Kosova te Rome iz Makedonije (Perić i suradnici 2005.a). Pokazalo se da muškarci u ovom dijelu Europe nose mutacije koje određuju uobičajene europske haplogrupe čija raspodjela ocrta zajedničko genetičko podrijetlo, ali i nekoliko specifičnosti. Najznačajnija komponenta zajedničke genetičke povijesti populacija jugoistočne Europe ocrta se u prisutnosti zajedničke osnivačke nasljedne linije te visokoj učestalosti i varijabilnosti haplogrupe I2a (I1b*). Međutim, prije rasprave o haplogrupi I2a (I1b*) potrebno je sažeti nekoliko prethodnih istraživanja.

Ornella Semino i suradnici (2000.) pokazali su da je mutacija M170 koja definira haplogrupu I nastala prije 22.000 godina, najvjerojatnije na Balkanu, među pripadnicima epigravetijanske kulture.

Temeljem istraživanja provedenih u kontinentalnoj Hrvatskoj i na četiri jadranska otoka te u Europi, najveće do tada uočene učestalosti i varijabilnosti haplogrupe I-M170 na Hvaru, Braču i Korčuli, Lovorka Barać i suradnici (2003.) iznijeli su tezu prema kojoj je nizina koja je danas sjeverni dio jadranskog bazena bila potencijalno populacijsko utočište za vrijeme zadnjeg ledenog doba.

Nadalje, Siiri Rootsi i suradnici (2004.) proveli su opsežnu filogeografsku analizu haplogrupe I te predložili sljedeći scenarij njezinog nastanka i širenja. U ovom istraživanju procijenjeno vrijeme koalescencije od 24.000 ± 7100 poklapa se s prijašnjim procjenama i potvrđuje duboku starost haplogrupe I-M170 koja seže u srednji dio gornjeg paleolitika. Pojava novijih mutacija dovela je do nastanka tj. odvajanja subklada haplogrupe I krajem gornjeg paleolitika i početkom mezolitika prema sljedećem redoslijedu: I1-M253 (I1a) odvojila se prije 15.900 ± 5200 godina, I2a-P37 (I1b*) prije 10.700 ± 4800 te I2b-M223 (I1c) prije 14.600 ± 3800 godina. Subklada I1 (I1a) pokazuje najvišu učestalost u Skandinaviji koja je za vrijeme zadnjeg ledenog doba bila nenaseljena. Stoga je logično da se rasprostranjenost skandinavskih I1 (I1a) nasljednih linija veže uz postglacijalne ekspanzije stanovništva iz iberijskog ili ukrajinskog populacijskog utočišta. Zbog uočene molekularne arhitekture haplotipova i procijenjenog vremena koalescencije (8800 ± 3200), smatra se da I1 (I1a) nasljedne linije označavaju ekspanziju stanovništva iz Iberije i južne Francuske tijekom ranog holocena. Subklada I2b (I1c) pojavljuje se na velikom dijelu europskog kontinenta, no s niskom učestalošću, dok se I2a (I1b*) pojavljuje najučestalije na Balkanskom poluotoku i u istočnoj Europi te njezina subklada I2a2 (I1b2) na Sardiniji. Pretpostavlja se da je došlo do odvajanja I2a2 (I1b2) od I2a (I1b*) prije zadnjeg ledenog doba te da se mutacija M26 pojavila kod I2a (I1b*) kromosoma iz Iberije i južne Francuske. Visoka zastupljenost I1b2 na Sardiniji rezultat je činjenice da je prije više od 9000 godina među prvim doseljenicima na ovaj otok prevladavala M26 mutacija koja se djelovanjem genetičkog drifta i reproduktivne izolacije fiksirala u visokom postotku.

U već spomenutom istraživanju Marijane Peričić i suradnika (2005.a) definirano je kako je najviša opisana učestalost I2a (I1b*) zabilježena na jugoistoku (u Hercegovini, Bosni, Hrvatskoj, Srbiji i Makedoniji), a najviša varijabilnost u središnjim područjima (Mađarskoj i Češkoj) te, također, na jugoistoku Europe. S obzirom na uočeni filogeografski obrazac te procijenjeno vrijeme koalescencije (11.100 ± 4800 godina prije sadašnjosti), ustanovljeno je širenje haplogrupe I2a (I1b*) iz geografskog područja puno šireg od prije pretpostavljenog sjevernog Jadrana, najvjerojatnije većeg dijela jugoistočne Europe, prema južnoj i posebno istočnoj Europi, u širokom vremenskom intervalu u kojem je došlo do klimatskih poboljšanja (od početka holo-

cena do početka neolitika). Premda izravni arheološki dokazi izostaju, spomenuta genetička istraživanja te dokumentirano naseljavanje sjeverne Europe životinjama s Balkanskog poluotoka, poput smeđeg medvjeda (*Ursus arctos*) i ježa (*Erinaceus europeus*), upućuju na mogućnost postojanja trećeg, balkanskog populacijskog utočišta za vrijeme zadnjeg ledenog doba, uz već potvrđene u Iberiji i Ukrajini.

R1a najučestalija je haplogrupa u kontinentalnom dijelu Hrvatske i na otoku Krku te treća po učestalosti u jugoistočnoj Europi. Njezina se učestalost i varijabilnost na području jugoistočne Europe (i Hrvatske) smanjuje od sjevera prema jugu. Visoka raznolikost haplotipova, kompleksnost filogenetičke mreže te vrijeme koalescencije od 15.800 ± 2100 godina prije sadašnjosti u jugoistočnoj Europi potvrđuju duboke paleolitičke korijene haplogrupe R1a. Međutim, na ovoj razini filogenetičke rezolucije nije moguće ocijeniti je li procijenjeno vrijeme koalescencije uvjetovano dugotrajnom prisutnošću haplogrupe u regiji ili je rezultat miješanja različitih slavenskih plemena prije velikih seoba. Primjerice, haplogrupa R1a mogla se proširiti jugoistokom Europe za vrijeme njezinog postglacijalnog širenja iz pravca Ukrajine, tijekom velikih migracija između 3. i 1. tisućljeća pr. Kr., te konačno za vrijeme migracija Slavena između 5. i 7. stoljeća.

Ukupna učestalost haplogrupe R1b1b2 (R1b3) je manja od 9% i u Hrvatskoj i jugoistočnoj Europi. Za razliku od varijabilnosti R1b1b2 (R1b3) koja se smanjuje u smjeru sjeverozapada prema jugoistoku, učestalost ne slijedi europski gradijent jer se pojavljuju dva lokalna maksimuma na području kontinentalne Hrvatske i Srbije te južnije na Kosovu, u Albaniji i Grčkoj, najvjerojatnije kao rezultat rekolonizacije Europe tijekom završnog dijela gornjeg paleolitika i početka holocena iz dvaju područja, Iberije i Bliskog istoka. Vrijeme koalescencije R1b1b2 (R1b3) (11.600 ± 1400 godina prije sadašnjosti) podudara se s vremenom ekspanzije haplogrupe I2a (I1b*), a što upućuje na početak holocena kao razdoblja tijekom kojeg je došlo do značajnijeg širenja barem dviju očinskih nasljednih linija na području jugoistočne Europe.

Haplogrupa E1b1b1a (E3b1) je druga najučestalija haplogrupa u jugoistočnoj Europi te tek peta po učestalosti u Hrvatskoj. U ovom dijelu Europe prevladava E1b1b1a2-V13 (E3b1alfa) čija je učestalost najviša na jugoistoku, a varijabilnost na jugozapadu. S obzirom na činjenicu da je učestalost i varijabilnost E1b1b1a2-V13 (E3b1alfa) u

Europi najviša kod Grka, Albanaca i Makedonaca te procijenjeno vrijeme koalescencije (7300 ± 2800 godina prije sadašnjosti), zaključeno je da je ova haplogrupa nastala na području južne i jugoistočne Europe odakle se proširila prema istoku kontinenta, ali i na jug, sve do Turske. Međutim, dvije godine nakon što je objavljeno naše istraživanje, Fulvio Cruciani i suradnici (2007.) dokazali su da je E1b1b1a2-V13 haplogrupa nastala u zapadnoj Aziji prije 11.000 godina te da se proširila južnom Europom prije 4500 godina, na početku brončanog doba na Balkanu, a ne u doba širenja zemljoradnje kao što je to većina znanstvenika do tada smatrala.

Haplogrupa J dijeli se na dvije velike subklade od kojih je J2-M172 najzastupljenija u Europi. J2 dalje se diferencira u više subklada od kojih je J2b (J2e) najučestalija na jugoistoku kontinenta (dok se J2a2 (J2f) kao dominantna J2 nasljedna linija kod Talijana i Grka pojavljuje isključivo u Srbiji i Makedoniji). Procijenjeno vrijeme koalescencije (2800 ± 1600 godina prije sadašnjosti) te maksimalna učestalost i varijabilnost u središnjoj Italiji i na Balkanskom poluotoku govore u prilog tezi da se nakon neolitika J2e proširila morskim putem od Balkana do Apenina, što znači, bitno kasnije nego što je previđeno klasičnim poimanjem modela demske difuzije.

Populacije jugoistočne Europe uklapaju se u genetički krajolik europskog kontinenta. Na jugoistoku, kao i u ostatku Europe, prevladavaju tipične europske haplogrupe od kojih je većina određena paleolitičkim mutacijama, premda ne u svim izučavanim populacijama u nužno istim omjerima. Vrijeme koalescencije najstarijih haplogrupa na ovim prostorima ukazuje na važnost razdoblja između 15.000 i 11.000 godina prije sadašnjosti. Navedeno razdoblje može se povezati uz boravak *Homo sapiens sapiens* na epipaleolitičkim nalazištima u regiji procijenjenim na oko 13.000 godina prije sadašnjosti, poput Badnja u BiH, Kopačine na Braču ili Šandalje u Istri. Najznačajniji doprinos ovog dijela Europe u procesu naseljavanja cijelog kontinenta i procesu stvaranja suvremene europske zalihe gena jest širenje haplogrupe I2a (I1b*) prema južnoj i posebice srednjoj i istočnoj Europi. Naime, jugoistočna Europa bila je sjecište značajnih pretpovijesnih epizoda toka gena koji povezuju i obilježavaju suvremeno slavensko stanovništvo u Europi, posebice južnoslavensko, čije najznačajnije komponente ukupne zalihe gena sačinjavaju haplogrupe R1a i I2a (I1b*).

II.

ROMI

Kada su pokucali na vrata zapadne Europe prerušeni u hodočasnike, izazvali su intenzivnu znatiželju i procvat teorija o njihovom podrijetlu. Nakon dosta vremena postalo je moguće iz njihovog jezika zaključiti gdje je započela dijaspora. Tijekom stoljeća, bez obzira na kontinuiranu izloženost mnogim utjecajima i pritiscima, oni su uspjeli sačuvati zaseban identitet i pokazati izvanrednu moć prilagodljivosti i preživljavanja. Doista, kada u sjećanje prizovemo sve preokrete koje su susretali – u priči koja će u velikoj mjeri biti povijest pokušaja drugih da unište njihovu odvojenost – moramo zaključiti da je njihovo glavno postignuće da su sve to preživjeli.

Angus Fraser

The Gypsies, Blackwell Publishing, 1992., str. 1

Koliko je Y osobit kromosom u humanom genomu, toliko su i Romi posebni među svjetskim populacijama. Romi se teško mogu uklopiti u klasičnu definiciju populacije kakvu bismo pronašli i u najjednostavnijem udžbeniku iz antropologije ili genetike. Tako danas Romi žive u mnogim državama jer nemaju vlastitu domovinu, govore različitim jezicima, ispovijedaju različite vjere, a često zbog raznih oblika diskriminacije kojima su izloženi, skrivaju vlastiti, romski etnički identitet. Romi su posebno intrigantan izazov antropolozima i genetičarima jer su eklatantan primjer populacije osnivača te reproduktivnog izolata. Isto tako, Romi su primjer transnacionalne manjine čiji su običaji probijali i najtvrdje međudržavne granice te populacije u gotovo kontinuiranoj dijaspori koja je veći dio svoje mukotrpane po-

vijesti preživjela, između ostalog, zbog nomadske ili polunomadske tradicije. Istraživanje biološkog (genetičkog) pa i socio-kulturnog nasljeđa Roma, stoga, nije moguće ukoliko se sagledaju tek intrinzični čimbenici u mnogobrojnim romskim skupinama i podskupinama. Potrebno je ocijeniti i ekstrinzične čimbenike uvjetovane odnosima s *gadžama*, tj. većinskim, neromskim stanovništvom. Odnosi Roma i ne-Roma, nažalost, prečesto su bili (i jesu) obilježeni persekucijom, diskriminacijom, etničkom stigmatizacijom te raznim oblicima političke, kulturne i ekonomske marginalizacije i društvenog isključenja.

KRATKI PREGLED SEOBA ROMA

Romi nemaju pisane kronike, matične knjige niti vlastita historiografska istraživanja pa su se dijelovi njihove povijesti počeli polako kristalizirati kroz arhivske dokumente koje su pisali uglavnom ne-Romi, potom lingvistička i kulturno-antropološka, te najzad genetička i molekularno-antropološka istraživanja.

Indijsko podrijetlo Roma prvi su prepoznali lingvisti. Njemački znanstvenik Heinrich Moritz Gotlieb Grellmann prvi je prepoznao vezu između jezika ondašnjih Roma i sanskrta te u prvom znanstvenom djelu posvećenom Romima, *Die Zigeuner*, objavljenom 1783. godine, iznio tezu o njihovom indijskom podrijetlu. Lingvistička istraživanja također su iskorištena kako bi se u grubim crtama rekonstruirali glavni putovi seoba Roma. Naime, različiti dijalekti romskog jezika koji se govore u različitim romskih skupinama diljem Europe, s riječima i gramatičkim strukturama koje ne potječu iz Indije, rezultat su susreta s brojnim populacijama s kojima su Romi dolazili u kontakt na svom višestoljetnom putu od Indije prema Europi. Analizirajući posuđenice u romskom jeziku, Francz von Miklosich je 1873. rekonstruirao migracijske putove Roma. Miklosich je dokazao da su perzijski i armenski utjecaji prisutni u svim romskim dijalektima indikator njihovog boravka u Perziji i Armeniji prije dolaska u Malu Aziju. Velik broj srednjovjekovnih grčkih riječi koje koriste gotovo sve romske skupine u Europi povezao je s dugotrajnim boravkom u Bizantskom carstvu. Utjecaj slavenskih jezika povezao je s boravkom na Balkanu, a određen broj rumunjskih riječi u romskim dijalektima u središnjoj i sjevernoj Europi povezao je s prolazom Roma kroz Ru-

munjsku. Elemente njemačkog jezika u romskim dijalektima koji su se govorili u ondašnjoj Engleskoj, Poljskoj, Rusiji i Skandinaviji povezo je s boravkom Roma u Njemačkoj.

U znanstvenoj literaturi, migracijski smjerovi Roma rekonstruirani putem lingvistike tek su naknadno bili potvrđeni i istraživanjima povjesničara. Međutim, rana povijest Roma ipak nije dovoljno razjašnjena. Rumunjski povjesničar Viorel Achim u svojoj knjizi *The Roma in Romanian History* (2004.) naglašava kako:

Kronologija procesa i politički kontekst u kojem se taj proces odigrao ostaju tek djelomično objašnjeni. Literaturi o ovoj temi, koja nije zanemarujuća s obzirom na kvantitetu, nedostaje strogost koja je inače općenita karakteristika istraživanja srednjovjekovne europske povijesti. Povijest Roma do 14. stoljeća ostaje, u velikoj mjeri, u domeni hipoteza (str. 8).

Dio suvremenih znanstvenika (npr. Fraser 1992., Achim 2004., Fonseca 2005.) slaže se da su se migracije Roma iz Indije u Europi odigrale u nekoliko valova, u razdoblju između 9. i 14. stoljeća. Romi su stigli u Perziju tijekom 9. stoljeća sudjelujući u migracijama stanovništva s istoka ili kao dio perzijske vojne ekspedicije u Indiju. S obzirom na veliki broj posuđenica iz perzijskog i armenskog jezika, Romi su zasigurno ne samo prošli, već se i stanovito vrijeme zadržali prvo u Perziji te potom u Armeniji. Najezde Turaka Seldžuka u 11. stoljeću u Armeniji najvjerojatniji su uzrok iseljavanja ne samo Roma, već i Armenaca među kojima su Romi živjeli. Sigurno je da je njihov dolazak u Bizantsko carstvo bio postupan proces u kojem su Romi došli do područja Konstantinopola te potom i Trakije u zapadnom Bizantu, gdje i danas živi brojno romsko stanovništvo. Boravak Roma u Konstantinopolu prvi put je zabilježen u hagiografiji iz 1068. godine u kojoj se spominju *Adsincani* zbog navodnog proricanja sudbine i zlih čini.

Upravo je u Bizantu nastao pogrdni izraz za Rome, *Cigani*. Naimo od grčkog naziva *Athínganos* ili *Atsínganos*, što je bio naziv jedne heretičke sekte, nastao je niz uglavnom pogrdnih imena, poput *Zigeuner* na njemačkom, *Tsiganes* na francuskom, *Zingari* na talijanskom, *Cigányok* na mađarskom, *Țigani* na rumunjskom itd. Spomenimo također da su i sami Romi ponekad širili različite priče o svom po-

drijetlu iz Egipta, zbog potrebe bilo kakvog objašnjenja svog podrijetla, po mogućnosti egzotičnog – što je moglo koristiti gatarama ili zbog eventualnog upućivanja na biblijsko podrijetlo – ne bi li kao (pokajnički) hodočasnici imali status privilegiranih putnika. Rašireni su tako mitovi o tome kako su Romi osuđeni na lutanje jer su odbili pomoći Mariji i Josipu na putu iz Egipta, jer su nagovorili Judu da izda Isusa i, konačno, jer su iskovali tri čavla kojima je Isus pribijen na križ (dok četvrti čavao, kao prokletstvo, luta od jednog kraja zemaljske kugle do drugog i progoni Rome koji bježe od mjesta do mjesta). Navodno egipatsko podrijetlo Roma je uzrok još jednom nizu naziva za Rome, poput *Gypsy* na engleskom i *Gitano* na španjolskom jeziku.

Prijelaz Roma iz Male Azije u Trakiju, najvjerojatnije početkom 14. stoljeća, označava početak europske povijesti Roma. Iz Trakije su se Romi raselili u različitim smjerovima. Dio Roma migrirao je u Grčku, posebice na Peloponez, zapadni dio kontinentalne Grčke i jonske otoke. U isto vrijeme, drugi ogranak Roma stigao je do slavenskih zemalja Balkanskog poluotoka. U Srbiji se prvi put spominju 1348. godine u dokumentu cara Dušana koji spominje *cingarije* kao zanatlije koji rade u manastiru u Prizrenu. Romi se u Hrvatskoj prvi put spominju u Dubrovniku 1362. godine u trgovačkom spisu u kojem su “Egipćani” Vlaho i Vitan dali u залог zlataru Radenu Bratoslaviću osam velikih srebrenih pojaseva. U Bugarskoj se prvi put Romi spominju 1378. godine u dokumentu zadnjeg bugarskog cara Ivana Šišmana u kojem se navode sve nekretnine u vlasništvu Rila manastira, a među njima i *agupovy kléti* ili kolibe Egipćana. Dio Roma prešao je Dunav i došao do područja današnje Rumunjske. U Vlaškoj se Romi prvi put spominju 1385. godine, u Transilvaniji oko 1400. godine, a u Moldaviji 1428. godine.

Posve sigurno, nakon Indije, Balkan je područje koje je imalo najjači utjecaj na Rome i romsko biološko (genetičko), kulturno i lingvističko nasljeđe. U svojoj knjizi *Sahranite me uspravno* (2005.), Isabel Fonseca smatra Balkan mjestom koje je Romima najbliže pojmu domovine:

Više od bilo kojeg drugog dijela svijeta, i unatoč tome što je to područje postalo negostoljubivo, ono je Ciganima, od njihova dolaska u balkanske provincije u Srednjem vijeku, na neki način bilo domovina. Upravo su s Balkana krenuli u svoje najveće seobe

prema zapadu u 15. stoljeću, u 19. stoljeću i danas ponovo, u postkomunističkom dobu. I uvijek su se iznova vraćali baš u Istočnu i Srednju Europu (str. 112).“

Prema podacima koje citiraju Angus Fraser (1992.) i Viorel Achim (2004.) moguće je zaključiti da je vrlo mala romska populacija došla u Europu tijekom 11. i 12. stoljeća. Naime, veći dio romske populacije ostao je na Balkanu do 15. stoljeća unutar granica Otomanskog carstva, a prema podacima iz poreznih registara Otomanskog carstva, broj Roma je u balkanskim provincijama u 15. stoljeću iznosio oko 17.000 te u 16. stoljeću oko 65.000.

Prvi spomen Roma u Mađarskoj veže se uz dokument iz 1422. godine premda se smatra da su Romi bili ondje i prije prisutni. Godine 1407. spominju se kao *Tatari* u Njemačkoj, a u Švicarskoj 1414. godine kao *Heiden* (pogani). U Francuskoj se prvi put spominju 1419. godine, u Italiji 1422. godine, a tijekom sljedećih desetljeća pojavljuju se u Španjolskoj, Engleskoj i Skandinaviji. U prvo vrijeme spominju se u raznim kronikama u pozitivnom kontekstu, kao stranci koji su pridošli iz Egipta, odnosno kao hodočasnici izgubljeni na putu do Jeruzalema. Spominju se kao Egipćani i Saraceni, a opisivani su kao male skupine od 30 do 40 ljudi predvođene knezovima ili vojvodama. Neke su skupine posjedovale propusnicu cara Žigmunda Luksemburškog koja im je osiguravala siguran prolazak kroz zapad Europe. Žigmund Luksemburški, car Svetog Rimskog Carstva te ujedno ugarski i češki kralj, u Francuskoj je povezivan s Romima za koje se smatralo da dolaze iz Češke te je tako ukorijenjen naziv *Bohémien*. Prodor Turaka na jugoistok Europe zasigurno je potaknuo seobe Roma prema zapadu kontinenta premda je velik broj Roma ostao naseljen kako u Turskoj, tako i na Balkanu i u Mađarskoj, baš kao što je to slučaj i u današnje vrijeme.

Na Balkanu, gdje je tradicionalno naseljen najveći broj Roma u Europi i svijetu, postoje dvije osnovne skupine Roma koje se prema povijesnom slijedu seoba i dijalektu romskog i/ili rumunjskog jezika, točnije prema posuđenicama iz drugih jezika, dijele na balkanske i vlaške Rome. Balkanski Romi koji govore balkanskim dijalektima romskog jezika potječu od ranijih romskih doseljenika koji su se naselili u područjima južno od Dunava, unutar granica Otomanskog carstva. Preci vlaških Roma prešli su Dunav i naselili se u povijesnim

rumunjskim kneževinama, Vlaškoj, Transilvaniji i Moldaviji. U Rumunjskoj su Romi postali žrtvom robovlasničkog sustava koji se održao u razdoblju od početka 14. do sredine 19. stoljeća. Razdoblje ropstva u Rumunjskoj, kao što će detaljnije biti objašnjeno u sljedećem poglavlju, ostavilo je velikog traga na genetičko i kulturno nasljeđe Roma, te je uzrokovalo još jedan val seoba. Tijekom austrijsko-turških ratova na kraju 17. i početku 18. stoljeća, Vlaška je neko vrijeme bila okupirana te je omogućen bijeg nekolicini romskih skupina prema južnim dijelovima Otomanskog carstva koje je prema Romima bilo neusporedivo tolerantnije. Potomci ovih romskih skupina danas govore staro-vlaškim dijalektima romskog jezika. Od sredine 19. stoljeća, nakon ukinuća ropstva u Rumunjskoj, započinje veliki migracijski val vlaških Roma. Jedan dio potomaka ovih vlaških Roma danas govori novo-vlaške dijalekte romskog jezika, a drugi je dio romski jezik potpuno romanizirao i danas govori arhaičnim dijalektima rumunjskog jezika.

Tijekom 20. stoljeća zabilježeno je još nekoliko epizoda iseljavanja Roma iz balkanskih prema zapadno-europskim zemljama, tijekom 60-tih i 70-tih godina ekonomske migracije iz bivše Jugoslavije, zatim tijekom prošlog desetljeća migracije uvjetovane ratovima na području bivše Jugoslavije te ekonomske migracije iz zemalja istočne Europe nakon pada komunističkih režima i otvaranja međudržavnih granica.

Ovdje je nužno naglasiti kako su početne simpatije i interes koji je kod lokalnog europskog stanovništva budio egzotični izgled novopridošlih Roma ubrzo iščeznuli te kako se od početka 15. stoljeća može sustavno pratiti povijest progona Roma ispisana na različitim službenim dokumentima u kojima se romski prijestupi kažnjavaju tjelesnim sakaćenjem, smrću, izgonom ili deportacijom u udaljene zemlje (Fraser 1992., Hancock 2006.). Povijest pokušaja nasilne asimilacije Roma, najvjerojatnije uvjetovana gospodarskom potrebom da ih se uključi u kmetovsku radnu snagu, započela je "prosvjetiteljskom" politikom carice Marije Terezije i cara Josipa II. čiji su propisi Romima zabranjivali kretanje, posjedovanje i trgovinu konjima, korištenje romskog jezika, biranje vođa pa čak i podizanje vlastite djece (Fraser 1992., Fonseca 2005., Hancock 2006.). Patnje Roma kulminirale su tijekom dva posebno mračna razdoblja u europskoj povijesti. Jedno je obilježeno malo poznatim petstoljetnim ropstvom Roma u Rumunjskoj, a drugo

genocidom od 1933. do 1945. U ovom razdoblju kojeg Romi nazivaju *porraimos*, ili proždiranje, živote je mučki izgubilo najvjerojatnije 600.000 Roma (Hancock 2006.).

Nakon 2. svjetskog rata, u istočnoeuropskim državama komunistički režimi pokazuju interes za rješavanje manjinskih prava i pokreću nekolicinu programa namijenjenih uvođenju obveznog školovanja djece te zapošljavanju u industrijskim pogonima, mahom na slabije plaćenim poslovima. Pad komunističkih režima i početak tranzicije donosi novi val problema za Rome, od oružanih napada na romska naselja i obitelji, spaljivanja njihovih kuća ili kampova, do izbacivanja iz zapadnoeuropskih zemalja i uskraćivanja prava na azil (Fonseca 2005.).

SOCIO-KULTURNA OBILJEŽJA SUVREMENIH ROMSKIH SKUPINA

Za razliku od danas široko prihvaćenog naziva "Rom" koji potječe od riječi "rrom" ili "rom", što na romskom jeziku znači muž ili muškarac, odnosno riječi "romni" ili "rromni" koja označava ženu ili suprugu, nazivlje vezano uz pojedine romske skupine vrlo je složeno. Nazivi pojedinih skupina mogu opisivati karakteristično zanimanje (npr. *Lăutari* – muzičari i plesači, *Căldărari* ili *Kalderashi* – limari i kotlari, *Argintari* – izrađivači nakita, *Fierari* – kovači, *Ghurara* – izrađivači sita, *Lovari* – uzgajivači konja itd.), vjersku pripadnost, narječje te neko zemljopisno ili povijesno obilježje. Međutim, poznati su slučajevi da različite skupine dijele isto ime, kao i da se različite skupine svode pod isti naziv. Moguća je također i promjena jednog imena u drugo, a značenje pojedinog naziva ne mora uvijek implicirati najočiglednije značenje.

Kao ilustraciju upravo spomenutom, nabrojat ću tek nekoliko primjera koje navodi priznati lingvist Marcel Courthiade (2003.). Obitelji Kalderaša koje su selile iz Rusije u Austro-Ugarsku mijenjale su svoj naziv u Lovari i obratno, a zabilježeni su i slučajevi da su Romi mijenjali svoj naziv ne bi li postigli veći ugled. U Mađarskoj, dobro poznata romska obitelj Colara godinama ističe svoje lovarsko podrijetlo upravo zbog ugleda koji Lovari ondje uživaju iako narječje kojim govore definitivno pripada nelovarskoj skupini. Zanimljiv je i naziv albanske rom-

ske skupine Mečkari jer potječe od riječi koja u većini južnoslavenskih jezika označava “vodiče medvjeda” premda se ovi Romi nikada nisu bavili pripitomljavanjem medvjeda i nikada nisu živjeli na južnoslavenskim područjima. Naziv Mečkari potječe od neke druge skupine koja više i ne postoji, ali koja se sastojala od pravih vodiča medvjeda ili se odnosi na obiteljski totem, kao što smatra romolog Rajko Đurić. I sam naziv “Rom” može se upotrijebiti tako da obuhvaća različite romske tradicije: Romi koji govore romski jezik u Mađarskoj sebe nazivaju Romima, a Rome koji govore mađarski nazivaju *Romungre*. Na sličan način mnoge skupine Kalderaša smatraju da oni jedini imaju pravo da ih se naziva “Romima”, dok su svi ostali “Lejáší”. Mnogi francuski Sinti sve Rome koji govore romski jezik nazivaju *Hongrois*, čak i kad dolaze iz Grčke ili Rusije. Nekoliko drugih skupina smatra da su oni jedini *ćáće Rroma* (pravi Romi), za razliku od svih ostalih.

Prema svom povijesnom podrijetlu i jezičnim obilježjima Marcel Courthiade (2003.) razlikuje sljedeće skupine:

ARHAIČNE SKUPINE (SKUPINE PRVOG SLOJA):

- Endaja u balkanskoj podskupini: Yèrli (Istanbul, Üsküdar), Sepetçies (uglavnom İsmir; naziv znači “šibljari”), Erlides (Sofia i Küstendil), Kalajdjie (Lom i Kumanovo; naziv znači “limari”), Kovàčã ili Arabadjie (Kumanovo; naziv znači “kovač” i “vozar”), Bugurdjie (Kosovo), Drīndarã (Sliven i okolica), Topanlie (područje Tophana u Skopju), Konoplãrã (Skopje; naziv znači “užari”), Mohadjèrã (u Prištini; naziv znači “prognani”), Arlie ili Thare Gone (južna Srbija i Kosovo), Kohrane Rroma (Kosovo), Mečkãrã (albanski Myzeqe; naziv vjerojatno znači “medvjedi totem”), Kabudji (središnja Albanija, s podskupinom Vakërde), Rupanè Rroma i Bamiðã (južna Albanija), Baçòrã i Fiçirã (Grčka, većinski narod ih naziva i Turkòjifti), Spoitòrã i Xoraxane Rroma (južna i istočna Rumunjska), Kirimìtika Rroma (krimski Romi, Ukrajina), Zargàra (Iran)
- karpatska podskupina: Ursàrã (Rumunjska; naziv znači “mečkari”), Kişinvci (Moldavija; naziv znači “stanovnici Chişinaua”), Gurvàra (uglavnom u mađarskom području Kiskunsága), Karpati (sjeverna Mađarska, Slovačka, Poljska – u Poljskoj ih nazivaju i Bergitka Rroma ili “crni Cigani, Degeš”, no oba naziva treba izbjegavati)
- Vendetika Rroma (južna Mađarska, slovensko Prekmurje i austrijski Burgenland – uglavnom ih nazivaju “Romima”)

- baltičko-ruska podskupina: Polska Rroma (Poljska; nazivaju ih i “bijeli Cigani”), Xaladitka Rroma (Rusije i Bjelorusija; naziv znači “ruski/vojnički Romi”), Servitka Rroma (Rusija i Ukrajina), Čuxnitka Rroma (Latvija), Laloritka Rroma (Estonija), Finitika Rroma (stari oblik, nekad se rabio u Finskoj i dijelu Švedske)
- podskupina iz Walesa (izumrla)

MEDUSKUPINE PRVOGA SLOGA S MUTACIJOM:

Cerhàra (Mađarska; znači “čergari”), Colàra (Mađarska: Kapošvar i Budimpešta), Hohere (Transilvanija; povremeno ih nazivaju Gabori), Mačhàra (Mađarska)

SKUPINE KOJE SU SE NEKOĆ ODVOJILE OD GLAVNE GRANE

(PRVI SLOJ):

- sinto-sjeverna (germanska) podskupina: gadjkene Sinte (“njemački” Sinti: Njemačka, Austrija, ali i Francuska, Belgija, Nizozemska, područje oko Udina u Italiji), pràjštika Sinte (“pruski Sinti”: Njemačka, Elsaß), vâlštika Sinte (ili “romanski Sinti”: uglavnom u Francuskoj), Lalère (bivša DR Njemačka, Tirol – gotovo su izumrli), Sàstike Sinte (Mađarska, bivši SSSR – vjerojatno su izumrli)
- sinto-južna (italska) podskupina: Sinte piemontese (uglavnom u pokrajini Piemont i Provansi), Sinte Lombardi, Venete
- Rrom iz Abruzzija i iz Calabrije
- Rromhorvat (Milano)
- govornici ibero-romskog jezika: katalanski Kalo, andaluzijski Kalo (s portugalskom podgranom), Euskarani Kalo i Occitan Kalo (obje skupine izumrle)
- govornici anglo-romskog jezika
- Lajuse Rroma (Estonija)

SKUPINE DRUGOG SLOJA:

Gurbètura (Srbija; znači “prognani”), Filipidjies, Xandùrã i Kalpazàja (Izmir i Grčka; *Filipidji* znači “iz Plovdiva”), Thamàrã (južna Srbija), Čergàrura (Bosna, Crna Gora, neki dijelovi Srbije, Hrvatska; često ih nazivaju Gabel na Kosovu i u Crnoj Gori; Čergar means “čergar”), Djambàzura i Madjùrã (Makedonija; Djambàzi znači “trgovac konjima”), Škodrànrã (Albanija, nazivaju ih i Čergàrã; Škodràni znači “iz Shkodëra”), Vlaxičko (Bugarska, povremeno ih nazivaju i Karderari), Sastèrnenqe Rroma (Rimnicu Vilcea i okolno područje, Rumunjska; znači “željezari”, na rumunjskom “fierari”)

SKUPINE TREĆEG SLOJA:

- Lovára (uglavnom u Mađarskoj, ali i u Poljskoj, Skandinaviji, Belgiji itd.)
- Drizără (Mađarska; možda znači "skupljači sagova")
- Kelderáša ili Kelderàra (uglavnom u Rumunjskoj i Rusiji, bivšoj Jugoslaviji, Skandinaviji, Poljskoj, Njemačkoj, Francuskoj, SAD-u, Južnoj Americi itd.)
- "olaški cigáni" (Slovačka).

Romsko društvo temelji se na zamršenom sustavu srodničkih odnosa koji određuju raščlambu socijalne strukture. Moguće je uočiti tri razine raščlambe romskog društva, na plemena, klanove i obitelji. Primjer plemena su Kalderaši, Mačvaja, Lovara, Ćurara. Kalderaši će za sebe reći da su *natsia*, a Lovari da su *rasa*, što su rumunjske posuđenice u romskom jeziku, kao uostalom i većina drugih riječi koje se odnose na organizacijsku terminologiju. Ova se plemena razlikuju prema narječju, običajima i izgledu, no priznaju jedni druge kao "prave Rome" pa je među njima dozvoljeno sklapanje brakova. Plemena se dalje raščlanjuju u klanove ili rodove (*vitsi*). Klan je jedinica identifikacije te obično nosi romsko ime koje potječe od zajedničkog pretka, ali može nositi i ime životinje ili označavati osobinu. Članovi klana su rođaci te imaju obvezu pomagati jedni drugima. Pripadništvo klanu ima i važne ritualne obveze poput one da muškarac mora sudjelovati na pogrebu i žalovanju svakog člana svoga klana. Potiče se sklapanje brakova unutar klana, no vodi se računa o izbjegavanju brakova između bliskih rođaka. Ukoliko nije moguće pronaći bračnog partnera unutar klana, sljedeći bi izbor partnera bio iz majčinog ili bakinog klana. Klanovi se raščlanjuju na obitelji, a uključuju oženjene sinove, njihove supruge, djecu i unuke.

Zbog raznolikosti običaja unutar brojnih romskih skupina veliki je izazov pronaći tradicije koje bi se mogle smatrati univerzalnim ili apsolutnim romskim. Angus Fraser (1992.) prepoznaje dvije tradicije koje su raširene među mnogim skupinama, nemaju pandane u europskoj folklornoj baštini i koje potječu iz vremena prije nego što su Romi počeli doseljavati u Europu te se mogu smatrati potencijalno izvornim. Prva je tradicija vezana uz strah i štovanje *mule* ili duše pokojnika, a druga uz izbjegavanja svih oblika fizičke i simbolične nečistoće ili *mahrime*. Veliki strah od prisutnosti duhova umrlih osoba značajno oblikuje romske pogrebne običaje koji nastavljaju

hinduske običaje spaljivanja odjeće i druge imovine pokojnika, iako variraju u detaljima od skupine do skupine. U Engleskoj su Romi još uvijek zadržali običaj paljenja kola, tj. kamp-kućica umrlih starješina. Druga mogućnost rješavanja pokretne imovine jest njezino potpuno rastavljanje na dijelove i/ili prodaja *gadžama*. Romski kodeks čistoće je središnje obilježje kulture koje određuje i etnicitet i granice između Roma i *gadža*. Može se opisati kao sustav pravila ponašanja koji određuju odnose među romskim muškarcima i ženama te između Roma i *gadža*. Onaj koji je proglašen nečistim, osramoćen je na najgori mogući način i osuđen je na “socijalnu smrt”, što je u društvu koje njeguje zajedništvo u najvažnijim društvenim događajima poput rođenja djeteta, svadbe, sahrane i svetkovine, najgora moguća kazna. Tabui se mogu odnositi na osobe, stvari, dijelove tijela, hranu, teme razgovora, no povrh svega, na nečistoću spolno aktivnih žena i njihovu moć onečišćenja muškaraca. *Gadže* su također po definiciji nečisti jer nemaju znanja o kodeksu čistoće. Status onečišćenosti može opozvati isključivo *kris* – tradicionalno tijelo koje rješava sporove među Romima, a istovjetno je po svojoj funkciji i ustroju indijskom tribunalu *panchayat*.

Običaji vezani uz sklapanje braka vrlo su raznoliki i često sadrže elemente preuzete iz populacija s kojima su Romi dolazili u dodir, no budući su ovi običaji važni i za razumijevanje rezultata genetičkih istraživanja, ukratko ću spomenuti osobitosti koje su relativno široko rasprostranjene. Tradicionalni romski brakovi često su ugovarani od strane roditelja mladenaca, ponekad i javnim pregovorima, a mogu također uključivati simbolični bijeg mladenaca i kupovinu mladenke. U današnje vrijeme, međutim, ljubavni se par može odlučiti na bijeg kako bi izbjegnulo brak ugovoren prema tradicionalnim načelima. U svakom slučaju, bijeg jest eufemizam za spolni odnos, a spolni odnos je istovjetan braku. Česti su i slučajevi otmica djevojaka, sa ili bez njihovog pristanka, a izjednačavaju se sa zarukama. Vjenčanja, u pravilu, nisu registrirana niti u crkvi niti kod matičara, već se obilježavaju slavljem i obredima koji variraju od skupine do skupine, te unutar skupine, ovisno o bogatstvu i ugledu obitelji mladenaca. Većina je brakova patrilokalna, a zadaci nevjesta ili snaha, posebice najmlađih, uključuju skrb o svojti, rađanje i odgoj djece te održavanje kućanstva, a prema propisanim kodeksima vezanim uz izbjegavanje onečišćenja.

VELIČINA ROMSKE POPULACIJE

Precizna procjena veličine romske populacije predstavlja svojevrstan izazov i u današnje vrijeme te različite procjene ponekad dramatično variraju ovisno o izvoru. U načelu se podaci iz popisa stanovništva ne smatraju vjerodostojnim jer dio Roma takvim popisima nije obuhvaćen – npr. jer nema stalnu adresu, jer živi u nelegaliziranom naselju bez imena ulica i brojeva kuća, jer ne posjeduje identifikacijske dokumente i dokumente koji dokazuju državljanstvo i slično. Također, dio Roma koji sudjeluje u popisima stanovništva ne izražava svoj romski etnički identitet.

Procjenjuje se da danas u svijetu živi između 12 i 15 milijuna Roma, u Europi između 8 i 10 milijuna, od toga 70% u zemljama središnje, istočne i jugoistočne Europe (<http://roma.undp.sk>; <http://errc.org>). Prema procjenama Svjetske banke (<http://web.worldbank.org>) udio Roma povećao se za 6 do 9% u ukupnoj populaciji Bugarske, Makedonije, Rumunjske i Slovačke, a za očekivati je da će se ovaj trend nastaviti zbog velikog populacijskog rasta unutar romskih zajednica te smanjene stope fertiliteta među većinskim populacijama. Rumunjska je država s najvećim apsolutnim brojem Roma (između 1 do 2 milijuna), potom slijede Mađarska, Bugarska, Slovačka, Turska, te Srbija (između 400.000 i 1 milijuna). U zapadnoj Europi, najveći broj Roma je procijenjen u Španjolskoj (750.000), Francuskoj (310.000), Njemačkoj (120.000) i Italiji (100.000). Procjenjuje se da u Hrvatskoj živi između 30.000 i 40.000 Roma (Nacionalni program za Rome, 2003.).

GENETIČKA ISTRAŽIVANJA ROMSKIH POPULACIJA U EUROPI

Počeci genetičkih istraživanja Roma koja traju više od sedam desetljeća vežu se, nažalost, uz najmračnije razdoblje europske povijesti i “medicinska i genetička istraživanja” koja su se odvijala u nacističkoj Njemačkoj, posebice u logoru Auschwitz. Pod okriljem Centra za rasnu higijenu i istraživanja populacijske biologije osnovanim 1936. godine organizirano je skupljanje detaljnih rodoslovlja Roma i Židova koji su trebali poslužiti kao “znanstveni temelj” za “konačno rješenje”, odnosno uništenje milijuna Roma i Židova u koncentracijskim logorima diljem okupirane Europe (Kalaydjieva i sur. 2001.a).

Nakon Drugog svjetskog rata, većina genetičkih istraživanja Roma bila je preokupirana pitanjem njihova indijskog podrijetla. Rezultati većine ovih istraživanja temeljili su se na analizi tzv. klasičnih genetičkih polimorfizama (npr. krvne grupe, eritrocitni enzimi, serumski proteini), no često na nedovoljno reprezentativnim uzorcima, ne samo kvantitativno, već i kvalitativno. Uglavnom se nije obraćala pažnja na unutrašnji, društveni ustroj izučavanih skupina niti na osjećaj pripadnosti Roma koji su u takvim istraživanjima sudjelovali, već su se romske skupine uglavnom dijelile prema političkim i državnim granicama. Premda se kroz tako koncipirana istraživanja nije dobio uvid u detaljniju genetičku strukturu romske populacije, genetika je potvrdila dvjesto godina staru lingvističku hipotezu o indijskom podrijetlu europskih Roma. Genetička istraživanja temeljena na analizi klasičnih biljega potvrdila su da su Romi sličniji indijskim nego susjednim europskim populacijama (npr. Rex-Kiss i sur. 1973., Bernasovsky i sur. 1976., Sivakova i sur. 1983., de Pablo i sur. 1992., Guglielmino i sur. 1996.). Neka od prvih genetičkih istraživanja pokušala su ocijeniti razinu genetičke diferenciranosti između različitih romskih skupina diljem Europe. Tako je prema učestalosti krvne grupe B, europsko romsko stanovništvo podijeljeno u dvije skupine, istočnu i zapadnu (Clarke 1973.). Potom je procijenjeno da su istočni europski Romi sličniji indijskim populacijama nego zapadni (Mastana i Papiha 1992.). Luba Kalaydjieva i suradnici (2001.a) reanalizirali su podatke o klasičnim polimorfizmima iz dostupnih dotadašnjih istraživanja romskih i većinskih populacija u Europi te populacija sjeverne Indije. Ovako objedinjeni rezultati analiza klasičnih polimorfizama potvrdili su indijsko podrijetlo europskih Roma i razotkrili njihovu visoku razinu unutrašnje raznolikosti, odnosno viši stupanj genetičke diferenciranosti među romskim, nego što je to slučaj s autohtonim europskim populacijama.

Indijski korijeni suvremenih Roma neupitno su potvrđeni istraživanjima uniparentalnih polimorfizma (NRY i mtDNK) koja su proveli David Gresham i suradnici 2001. godine, pod vodstvom prof. dr. sc. Lube Kalaydjieve, bespogovornog autoriteta u suvremenim molekularno-genetičkim i kliničko-genetičkim istraživanjima romskih populacija. Upravo spomenuto istraživanje provedeno je na 14 različitih romskih skupina u Europi koje su po prvi put bile detaljno definirane

prema svojim povijesnim i socio-kulturnim obilježjima. Azijska NRY haplogrupa H1a-M82 (H1-M82) bila je prisutna kod gotovo polovice analiziranih muškaraca dok je kod četvrtine ukupne romske populacije uočena mitohondrijska haplogrupa M koja je također azijskog podrijetla. Zbog ograničene genetičke varijabilnosti ovih dviju očinskih i majčinskih nasljednih linija, zaključeno je da su suvremeni europski Romi potekli od malog broja utemeljitelja koji su se odvojili od jedinstvene etničke skupine koja je živjela na području Indije. Ovo je istraživanje posebno važno jer je dokazana korelacija između visoke razine genetičke diferenciranosti različitih romskih podskupina s povijesnim slijedom seoba Roma diljem Europe. Navedeno je istraživanje također potvrdilo kako mjesto prebivanja (geografija) romskih populacija, za razliku od većinskih europskih populacija, nije relevantan čimbenik u uobličavanju genetičke strukture, čak i u slučajevima kad različite romske skupine žive u neposrednoj blizini. Podjela romskih skupina prema tradicionalnim zanimanjima, jeziku i religiji također nije pokazala relevantnost u genetičkom smislu.

Izostanak povezanosti podjele romske populacije u endogamne skupine koje se bave različitim tradicionalnim zanimanjima i genetičke strukture posebno je intrigantan nalaz. Dio je znanstvenika smatrao da je socijalna organizacija Roma u niz endogamnih skupina različitih zanimanja zapravo preslika jatskog gospodarskog sustava u Indiji (npr. Fraser 1992., Marushiakova i Popov 1997.) u kojem se društvena klasa ili *jat* (postoji ih oko dvije tisuće) poistovjećuje sa zanimanjem i rukovodi strogim hijerarhijskim pravilima koja određuju dozvoljene poslove. Odnosno, smatralo se da je jatski sustav mogao biti nasljedni socijalni ustroj proto-Roma u vrijeme kada je otpočeo proces njihovog egzodusa iz pradomovine u Indiji. U istraživanju Davida Greshama i suradnika dokazana je povezanost rane povijesti Roma u Europi i sadašnjih obrazaca genetičke strukture, za razliku od socijalne diversifikacije koja je nastala u Europi, kao rezultat nedavnog obnavljanja klasnog sustava utemeljenog na zanimanju, po uzoru na onaj u pradomovini. Elena Marushiakova i Veselin Popov (1997.) povezali su ovaj proces s ekonomijom "simbiotskog" nomadstva. Naime, u manjim je zajednicama postajala ograničena potražnja za tradicionalnim romskim zanatima pa je razumljivo da je moglo doći do cjepkanja klanova u manje jedinice koje bi selile u područja gdje bi

određeno zanimanje još uvijek bilo u potražnji. Seobe u sve udaljenije krajeve uzrokovala su postupan nestanak starih klanskih veza, odnosno nastanak sasvim novih skupina koje su mogle postati endogamne u odnosu na skupinu iz koje su potekle.

Istraživanje Bhartija Morara i suradnika iz 2004. godine, provedeno također pod budnim okom profesorice Kalaydjieve, omogućilo je otkrivanje još nekoliko informacija važnih za rekonstrukciju romske genetičke prošlosti. U ovom je radu analizirano 14 romskih skupina podijeljenih u tri migracijske kategorije (balkansku, vlašku i zapadno-europsku) s obzirom na učestalost mutacija i povezanih haplotipova odgovornih za nastanak pet autosomno-recesivnih bolesti (sindroma kongenitalne miastenije – CMS, nasljedne senzomotorne neuropatije – Lom – HMSNL, deficita galaktokinaze – GKD, mišićne distrofije zdjelice – tip 2C – LGMD2 te sindroma kongenitalnog katarakta, facijalnog dismorfizma i neuropatije – CCFDN). Mutacijski probir je ukazao na visoku učestalost nositelja mutacija unutar skupina, u rasponu od 5 do čak 16%. Ovako visoke učestalosti – pokazatelj jakog učinka utemeljitelja – pronađene su još jedino u slučaju najučestalijih monogeničkih bolesti kod Finaca i Židova Aškenaza. Čak što više, podaci pokazuju da je jedan od osam ljudi iz opće romske populacije nositelj neke od ovih pet analiziranih mutacija.

Jedno od najvažnijih zaključaka ovog istraživanja monogeničkih bolesti kod Roma jest upozorenje da pronalazak iste mutacije unutar tek nekoliko romskih obitelji obično najavljuje problem većih razmjera, odnosno mogućnost postojanja osoba s istom genetičkom bolešću, inače rijetkom u većinskim populacijama, u raznim državama Europe i svijeta. 81267delG mutacija odgovorna za nastanak kongenitalne miastenije pronađena je jedino kod Roma i osoba iz Indije i Pakistana. Međutim, navedena mutacija, premda ancestralna, nije ujednačeno raspoređena u različitim romskim skupinama diljem Europe. Ovakav obrazac neujednačene zastupljenosti jedne ancestralne mutacije ukazuje na vrlo ranu diferencijaciju Roma u Europi koja je nastala kao posljedica različitih migracijskih putova te pojave sekundarnih i tercijarnih učinaka uskog grla unutar malih i odvojenih romskih skupina. U radu je također procijenjeno vrijeme koalescencije haplotipova, sastavljenih uglavnom od mikrosatelita u blizini lokusa na kojima nastaju mutacije odgovorne za nastanak spomenutih

bolesti. Najrasprostranjenije mutacije, odgovorne za nastanak CMS i HMSNL, bile su najvjerojatnije prisutne i u populaciji proto-Roma koja je, prema proračunima koalescencije, bila utemeljena prije 32 do 40 generacija, odnosno, budući da je ovdje za generaciju uzeto razdoblje od 30 godina, prije 960 do 1200 godina. Mutacije odgovorne za nastanak LGMD2C i GKD, čije su raspodjele ograničene, pokazuju vrijeme koalescencije od 20 i više generacija, odnosno, ukazuju na nastanak i širenje triju migracijskih kategorija. Mutacija vezana uz nastanak CCFDN pripada u najmlađe mutacije i odgovara vremenu utemeljenja pojedinih subizolata.

Analizirajući iznesene molekularno-genetičke podatke gotovo je nemoguće zaobići paralelu, premda ne u jednako dugom vremenskom razdoblju, između romske i, poznatije te detaljnije istražene, židovske genetičke povijesti. Obje su populacije nastale kao rezultat egzodusa, dijaspore i fragmentacije u manje, geografski odvojene skupine. Međutim, manja veličina populacije osnivača, jači utjecaj genetičkog drifta i trajne podjele među skupinama uvjetovane društvenim ustrojem i običajima vezanim uz sklapanje brakova, prouzročile su nastanak do sada neviđeno visokog stupnja unutrašnje diferencijacije, tako da je skupina ostala i jest osnovna jedinica ne samo romske društvene organizacije, već i temelj planiranja genetičkih istraživanja.

Ovdje je također potrebno upozoriti na nužnost objedinjavanja kulturne i molekularno-genetičke antropologije, kojeg je priznata svjetska klinička genetičarka Luba Kalaydjieva bila i te kako svjesna usko se vežući u svojim istraživanjima uz priznate kulturne antropologe iz Bugarske, bračni par, Elenu Marushiakovu i Veselina Popova. Bez suradnje kulturnih antropologa najvjerojatnije ne bi bilo moguće otkriti najvažnije odrednice romske genetičke strukture i prošlosti.

III.

BAJAŠI

Čini se da svijet još nije spreman povjerovati kako se porobljavanje Cigana ikad dogodilo, niti da je bilo dovoljno značajno da mu se zajamči pozornost veće zajednice. Na romskom postoji izreka: „kon magel te kerel tumendar roburen chi shocha phenela tumen o chachimos pa tumare perintonde“, „onaj koji te želi porobiti nikad ti neće reći istinu o tvojim precima“. Ne možemo čekati da drugi podastru dokaze za ovu istinu; mi sami moramo ispričati povijest svojih predaka.

Ian Hancock

Sindrom parije, Ibis, Zagreb, 2006., str. 2

Već tijekom prvog površnog čitanja *Sindroma parije* za oko mi je zapela izjava “onaj koji te želi porobiti nikad ti neće reći istinu o tvojim precima” za koju sam odmah znala da će se naći na nekom posebnom mjestu u mojoj knjizi o Bajašima. I sama izreka u izvornom obliku, na romskom jeziku (premda ne i na rumunjskom), lijepo se uklopila i, priznajte, uljuljkala čitateljstvo u spokoj jer autorica ima sluha i za važnost njegovanja pisane romske riječi, bez obzira na sve prepreke i neusuglašenosti oko zajedničke gramatike i leksika. S nelagodnom priznajem da sam zadnju rečenicu iz gore navedenog citata brisala pa, s velikom grižnjom savjesti, opet vraćala, i tako više puta. Neko sam vrijeme također procjenjivala trebam li spomenuti svoje jedino nelagodno iskustvo u dosadašnjim susretima s Romima, odnosno izravnu kritiku istraživanja ove vrste koju mi je uputio jedan romski čelnik iz Zagreba. Gospodin je, naime, inzistirao da se romskom poviješću (i

sadašnjošću) prvenstveno trebaju baviti sami Romi koji su zasićeni beskrajnim anketiranjima i kojekakvim istraživanjima iza kojih rijetko slijedi neposredna dobrobit za sam narod, dok anketari i istraživači sebi isplaćuju izdašne dnevnice i honorare iz projekata raznih europskih organizacija i nevladinih udruga.

Stoga, s velikim nestrpljenjem očekujem reakcije romske i bajaške zajednice na pripovijest koja otkriva osobitu genetičku prošlost i zbilju ovog ponosnog i posebnog naroda, uvelike oblikovanu indijskim podrijetlom te dugotrajnim i napornim povijesnim lutanjima prema, nikad ne pronađenim, a toliko sanjanim, prijateljskim odredištima.

ŠTO JE VEĆ POZNATO O BAJAŠIMA?

Bajaši su jedan od brojnih ogranaka romskog naroda, a u današnje su vrijeme naseljeni u Hrvatskoj, Mađarskoj, Bosni i Hercegovini, Srbiji, Rumunjskoj, Bugarskoj te, u manjoj mjeri, Makedoniji, Grčkoj, Ukrajini, Slovačkoj i Sloveniji. Za vrijeme oružanih sukoba na području bivše Jugoslavije, dio Bajaša, barem prema svjedočenju naših kazivača, iselio je u Veliku Britaniju i SAD. Sam pojam Bajaš novijeg je datuma i počeo se koristiti kako bi se izbjegle nedoumice zbog kompleksne i katkad kontradiktorne onomastike svojstvene ne samo Bajašima, već Romima općenito. Biljana Sikimić, uvažena lingvističarka Balkanološkog instituta Srpske akademije znanosti i umjetnosti, urednica jednog od rijetkih zbornika posvećenih isključivo bajaškoj zajednici, *Banjaši na Balkanu – Identitet etničke zajednice* (2005.), objašnjava kako termin “Banjaš” koristi “uslovno” zbog znanstvenih razloga i potrebe za političkom korektnošću. U svojoj uvodnoj riječi kaže:

Termin Banjaši uveden je u naučnu literaturu da označi malu etničku grupu koja na današnjoj teritoriji Srbije, Hrvatske, Bosne i Hercegovine, Bugarske, Makedonije i Mađarske živi najmanje dva veka, koja se sve do skoro bavila uglavnom izradom predmeta od drveta, pravoslavne ili katoličke veroispovesti i rumunskog maternjeg jezika. Ovu etničku grupu, zbog njenog polunomadskog načina života, mentaliteta i određenih fizičkih karakteristika okolno stanovništvo smatra Ciganima (str. 7).

U ovoj sam se knjizi odlučila za termin “Bajaš” prvenstveno zbog činjenice da isti koristi i sama etnička zajednica u Hrvatskoj. Međutim,

postoje uistinu brojni etnonimi koji se odnose na Bajaše. Etnonimi Bajaš ili Bojaš koriste se u Hrvatskoj i Mađarskoj, Banjaši, Karavlas i rumunjski Cigani u Srbiji te Băeși u Rumunjskoj. Također su česti i nazivi koji odražavaju tradicionalne, danas uglavnom napuštene, bajaške zanate, poput: Koritari (izrađivači drvenih korita), Lingurari (izrađivači drvenih žlica), Fusari (izrađivači vretena) te Rudari (rudari, odnosno nekadašnji ispiraći zlata – Aurari). Postoje i brojni, zastarjeli termini koji se mogu naći u romološkoj literaturi: Vlaški Cigani, potom Cigani vlašskog jezika, Cigani Rumuni, rumunjski Cigani, Cigani Karavlas i itd. (Sikimić 2005., str. 251). Zanimljivo je kako još davne 1955. poznati romolog, Rade Uhlik u svom članku *Iz ciganske onomastike: Plemenska imena i narječja Cigana*, prepoznaje i definira termin “Banjaš” navodeći njemu poznate inačice:

Imenom Banjaša ili Bunjaša nazivaju Cigani jedno vlaško-cigansko pleme koje govori rumunjskim maternjim jezikom. Imenom Băjaša zovu ih Džambasi, a to su vlaški Cigani koji govore ciganskim jezikom. To je ujedno i najpravičniji oblik koji odgovara izvornoj rumunjskoj designaciji Băiáš (u množini Băiáša), što znači rudar! U SAD preovladava varijanta Biiáša. Ovdje ćemo se morati za trenutak zauzastaviti da bismo učinili nekoliko neophodnih napomena.

U svoje vrijeme mnogi Cigani bavili su se ispiranjem zlata u planinskim krajevima današnje Rumunije, a naročito u Transilvaniji (Ardeal, Erdelj). U rumunjskom jeziku postoji i danas riječ zlatar koja se odnosi na to zanimanje. U pitanje zašto je za to zanimanje uzeta baš slovenska riječ, nećemo ovdje ulaziti. Pošto je zlato ruda, možemo s time dovesti u vezu i slovensko značenje rumunske riječi rudar. Riječ rudar pretstavlja naime ime jednog vlaško-ciganskog plemena koje danas nema više nikakve veze sa rudarstvom. U isto vrijeme možemo s tim povezati i ime Băiáš koje, kao što je gore već navedeno, znači, rudar. Dodajmo tome da je mađarska riječ bánya, rudnik, očigledno istog porijekla. Ime Banjaša upotrebljava se često i za Karavlahe u Bosni, a oblik Bunjaša za koritare preko Save, u Slavoniji i Vojvodini (str. 53).

Koliko god Karavlas i željeli da podvuku razliku između sebe i njih, ljudi ih smatraju ipak Ciganima utoliko prije što ih i formalna sličnost njihovih imena na to upućuje. A evo kako. Karavlas i sebe nazivaju Rumân ili (rjeđe Român), što znači Rumun, dok ih imenima Karavlas i Banjaši zovu drugi cigani i inoroci. Što se pak

Cigana tiče, oni sebe isključivo nazivaju Rromá, a svoj jezik rromané, što znači ciganski. Sličnost između obje riječi Rromân i rromané, toliko je frapantna da daje povoda mnogima da ih, i Karavlahe i Cigane, "trpaju pod jednu kapu", tim prije što i po svojoj spoljašnosti liče jedni na druge. Vidimo da Karavlas i zaista nemaju sreće u svom nastojanju da se što više ograde od Cigana (str. 59 – 60).

Bajaši govore različite, arhaične dijalekte rumunjskog jezika koji nisu pod utjecajem standardnog rumunjskog jezika, a u pravilu, ne govore ili slabo razumiju romski jezik.

Tradicionalno zanimanje je obrada drveta (koritarstvo) zbog kojeg su se Bajaši obično i naseljavali uz obale rijeka pa se i danas mogu pratiti obrisi transnacionalnog podravskog i podunavskog bajaškog kontinuiteta naseljavanja. Uz tradicionalno koritarstvo, poznato komplementarno zanimanje Bajaša jest bavljenje glazbom.

ROPSTVO U RUMUNSKOJ

Pored azijskog podrijetla te mukotrpnih i gotovo neprestanih seoba, pet stoljeća dugo razdoblje ozakonjenog porobljavanja Roma u rumunjskim kneževinama Moldaviji i Vlaškoj svakako je jedan od ključnih događaja koji je bitno oblikovao populacijsku i genetičku strukturu većine balkanskih romskih skupina. Sam robovlasnički sustav i popratni zakoni koji su strogo određivali moguću razinu kontakta između Roma i Rumunja, kao i romski adaptacijski mehanizmi uzrokovani takvom politikom i praksom, izravno su utjecali na smjereve i intenzitet toka gena, a tako i na suvremeno genetičko nasljeđe potomaka negdašnjih robova. Rasprava o romskom ropstvu namjerno je uklopljena u poglavlje o Bajašima premda oni nisu jedina romska skupina koja je bila žrtvom robovlasništva. Usljed različitih zabrana vezanih uz uporabu romskog jezika, za razliku od mnogobrojnih skupina koje su romski jezik romanizirale poput govornika vlaških dijalekata romskog (Kaldera, Lovara, Čurara), Bajaši su jedna od skupina koja je, zbog do kraja nerazjašnjenih razloga, potpuno prihvatila rumunjski te zaboravila materinji romski.

Moguć razmjer utjecaja ropstva u Rumunjskoj na genetičko nasljeđe suvremenih Roma posebno je očit ukoliko se uzme u obzir procjena Iana Hancocka (2006., str. 1) da je više od polovice ukupnog

romskog stanovništva u Europi bilo porobljeno između 14. i 19. stoljeća u Moldaviji i Vlaškoj. Točan broj porobljenih Roma, međutim, nije sasvim jasan. Angus Fraser (1992., str. 224) navodi kako je Mihail Kogălniceanu, poznati rumunjski reformist i borac za oslobođenje Roma iz okova ropstva, procijenio broj Roma u Vlaškoj i Moldaviji na 200.000 ljudi, s tim da je približno 35.000 obitelji bilo u privatnom vlasništvu. Ian Hancock spominje također citat Mihaila Kogălniceanua iz 1837. u kojem uspoređuje ropstvo u svojoj domovini s onim u SAD-u, te procjenjuje broj Roma kako slijedi: "Europljani organiziraju filantropska društva za ukinuće ropstva u Americi, dok u njedrima njihova vlastitog kontinenta postoji 400.000 Cigana koji su robovi te još 200.000 koji su u jednakoj mjeri žrtve barbarstva." (Hancock 2006., str. 27). Prema dostupnim popisima stanovnika i statistici Ministarstva financija iz 1857. godine koje su sadržavale ne samo precizne porezne informacije već i podatke o broju oslobođenih robova, Viorel Achim (2004.) procjenjuje da je u Vlaškoj i Moldaviji u vrijeme emancipacije, između 1830. i 1860. godine, živjelo između 200.000 i 250.000 Roma, odnosno, da su Romi činili približno 7% ukupne populacije u Rumunjskoj.

Uzroke porobljavanja Roma Ian Hancock (2006., str. 9-11) i Angus Fraser (1992., str. 58) objašnjavaju ondašnjim gospodarskim prilikama u Moldaviji i Vlaškoj te činjenici da su Romi, vješti zanatlije, imali tržišnu vrijednost koje se privilegirani društveni sloj nije želio odreći. Tijekom križarskih ratova jedan od putova iz Europe do Jeruzalema uključivao je i prolaz kroz Mađarsku i Vlašku prema crnomorskim lukama. Ondašnji je Balkan bio u razdoblju gospodarskog procvata sve dok je njime prolazio veliki broj križara za koje je trebalo proizvesti velike količine hrane i opreme te dok je mnogobrojna vojska osiguravala trgovačke putove trgovine s istokom. Zbog ratnih gubitaka, tatarskih osvajanja, pada Bizanta, prodora Mongola i sličnih događaja postupno su se zatvarali trgovački putovi, a ostajala je potreba za održavanjem vojske i stanovništva. Tadašnje je gospodarstvo vapilo za mnogobrojnijom i besplatnom radnom snagom koja se mogla u potpunosti kontrolirati. Postoji velika mogućnost da su se Romi, pored svoje vičnosti kovačkim i drugim zanatima, a najvjerojatnije i zbog drugačijeg jezika i tjelesnih osobina, našli u podređenom položaju uslijed novih gospodarskih prilika. Primjerice, u kršćanskim područjima Romi su sma-

trani omraženim Tatarima, posebice u zemljama čije stanovništvo nije došlo u izravni kontakt s tatarskim osvajačima, dok su u područjima pod otomanskom vlašću, smatrani kršćanima ili nemuslimanima te je tako i određivan njihov status prilikom ubiranja poreza.

Viorel Achim (2004.) smatra da su nabrojani ekonomski motivi, premda neosporno točni, ipak odigrali manje važnu ulogu u porobljavanju Roma. Problem robovlasništva u srednjovjekovnoj Rumunjskoj, i nekim susjednim zemljama, nije bio isključivo vezan uz Rome. U Rumunjskoj su uz romske postojali i tatarski robovi jer je u većem dijelu istočne Europe tijekom prvih stoljeća drugog tisućljeća bio običaj porobljavati zarobljene neprijatelje navodnog poganskog podrijetla. Krajem 14. stoljeća kada su prvi Romi došli do područja sjeverno od Dunava, ropstvo je već neko vrijeme postojalo te su novopridošli tuđinci, još k tome nomadi, zadobili društveni položaj kao i Tatari. Za razliku od malobrojnih Tatara, koji su ili postupno nestali ili se utopili u masi drugih robova, mnogobrojna romska populacija je u potpunosti porobljena, a porobljavanje Roma postalo je tako rašireno da je i sama riječ "Ciganin" postala sinonim za riječ "rob".

Najraniji pravni dokumenti koji spominju Rome kao robove potječu iz 14. stoljeća. Ian Hancock (2006., str. 13) smatra kako su već između 1331. i 1355. godine Romi bili darivani manastirima ili veleposjednicima. Angus Fraser (1992., str. 58) citira dokument iz 1385. kao prvi takve vrste, dok Viorel Achim (2004., str. 13) smatra da je prvih četrdeset romskih obitelji darivano manastiru Vodița između 1371. i 1377. godine. Početno razdoblje robovlasničkog sustava (tijekom 14. stoljeća) prvenstveno je imalo odlike "fiskalne eksploatacije" (Fraser 1992., str. 58). Romi su obično bili darivani manastirima ili veleposjednicima koji bi ubirali danak u novcu, robi ili nadnici, no s vremenom se položaj Roma mijenjao na gore te je onaj koji je plaćao danak imao gotovo bezgranično vlasništvo nad robovima koji su za njega radili. U 16. je stoljeću robovlasnički sustav postao vrlo složen. Cjelokupno romsko stanovništvo dijelilo se u dvije temeljne skupine: kućni robovi (*tsigani de casatsi*) i robovi za rad na polju (*tsigani de ogor*). Kućni robovi dijelili su se u tri podskupine robova krune ili države, ovisno o pripadnosti plemenitašima (*sclavi domnești*), dvoru (*sclavi curte*) ili gospodi (*sclavi gospod*), uključujući i one u vlasništvu crkve (*sclavi monastivești*). Robovi za rad na polju pripadali su boja-

rima ili barunima (*sclavi coevesti*) ili sitnijim veleposjednicima (*sclavi de mošii*). Postojali su također *laieši*, skupina radnika koja se mogla slobodno kretati te je bila obvezna plaćati porez izravno svojim vlasnicima (Hancock 2006., str. 13-14). Naposljetku, spomenimo i *Netocije*, odbjegle robove koji su preživljavali u izuzetno teškim uvjetima, izvan naseljenih mjesta, često po karpatskim vrletima.

Romi u vlasništvu plemića ili crkve nisu imali osobnih prava. O okrutnom postupanju s robovima postoje brojna potresna, pisana svjedočanstva. Ovdje spominjem sjećanje Mihaila Kogălniceanua na njegovo djetinjstvo provedeno u gradu Iașiju na sjeveroistoku Rumunjske, objavljeno 1837. godine:

...ljudska bića s lancima na rukama i nogama, željeznim škripovima na čelima, ili pak metalnim ovratnicima oko vratova. Okrutna bičevanja i druge vrste kažnjavanja, izgladnjivanje, vješanje iznad gorućeg plamena, zatvaranje u samicu, bacanje golih ljudi u snijeg ili zaleđenu rijeku, takvi su bili postupci prema jadnim Ciganima.

Nepovredivost braka i obiteljskih veza također je izložena ruglu: supruge su odvajane od suprugâ, kćeri su otimane majkama, djeca su trgana s prsiju onih koje su ih donijele na svijet – a sve kako bi bili prodavani na sva četiri strane Rumunjske, poput stoke. Ni humanost ni religijski nazori, pa čak ni građanski zakon, nisu pružali zaštitu ovim bićima. Bio je to grozan prizor, koji je vapio za Božjom pomoći (Hancock 2006., str. 26; Fraser 1992., str. 223).

Sve do 1757. godine članovi iste obitelji mogli su se prodavati odvojeno, a vjenčanja među Romima uglavnom nisu mogla biti sklopljena bez prethodne dozvole vlasnika. Mogućnost miješanja romskog i većinskog rumunjskog stanovništva također je bila zakonski određena. Među *sclavi domneštima* posebno su bili česti slučajevi spolnog iskorištavanja romskih žena od strane rumunjskih vlasnika, za razliku od romskih muškaraca koji su bili potencijalna spolna prijetnja rumunjskim ženama pa se pribjegavalo njihovom kastriranju ukoliko su trebali obavljati, na primjer, kočijaške poslove. U ovom su smislu ilustrativni isječci iz moldavskih zakona iz 17. stoljeća koji propisuju spaljivanje živog roba ukoliko siluje ženu te izostanak kazne za slobodnog čovjeka koji obljubi djevojku (Hancock 2006., str. 19). Zakonske odredbe koje su regulirale miješane brakove između Rumunja

i Roma više su se puta mijenjale. U počecima su takvi brakovi smatrani nezakonitima te, ukoliko bi se Romi vjenčali s Rumunjima, Rumunji bi izgubili status slobodnih ljudi i smatrali bi se također robovima, jednako kao i djeca iz takvih zajednica. Krajem 18. stoljeća dolazi do promjena zakonskih odredbi te se djeca iz miješanih brakova, koji su još uvijek bili nezakoniti, smatraju slobodnim ljudima koji su imali mogućnost asimilacije unutar većinske rumunjske populacije.

U tridesetim godinama 19. stoljeća pojavljuju se prve naznake promjena stava javnosti naspram ropstva Roma, a posebice nakon revolucije 1848. godine u Francuskoj među rumunjskim intelektualcima školovanim u toj državi. Angus Fraser (1992.) navodi sljedeće događaje kao ključne u procesu postupnog oslobođenja robova. Prvi odlučan korak poduzeo je Grigore Ghica, princ Vlaške, oslobodivši 1837. godine približno 4000 romskih obitelji u vlasništvu države i naselivši ih po selima. Moldavija je oslobodila robove u vlasništvu države 1842. godine te one u vlasništvu crkve 1844. godine. U Vlaškoj je 1847. godine započeo proces oslobođenja robova u vlasništvu crkve, a u Transilvaniji se od 1848. godine ukida kmetstvo te se Romima dozvoljava sloboda kretanja. Međutim, bojari su se snažno opirali oslobođenju svojih robova. Grigore Alexandru Ghica, princ Moldavije, 1855. godine omogućio je potpuno ukinuće ropstva te definirao financijsku kompenzaciju bojarima za svakog puštenog roba (no ne i samim robovima). Vlaški su robovi oslobođeni 1856. godine, a potpuna je sloboda nastupila 1864. donošenjem novog ustava kneževina ujedinjenih u Rumunjsku, kojim su Romi dobili rumunjsko državljanstvo, te provođenjem agrarnih reformi koje su trebale poboljšati gospodarski položaj oslobođenih rumunjskih kmetova i romskih robova.

Premda su nam poznati neki detalji iz razdoblja romskog ropstva u Rumunjskoj, ne možemo sa sigurnošću procijeniti razinu toka gena između rumunjske i romske populacije, odnosno upliv egzogenih gena u romsku populaciju koja je preostala u Rumunjskoj te u romskim skupinama koje su emigrirale iz Rumunjske nakon ukidanja robovlasničkog sustava. S druge strane, možemo pretpostaviti da je dio romske populacije, najvjerojatnije dio potomaka iz miješanih romsko-rumunjskih spolnih veza, bio asimiliran u rumunjsku opću populaciju. Asimilacija, u slučaju Roma u Rumunjskoj, obično je rezultirala zamjenom romskih običaja i jezika rumunjskim (Achim 2004., str. 144-153).

BAJAŠI U HRVATSKOJ

Bajaši su doselili u Hrvatsku iz Rumunjske, najvjerojatnije na prijelazu iz 18. u 19. ili tijekom 19. stoljeća, posebno nakon definitivnog ukinuća ropstva Roma. U Hrvatskoj Bajaši govore poseban dijalekt arhaičnog rumunjskog jezika koji sami nazivaju *limba d'bjăș*, a prema daljnjim subdijalektalnim osobitostima razlikuju se munćanski i erdeljski. Premda je podjela na munćanski ("brdski") i erdeljski ("šumski") uglavnom jezične prirode, Munćani i Erdeljani razlikuju se geografski i religijski. Većina Munćana u Hrvatskoj živi u Baranji i uglavnom je pravoslavne vjeroispovijesti. Munćani sami procjenjuju da ih u Baranji ima približno 3000. S druge strane, većina Erdeljana živi u Međimurju, katoličke su vjeroispovijesti i procjenjuju da ih ima približno 5000. Selo Torjanci u Baranji, s tek 120 stanovnika, svojevrsna je iznimka jer se radi o erdeljskom selu u pretežno munćanskom okruženju. Tipična bajaška prezimena u Baranji su: Petrović, Mišković, Mihajlović, Đurđević, Todorović, Bugarinović, dok su to u Međimurju (kao i u baranjskom selu Torjancima) prezimena: Oršuš, Balog, Horvat, Ignac, Kalanjoš, Bogdan.

Bez obzira na spomenute jezične, geografske i vjerske razlike, Bajaši u Hrvatskoj, i široj regiji, predstavljaju kohezivnu i endogamnu skupinu koja je u relativnoj opoziciji prema Romima koji govore *Romani Chib*. Tako, na primjer, Bajaši u Hrvatskoj nazivaju Rome *Lăcătării* i njihov jezik *lăcătareășce*, dok Banjaši u Srbiji Rome nazivaju *Gurbet*, a romski jezik, u šaljivom tonu, *limba de bou* (volovski jezik).

Podjela na munćanski i erdeljski dijalekt ne slijedi u potpunosti klasičnu podjelu rumunjskih subdijalekata. Premda je munćanski sačuvao određene dijalektološke osobitosti govora iz Muntenije na istoku Vlaške, a erdeljski one iz Transilvanije, u oba su govora prisutne jezične osobitosti različitih dijelova Rumunjske. Analizirajući lokalni govor Bajaša u Baranji, Annemarie Sorescu Marinković (2006.) zaključila je kako dijalektološke razlike između munćanskog i erdeljskog dijalekta nisu posljedica *in situ* diferencijacije već različitih migracijskih procesa. Većina se Erdeljana naselila uz obale Drave, od Međimurja do Baranje u Hrvatskoj, odnosno s obje strane rijeke, u Hrvatskoj i Mađarskoj, tvoreći bajaški podunavski kontinuitet. Munćanski govor u Baranji najvjerojatnije je mlađi od erdeljskog, s jezičnim osobitostima koje ga svrstavaju između erdeljskog u Baranji i erdeljskog u Bačkoj.

Međutim, potrebna su detaljnija dijalektološka istraživanja ukoliko se želi razjasniti jesu li Munčani iz Baranje doselili preko Mađarske.

PRIPREMA I PROVOĐENJE TERENSKIH ISTRAŽIVANJA

Dobro se sjećam prvog sastanka s gospodinom Bajrom Bajrićem, predsjednikom udruge “Romi za Rome”, i njegovog izmučenog lica nakon što se popeo na peti kat kako bi došao do biblioteke Instituta za antropologiju u kojoj smo ga s velikim nestrpljenjem čekali. Mislim da nije bio impresioniran niti institucijom bez lifta niti znanstvenom ekipom bez ijednog starijeg muškarca, no kao dugogodišnji pedagog, ostavio nam je mogućnost da ga ugodno iznenadimo i pristao doći na sljedeći sastanak, na kavu u obližnji kafić, pa još jedan sastanak i tako cijeli niz. Gospodin Bajrić je bio iskusan u radu s romskim udrugama, a posebno u radu s predškolskom djecom te u osmišljavanju projekata vezanih uz provođenje javno-zdravstvenih programa u romskoj zajednici. Dobro znajući listu prioriteta koji muče njegov narod, nije bio suviše ushićen sofisticiranim genetičkim istraživanjima koliko je odobravao epidemiološki i zdravstveni aspekt planiranog terenskog rada.

Gospodin Bajrić ocijenio je kako bi upravo Bajaši u Baranji bili najspremniji sudjelovati u našem projektu. Stoga smo odlučili provesti prva istraživanja među Bajašima u Baranji, potom u Međimurju te naposljetku među Čibašima u Rijeci i Zagrebu. Tako su i krenuli naši odlasci put istoka zemlje. Naš prvi zadatak u pripremi istraživanja bio je zainteresirati čelnike lokalnih udruga i njihove aktivnije članove za naša istraživanja te objasniti postavljene ciljeve i očekivane rezultate. Naime, pod vodstvom prof. dr. sc. Branke Janićijević, dr. sc. Marijana Perićić Salihović, dr. sc. Lovorka Barać Lauc i ja odlučile smo provesti multidisciplinarna antropološka, epidemiološka i molekularno-genetička istraživanja romskih populacija u Hrvatskoj i regiji.

Opći cilj naših antropoloških i epidemioloških istraživanja usmjeren je ka potpunijem razumijevanju romske populacije te unaprjeđenju njihovih životnih uvjeta, zdravstvenog stanja i intenzivnijeg uključivanja Roma u obrazovni, zdravstveni i gospodarski sustav šire društvene zajednice, ali uz očuvanje nacionalnog identiteta, tradicijske kulture i jezika. Molekularno-genetička istraživanja, metodološki složenija i dugotrajnija, imaju dva temeljna cilja. Prvo, analiza uniparen-

talnih genetičkih biljega (NRY i mtDNK) predviđena je zbog rekonstrukcije genetičke prošlosti te razumijevanja genetičke i populacijske strukture. Drugo, razumijevanje genetičke i populacijske strukture neophodno je za provođenje istraživanja genetičkih bolesti koje se uslijed visokog stupnja srođivanja i izolacije, a što je slučaj kod većine romskih populacija, mogu pojaviti učestalije nego u općim, reproduktivno otvorenim populacijama. Međutim, ovako postavljene ciljeve istraživanja bilo je potrebno slikovito opisati te objasniti njihov značaj i potencijalnu korist za ljude koji bi neposredno sudjelovali u istraživanju kao i za širu društvenu zajednicu koja bi takvo istraživanje podržala.

Objasnili smo kako bismo organizirali terenska istraživanja unutar romskih naselja ukoliko postoji odgovarajuća infrastruktura ili u najbližoj zdravstvenoj ustanovi. Predvidjeli smo da bi takvo istraživanje izveo tim od pet antropologinja, dviju liječnica (liječnica opće medicine i ujedno antropologinja te specijalistica interne medicine sa subspecializacijom iz kardiologije), laboratorijske tehničarke, epidemiologa, sanitarnog inženjera te po jednog anketara iz svakog od većih bajaških naselja. Željeli smo provesti upitnik o podrijetlu, uvjetima stanovanja, općim higijenskim uvjetima, zdravlju i uključenosti u formalni sustav obrazovanja, zdravstvene skrbi i tržište rada. Tijekom terenskog rada također smo predvidjeli davanje uzoraka periferne krvi za provođenje biokemijskih i genetičkih analiza, antropometrijsko mjerenje, mjerenje krvnog tlaka, ultrazvučnu denzitometriju petne kosti, internistički pregled s EKG-om te epidemiološki pregled naselja.

Zainteresiranost anketara, ili Roma pomagača, kako smo ih terminologijom romskih nevladinih udruga u raznim projektima nazivali, a u stvarnosti naših vodiča i prijatelja, bila je jedan od važnih preduvjeta za uspješnost projekta. Tijekom prvog sastanka u Dardi, nakon što smo upoznali gospodina Branka Petrovića te Jovicu Radosavljevića i Borislava Đermanovića, bilo je jasno da ćemo imati priliku surađivati s entuzijastima kojima nijedan posao neće biti težak, pogotovo ukoliko mogu naslutiti i tek nešto brige i nade za Bajaše. Ubrzo smo imali priliku održati predavanje o našim istraživanjima te pripremiti tekst o planiranom projektu za lokalnu radio stanicu koja je imala tjednu emisiju namijenjenu Bajašima. Nakon što smo primili popis svih ljudi koji su surađivali s lokalnim romskim udrugama, naši su vrijedni prijatelji nosili pismo poziva u svaku kuću i strpljivo objašnjavali o

kakvim je istraživanjima riječ. Tijekom nekoliko mjeseci intenzivnih priprema bili smo u gotovo svakodnevnoj komunikaciji telefonom, a iskoristili smo i boravak Branka, Jovice i Bobe u Zagrebu na radionici romskog jezika (koje je vodio profesor Marcel Courthiade) kako bismo u stankama dotjerali anketu i prilagodili je prilikama na terenu.

Posebnu smo pozornost usmjerili na primjereno i pravovremeno izvješćivanje populacije o ciljevima i očekivanim rezultatima projekta kako bi svaki pojedinac mogao samostalno donijeti odluku o sudjelovanju u istraživanju. Neposredno prije sudjelovanja u istraživanju, svakom je punoljetnom pojedincu još jednom objašnjen predviđeni protokol istraživanja. Svaki je sudionik mogao dati informirani pristanak za sve ili samo pojedine faze istraživanja. Nepismene osobe mogle su dati informirani pristanak pomoću otiska kažiprsta, no isključivo uz prisutnost i pomoć člana obitelji i/ili bajaških aktivista. Obrazac za informirani pristanak sastavljen je sukladno etičkim normama u Republici Hrvatskoj i međunarodnim konvencijama, a cjelokupno je istraživanje odobreno od strane Etičkog povjerenstva Instituta za antropologiju kao i etičkih povjerenstava gospodarskih i znanstvenih subjekata koji su financijski pomogli provođenje istraživanja. Mehanizmi osiguranja financijskog okvira za provođenje terenskih istraživanja i laboratorijskih analiza, premda intrigantni i poučni, prelaze okvire osnovne svrhe ove knjige te neće biti detaljnije objašnjeni nego što je to učinjeno u Zahvalama.

Prvo istraživanje u Baranji proveli smo u rujnu 2005. godine te obuhvatili bajaška naselja u Dardi, Belom Manastiru, Kneževim Vinogradima, Torjancima i Bolmanu. Terensko je istraživanje teklo po predviđenom i prije spomenutom protokolu. Za prijem ispitanika bila je odgovorna prof. dr. sc. Branka Janićijević. Anketiranje su uglavnom provodili Jovica Radosavljević, Borislav Đermanović, Ružica Petrović, Verica Palko i Senad Balog, ponekad uz pomoć nas antropologa. Prof. dr. sc. Nina Smolej Narančić bila je odgovorna za antropometrijska mjerenja, dr. sc. Maja Barabalić za denzitometriju, a dr. sc. Tatjana Škarić Jurić, dr. med. za mjerenje krvnog tlaka i uzimanje anamneze. Mr. sc. Jasna Čerkez Habek, specijalistica interne medicine, provela je internistički pregled s EKG-om. Vađenje krvi bilo je u nadležnosti laboratorijske tehničarke Slađane Viktorije Petričić. Dr. sc. Marijana Perić Salihović i ja bile smo odgovorne za pripremu uzoraka pune krvi za biokemijske analize i izdvajanje DNK molekule. Organizira-

li smo provođenje biokemijskih analiza (razine glukoze, triglicerida, LDL kolesterola, HDL kolesterola i ukupnog kolesterola) u laboratoriju dipl. ing. med. biok. Tomislava Kopačina u Osijeku te je svaki sudionik istraživanja dobio nalaz dan nakon vađenja krvi kako bi kardiologinja imala dovoljno vremena naručiti i dodatne analize ukoliko je bilo potrebno. Upravo je ovjereni internistički i biokemijski nalaz bio jedan od mogućih načina ostvarivanja prava na privremeno zdravstveno osiguranje. Naime, većina odraslih Roma nije u stalnom radnom odnosu i ne ostvaruje pravo na stalnu zdravstvenu zaštitu (izuzev trudnica i još nekih posebnih kategorija), a za privremenu nije kvalificirana jer ne može dokazati zdravstvenu tegobu budući nema novaca za privatni liječnički pregled koji bi takvo stanje ustanovio. Stoga smo i odlučili u sklopu naših terenskih istraživanja organizirati besplatne internističke preglede i biokemijske analize kako bismo u okviru naših skromnih mogućnosti izrazili zahvalnost ljudima koji su sudjelovali u istraživanju te kako bismo olakšali proceduru dobivanja prava na privremenu zdravstvenu zaštitu osobama kojima je, prema našim saznanjima, zdravstvena skrb bila potrebna. Tijekom našeg prvog istraživanja u Baranji dr. sc. Branko Kolarić, specijalist epidemiologije, održao je predavanje i praktičnu radionicu za mlade na temu zaštite od spolno prenosivih bolesti. Također, dr. sc. Branko Kolarić i sanitarni inženjer Ivan Radić proveli su epidemiološki i sanitarni pregled dijela kućanstava u Dardi i Belom Manastiru.

Najdraže uspomene na prvo istraživanje u Baranji vezane su uz druženja s Bajašima koja su obilježile što suze, što smijeh. Rasplakale bismo se i mi, koje smo slušale i naše, kadgod, starije kazivačice. Koliko bi mi vrijeme dopuštalo, jer sam bila odgovorna za poslove u laboratoriju, sudjelovala sam u anketiranju. Nakon dva, tri razgovora i skrovitog brisanja suza zbog potresnih svjedočanstava o stradavanju najbližih srodnika u Jasenovcu, preko vjerno dočaranih strahova i paničnog napuštanja domova tijekom zadnjih ratnih događanja i ponovnog vraćanja u Baranju, sve do sadašnjeg nemilosrdnog siromaštva i najoskudnijeg recepta za obiteljsku "supu", često bih potražila utočište među pipetama i epruvetama, razmišljajući kako bih se osjećala da sam rođena u jednoj tipičnoj bajaškoj obitelji, u kakvom skromnom i vlažnom kućerku, u Zlatnici ili Barakama. A taj bih pak posao i razmišljanja prekidala zbog muškaraca koji bi najradije dolazili u skupinama, oboružani dosjetkama, kako bi jedni druge hrabрили

unatoč živopisnim sjećanjima na sve moguće neugodnosti prilikom zadnje epizode vađenja krvi, obično tijekom služenja vojnog roka u bivšoj JNA. Muškarci su uistinu, moram priznati, bili nemilosrdno stiješnjeni između dviju vatri. S jedne strane kordon neumoljivih majki, punica, supruga, tetki, ujni, sestara i susjeda koje već danima glasno objašnjavaju kako će im pregled koristiti, a s druge strane, doktorice koje su došle iz Zagreba isključivo radi Bajaša – ne može ih gostoljubiv čovjek pustiti da odu neobavljena posla.

Prvo istraživanje u Baranji uvelike je obilježilo nomadstvo koje očito teče i u žilama svakog antropologa koji voli terenski rad, a kojim smo ipak, po prvi put, uspjeli impresionirati gospodina Bajrića. Naša se čeraga, sastavljena od privatnih automobila natrpanih svim potrepštinama za teren po sistemu od igle do lokomotive, spretno i okretno tri puta raspakirala i spakirala, okupirala, a potom bez ikakvog materijalnog traga napustila tri doma zdravlja, u Dardi, Belom Manastiru i Baranjskom Petrovom Selu. Priznajem da je uspješnosti tog pothvata pridonijela sva sila ljubaznih i poduzetnih ljudi koji su nam pomagali u rješavanju mnogih tehničkih problema vezanih za korištenje prostora u zdravstvenim ustanovama, posebno glavna sestra u domu zdravlja u Belom Manastiru, uvijek nasmijana gospođa Anka Greguran, ali i obilan tradicionalni baranjski doručak koji bi nam s ljubavlju svakog jutra poslali Denis i Gordana Sklepić, vlasnici jednog od najljepkijih seoskih gospodarstava, u selu Karanac, gdje smo odsjedali.

U svibnju 2006. godine proveli smo još jedno istraživanje na spomenutim lokacijama u Baranji kako bismo obuhvatili zainteresirane Bajaše koji nisu bili u prilici priključiti se ranije provedenom terenskom radu. Slijedili smo isti protokol kao i par mjeseci prije. S malom iznimkom. Prepotentno uvjereni u svoje već dokazane sposobnosti u vezi s pakiranjem čerage po sistemu od igle do lokomotive, objasnila sam svojim kolegicama, koje su me u čudu slušale, kako ću nas bez problema spakirati sama uz pomoć nekog od mlađih kolega. S nemalim sam iznenađenjem otkrila da sam u Baranju dovukla umjesto, u laboratoriju najbitnijeg instrumenta, centrifuge, barem pedeset kilograma tešku kutiju koja je pripadala sada već uvaženom znanstveniku, prof. dr. sc. Igoru Rudanu. Radilo se o bitnoj kutiji, a čvrsti dokaz da sam je vratila natrag, premda je bila teška, je i nedavni niz Igorovih vrlo zapaženih znanstvenih radova proisteklih, između ostalog, i iz spomenute teške kutije. Na sreću, laboratorij za bioarheologiju koji sadrži impresivnu

zbirku kasno-antičkih i srednjovjekovnih kostura, smješten tik uz skladište namijenjeno opremi za terenska istraživanja, nije samo uredan, već i brižno zaključan. Sretna je okolnost, također, bila i činjenica da je mali dom zdravlja u Dardi pun djelatnika velikog srca. Centrifugu smo dijelili s njihovim biokemijskim laboratorijem, a dr. med. Radmila Matoša iz Darde nije oklijevala mijenjati našu bolesnu kolegicu na svoj slobodan dan i raditi s nama u Baranjskom Petrovom Selu.

Tijekom studenog 2006. godine proveli smo terenska istraživanja i u mjestu Kuršanec u Međimurju. Slijedili smo sličan protokol koji smo uhodali u Baranji. Našem timu se pridružila i prof. dr. sc. Jasna Miličić koja je bila odgovorna za antropometrijska mjerenja pa je prof. dr. sc. Nina Smolej Narančić bila posvećena spirometriji. Tehničari Ljubo Mašić i Davor Cerovečki bili su odgovorni za vađenje krvi, a u pripremi uzorka pune krvi za daljnje analize pomagala je i dipl. ing. Matea Zajc. Pridružio nam se i ginekolog, dr. sc. Dubravko Habek koji je organizirao savjetovalište za žene. U anketiranju su se iskazale Irena Sokač i Aleksandra Čirić, djelatnice udruge "Romi za Rome".

U Kuršancu nije došla do izražaja naša čergarska nadarenost koliko umješnost u prilagođavanju lokalnog doma kulture, tj. svadbene sale, u ambulantu sa šest odjeljaka pregrađenih snježno bijelim i izglacanim plahtama obješenim kvačicama na maštovito sačinjenom labirintu konopa, konopčića i još ponekog čudnovatog potpornog elementa. Ovom se prilikom iskazao i jedan suprug, gospodin Miro Janićijević, koji je nabavio drva i osigurao veselo pucketanje vatrice tijekom sedam, inače studenih, dana terenskih istraživanja.

U dosadašnjim antropološkim i epidemiološkim, terenskim istraživanjima romskog stanovništva u Hrvatskoj sudjelovalo je više od 500 odraslih Bajaša oba spola iz Osječko-baranjske i Međimurske županije. U svim fazama protokola sudjelovalo je 266 Bajaša iz Baranje (95 muškaraca i 171 žena, starosti između 18 i 84 godina) i 164 iz Međimurja (56 muškaraca i 108 žena, starosti između 18 i 68 godina).

ŠTO SMO NA TERENU SAZNALI O BAJAŠIMA?

Prve prikupljene podatke s terenskih istraživanja koji se odnose na procjenu demografskih osobitosti, socio-ekonomskih prilika te zdravlja i životnih navika Bajaša u Hrvatskoj objavili smo u časopisu Cro-

atian Medical Journal, u tematskom broju posvećenom siromaštvu (Škarić-Jurić i sur. 2007.). Ovdje ću kratko prokomentirati nekoliko pokazatelja životnih uvjeta Bajaša te osnovne demografske podatke koji su važni za interpretaciju genetičkih rezultata.

Za razliku od dijela Roma, koji su u Hrvatsku doselili tijekom ratnih sukoba na području bivše države, većina Bajaša (85%) ima hrvatsko državljanstvo. Međutim, usprkos državljanstvu, Bajaši su marginalizirani u socio-ekonomskom smislu pa ih 84% prima socijalnu pomoć, tek je 51% populacije zdravstveno osigurano, a 47% kućanstava dobiva dječji doplatok. Bajaši su gotovo potpuno isključeni iz formalnog sustava zapošljavanja. Ustanovili smo kako je samo sedmero Bajaša (1 u Baranji te 6 u Međimurju) stalno zaposleno, a 23% pronalazi privremene, uglavnom slabije plaćene poslove (sezonski, nadničarski poljoprivredni poslovi, prikupljanje i prodaja sekundarnih sirovina te povremena trgovina robom široke potrošnje). Tradicionalni su zanati gotovo potpuno napušteni, a ukoliko postoje (npr. korparstvo u ponekom kućanstvu), ne osiguravaju egzistenciju.

Podaci vezani uz obrazovanje posebno su uznemirujući. Čak 33% sudionika u ispitivanju nije uopće pohađalo školu, a broj godina školovanja iznosi $3,6 \pm 3,4$ u ukupnoj populaciji, odnosno 10% sudionika u istraživanju završilo je osnovno osmogodišnje obrazovanje, 4,4% upisalo se u srednju školu, a nitko nije visoko obrazovan. Ohrabruje saznanje da je u međuvremenu Crveni križ iz Darde pokrenuo program koji omogućuje završetak osnovnog obrazovanja pa je nekoliko odraslih osoba iskoristilo navedenu mogućnost i steklo svjedodžbu o završenoj osnovnoj školi.

Većina Bajaša živi na rubovima istraživanih mjesta ili sela, odvojeno od većinskog stanovništva, s nepostojećom ili neadekvatnom komunalnom infrastrukturom. Tek 53% sudionika u istraživanju ima pristup javnom vodovodu, 2% kanalizaciji, 23% posjeduje izgrađene septičke jame. Zanimljivo je da gotovo isti broj Bajaša posjeduje televizore i video rekordere kao i opća populacija Hrvatske, za razliku od npr. deseterostruko većeg broja unutrašnjih zahoda i trostruko većeg broja hladnjaka u općoj populaciji Hrvatske nego kod Bajaša.

Analiza osnovnih demografskih podataka ukazala je na činjenicu da Bajaši u Hrvatskoj nisu niti nomadi ni polunomadi, već naprotiv, autohtono i sedentarno stanovništvo. Približno 90% sudionika u

ispitivanju rođeno je u mjestu boravka ili neposrednoj okolici, kao i 70% njihovih roditelja. U Međimurju je 99% sudionika u ispitivanju i 92% njihovih roditelja rođeno u mjestu boravka ili neposrednoj okolici.

Analizirani parametri reproduktivnog statusa Bajašica ukazuju na tradicionalnu vrijednost mnogobrojne obitelji kao osnovne društvene jedinice. Žene se udaju u dobi od $16,8 \pm 3,2$ godina, a muškarci s $19,2 \pm 4,3$ godina. Brak ne mora biti služben da bi ga bajaška zajednica takvim smatrala. Početak zajedničkog života smatra se početkom bračne veze, a svadbena svečanost, kao uobičajena potvrda, uvelike ovisi o ekonomskim prilikama i može se odgoditi na neodređeno vrijeme. Budući menarha započinje s $13,2 \pm 1,7$, a menopauza s $47,5 \pm 6,1$, prosječna dužina reproduktivnog razdoblja iznosi $34,1 \pm 5,9$ godina. Ukupan broj rođene djece jest $3,9 \pm 2,5$, s tim da je broj rođene djece u Baranji statistički značajno niži nego u Međimurju ($3,1 \pm 1,9$ u Baranji naspram $5,3 \pm 2,5$ u Međimurju). Postoje naznake da razlike u reproduktivnom obrascu u dvjema regijama traju najmanje dvije generacije. Naime, prosječni broj braće i sestara u obiteljima žena koje su sudjelovale u istraživanju jest $3,8 \pm 2,0$ u Baranji te $6,7 \pm 2,7$ u Međimurju. Premda se ukupni broj rođene djece po ženi ne može izravno uspoređivati s brojem braće i sestara u obitelji žene zbog nepotpunog reproduktivnog ciklusa kod 65% žena, uočili smo smanjenje u mortalitetu djece (0,1 umrle djece po ženi naspram 0,8 umrle braće i sestara u obitelji žene).

Od 384 ispitanika koji su odgovorili na pitanje kako se izjašnjavaju po nacionalnoj osnovi, 1 se izjasnio kao Jugoslaven, 2 kao neopredijeljeni, 2 kao Mađari, 3 kao Srbi, 12 kao Rumunji, 34 kao Hrvati i 330 kao Romi. Od 330 Roma, 309 se izjasnilo kao Bajaši, 7 kao govornici Romano Chiba, 11 kao Romi, 1 kao Vlah, a 2 se izjasnilo i kao Rom i Hrvat te pripadnik bajaške zajednice. Zanimljivo je da je od 34 ispitanika koji su se izjasnili kao Hrvati, njih 28 osjećalo pripadnost Bajašima.

ZAŠTO SU, UOPĆE, PODUZETA ISTRAŽIVANJA KROMOSOMA Y?

Bajaši su, poput cjelokupnog romskog naroda, posebni po činjenici da nemaju svoju pisanu povijest, odnosno, ono malo povijesnih izvora iz kojih se može fragmentarno zaključiti ponešto o njihovoj proš-

losti, pisano je od strane nebajaških i neromskih autora u različitim političkim i gospodarskim kontekstima te zahtijevaju pomnu i kritičku analizu. Nadalje, kako bi opstali, Romi su veći dio svoje povijesti zadržali nomadski ili polunomadski način života i verbalnu predaju pa nemaju sustavno vođene matične knjige, a često nisu, iz već spomenutih razloga, sudjelovali u popisima stanovništva. Samim time što točno izvorište i smjerovi migracija, kao ni vrijeme dolaska Bajaša u Hrvatsku, nisu dokumentirani u pisanim povijesnim izvorima niti sačuvani u kolektivnoj bajaškoj svijesti i usmenoj predaji, analiza uniparentalnih genetičkih polimorfizama nametnula se kao jedan od rijetkih mogućih načina znanstveno utemeljene procjene demografske povijesti te populacijske i genetičke strukture bajaške populacije.

Kao što je u prvom poglavlju detaljno razjašnjeno, molekularni antropolozi spremno koriste kromosom Y u svojim rekonstrukcijama podrijetla i migracija suvremenih ljudi. Budući se kromosom Y nasljeđuje uglavnom nepromijenjen po očinskoj nasljednoj liniji tijekom niza generacija, odnosno, zbog toga što ne dolazi do rekombinacije genetičkog materijala, već je jedini izvor promjene postupna pojava mutacija, moguće je analizirati razlike između očinskih nasljednih linija u različitim populacijama suvremenih ljudi te na relativno jednostavan način rekonstruirati genetičku prošlost. Ova knjiga temelji se na istraživanjima kromosoma Y kod Bajaša koja su nedavno završena i objavljena u časopisu *American Journal of Physical Anthropology* (Martinović Klarić i sur. 2008.), a dok pišem ove stranice, u DNK laboratoriju Instituta za antropologiju dovršavaju se analize mitohondrijske DNK te se planiraju terenska istraživanja i drugih romskih skupina u Hrvatskoj. Po završetku prvog dijela planiranih istraživanja rekonstruirat ćemo genetičku povijest Roma u Hrvatskoj slijedeći mutacije naslijeđene po očinskim i majčinskim nasljednim linijama.

METODE ANALIZE VARIJABILNOSTI KROMOSOMA Y

Provođenje molekularno-genetičkih analiza odvijalo se u nekoliko faza. DNK je izolirana iz pune krvi metodom isoljavanja (Miller i sur. 1988.). Nakon provođenja lančane reakcije polimerazom, bialelni polimorfizmi kromosoma Y provjeravani su elektroforezom na agar-

znom gelu. Sljedeći bialelni polimorfizmi određivani su izravno (indel polimorfizmi) ili pomoću restrikcijskih enzima (RFLP polimorfizmi), prema objavljenim protokolima: M9 (Hurles i sur. 1998.); YAP (Hammer i Horai 1995.); SRY₁₅₃₂ (Kwok i sur. 1996.) [SRY₁₅₃₂ je jednak SRY₁₀₈₃₁ (Hammer i sur. 1998.)]; 92R7 (Hurles i sur. 1998.); 12f2 (Rossler i sur. 2000.); M170, M173, M89 i P37 (Underhill i sur. 2000.). Polimorfizmi M35, M78, M82, M172, M201 (Underhill i sur. 2000.) te M253 i M269 (Cinnioglu i sur. 2004.) određivani su sekvenciranjem. Produkti lančane reakcije polimerazom čišćeni su alkalnom fosfatazom i egzonukleazom (Kaessmann i sur. 1999.) te potom sekvencirani korištenjem BigDye Terminator v3.1 Cycle kompleta za sekvenciranje (Applied Biosystems) na instrumentu ABI PRISM 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems), a pomoću programa Sequencing Analysis Software Version 3.7 (Applied Biosystems). M9 je određen na svim uzorcima, a preostali bialelni biljezi određeni su hijerarhijski prema ustanovljenoj filogeniji. U istraživanju su korištene najnovije preporuke za nomenklaturu kromosoma Y (Karafet i sur. 2008.).

Također je analizirano šesnaest mikrosatelitskih biljega sadržanih u forenzičkom kompletu za analizu AmpFISTR Yfiler (Applied Biosystems): DYS19, DYS385, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 i GATA H4, prema preporučenom protokolu proizvođača. Dodatni tetranukleotidni lokus, DYS460, analiziran je na svim E1b1b1a-M78 kromosomima. Produkti lančane reakcije polimerazom detektirani su na instrumentu ABI PRISM 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems), a dužine umnoženih fragmenata određivane se pomoću programa GeneScan Analysis Software Version 3.7 (Applied Biosystems).

Po završetku laboratorijskih analiza provela se statistička obrada podataka. Brojanje haplotipova, procjene raznolikosti haplotipova, varijance mikrosatelitskih alela, srednje vrijednosti različitosti svih parova haplotipova u uzorku, prosječne genetičke raznolikosti te koeficijentata genetičke diferenciranosti provedene su pomoću programa Arlequin ver. 2000 (Schneider i sur. 2000.). Vrijeme koalescencije izraženo je kao starost varijabilnosti mikrosatelita. Kvadrat prosječne razlike u broju ponavljajućih jedinica između svih kromosoma unutar jedne haplogrupe u ukupnom uzorku i osnivačkog haplotipa

podijeljen je s efektivnom mutacijskom stopom od 6.9×10^{-4} /generaciji od 25 godina (Zhivotovsky i sur. 2004.). Za procjenu koalescencije korišteno je 15 mikrosatelitskih lokusa (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 i GATA H4). Filogenetički odnosi između dviju bajaških skupina u Hrvatskoj procijenjeni su temeljem podataka dobivenih analizom 16 bialelnih biljega (M82, 12f2, M172, M89, YAP, M35, M78, M9, 92R7, M173, SRY1532, M269, M170, M201, P37 i M253) i 15 istih mikrosatelitskih lokusa kao u izračunu vremena koalescencije. Usporedbe populacija u matricama koeficijenta genetičke diferenciranosti te u filogenetičkim mrežnim prikazima temeljene su na sedam mikrosatelitskih biljega (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393). Mrežni prikazi dobiveni su pomoću programa NETWORK 4.5.0.0. (Fluxus Engineering Web site). Delta-mi-kvadrat genetička udaljenost izračunata je prema jednadžbi Davida Goldsteina i suradnika (1995.).

ŠTO SU O BAJAŠIMA OTKRILA ISTRAŽIVANJA KROMOSOMA Y?

Za uspješno provođenje analize genetičke varijabilnosti očinske zalihe gena Bajaša u Hrvatskoj bilo je potrebno analizirati bialelne biljege ili polimorfizme jednog nukleotida (SNP) i indel polimorfizme radi određivanja osnovnih haplogrupa te mikrosatelita ili kratke ponavljajuće sljedove (STR) radi definiranja haplotipova unutar svake haplogrupe.

Podsjetimo se još jedan put, bilaleni polimorfizmi uglavnom su stabilni, jedinstveni evolucijski događaji (točkaste mutacije, insercije, delecije) koji se pojavljuju unutar nerekombinirajućeg dijela kromosoma Y. Ancestralno stanje svakog bialelnog polimorfizma ustanovljeno je iz komparacijskih studija čovjeku srodnih vrsta, a temeljem prisutnosti ili odsutnosti dijela DNK molekule (u slučaju insercija i delecija), odnosno prisutnosti ancestralne ili derivirane točkaste mutacije, određuju se temeljne grane filogenetičkog stabla kromosoma Y – haplogrupe. Za razliku od bialelnih polimorfizama, kod mikrosatelita ili STR polimorfizama analizira se broj ponavljajućih nizova koji određuje različite alele i definira haplotip. Zbog visoke mutacijske stope mikrosatelita moguće je razlučiti više haplotipova unutar jedne

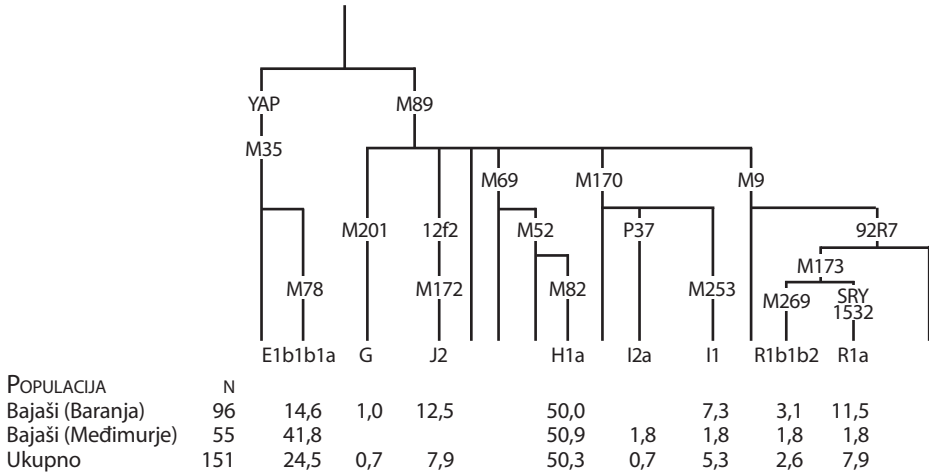
haplogrupe, odnosno, temeljem analize mikrostelitskih alela moguće je razlikovati inače identične binarne haplogrupe kromosoma Y ukoliko se aleli razlikuju po svojoj dužini na jednom do nekoliko lokusa.

Prema tome, osim što je bilo potrebno odrediti haplogrupe hijerarhijskom provjerom dijagnostičkog niza bialelnih biljega, također su analizirani mikrosatelitski motivi unutar svake haplogrupe. Praceenje smjera promjena u broju ponavljajućih jedinica, tj. pojave njihove ekspanzije ili kontrakcije, bilo je neophodno kako bi se ustanovila starost haplogrupa te evolucijski mehanizmi odgovorni za nastanak pojedinih mikrosatelitskih motiva.

U ovom istraživanju analizirano je 16 bialelnih i 17 mikrosatelitskih biljega u uzorku od 96 Bajaša iz Baranje i 55 iz Međimurja s ciljem rasvjetljavanja molekularne arhitekture i podrijetla očinske zalihe gena Bajaša iz Hrvatske. U istraživanju su također analizirani dostupni podaci o drugim romskim, većinskim europskim i južnoazijskim populacijama kako bi se odgovorilo na nekoliko specifičnih pitanja: 1) kakva je i kako je nastala genetička struktura bajaške populacije u Hrvatskoj; 2) gdje i kada su nastali proto-Bajaši; 3) kolika je razina genetičke bliskosti bajaške i ancestralne populacije; 4) postoji li genetička raznolikost između dviju bajaških populacija u Hrvatskoj te između bajaške populacije u Hrvatskoj i drugih romskih populacija u Europi te 5) kolika je razina toka gena između bajaške i drugih neromskih, većinskih populacija u neposrednom susjedstvu.

Temeljem filogenetičke analize visoke rezolucije u uzorku od 151 Bajaša uočeno je osam različitih haplogrupa, H1a, E1b1b1a, R1a, J2, G, I1, R1b1b2 i I2a (Slika 21). Od osam različitih haplogrupa kod Bajaša, njih šest pokazuje učestalost višu od 5%. Međutim, tri četvrtine bajaških kromosoma Y pripada u tek dvije haplogrupe, H1a i E1b1b1a, a preostale haplogrupe pojavljuju se u rasponu učestalosti od 1 do 8%.

Čak polovica bajaških kromosoma Y nosi AT deleciju na lokusu M82 i klasificira se kao H1a-M82 haplogrupa (Slika 21). Mutacija koja joj prethodi, transverzija M52 A→C (Slika 9), već je ranije uočena u Indiji i središnjoj Aziji (Wells i sur. 2001., Ramana i sur. 2001., Kivisild i sur. 2003.). Nedavno provedeno istraživanje visoke filogenetičke rezolucije kromosoma Y, na do sada najreprezentativnijem uzorku južne Azije (Sengupta i sur. 2006.), potvrdilo je visoku učestalost haplogru-



Slika 21. Filogenetičko stablo kromosoma Y kod Bajaša s prikazom bialelnih genetičkih biljega i učestalosti haplogrupa (%), prilagođeno prema slici iz rada Irene Marti-
nović Klarić i suradnika (2008.).

pe H1-M52 u Indiji i Pakistanu te azijsko podrijetlo haplogrupe H jer su haplogrupa H-M69 i njezine subklade, H1-M52 i H2-APT (Slika 9), nastale *in situ* unutar granica Indije. Indijski korijeni suvremenih Roma naslućuju se i iz činjenice da je na europskom tlu haplogrupa H1a ograničena gotovo isključivo na romske skupine (Gresham i sur. 2001., Peričić i sur. 2005.a, Bosch i sur. 2006., Gusmão i sur. 2008.).

Analiza mikrosatelitskih motiva 76 bajaških H1a-M82 kromosoma Y (Tablica 1) pokazala je kako je ista nasljedna linija prisutna kao najučestaliji haplotip kod čak 43 muškarca (kod 57% muškaraca unutar haplogrupe H1a, odnosno kod 28% muškaraca ukupno). Upravo spomenuti numerički nalaz rekapituliran je u filogenetičkoj mreži bajaških kromosoma Y (Slika 22) te se može uočiti da je središnji H1a haplotip ujedno najučestaliji i u Baranji i Međimurju dok je većina preostalih haplotipova udaljena od središnjeg za jedan do četiri mutacijska događaja (s iznimkom jednog haplotipa udaljenog za čak dvanaest mutacijskih događaja). Dominacija jedne očinske H1a-M82 nasljedne linije te uočena niska varijanca alela na sedamnaest analiziranih mikrosatelitskih lokusa kao i niska vrijednost raznolikosti haplotipova (Tablica 2), upućuje na redukciju genetičke varijabilnosti unutar haplogrupe H1a kod Bajaša u Hrvatskoj. Zanimljivo je spomenuti kako razina reducirane genetičke varijabilnosti H1a haplogrupe nije sasvim ujednačena

kod Bajaša u Baranji i Međimurju. U Baranji je od 48 H1a haplotipova uočeno 13 različitih, za razliku od Međimurja gdje je od 28 haplotipova uočeno pet različitih. Stoga i ne iznenađuje što svi analizirani parametri genetičke raznolikosti ukazuju na veću homogenost H1a nasljednih linija u Međimurju, odnosno jači utjecaj genetičkog drifta

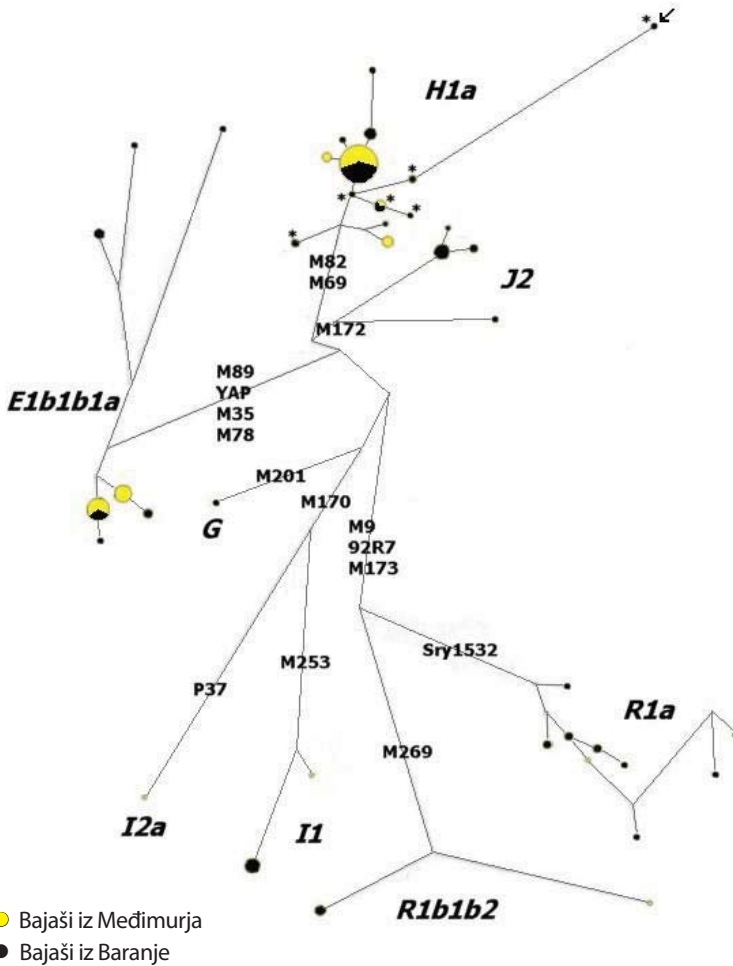
Tablica 1. Učestalost haplotipova po haplogrupama kod Bajaša (n = 151), prilagođeno prema tablici iz rada Irene Martinović Klarić i suradnika (2008.).

Hg	Ht	Aleli															Učestalost			
		DYS19	DYS385a,b	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437	DYS438	DYS439	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	GATA H4	Baranja	Međimurje	
H1a	1	14	15,17	14	30	22	10	11	12	14	9	11	19	15	18	20	12	1		
	2	15	14,17	14	30	22	10	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12	4		
	3	15	15,16	14	30	22	10	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12	3		
	4	15	15,17	13	29	22	10	11	12	14	9	11	19	15	17	20	12	2		
	5	15	15,17	14	30	22	10	11	12	14	9	11	18	15	16	20	12	4		
	6	15	15,17	14	30	22	10	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12	25	18	
	7	15	15,17	14	30	22	10	11	12	14	9	11	19	15	18	20	12	2	3	
	8	15	15,17	14	30	22	10	11	12	14	9	12	18	16	16	20	12	1		
	9	15	15,17	14	30	22	11	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12	1		
	10	15	15,17	14	31	22	9	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12	2		
	11	15	15,17	15	31	22	10	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12	1		
	12	15	15,17	15	31	22	10	11	12	14	9	11	19	15	18	20	12		3	
	13	15	15,18	14	30	22	10	11	12	14	9	11	19	15	17	20	12	1		
	14	15	15,18	15	31	22	10	11	12	14	9	11	19	15	18	20	12		1	
	15	15	15,19	12	28	23	10	12	12	14	9	12	19	14	15	21	12	1		
	16	16	15,17	14	30	22	10	11	12	14	9	11	18	15	17	20	12		3	
	E1b1b1a	17	13	14,18	13	30	24	10	11	14	14	10	11	20	15	19	23	12	1	
		18	13	16,18	14	31	24	11	11	13	14	10	13	20	17	15	21	12	2	
		19	13	16,19	13	30	24	10	11	13	14	10	12	20	18	15	22	11	1	
		20	14	17,17	14	31	24	10	11	12	14	10	12	20	15	16	23	12		3
		21	14	17,18	14	31	24	10	11	12	14	10	12	20	15	15	22	12	6	12
		22	14	17,18	14	31	24	10	11	12	14	10	12	20	15	16	23	12		7
		23	14	17,18	14	31	25	10	11	12	14	10	12	20	15	16	23	12	3	
		24	14	17,19	14	31	24	10	11	12	14	10	12	20	15	15	23	12	1	
		25	14	18,18	14	31	24	10	11	12	14	10	12	20	15	15	22	12		1
G		26	15	14,15	13	30	22	10	11	14	16	10	11	21	15	17	20	12	1	
	27	14	14,14	12	28	22	10	11	14	16	10	12	20	14	15	22	11	7		
I1	28	15	14,14	12	28	22	10	11	13	16	10	11	20	14	14	21	11		1	
	29	16	15,15	12	30	24	11	11	13	15	10	14	20	15	17	23	11		1	
I2a	30	14	13,16	14	31	23	10	11	12	14	9	11	20	15	16	21	9	1		
	31	14	13,16	14	31	23	10	11	12	14	9	11	20	15	17	21	9	2		
R1a	32	14	13,16	14	31	23	10	11	12	14	9	11	20	15	17	21	10	8		
	33	15	13,15	13	32	22	10	11	12	14	9	11	21	15	15	21	12	1		
	34	15	11,14	13	31	25	11	11	13	14	11	10	20	15	16	23	12		1	
	35	15	11,14	13	31	25	11	11	13	14	11	10	20	15	16	23	13	2		
	36	15	11,14	13	32	25	11	11	13	14	11	10	20	15	16	23	13	2		
	37	15	11,14	13	32	26	11	11	13	14	11	10	20	15	16	23	13	1		
	38	15	11,14	14	32	25	10	11	13	14	11	10	20	15	16	23	13	3		
	39	16	10,14	13	31	25	10	11	13	14	11	10	20	15	16	23	11	1		
	40	16	11,11	13	30	25	10	11	13	14	11	12	20	17	15	23	12	1		
	41	16	11,14	13	29	25	10	11	13	14	11	11	20	17	16	23	12	1		
R1b1b2	42	13	11,14	13	29	23	10	13	13	15	12	12	19	15	16	23	13	3		
	43	14	11,14	13	29	23	11	13	13	14	12	10	20	16	17	24	11		1	

u Međimurju nego Baranji (raznolikost H1a haplotipova u Međimurju jest $0,57 \pm 0,10$ naspram $0,72 \pm 0,07$ u Baranji; srednja vrijednost različitosti svih parova haplotipova u uzorku u Međimurju iznosi $1,56 \pm 0,96$, a u Baranji $1,77 \pm 1,04$; prosječna genetička raznolikost u Međimurju jednaka je $0,10 \pm 0,07$, a u Baranji $0,11 \pm 0,07$).

Premda dobiveni rezultati pokazuju da su suvremene H1a bajaške nasljedne linije potekle od malog broja osnivača, suočeni smo s nekoliko mogućnosti pri pokušaju definiranja njihovog preciznog broja. Ukoliko obratimo pažnju na filogenetičku mrežu i klaster H1a nasljednih linija kod Bajaša (Slika 22), možemo zamisliti dva scenarija koji se odnose na broj mogućih osnivača u Baranji. U prvom scenariju možemo pretpostaviti višestruki broj osnivača: šest H1a haplotipova koji su udaljeni od središnjeg haplotipa za dvije ili više ponavljajućih jedinica (označeni zvjezdicom, Slika 22) i ostalih 38 haplotipova. Pod pretpostavkom višestrukog broja osnivača, vrijeme koalescencije bajaških H1a nasljednih linija u Baranji iznosilo bi 380 ± 260 godina. Prema drugom scenariju, ukoliko bismo pretpostavili dva osnivača bajaške H1a populacije u Baranji (koje definiraju najudaljeniji, rijetki haplotip označen zvjezdicom i strelicom te preostalih 47 haplotipova, Slika 22), vrijeme koalescencije iznosilo bi 1280 ± 490 godina. U slučaju da je bajaška populacija u Baranji nastala od višestrukog broja osnivača, mogli bismo pretpostaviti nekoliko epizoda toka gena tijekom povijesnih migracija te stoga očekivati da i ostale romske populacije u Europi dijele te iste, rijetke očinske nasljedne linije. S druge strane, u slučaju da je bajaška populacija u Baranji nastala od tek dva osnivača, mogli bismo pretpostaviti da se radi o populaciji koja je nastala rano te koja se nije značajnije miješala s drugim populacijama na svom putu iz pradomovine u Indiji prema ovdašnjim krajevima. Podrazumijeva se da su moguće i kombinacije ovih dvaju osnovnih scenarija.

Ukoliko primijenimo isti pristup u izboru mogućih osnivača i u Međimurju, možemo također uočiti dva skupa haplotipova koji su međusobno udaljeni za dvije ili više ponavljajućih jedinica. Ranije vrijeme koalescencije moguće je procijeniti u slučaju da su osnivači predstavljeni s dva skupa udaljenijih haplotipova i ostatka (350 godina) te kasnije vrijeme koalescencije (1040 godina) u slučaju da je najučestaliji haplotip ujedno i osnivački haplotip.



Slika 22. Filogenetička mreža svih bajaških kromosoma Y razdvojenih u 8 haplogrupa. Haplotipovi definirani mikrosatelitima prikazani su kao kružići, a površina svakog kružića proporcionalna je broju pojedinaca koji nose određeni haplotip. Dužina pojedinih grana proporcionalna je broju akumuliranih mutacija koje razdvajaju haplotipove, prilagođeno prema slici iz rada Irene Martinović Klarić i suradnika (2008.).

Upotrebom delta-mi-kvadrat formule procijenjeno je minimalno vrijeme divergencije između bajaških populacija iz Međimurja i Baranje na 360 ± 250 godina. Procijenjeno vrijeme poklapa se s razdobljem između četrnaestog i devetnaestog stoljeća za vrijeme kojeg su dvije, već spomenute, subpopulacije Bajaša naseljavale povijesne rumunjske kneževine, Muncani Vlašku, a Erdeljani Transilvaniju.

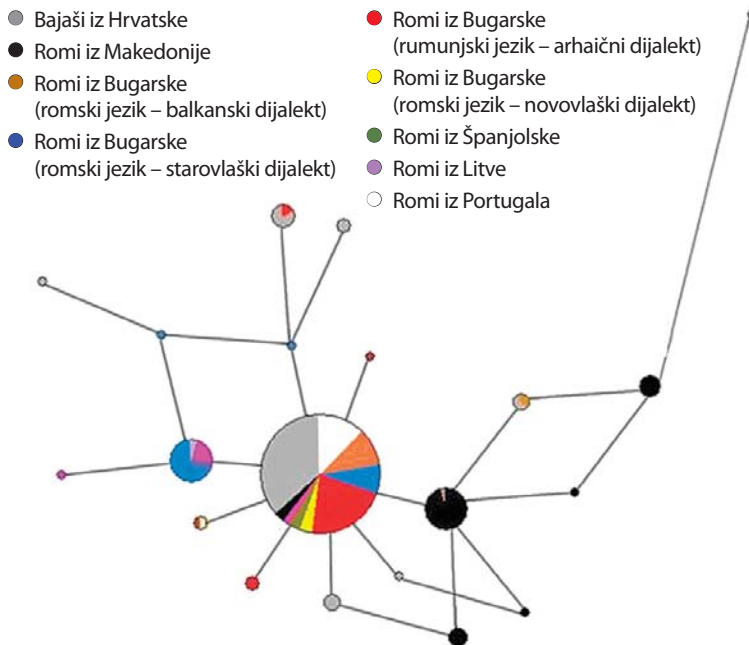
Tablica 2. Indeksi genetičke raznolikosti kod Bajaša, prilagođeno prema tablici iz rada Irene Martinović Klarić i suradnika (2008.).

Haplogrupa	STR varijanca	Raznolikost haplotipova	Srednja raznolikost parova haplotipova	Srednja raznolikost gena
J2	0.090	0.167±0.134	0.833±0.637	0.076±0.065
I1	0.042	0.250±0.180	0.500±0.472	0.050±0.054
H1a	0.060	0.672±0.060	1.707±1.009	0.107±0.070
E1b1b1a	0.133	0.728±0.066	2.721±1.478	0.170±0.103
R1a	0.213	0.955±0.047	3.788±2.051	0.237±0.144

Vjerojatnost spomenutih scenarija mogla bi se provjeriti izravnom usporedbom H1a očinskih nasljednih linija kod Bajaša i drugih romskih populacija diljem Europe, no trenutno smo suočeni sa sljedećom manjkavošću. Makar je do sada objavljeno nekoliko istraživanja mutacija kromosoma Y kod Roma u Europi te premda često korištena i vrlo priznata Referentna baza haplotipova kromosoma Y (YHRD) sadrži podatke o više romskih populacija, dostupni podaci uključuju mahom haplotipove sačinjene od pet do deset mikrosatelitskih lokusa. Stoga nije moguće izravno usporediti haplotipove iz našeg istraživanja koji su sadržavali 16 mikrosatelita s dostupnim, ali nepotpunim haplotipovima u drugim romskim populacijama, pa tako niti saznati jesu li rijetke H1a nasljedne linije kod Bajaša zastupljene samo u toj romskoj populaciji ili ne.

Mada trenutno nije moguća izravna usporedba haplotipova sačinjenih od 16 istih mikrosatelitskih lokusa između Bajaša i drugih romskih populacija radi preciznog ustanovljavanja broja mogućih osnivača i vremena koje je prošlo od zadnjeg zajedničkog H1a pretka, ipak je moguće reducirati bajaške haplotipove na razinu haplotipova genotipiziranih u drugim europskim romskim populacijama i provesti općenitije populacijske usporedbe. Primjer takve usporedbe je filogenetička mreža (Slika 23) H1a-M82 nasljednih linija bajaške i, u literaturi opisanih, romskih populacija u Europi koja je načinjena temeljem podataka sa sedam podudarnih mikrosatelitskih lokusa. Romske populacije su za potrebe ove analize udružene prema njihovim jezično-dijalektološkim osobitostima kako slijedi: Bajaši iz Hrvatske (govore arhaičnim dijalektom rumunjskog jezika), Romi iz Makedonije (većinom Arlije koji govore balkanskim dijalektom rom-

skog jezika), četiri skupine Roma iz Bugarske (govore balkanskim dijalektom romskog jezika, starovlaškim i novovlaškim dijalektima romskog jezika te arhaičnim dijalektom rumunjskog jezika), Romi iz Španjolske i Portugala (govore španjolskim ili portugalskim jezikom s velikim brojem romskih riječi, tzv. Calo) te Romi iz Litve (govore romskim jezikom). Sve analizirane romske skupine dijele isti središnji H1a haplotip kao najučestaliju očinsku nasljednu liniju dok su periferni haplotipovi udaljeni jednu do najviše četiri mutacije, što potvrđuje prije spomenutu pretpostavku o izraženom učinku uskog grla u davnoj, ne samo bajaškoj, već općenito, romskoj prošlosti i malom broju genetički bliskih osnivača suvremenih romskih populacija diljem Europe.

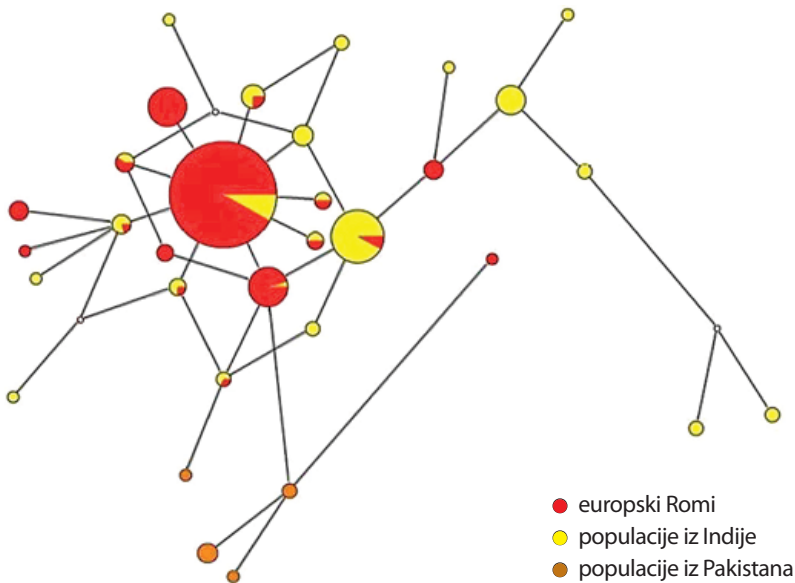


Slika 23. Filogenetička mreža H1a-M82 nasljednih linija kod bajaške i drugih romskih populacija u Europi, prilagođeno prema slici iz rada Irene Martinović Klarić i suradnika (2008.). Pri izradi filogenetičke mreže korišteni su podaci iz ovog istraživanja te dostupne literature (Gresham i sur. 2001., Kalaydjieva i sur. 2001., Peričić i sur. 2005.a, Gusmão i sur. 2008.). Haplotipovi definirani mikrosatelitima prikazani su kao kružići, a površina svakog kružića proporcionalna je broju pojedinaca koji nose određeni haplotip. Dužina pojedinih grana proporcionalna je broju akumuliranih mutacija koje razdvajaju haplotipove.

Samim time što većina romskih populacija u Europi dijeli isti modalni (reducirani) H1a haplotip, logično je pretpostaviti sličan obrazac i u slučaju proširenog haplotipa, no u nešto nižem postotku zbog većeg broja STR lokusa i veće vjerojatnosti nastanka mutacije. Nadalje, Bajaši su, poput ostalih Roma, započeli svoj proces odvajanja u manje skupine tek nakon dolaska u Europu, a procijenjeno vrijeme divergencije ukazuje da je proces genetičke diversifikacije bajaške populacije koja danas naseljava Baranju i Međimurje mogao započeti između 14. i 19. stoljeća. Dakle, munčanski H1a haplotipovi u Baranji vjerojatno su nastali od relativno malog broja genetički bliskih osnivača prije približno 1280 ± 490 godina, u sličnom razdoblju kao erdeljski (prije 1040 ± 1040 godina), odnosno u doba kada i većina romskih H1a haplotipova koji su do danas otkriveni.

Filogenetička mreža H1a haplotipova kod raznih romskih skupina u Europi također pokazuje kako različite romske skupine koje danas govore arhaičnim rumunjskim dijalektima (Montana, Intreni, Lingu-rari iz Bugarske i Bajaši iz Hrvatske) dijele isti najučestaliji haplotip, dok je kod većine npr. Arlija iz Makedonije ili Gitanosa iz Španjolske ipak prisutna barem jedna mutacija u odnosu na središnji haplotip. Spomenuta veza između jezika i obrasca varijabilnosti najstarijih, indijskih H1a očinskih nasljednih linija kod romskih populacija u Europi, uistinu je intrigantna. Prvo, paneuropska očinska zaliha gena strukturirana je geografski, a ne lingvistički. Drugo, prijelaz s romskog na rumunjski jezik uslijedio je tijekom romskog ropstva u Rumunjskoj između 14. i 19. stoljeća, odnosno, značajno kasnije nego što je moglo doći do ekspanzije H1 nasljednih linija u Indiji. Prema tome, uočena diferenciranost H1 nasljednih linija nema primarno uporište u jeziku i jezičnim promjenama, već u povijesnim, migracijskim stazama koje su utjecale na jezik. Jedan veći migracijski val na Balkanu vodio je u pakao ropstva u povijesnim rumunjskim kneževinama, dok su druge staze skretale prema područjima s nešto blažim zakonodavstvom naspram Roma i romskog jezika. Tako je i uočena genetička strukturiranost H1a nasljednih linija kod govornika arhaičnog rumunjskog jezika povezana s povijesnim migracijama koje su determinirale očuvanje ili gubitak materinskog, romskog jezika. Zanimljivo, primjećuje se genetička koherentnost bajaškog transnacionalnog korpusa, barem kada su u pitanju ancestralne, indijske, očinske nasljedne linije.

Razdioba H1a-M82 nasljednih linija kod europskih Roma također je uspoređena s indijskim i pakistanskim H1-M52 nasljednim linijama temeljem filogenetičkog mrežnog prikaza načinjenog pomoću podataka sa sedam podudarnih mikrosatelitskih lokusa (Slika 24). Ne samo da se najučestalija H1a-M82 nasljedna linija kod europskih Roma pojavljuje i u Indiji već je i većina indijskih motiva udaljena za tek jedan do dva mutacijska događaja od središnjeg haplotipa koji prevladava kod Roma u Europi. Pakistanski H1 motivi okupljeni su u manji klaster i udaljeni su dva do tri mutacijska događaja od središnjeg haplotipa. Evidentan je i izdvojeni indijski klaster H1 kromosoma za kojeg se može pretpostaviti da je posljedica izuzetno visoke genetičke varijabilnosti indijskog subkontinenta te reprezentativnog uzorka (1680 muškaraca iz južne Azije) uključenog u izradu prikazane filogenetičke mreže.



Slika 24. Filogenetička mreža H1a-M82 nasljednih linija kod europskih Roma i H1-M52 nasljednih linija kod indijskih i pakistanskih populacija, prilagođeno prema slici iz rada Irene Martinović Klarić i suradnika (2008.). Pri izradi filogenetičke mreže korišteni su podaci iz ovog istraživanja te dostupne literature (Gresham i sur. 2001., Perićić i sur. 2005.a, Sengupta i sur. 2006., Firasat i sur. 2007.) Haplotipovi definirani mikrosatelitima prikazani su kao kružići, a površina svakog kružića proporcionalna je broju pojedinaca koji nose određeni haplotip. Dužina pojedinih grana proporcionalna je broju akumuliranih mutacija koje razdvajaju haplotipove.

Budući da je modalni romski H1a haplotip prisutan u različitim plemenskim i kastinskim skupinama diljem Indije te populacijama koje govore jezike indoeuropske, dravidske i austroazijske porodice, nije moguće točno odrediti društvenu ili jezičnu skupinu, niti geografsku regiju koja je iznjedrila proto-Rome (proto-Bajaše), a čiji muški potomci danas žive diljem Europe i tragom čijih smo se očinskih nasljednih linija vratili u indijsku pradomovinu. Analogna je situacija prisutna i u slučaju romskog jezika koji sadrži brojne elemente iz raznih indičkih jezika pa nije moguće preciznije odrediti područje ili populaciju koja je iznjedrila govornike romskog jezika. Opći konsenzus među lingvistima i povjesničarima jest da je široko područje sjeverozapadne ili središnje Indije moglo biti izvorište romskog jezika.

Haplogrupa E1b1b1a-M78 druga je po zastupljenosti u ukupnoj bajaškoj očinskoj zalihi gena, a pojavljuje se kod 14% Bajaša iz Baranje i čak 42% Bajaša iz Međimurja (Slika 21). Detaljna i opsežna filogeografska istraživanja koja su proveli Fulvio Cruciani i suradnici (2004., 2007.) te Ornella Semino i suradnici (2004.) pokazala su da je haplogrupa E1b1b1a-M78 rasprostranjena diljem istočne i sjeverne Afrike, južne Europe te Bliskog istoka. S druge strane, u već spomenutom istraživanju Sanghamitre Sengupte i suradnika iz 2006. godine, haplogrupa E1b1b1a nije uočena niti kod jednog muškarca u Indiji te tek kod dvojice u Pakistanu. Raspodjela učestalosti E1b1b1a-M78 kromosoma zanimljiva je i kod samih Roma. U istraživanju Davida Greshama i suradnika (2001.) učestalost E1b1b1a nije premašivala 5% kod niti jedne od 14 analiziranih romskih skupina dok je u našem prijašnjem istraživanju (Peričić i sur. 2005.a) učestalost E1b1b1a kod makedonskih Roma iznosila čak 30%. U tom smislu može se utemeljeno pretpostaviti kako ancestralna zaliha gena proto-Roma u Indiji nije uključivala haplogrupu E1b1b1a.

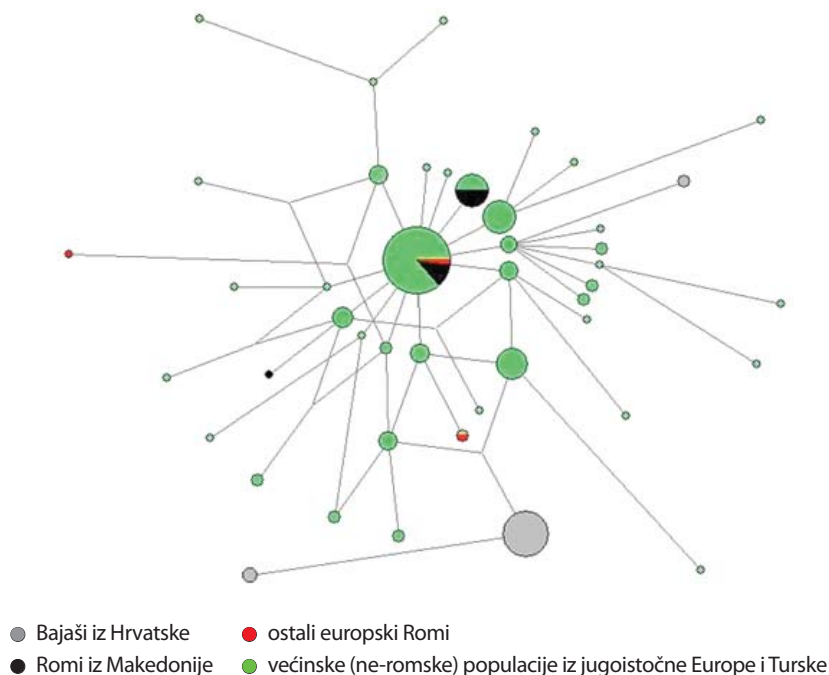
Pomoću nedavno otkrivenih binarnih biljega Fulvio Cruciani i suradnici (2007.) razdvojili su haplogrupu E1b1b1a-M78 u subklade od kojih je E1b1b1a2-V13 najučestalija u Europi. Navedena skupina znanstvenika također je dokazala da je E1b1b1a2-V13 haplogrupa nastala u zapadnoj Aziji prije 11.000 godina i proširila se južnom Europom prije 4500 godina te Balkanom početkom brončanog doba, a ne u doba širenja zemljoradnje kao što je to većina znanstvenika do tada smatrala. Svi bajaški te 97% E1b1b1a kromosoma u jugoistočnoj Eu-

ropi pripada klasteru alfa koji dijagnosticira prisutnost alela 9 na lokusu DYS460. Klaster alfa je jedna od subklada E1b1b1a2-V13 (Cruciani i sur. 2006.) pa procijenjeno vrijeme koalescencije za E1b1b1a2-V13 možemo smatrati relevantnim i za jugoistočnu Europu.

Analiza mikrosatelitskih motiva unutar bajaške E1b1b1a-M78 subklade (Tablica 1) pokazala je prisutnost devet različitih haplotipova kod 37 muškaraca. Jedan haplotip, ujedno najučestaliji, prisutan je i kod Bajaša iz Baranje i Međimurja, dok je preostalih osam haplotipova prisutno kod jedne ili druge bajaške skupine. Filogenetička mreža pokazuje dvije veće skupine E1b1b1a-M78 kromosoma Y (Slika 22) – središnji i ujedno modalni haplotip kod Bajaša iz Baranje i Međimurja te dva mutacijska događaja udaljeni haplotip kod Bajaša iz Međimurja. Veći dio preostalih haplotipova razlikuje se od središnjeg i međusobno za višestruki broj mutacijskih događaja. Visoka učestalost E1b1b1a haplogrupe kod Bajaša popraćena je relativno visokom varijansom alela na sedamnaest analiziranih mikrosatelitskih lokusa i relativno visokom raznolikošću haplotipova (Tablica 2) zbog nekoliko razloga. Prvo, E1b1b1a2 klaster nastao je prije četiri i pol tisućljeća u južnom dijelu Balkanskog poluotoka te je logično da je upravo taj prostor karakterističan po njegovoj najvišoj učestalosti i varijabilnosti. Balkanski poluotok (pa i Turska) jest prostor u kojem se većina Roma zadržala do 15. stoljeća nakon kojeg počinju nove seobe i posljedična fragmentacija romskog korpusa diljem Europe. Zato se nameće zaključak da je visoka učestalost i varijabilnost E1b1b1a haplogrupe posljedica višestrukih epizoda toka gena iz različitih izvorišta diljem Balkana, premda se ne mogu isključiti niti potencijalna izvorišta na povijesnom migracijskom putu prije dolaska Roma na Balkanski poluotok. Uočena rasprostranjenost i varijabilnost E1b1b1a nasljednih linija kod Bajaša najizraženiji je primjer miješanja s neromskim populacijama, i to najvjerojatnije sa stanovništvom naseljenim u nizinama uz velike rijeke Vardar, Moravu i Dunav koje su bile glavni koridori ekspanzije ove haplogrupe iz južne i jugoistočne Europe prema ostatku kontinenta.

Kako bismo analizirali potencijalna izvorišta širenja E1b1b1a očinskih nasljednih linija među Bajašima, načinjena je filogenetička mreža E1b1b1a kromosoma na sedam podudarnih mikrosatelitskih biljega kod Bajaša, dostupnih romskih skupina iz Europe te većinskih

(neromskih) populacija iz jugoistočne Europe i Turske (Slika 25). Filogenetička mreža E1b1b1a kromosoma potvrđuje visoku varijabilnost ove haplogrupe na jugoistoku Europe te izdvojenost bajaškog klastera od modalnog E1b1b1a haplotipa za četiri do pet mutacijskih događaja. Izdvojenost bajaškog E1b1b1a klastera mogla je nastati uslijed nekoliko razloga. Postoji mogućnost da nasljedne linije isto-vjetne bajaškim postoje na jugoistoku Europe, no nisu bile uključene u uzorak našeg istraživanja. Druga je mogućnost da je kod Bajaša došlo do pojave najmanje dvaju privatnih mutacijskih događaja u odnosu na E1b1b1a haplotipove prisutne na jugoistoku Europe tijekom njihovih migracija s juga Europe preko Rumunjske do Hrvatske te da



Slika 25. Filogenetička mreža E1b1b1a kromosoma kod Bajaša, romskih skupina u Europi te većinskih (neromskih) populacija iz jugoistočne Europe i Turske, prilagođeno prema slici iz rada Irene Martinović Klarić i suradnika (2008.). Pri izradi filogenetičke mreže korišteni su podaci iz ovog istraživanja te dostupne literature (Gresham i sur. 2001., Cinnioğlu i sur. 2004., Peričić i sur. 2005.a, Bosch i sur. 2006., Gusmão i sur. 2008). Haplotipovi definirani mikrosatelitima prikazani su kao kružići, a površina svakog kružića proporcionalna je broju pojedinaca koji nose određeni haplotip. Dužina pojedinih grana proporcionalna je broju akumuliranih mutacija koje razdvajaju haplotipove.

je zbog utjecaja genetičkog drifta došlo do proliferacije privatnih, bajaško-specifičnih E1b1b1a nasljednih linija. Treća mogućnost upliva E1b1b1a haplotipova u bajašku očinsku zalihu gena jest miješanje s populacijama s kojima su Romi dolazili u susret na svom putu iz Indije prema Balkanu.

Istražujući potonju mogućnost, prvo je pretražena Referentna baza haplotipova kromosoma Y (www.yhrd.org) koja je u vrijeme pisanja ove knjige sadržavala 59 004 haplotipova sačinjenih od 7 najraširenije genotipiziranih lokusa (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) iz 499 različitih populacija svijeta, 57 208 haplotipova sačinjenih od 8 lokusa (uključujući i DYS385), 30 613 haplotipova sačinjenih od 10 lokusa (uključujući DYS438 i DYS439), 6957 haplotipova sačinjenih od 11 lokusa (uključujući i DYS437) te 3657 haplotipova sačinjenih od 16 lokusa (uključujući DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 i GATA H4). Haplotipovi sačinjeni od spomenutih 16 lokusa istovjetni su onima koji su analizirani i u ovom istraživanju. U referentnoj bazi haplotipova kromosoma Y nije pronađen niti jedan haplotip koji se podudara s bajaškim modalnom E1b1b1a nasljednom linijom sačinjenom od svih 16 analiziranih STR lokusa (haplotip 21, Tablica 1). Tek kada je bajaška modalna E1b1b1a nasljedna linija bila reducirana na osam mikrosatelitskih lokusa, pronađeno je pet istovjetnih haplotipova u susjednoj Mađarskoj, od čega četiri kod Roma iz mađarskog dijela Baranje. Ovdje je zanimljivo spomenuti i istraživanje Manuele Regueiro i suradnika (2006.) o varijabilnosti kromosoma Y u Iranu koje je pokazalo da je E1b1b1a haplogrupa prisutna kod 5% muškaraca iz južnog Irana. Nažalost, ovo istraživanje nije uključivalo analizu mikrosatelitskih biljega pa su daljnje usporedbe isključene premda je Iran posebno zanimljiv u ovom kontekstu jer se smatra da je boravak Roma u Perziji, najvjerojatnije tijekom 9. stoljeća, bio toliko značajan da su perzijski jezični utjecaji sačuvani u svim suvremenim dijalektima romskog jezika. S druge strane, boravak Roma u Maloj Aziji, vrlo značajan u jezičnom i kulturološkom smislu, ipak nije značajan u kontekstu E1b1b1a haplogrupe jer se njezina ondje niska prisutnost (5%) može objasniti migracijama iz područja južne i jugoistočne Europe.

S obzirom na dostupne činjenice logično je zaključiti da su E1b1b1a nasljedne linije europskih Roma potekle iz istog izvorišta

(Balkanskog poluotoka) te da je postupno i naknadno došlo do diversifikacije unutar fragmentiranih romskih skupina razasutih diljem Europe pa time i različitih udjela E1b1b1a nasljednih linija u ukupnim zalihama očinskih gena pojedinih skupina. Najizravnija potvrda zajedničkog, balkanskog izvorišta E1b1b1a haplotipova kod europskih Roma jest postojanje istog modalnog haplotipa kod većinskih populacija u južnoj i jugoistočnoj Europi i većine romskih populacija u Europi. S obzirom na dostupne podatke, trenutna neupitna ekskluzivnost bajaških E1b1b1a nasljednih linija upućuje na pojavu nekoliko privatnih mutacija mikrosatelitskih alela u razdoblju nakon što su Bajaši napustili južne dijelove Balkana te djelovanje genetičkog drifta koji je očuvao visoku zastupljenost privatnih, bajaških E1b1b1a haplotipova.

Haplogrupa R1a, definirana mutacijom SRY₁₅₃₂, pojavljuje se kod gotovo 12% Bajaša iz Baranje te 2% iz Međimurja (Slika 21). U Europi R1a pokazuje rastući gradijent učestalosti od zapada prema istoku kontinenta (kod južnih Slavena R1a varira između 15 i 37%, u Mađarskoj i Rumunjskoj prisutno je oko 20%, a među istočnim i zapadnim Slavenima od 27% do preko 50%). Kod europskih Roma R1a se pojavljuje u marginalnim, a u Indiji i Pakistanu u značajnim učestalostima (16 i 24%). Analiza mikrosatelitskih motiva unutar bajaške R1a haplogrupe (Tablica 1) pokazala je prisutnost osam različitih haplotipova kod Bajaša u Hrvatskoj, od toga jedan u Međimurju i ostatak u Baranji. Pregledom Referentne baze haplotipova kromosoma Y (YHRD) pronađeno je ukupno 153 haplotipova koji su bili istovjetni bajaškim R1a nasljednim linijama reduciranim na deset podudarnih mikrosatelitskih lokusa. Posebno su zanimljivi bajaški R1a haplotip broj 38 (Tablica 1) koji se podudara s 21 istovjetnim haplotipom iz indijsko-pakistanskih i istočno-azijskih populacija te od njega za devet mutacijskih događaja udaljen haplotip broj 41 (Tablica 1) koji se podudara sa 102 istovjetna haplotipa, većinom iz populacija središnje i istočne Europe. Pretraživanje dostupne literature nije potvrdilo postojanje zajedničke R1a nasljedne linije kod Bajaša i drugih Roma u Europi, baš kao što to nije bio niti slučaj između Bajaša u Baranji i Međimurju. Izostanak istovjetnih R1a nasljednih linija kod različitih romskih skupina te niska učestalost haplogrupe R1a kod Roma u Europi upućuje da R1a haplogrupa nije bila značajniji dio proto-rom-

skog genetičkog nasljeđa donesenog iz Indije. Međutim, s obzirom na značajnu prisutnost R1a u Indiji i Pakistanu, prisutnost jedne R1a nasljedne linije kod Bajaša koja se podudara s indijskim haplotipovima, trenutani nedostatak novih binarnih biljega unutar haplogrupe R1a koji bi potpuno razriješio njezino podrijetlo te ipak relativno maleni broj do sada uzorkovanih romskih populacija, ne možemo isključiti marginalnu prisutnost skupine R1a nasljednih linija (odnosno jedne potencijalne R1a subklade) u proto-romskoj zalihni očinskih gena koja je mogla iščeznuti kod većine suvremenih romskih skupina. Upliv većine R1a nasljednih linija u bajašku očinsku zalihu gena, prvenstveno u Baranji, uglavnom je rezultat miješanja sa susjednim, većinskim populacijama (npr. iz Mađarske, Hrvatske, Srbije, Rumunjske, Bosne i Hercegovine). Naime, navedene većinske populacije odlikuje visoka učestalost i raznolikost R1a nasljednih linija koje svoju prisutnost u središnjoj, istočnoj i jugoistočnoj Europi duguju višestrukim epizodama toka gena iz različitih izvora.

Haplogrupa R1b1b2-M269 pojavljuje se kod približno 3% Bajaša iz Baranje i 2% iz Međimurja (Slika 21). U Europi R1b1b2 pokazuje suprotan gradijent učestalosti u odnosu na R1a, od istoka prema zapadu kontinenta (među južnim Slavenima varira između 1 i 21%, u Mađarskoj i Rumunjskoj iznosi 13 i 18%, a maksimum od približno i preko 80% dostiže među Ircima, Škotima i Baskima). Kod europskih Roma R1b1b2 pojavljuje se u različitim učestalostima, od 2% kod makedonskih Roma do 28% kod portugalskih Roma. R1b1b2 gotovo izostaje u Indiji, a u Pakistanu se pojavljuje kod 7% muškaraca. Pregledom Referentne baze haplotipova kromosoma Y (YHRD) pronađen je tek jedan haplotip u zapadnoj Europi koji se podudara s jednom bajaškom R1b1b2 nasljednom linijom reduciranom na deset s bazom podudarnih mikrosatelitskih lokusa. Prisutnost dviju R1b1b2 nasljednih linija kod četiri Bajaša rezultat je miješanja s europskim većinskim populacijama. Zanimljivo je primijetiti kako je kod Bajaša u Hrvatskoj, koji su najvjerojatnije više dolazili u kontakt s populacijama iz istočne, jugoistočne i središnje Europe, prevladava R1a, za razliku od portugalskih Roma kod kojih prevladava R1b1b2, a koji su, napustivši Balkan, dolazili većinom u dodir s populacijama na Iberijskom poluotoku. Drugim riječima, udio sestrinskih klada R1a i R1b1b2 kod europskih Roma slijedi paneuropske gradijente njihovih učestalosti.

U slučaju jedine autohtone europske haplogrupe, I, uočava se izniman obrazac raspodjele njezinih subklada. Unatoč dominaciji haplogrupe I2a u većinskim populacijama na Balkanskom poluotoku, ista je nađena tek kod jednog Bajaša. S druge strane, mutacija M253, koja definira haplogrupu I1 i prevladava u zapadnoj i sjevernoj Europi, našla je svoj put do 7% bajaških kromosoma Y iz Baranje i 2% iz Međimurja (Slika 21). Pregledom Referentne baze haplotipova kromosoma Y (YHRD) sastavljenih od deset mikrosatelitskih lokusa nije pronađen niti jedan haplotip koji se podudara s bajaškim I2a haplotipom. Isti je rezultat uslijedio i za bajaški haplotip I1 broj 27 (Tablica 1) dok je haplotip broj 28 (Tablica 1) imao pet podudarnih haplotipova, 2 u istočnoj Europi, 2 u zapadnoj Europi i jedan u miješanim meta-populacijama. Pojava I2a i I1 haplogrupe kod Bajaša rezultat je miješanja s europskim većinskim populacijama premda je evidentna prisutnost privatnih mutacija kakve se rijetko sreću kod drugih populacija. Obrnuti udio I2a i I1 kod većinskih populacija na Balkanu i manjinske bajaške populacije odraz je genetičkog drifta.

Haplogrupa J2-M172 pronađena je kod 12.5% Bajaša iz Baranje te kod niti jednog iz Međimurja (Slika 21). J2 haplogrupa, odnosno mutacije M410 i M67 koje definiraju subklade J2a i J2a2 prisutne su kod čak trećine Roma iz Portugala te također kod Roma iz Bugarske (8%), Litve (1%) i Španjolske (19%). Subklada J2a2a-M92 pojavljuje se sporadično kod Roma iz Bugarske (2%), Portugala (1%) i Španjolske (4%), za razliku od Roma iz Makedonije gdje se u niskoj učestalosti javlja subklada J2b2-M241 (2%). U Indiji se pojavljuju četiri subklade haplogrupe J2 od kojih su najčešće J2a-M410 (4%) i J2b2-M241 (5%). Bajaški modalni J2 haplotip poklapa se s jednom J2a2-M67 nasljednom linijom kod portugalskih Roma te s 20 haplotipova sastavljenih od deset mikrosatelitskih lokusa iz Referentne baze haplotipova kromosoma Y (većinom iz zapadne Europe ili iz romskih populacija), a pet mutacija udaljeni haplotip broj 33 (Tablica 1) poklapa se s jednim haplotipom iz zapadne Europe. Pojava istog modalnog J2 haplotipa kod većine romskih populacija u Europi, a izostanak jače povezanosti s indijskim nasljednim linijama, upućuje na mogućnost da je isti inkorporiran u razdoblju ranog boravka Roma na Balkanu, prije početka procesa fragmentacije Roma u manje skupine koje su slijedile različite migracijske putove diljem Europe.

Naposljetku, jedan muškarac iz Baranje nosi mutaciju M201 koja je svojstvena haplogrupi G (Slika 21). Ova haplogrupa nije uobičajena kod romskih skupina u Europi i do sada je pronađena tek kod jednog Roma iz Portugala. U europskim većinskim populacijama zabilježena je npr. u Hrvatskoj (1%), Albaniji (2%), Grčkoj (3%) Bosni (4%), Makedoniji (5%), Italiji (10%), Rumunjskoj (11%). Česta je u Turskoj (11%) i Gruziji (30%). U Indiji je pronađena jedna od G-M201 sukladno (G2a-P15) kod 1% populacije. Pretraživanje Referentne baze haplotipova kromosoma Y (YHRD) rezultiralo je pronalaskom tek dvaju haplotipova sačinjenih od deset mikrosatelitskih lokusa istovjetnih bajaškim, jednog iz Costa Rice i jednog iz Italije. Prema trenutno dostupnim podacima ne možemo pretpostaviti kako je došlo do upliva G haplogrupe u bajašku očinsku zalihu gena.

U ukupnom uzorku od 151 Bajaša iz Hrvatske uočena su 43 zasebna haplotipa, od toga 33 u Baranji i 13 u Međimurju. Od 43 zasebna haplotipa, njih 22 pojavilo se samo jedan puta dok se preostali 21 haplotip pojavio u višestrukim kopijama, kod 2 do najviše 43 muškaraca. Dva haplotipa (haplotip broj 6 i haplotip broj 21, Tablica 1) bila su posebno često zastupljena, kod 28% i 12% muškaraca. Tako visok udio haplotipova koji se pojavljuju u višestrukim kopijama, odnosno, izrazito visoka zastupljenost dvaju haplotipova nije uobičajena kod većinskih europskih populacija. Na primjer, u istraživanju koje je obuhvatilo 200 muškaraca iz opće populacije Hrvatske (Haliti i sur. 2008.), a koje je provedeno na istih 16 STR lokusa kromosoma Y, nije pronađen niti jedan haplotip koji se pojavio više od 2 puta, odnosno, uočeno je 98% jedinstvenih haplotipova i 2% haplotipova koji su se pojavili kod najviše dvaju muškaraca. Raznolikost haplotipova kod opće hrvatske populacije iznosi $0,9998 \pm 0,0005$, odnosno kod većine općih populacija u Europi iznad 99%. Kod Bajaša raznolikost haplotipova iznosi $0,896 \pm 0,019$ (u Baranji $0,914 \pm 0,020$ te u Međimurju $0,8330 \pm 0,033$). Slične niske vrijednosti raznolikosti haplotipova tipične su i za druge romske skupine. Niske vrijednosti raznolikosti haplotipova kod Bajaša, i Roma općenito, upućuju na nisku genetičku varijabilnost koja se može objasniti učinkom osnivača i uskog grla u davnoj romskoj prošlosti, to jest, malim brojem osnivača koji su se izdvojili iz jedne od brojnih indijskih populacija te potom djelovanjem genetičkog drifta u malim, rascjepkanim romskim skupinama diljem Europe.

Za usporedbu razine genetičke udaljenosti između Bajaša te drugih romskih i većinskih skupina u Europi procijenjeni su koeficijenti genetičke diferenciranosti (F_{ST}). Korišteni su podaci o učestalostima alela sedam podudarnih mikrosatelitskih polimorfizama (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393) u sljedećim populacijama: Romi iz istočne i južne Mađarske (Füredi i sur. 2004.), većinska i romska populacija iz Makedonije (Peričić i sur. 2005.b), Romi iz Slovačke (Nagy i sur. 2007.), većinska i romska populacija iz Bugarske (Zaharova i sur. 2001.), većinska populacija iz Rumunjske (Bosch i sur. 2006.), Albanci s Kosova (Peričić i sur. 2004.), većinska populacija iz Srbije (Barać Lauc i sur. 2005.), većinske populacije iz Bosne i Hercegovine (Martinović Klarić i sur. 2005.) te većinska populacija Hrvatske (Barać i sur. 2003.).

Pri analizi koeficijenata genetičke diferenciranosti između parova različitih romskih, neromskih i romsko-neromskih populacija iz središnje, istočne i jugoistočne Europe (Tablica 3), zamjećuju se najmanje genetičke udaljenosti između parova neromskih većinskih populacija (F_{ST} u rasponu od -0,001 do 0,045), potom između romskih i neromskih većinskih populacija (F_{ST} u rasponu od 0,020 do 0,132) te, naposljetku, najveće genetičke udaljenosti između romskih parova populacija (F_{ST} u rasponu od 0,026 do 0,149). Od svih romskih populacija, Bajaši pokazuju najveće koeficijente genetičke udaljenosti s analiziranim većinskim, neromskim populacijama. U odnosu na druge romske populacije, Bajaši su genetički bliži Romima iz Slovačke i Mađarske, a nešto su udaljeniji od romskih skupina iz Makedonije i Bugarske.

Ukupna razina genetičke diferenciranosti (Tablica 4) sažima upravo spomenute populacijske odnose. Najmanja razina genetičke diferenciranosti (1,5%) prisutna je između neromskih većinskih populacija središnje, istočne i jugoistočne Europe. Većinske neromske i manjinske romske populacije pokazuju srednju vrijednost ukupnog koeficijenta genetičke diferenciranosti (5,1%). Dvije bajaške populacije iz Hrvatske pokazuju relativno visoku razinu genetičke diferenciranosti (7,9%), a najviša razina genetičke diferenciranosti prisutna je među šest analiziranih romskih populacija (9,2%).

Navedeni rezultati upućuju na sljedeće zaključke. Prvo, razina genetičke diferenciranosti između romskih populacija je 6 puta viša

Tablica 3. F_{ST} koeficijenti među parovima romskih, neromskih i romsko-neromskih populacija središnje, istočne i jugoistočne Europe

Populacija	F_{ST}														
	Kosovo n=117	Hrvatska n=109	Srbija n=113	Bosna n=40	Hercegovina n=141	Makedonija n=84	Mađarska n=111	Bugarska n=126	Rumunjska n=67	Romi ist. Mađarska n=44	Romi juž. Mađarska n=78	Bajaši n=151	Romi Makedonija n=68	Romi Slovačka n=63	Romi Bugarska n=91
Kosovo	-	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Hrvatska	0,030	-	0,038	0,157	0,000	0,014	0,023	0,000	0,221	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Srbija	0,020	0,002	-	0,068	0,000	0,144	0,068	0,000	0,130	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Bosna	0,033	0,002	0,004	-	0,007	0,117	0,002	0,001	0,564	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Hercegovina	0,045	0,010	0,012	0,010	-	0,000	0,000	0,000	0,004	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Makedonija	0,020	0,005	0,002	0,004	0,016	-	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Mađarska	0,026	0,002	0,002	0,005	0,016	0,007	-	0,000	0,047	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Bugarska	0,036	0,011	0,012	0,013	0,024	0,017	0,008	-	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Rumunjska	0,026	0,001	0,002	-0,001	0,010	0,002	0,002	0,011	-	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Romi, ist. Mađarska	0,044	0,026	0,025	0,030	0,040	0,028	0,020	0,031	0,024	-	0,002	0,000	0,000	0,002	0,000
Romi, juž. Mađarska	0,075	0,051	0,050	0,056	0,063	0,058	0,045	0,054	0,050	0,029	-	0,000	0,000	0,000	0,000
Bajaši	0,132	0,111	0,107	0,119	0,122	0,118	0,103	0,112	0,108	0,075	0,066	-	0,000	0,000	0,000
Romi, Makedonija	0,076	0,071	0,063	0,073	0,076	0,063	0,067	0,073	0,063	0,076	0,105	0,149	-	0,000	0,000
Romi, Slovačka	0,068	0,043	0,042	0,045	0,057	0,051	0,037	0,047	0,042	0,026	0,043	0,058	0,095	-	0,000
Romi, Bugarska	0,072	0,047	0,047	0,049	0,059	0,053	0,044	0,043	0,047	0,067	0,090	0,149	0,110	0,084	-

* F_{ST} vrijednosti koje nisu statistički značajne označene su kurzivom.**Tablica 4. Ukupni koeficijenti genetičke diferenciranosti između romskih, neromskih i romsko-neromskih populacija središnje, istočne i jugoistočne Europe**

Populacija	Ukupni F_{ST}		Raznolikost haplo- tipova		Srednja raznolikost parova haplotipova		Srednja raznolikost gena	
	Ukupni	F_{ST}	Ukupni	F_{ST}	Ukupni	F_{ST}	Ukupni	F_{ST}
Neromske populacije	1,45%		0,992±0,001		3,877±1,949		0,554±0,308	
Neromske i romske populacije	5,10%		0,988±0,001		4,073±2,033		0,582±0,321	
Bajaši	5,50%		0,791±0,028		2,778±1,478		0,397±0,234	
Romske populacije	9,18%		0,943±0,007		3,537±1,803		0,505±0,285	

od razine genetičke diferenciranosti među neromskim populacijama. Ovako visoka razina genetičke diferenciranosti romskih skupina posljedica je njihove fragmentacije u niz manjih skupina, često međusobno endogamnih, razasutih diljem Europe, u kojima je izrazito naglašen utjecaj genetičkog drifta. Drugo, razina genetičke diferenciranosti između dviju bajaških populacija u Hrvatskoj također oslikava jak, nasumičan utjecaj genetičkog drifta koji je doveo do različite razdiobe uglavnom europskih očinskih linija u dvjema populacijama koje inače dijele značajan broj identičnih nasljednih linija koje upućuju na jedinstveno podrijetlo i genetičku strukturu. Treće, srednja vrijednost genetičke diferenciranosti romskih i većinskih neromskih populacija pokazala je koliko je neopravdan uvriježeni društveni stereotip o romskoj populaciji kao izrazito endogamnoj naspram neromskog stanovništva i uputila na značajnu razinu toka gena među njima.

Fenomen endogamije jednako je zanimljiv koliko i zamršen u slučaju Roma. Kulturni antropolozi već dugo prepoznaju činjenicu da su različite romske skupine često međusobno odvojene vrlo strogim pravilima endogamije. Čest je slučaj da pripadnici iste skupine žive u različitim državama te je sasvim moguće da je poželjniji bračni partner iz iste skupine koji živi u drugoj državi nego bračni partner iz druge romske skupine iz neposredne blizine, recimo, istog grada. Pravila koja određuju mogućnost sklapanja brakova između različitih romskih skupina mogu biti stroga, komplicirana, hijerarhijska i asimetrična s obzirom na spolove. Odstupanja od ovih pravila mogu dovesti do isključenja para iz zajednice ili asimilacije u skupinu nižeg društvenog ranga. Kulturni antropolozi su također prepoznali fascinantnu činjenicu da su pravila, koja određuju izbor bračnog partnera, ponekad stroža kada je u pitanju izbor iz druge romske skupine nego što je to slučaj s ne-Romima, posebice ženama.

Pokušajmo pojednostaviti, barem kada su Bajaši u pitanju. Oslanjajući se na samoodređenje ispitanika prilikom izjašnjavanja o etničkom identitetu, a imajući u vidu podijeljenost Bajaša između romskog, rumunjskog i hrvatskog identiteta, fluidnost u određenju etničkog identiteta, kao i činjenicu da većina ispitanika nije dala odgovore na sva, u anketi postavljena, pitanja, moguće je s oprezom pretpostaviti da približno 90% Bajaša u Hrvatskoj bira reproduktiv-

nog ili bračnog partnera romskog podrijetla, većinom bajaškog. Iz naših razgovora s Bajašima razvidno je da bračni partneri iz zajednice *Lăcătara* nisu jednako odobravani kao partneri bajaškog podrijetla bilo iz Hrvatske, Srbije ili Mađarske. Premda se ovdje radi o vrlo gruboj procjeni, jasno je da udio od 10% neromskih, odnosno nebajaških reproduktivnih veza ne objašnjava prisutnost od najmanje 48% egzogenih, europskih nasljednih linija u bajaškoj očinskoj zalih gena. Ovako visoka prisutnost europskih nasljednih linija, uz već prije objašnjenu visoku raznolikost barem dviju haplogrupa, ukazuje na višestruke epizode toka gena iz različitih izvorišta. Imajući u vidu poznate dijelove romske i bajaške prošlosti moguće je pretpostaviti da je do najvećeg upliva egzogenih mutacija kromosoma Y kod Bajaša došlo tijekom rane europske prošlosti na Balkanskom poluotoku te tijekom petstoljetnog sužanjstva u Rumunjskoj. Budući je očinski genetički krajolik većeg dijela Balkana ujednačen, nije moguće finije razlučiti različita balkanska izvorišta toka gena niti odvojiti Rumunjsku od ostalih zemalja. Znakovito je, međutim, da u istraživanjima polimorfizama kromosoma Y u populacijama jugoistočne Europe (Peričić i sur. 2005.a) haplogrupa H1a nije pronađena kod niti jedne neromske populacije dok je u istraživanju Elene Bosch i suradnika (2006.) haplogrupa H1a pronađena u Rumunjskoj (3%) i Albaniji (7%). Upliv romskih očinskih nasljednih linija u barem dvije većinske populacije može se objasniti na najmanje dva načina. Postoji mogućnost da se dio romskog stanovništva koje je sudjelovalo u istraživanju deklariralo kao većinsko (tzv. etnomimikrija) i/ili da su se potomci iz miješanih veza Roma i ne-Romkinja asimilirali u opće stanovništvo Albanije i Rumunjske.

Činjenica da su kod Bajaša pronađene privatne E1b1b1a mutacije, odnosno specifične očinske nasljedne linije kakve nisu do sada zabilježene kod niti jedne od analiziranih romskih skupina, treba se razmotriti i u svjetlu endogamije bajaške i drugih romskih zajednica. Naime, premda haplogrupa E1b1b1a nije u jednakoj mjeri zastupljena u svim analiziranim romskim skupinama, većina dijeli istovjetne očinske linije kao i većinske balkanske populacije što govori u prilog mogućnosti da su iste stečene na Balkanu, i to u razdoblju prije nego što su se Romi počeli raseljavati diljem Europe. Pojava i očuvanje privatnih mutacija kod Bajaša, odnosno izostanak pojave istovjetnog

haplotipa i u drugim romskim skupinama, govori u prilog reproduktivnoj zatvorenosti Bajaša prema drugim romskim, tj. nebajaškim skupinama.

Na kraju prikaza rezultata filogenetičke analize visoke rezolucije nerekombinirajućeg dijela kromosoma Y u bajaškoj populaciji te usporedbe podudaranih polimorfizama u drugim romskim, većinskim europskim i južno-azijskim populacijama, moguće je ukratko sažeti odgovore na pitanja koja su postavljena na samom početku rasprave o očinskom genetičkom nasljeđu Bajaša.

Analiza genetičke strukture bajaške populacije u Hrvatskoj otkrila je dva temeljna sloja koji omogućuju rekonstrukciju očinske genetičke prošlosti: drevni (indijski) i skorašnji (europski tj. balkanski). Drevni sloj je jednoličan zbog dominacije jedne H1a i njoj bliskih nasljednih linija. Redukcija genetičke varijabilnosti drevnog sloja nastala je zbog odvajanja relativno malog broja muškaraca (proto-Bajaša) od najvjerojatnije tek jedne kaste ili plemena te nasumičnog djelovanja genetičkog drifta i posljedične proliferacije nekolicine bajaških H1a haplotipova. Ovaj se proces mogao odviti između 8. i 10. stoljeća u Indiji (i 9. stoljeća u Perziji). S druge strane, skorašnji je sloj satkan od tipičnih europskih haplogrupa koje, međutim, nužno ne slijede uobičajene europske obrasce geografske strukturiranosti polimorfizama kromosoma Y. Europskim slojem bajaške očinske zalihe gena dominira tipična balkanska haplogrupa E1b1b1a, no na bajaški način. E1b1b1a očinske linije inkorporirane su u bajašku i opću romsku zalihu gena vrlo rano nakon dolaska Roma na europski kontinent, u razdoblju dok je autohtono (balkansko) stanovništvo bilo sklono novopristiglim romskim skupinama. Potvrda ovoj tvrdnji je zastupljenost istih E1b1b1a očinskih linija, doduše u različitim udjelima, u svim romskim skupinama u Europi. U razdoblju nakon što su se Bajaši odvojili kao zasebna skupina i počeli napuštati južne dijelove Balkana, došlo je do pojave nekoliko novih, privatnih mutacija mikrosatelitskih alela koje su djelovanjem genetičkog drifta sačuvane u visokom broju. Bajaši su tako dobili genetički znak ekskluzivnosti i prepoznatljivosti – barem dok druge romske skupine iz Srbije, Bosne i Hercegovine te ostatka Hrvatske ne budu analizirane. Preostali dio europskog bajaškog očinskog nasljeđa satkan je od haplogrupa R1a, R1b1b2, I1, I2a, J2 i G. Udio sestrinskih klada R1a i R1b1b2 kod Bajaša slijedi paneuropske

gradijente njihovih učestalosti pa ne samo da se R1a pojavljuje učestalije nego R1b1b2 već je R1a i najvarijabilnija bajaška haplogrupa, kao što je to i tipično u većinskim populacijama središnje, istočne i jugoistočne Europe. S druge strane, udio dviju sestrinskih klada haplogrupe I upravo je obrnut onom kod haplogrupe R. Unatoč dominaciji haplogrupe I2a u većinskim populacijama na jugoistoku Europe, ista je nađena tek kod jednog Bajaša, za razliku od, kod Bajaša, zastupljenije haplogrupe I1 koja inače prevladava u zapadnoj i sjevernoj Europi. Obrnuti udio I2a i I1 kod većinskih populacija na jugoistoku Europe i manjinske bajaške populacije također je odraz genetičkog drifta. Haplogrupa J2 postala je dijelom bajaškog genetičkog nasljeđa najvjerojatnije tijekom boravka Roma na Balkanu, netom prije njihove fragmentacije i disperzije diljem Europe. Podrijetlo haplogrupe G, koja je prisutna kod tek jednog Bajaša, jest europsko, no preciznije vremensko i prostorno definiranje ostaje za sada nerazriješeno.

Dakle, tri temeljna genetička fenomena oblikovala su suvremenu očinsku genetičku strukturu Bajaša u Hrvatskoj, učinak utemeljitelja, genetički drift i tok gena. Vrlo mali broj proto-Roma, te još manji broj proto-Bajaša, odvojio se od matične populacije i začeo novu populaciju ograničene genetičke varijabilnosti (mahom muškarci s H1a nasljednim linijama) koja je krenula na svoj mukotrpan i višestoljetni put od južnoazijskih do balkanskih pustopoljina i stranputica, točnije od Indije, preko Perzije i Armenije do Bizantskog Carstva. Rano razdoblje romske (i bajaške) europske povijesti, vezano uz boravak većine romskih skupina unutar granica Bizanta i Balkana, od sredine 11. do početka 15. stoljeća, ujedno je i zadnje razdoblje zajedničke romske povijesti i vremena u kojem je bilo moguće miješanje sa sličnim neromskim populacijama u sličnim uvjetima, a time i stjecanje istih europskih nasljednih linija kromosoma Y. Tijekom 14. i, posebice, 15. stoljeća Romi su došli do gotovo svih europskih zemalja. Dio Roma, a među njima svakako Bajaši, polako prelazi Dunav i stiže do teritorija današnje Rumunjske, u nekoliko većih i manjih valova, od kraja 14. sve do 18. i 19. stoljeća. U procesu odvajanja romske populacije u niz manjih i mobilnijih skupina, utjecaj genetičkog drifta postajao je sve značajniji te je u europskom sloju bajaškog očinskog nasljeđa došlo do očuvanja netipičnog udjela inače tipičnih europskih haplogrupa. Iznimka nisu ni druge romske skupine u Europi.

Prema tome, bajaška, i općenito romska, očinska zaliha gena gotovo je kontradiktorna. S jedne je strane prisutna očaravajuća homogenost i očuvanost drevnog sloja kod Roma diljem Europe, a s druge je strane prisutna takva raznolikost skorašnjeg sloja da su Romi primjer genetički najraznolikije populacije u Europi. Naime, Romi imaju sve tipične europske mutacije kromosoma Y posložene u niz jedinstvenih, romskom nedavnom prošlošću oblikovanih, obrazaca. Razmislimo nije li upravo ironično ukoliko su možda upravo Romi, razasuti diljem europskog kontinenta, proganjani i diskriminirani tuđinci u gotovo svakoj europskoj zemlji, jedini istinski pan-Europljani?

Bez obzira na značajan upliv egzogenih očinskih mutacija u bajašku, i općenito, romsku zalihu gena, a zahvaljujući relativnoj endogamiji, sačuvane su drevne nasljedne linije koje pokazuju zajedničko podrijetlo svih Roma. Sadašnja genetička struktura romskih populacija posljedica je indijskog podrijetla, povijesnih migracija i raznih društveno-gospodarskih i političkih prilika u Europi koje su uvjetovale cjepljanje romskog korpusa u cijeli mozaik malih skupina, a time i preslagivanje i reorganizaciju drevne genetičke strukture. U suvremenom svijetu obilježenom stalnim mijenama, možemo očekivati nove učinke uskog grla te različite intenzitete i izvore toka gena olakšane novim globalnim komunikacijskim rješenjima, a time i prigušivanje drevnih genetičkih signala iz indijske pradomovine. Ovo je istraživanje provedeno u trenutku u kojem je bilo moguće okušati se u rekonstrukciji genetičke prošlosti naroda koji nema vlastitih pisanih povijesnih izvora, izuzev pokoje legende ili pjesme o precima koja se usmenim putem prenosi s koljena na koljeno te pomalo izmjenjuje u svakoj generaciji.

IV.

GENETIKA I IDENTITET

Ipak, taj vrtuljak stjegova i boja, ta nacionalna pomama zakriva zbilju koja se raspoznaje na travnjaku – a zbilja je to da su se identiteti ispremiješali, da momčadi sve više nalikuju Benettonovoj reklami, da Turci daju Turcima gol za Švicarsku, Poljak Poljacima za Njemačku. Francuski navijači – koji crncu ne bi iznajmili stan – kliču Alžircu Benzemi, Henryju koji je iz Gvadelupe i Maloudi koji je iz francuske Gvajane... U tom babilonu identiteta mi smo možda najveći profiteri. Na Wembleyu smo pobijedili Englesku s ekipom u kojoj osam ljudi nije rođeno u Hrvatskoj i u velikoj mjeri nema ni hrvatski mentalitet, radnu etiku, narav... Dakle, upravo tamo gdje je najviše zastava, gdje se najviše puše u trobojnice i trublje, pogubni anacionalni scenarij već se dogodio, identiteti su pobrisani, rod i krv pomiješani, tlo izmješteno.

Jurica Pavičić

Jutarnji list, 14. lipnja 2008. (Magazin, str. 39)

Za razliku od dr. Lovorke Barać Lauc, moje najbolje prijateljice i prve koautorice najranijeg znanstvenog rada posvećenog kromosomu Y u Hrvatskoj i široj regiji, strastvene i upućene ljubiteljice nogometa, ja muku mučim s konceptom zaleđa i nogomet gledam, poput prosječne žene u Hrvatskoj, iz čistih rodoljubnih pobuda, samo i jedino kad igra hrvatska reprezentacija. Mojoj neupućenosti u nogomet pokušao je pomoći još jedan dobar prijatelj i osvjedočeni poznavatelj nogometa i nogometnih navijača, sociolog prof. dr. sc. Dražen Lalić, citirajući nedavno Gualtierija Harrisona koji kaže da je “društvo metafora nogometa”, aludirajući na mali broj igrača i ostatak koji promatra, veći-

nom putem medija, globalnu igru u kojoj se ostvaruju vrtoglavi profiti dok emocionalne, etničke i političke pripadnosti gube na važnosti. Bez obzira na Lovorku i Dražena, meni nogomet nikada ne bi pao na pamet u kontekstu identiteta, a pogotovo ne u kontekstu genetičkog identiteta, odnosno genetičkih istraživanja prošlosti i podrijetla populacija. No, na dan kad je hrvatska reprezentacija trebala zaigrati protiv Njemačke, dok sam čitala Pavičićevu kolumnu i razmišljala koliko će nas daleko odvesti “ekipa gastarbajterske djece”, desilo se i moje prvo nogometno prosvjetljenje. Neovisno o tome je li uistinu društvo metafora nogometa, ili je ipak obrnuto, meni se nogomet nametnuo kao metafora bliske budućnosti u kojoj će tok gena sve moćnije protjecati kroz brane sazdane od stoljetnih stereotipova i strahova od “drugih”, često, prvih susjeda.

KAKVO JE POIMANJE IDENTITETA ROMA I BAJAŠA?

Općenita svijest o identitetu, posebice etničkom, značajno varira u intenzitetu i definiciji od jedne do druge romske skupine. Postoji, međutim, neupitan i čvrst osjećaj pripadnosti skupini (klanu, plemenu), a, gotovo u pravilu, takav osjećaj izostaje kada je u pitanju razina cjelokupne romske populacije. Neke romske skupine surađuju dok su druge u kompeticiji. Rome ne ujedinjuju čimbenici kohezivnosti koji se smatraju važnim u klasičnom-striktnom definiranju granica etničke skupine, već *romipen* ili “romstvo”, romsko tradicionalno pravo. *Romipen* se može shvatiti kao sustav pravila ponašanja i vrijednosti, kodeks časti koji se zasniva na međusobnom pomaganju, solidarnosti, podjeli odgovornosti i pomirbi u zajednici, uključujući također kult djece, kult staraca, odnos prema vjeri (*pakiv*), sudbini (*baxt*) i čistoći (*mahrime*). Rome također ujedinjuje njihov način života koji ih izdvaja od ostalih naroda, etničkih skupina ili nacionalnih manjina, a temelji se na tradicionalnim načinima preživljavanja orijentiranim na eksploataciju marginalnih resursa, jedinama na koje se ova diskriminirana i proganjana zajednica mogla i može osloniti.

Istina je također da gotovo svaki čovjek ima određenu, intimnu predodžbu o svom identitetu, bilo nacionalnom, etničkom, kulturnom ili nekom drugom. Pitanje je želi li taj svoj identitet podijeliti, i do koje mjere, s drugim pojedincima iz svoje najbliže okoline i s

pojedincima iz udaljenijih okruženja. Otvoreno je i pitanje koju predodžbu o pojedincu ima okolina, kako neposredna, tako i udaljenija. Tijekom terenskog rada u Baranji i Međimurju, ali isto tako i za vrijeme mnogih neobaveznih razgovora i druženja s Bajašima, kao i za vrijeme sastanaka s čelnim ljudima bajaških i romskih udruga, počeli su se nazirati obrisi različitih pogleda na identitet Bajaša. Sami Bajaši podijeljeni su između romskog i rumunjskog identiteta. Većina Roma ne smatra Bajaše “pravim” Romima jer ne govore romski već rumunjski jezik, dapače, zamjetan je obostrani antagonizam među njima. Ne-Romi uglavnom percipiraju Bajaše kao Rome zbog njihovog specifičnog načina života koji ih odvaja od najbližih susjeda. Čelnici udruga koji postupno zauzimaju mjesta tradicionalnih starješina, a koji su među Bajašima u Međimurju i Baranji potpuno iščeznuli, inzistiraju na romskom zajedništvu i romskom identitetu Bajaša.

Svakako treba napomenuti još dva dodatna elementa koji potencijalno kompliciraju pokušaj razumijevanja identiteta Bajaša, pogotovu u kontekstu ankete koja je provedena tijekom terenskih istraživanja. Organizacija terenskih istraživanja i poticanje bajaške zajednice na sudjelovanje u istraživanjima odvijali su se u uskoj suradnji nas antropologa i čelnika bajaških i romskih udruga. Mogućnost dobivanja “očekivanog odgovora” tijekom anketiranja nije isključena što zbog same organizacije istraživanja, a što zbog tradicionalnog načina komunikacije Roma i znanstvenika i/ili “vlasti” (a u ovom su slučaju znanstvenici percipirani kao “vlast”) u kojem nije neobično izreći odgovor koji bi u najvećoj mogućoj mjeri “zadovoljio” onoga koji postavlja pitanje (premda su naši pomagači iz lokalnih bajaških naselja uglavnom postavljali pitanja vezana uz samoodređenje po nacionalnoj osnovi i pripadnosti skupini). Od 384 ispitanika koji su odgovorili na pitanje kako se izjašnjavaju po nacionalnoj osnovi, 1 se izjasnio kao Jugoslaven, 2 kao neopredijeljeni, 2 kao Mađari, 3 kao Srbi, 12 kao Rumunji, 34 kao Hrvati i 330 kao Romi. Od 330 Roma, 309 se izjasnilo kao Bajaši, 7 kao govornici Romano Chiba, 11 kao Romi, 1 kao Vlah, a 2 se izjasnilo i kao Rom i Hrvat te pripadnik bajaške zajednice. Od 34 ispitanika koji su se izjasnili kao Hrvati njih 28 osjećalo je pripadnost Bajašima.

Iz iznesenog je jasno da je poimanje identiteta kod Bajaša u Baranji i Međimurju dinamično i mnogostruko. Romski, rumunjski i hrvatski elementi se isprepliću i nadopunjuju - ublažavaju dihotomiju

identiteta unutar i izvan zajednice, identiteta zajedništva i identiteta stigme. U novije vrijeme svjedočimo početku procesa redefinicije romskog etničkog identiteta, a i bajaškog, zahvaljujući pro-aktivnom stavu i trudu velikog dijela romskih intelektualaca i čelnika koji se zalažu ne samo za poboljšanje društveno-ekonomskog položaja Roma već i za promicanje etničke samosvijesti kroz popularizaciju romskog jezika i pisane romske riječi, obrazovanja na romskom jeziku te kulturno-umjetničkih aktivnosti i znanstveno-istraživačkih projekata koji čuvaju, ali i osuvremenjuju romsku tradiciju. Budućnost će pokazati u kojem smjeru i do koje će se mjere redefinirati romski i bajaški etnički identitet, a neovisno o tom procesu, kao poseban fenomen, mijenjat će se romski i bajaški genetički identitet.

DEFINICIJA GENETIČKOG IDENTITETA

Koncept genetičkog identiteta populacija istovjetan je konceptu genetičke povijesti i može se definirati kao način raspodjele i kombiniranja gena unutar populacija, odnosno kao postanak i strukturiranje genetičke varijabilnosti ljudskih populacija kroz proces biološke (genetičke) i kulturne koevolucije. Prije započinjanja bilo kakve rasprave o konceptu genetičkog identiteta, odnosno, genetičke povijesti suvremenih ljudskih populacija, potreban je kratak osvrt na teoriju koalescencije (Kingman 1982.). Koncept koalescencije temelji se na retrospektivnom postupku redukcije broja zajedničkih predaka čije su nasljedne linije izumrle. U stvarnosti, zbog pojave mutacija dolazi do divergencije različitih sljedova molekule DNK, a primjenom koalescentnog pristupa nastoji se rekonstruirati proces divergencije pod pretpostavkom da srodni sljedovi dijele mlađeg zadnjeg zajedničkog pretka nego li je to slučaj kod manje srodnih sljedova čiji je zadnji zajednički predak bitno stariji, odnosno filogenetički udaljeniji. Ukoliko je poznata mutacijska stopa, moguće je približno procijeniti vrijeme koje je prošlo od kada su živjeli preci od kojih je potekla neka nasljedna linija. Premda procjena vremena koje je proteklo od zadnjeg zajedničkog pretka (TMRCA) uvelike ovisi o primijenjenom modelu, procjeni mutacijske stope, definiciji generacije i sličnome, možemo reći da većina procjena obuhvaća razdoblje od prije približno 100.000 godina za NRY te približno 190.000 godina za mtDNK. Prilikom interpretacije ovih datu-

ma treba voditi računa da iznijete datacije ne podrazumijevaju kako je prije 100.000 godina ljudsku populaciju činio jedan muškarac, kao što je prije 190.000 godina nije činila jedna žena. Ispravno je zaključiti kako svi suvremeni NRY potječu od male skupine muškaraca koji su živjeli prije približno 100.000 godina te svi mitohondriji suvremenih ljudi od male skupine žena koje su živjele prije približno 190.000 godina. Logično je pretpostaviti kako su u spomenutom razdoblju živjeli i drugi muškarci i druge žene, no njihove nasljedne linije nisu sačuvane (ili nisu još pronađene) kod suvremenih ljudi.

Zahvaljujući koalescentnom pristupu u filogenetičkim istraživanjima, temeljenim na varijabilnosti polimorfizama dvaju haploidnih uniparentalnih genoma te dosadašnjim paleoantropološkim istraživanjima, postalo je moguće rekonstruirati i vremensku i prostornu dimenziju ljudske genetičke prošlosti. Većina znanstvenika prihvaća model "iz-Afrike" i smatra da su se suvremeni ljudi razvili unutar relativno malog plemena koje je živjelo u istočnoj Africi prije približno 100.000 godina. Ovo se pleme postupno povećavalo i širilo diljem Afrike, a u razdoblju prije 60.000 do 40.000 godina počinje migrirati na prostore izvan tla Afrike, u Aziju, a iz Azije prema ostatku svijeta. U razdoblju od početaka naseljavanja Euroazije do početka zadnjeg ledenog doba, prije približno 24.000 godina, počinju se nazirati genetički identiteti kontinentalnih populacija. Posebno važno razdoblje u povijesti suvremenih europskih populacija je svakako vrhunac posljednjeg ledenog doba koji je izravno i drastično utjecao na obrazac naseljavanja Europe te neizravno i na područja sjeverne Afrike, Arabije, današnjeg Irana te područja u bazenu rijeke Ind. Arheološka istraživanja potvrđuju da je prije 22.000 godina, unatoč ledenoj kapi rasprostranjenosti na većem dijelu Europe, ipak došlo do povećanja broja stanovništva u dva područja, u tzv. populacijskim utočištima, od kojih je jedno bilo smješteno na Iberijskom poluotoku, a drugo na području današnje Ukrajine. Sljedeće važno razdoblje u genetičkoj povijesti suvremenih europskih populacija veže se uz kraj posljednjeg ledenog doba, postupnog povećanja temperature te povlačenja ledenjaka i ledenih pokrova, što omogućava ponovno naseljavanje sjeverne Europe i drugih područja. Logično je pretpostaviti da je došlo i do migracija stanovništva širih razmjera upravo iz smjera ovih dvaju utočišta, s tim da i drugi smjerovi, posebice oni s Balkana, nisu isklju-

čeni. Posljednje razdoblje, koje je imalo neosporno jak utjecaj na uobličavanje genetičkog identiteta suvremenih Europljana, jest početak procesa proizvodnje hrane usvajanjem neolitičkih tehnologija koje su se razvile prije približno 10.000 godina na području Bliskog istoka. Proces neolitizacije omogućio je demografski rast populacija u područjima gdje su klimatske prilike dozvoljavale intenzivno bavljenje zemljoradnjom i stočarstvom i označio je početak razdoblja postupne homogenizacije genetičke varijabilnosti koja je nastala tijekom dugotrajnog razdoblja paleolitičke izolacije.

Genetički identitet suvremenih populacija, procijenjen temeljem varijabilnosti dvaju uniparentalnih sustava i vremenom koalescencije uočenih majčinskih i očinskih nasljednih linija, primarno odražava činjenicu da gotovo 95% ukupne prošlosti suvremenog čovjeka otpada na paleolitik, staro kameno doba, razdoblje obilježeno dugotrajnom izolacijom i izraženim djelovanjem genetičkog drifta, koje je završilo prije približno 10.000 godina. Tek 5% prošlosti suvremenih ljudi otpada na razdoblje od mezolitika do današnjih dana, vremena u kojem je došlo do strelovitog ubrzanja kulturne evolucije.

Kao što smo se već uvjerali, razdioba genetičke varijabilnosti kromosoma Y, o kojoj je uglavnom bila riječ u ovoj knjizi, nije homogena. Zbog patrilokalnog naseljavanja koje prevladava u gotovo 70% suvremenih populacija u svijetu te zbog male efektivne veličine populacije kromosoma Y i njegove velike podložnosti utjecaju genetičkog drifta, uočljiva je diferencijacija očinskih nasljednih linija između skupina različitih populacija. U većem dijelu Europe varijabilnost kromosoma Y strukturirana je geografski te se postupne promjene u učestalosti njegovih haplogrupa i haplotipova mogu pratiti u smjeru istok-zapad i sjever-jug. Dakle, globalna genetička povijest suvremenih ljudi te genetička povijest glavnine autohtonih većinskih europskih i azijskih populacija mahom je oblikovana biološkom i kulturnom ko-evolucijom koja se velikim dijelom odvijala tijekom prapovijesti. Suprotno upravo navedenom, europski su Romi primjer izolata i izrazito mlade populacije osnivača čija genetička prošlost seže tek četrdesetak generacija ili dvanaest stoljeća unazad, a na što ukazuju procjene koalescencije nerekombinirajućih majčinskih i očinskih nasljednih linija i biparentalno naslijeđenih haplotipova u blizini lokusa odgovornih za nastanak monogenetskih bolesti.

GENETIČKI IDENTITET ROMA I BAJAŠA

Pažljivom analizom molekularne arhitekture najstarijih očinskih nasljednih linija kod Bajaša, drugih romskih skupina u Europi te populacija južne Azije bilo je moguće rekonstruirati početke njihove genetičke prošlosti te pretpostaviti kako se vrlo ograničeni broj proto-Roma i još manji broj proto-Bajaša odvojio od matične populacije u Indiji i utemeljio novu populaciju ograničene genetičke varijabilnosti koja je krenula na svoj mukotrpan i višestoljetni put od Indije, preko Perzije i Armenije do Bizantskog Carstva. Uočavanje zajedničkih, europskih, očinskih nasljednih linija kromosoma Y kod Bajaša i drugih romskih skupina u Europi uputilo je na činjenicu da je romsko stanovništvo moralo biti homogeno u ranom razdoblju svoje europske povijesti, najvjerojatnije u doba dok se većina romskih skupina zadržavala unutar granica Bizanta i Balkana, od sredine 11. do početka 15. stoljeća. Ovih pet stoljeća bilo je ujedno i zadnje razdoblje zajedničke romske povijesti i vremena u kojem je bilo moguće miješanje sa sličnim neromskim populacijama u sličnim uvjetima, a time i stjecanje istovjetnih europskih očinskih nasljednih linija. Međutim, visoka razina genetičke diferencijacije između analiziranih romskih skupina odraz je neujednačenog udjela tipičnih europskih haplogrupa, različite molekularne arhitekture unutar haplogrupa, kao i pojave nekoliko privatnih mutacija unutar bajaške očinske zalihe gena. Sasvim je sigurno da je upravo visoka genetička diferenciranost ukupne romske populacije nastala kao posljedica njihove podjele i raspršenja diljem europskog kontinenta zbog već spomenutih povijesnih procesa obilježenih raznim pokušajima progona, diskriminacije i nasilne asimilacije. Spomenuti povijesni događaji rezultirali su, u genetičkom smislu, pojavama novih učinaka utemeljitelja i uskog grla te sve jačeg djelovanja genetičkog drifta u sve manjim skupinama. Proces podjele romske populacije započeo je nezaustavljivo u razdoblju između 14. i 15. stoljeća tijekom kojeg Romi dolaze do gotovo svih europskih zemalja te između 14. i 19. stoljeća kad veliki dio Roma, među njima i Bajaši, živi u robovlasničkom sustavu rumunjskih povijesnih kneževina. Proces cjepljanja Roma u niz manjih skupina snažno se nastavlja od sredine 19. stoljeća, nakon ukinuća ropstva u Rumunjskoj, kad započinje drugi najveći migracijski val u povijesti Roma te tijekom 20. stoljeća kad dolazi do više epizoda iseljavanja Roma iz balkanskih prema zapadno-europskim zemljama.

Ukratko izneseni podaci o redosljedu seoba Roma iz Indije u Europu te potom diljem Europe, rekonstruirani iz genetičkih i povijesnih podataka, upućuju na važnost nekoliko činjenica. Potpuno je sigurno da dolazak iz Indije u Perziju te iz Perzije u Armeniju nije bio niti namjeran niti planiran, već uvjetovan čitavim nizom mogućih, ali nama nepoznatih i nerazjašnjenih čimbenika, najvjerojatnije ratovima i posljedičnim pomicanjima stanovništva. Najezde Turaka Seldžuka u 11. stoljeću u Armeniji smatraju se najvjerojatnijim uzrokom iseljavanja Roma iz Armenije i njihove migracije u Bizantsko Carstvo. Ovdje treba naglasiti da su Romi bili dio vrlo velikog i važnog demografskog trenda u Europi koji je bio obilježen višestrukim prodiranjima (povijesnim i pretpovijesnim) različitih populacija azijskog podrijetla. Migracije Roma na tlo Europe posljednji su primjer dolaska nekog naroda azijskog podrijetla u Europu te prvi primjer prodiranja jedne azijske populacije čiji dolazak nije bio osvajačke prirode. Sasvim je sigurno da su i ratni vihuri, uzrokovani prodorom Turaka Osmanlija na jug i jugoistok Europe, potaknuli još jedan val seoba dijela Roma prema zapadu kontinenta tijekom 15. stoljeća.

Međutim, nisu samo ratovi i s ratovima povezani procesi uzrokovali seobe i cijepanje romske populacije. Značajna uloga u cijepanju romske populacije leži u gospodarskom ustroju romskih skupina, postojećim društveno-ekonomskim prilikama u Europi kojima su se Romi pokušavali prilagoditi te progonima ili pokušajima nasilne asimilacije koje su Romi pokušavali izbjeći. Neosporna je činjenica da su tradicionalna romska zanimanja i zavidna vještina u zanatskim poslovima dugo vremena bili ključ ekonomskog opstanka Roma. U feudalnom sustavu na Balkanu postojala je potražnja za tradicionalnim romskim zanatima, a Romi su kao "posrednička manjina" svojim uslugama uspijevali zadovoljiti dvije odvojene klase, seljake i zemljoposjednike. Takva situacija nije bila u središnjoj i zapadnoj Europi gdje su zanatlije već bili organizirani u strogo zatvorene cehove koji su štitali svoje monopolističke položaje na tržištu i nisu ostavljali prostor za usluge koje su Romi mogli ponuditi. U tim su dijelovima Europe Romi bili primorani posegnuti i za marginalnim zanimanjima poput uzgajanja konja, bavljenja glazbom ili gatanja. Već se od sredine 15. stoljeća smatraju svojevrsnim društvenim teretom, pokušava im se na razne načine onemogućiti naseljavanje, počinju nasilni obračuni od

kojih se Romi brane dijeleći se u vrlo male i lako pokretljive skupine. U Rumunjskoj, međutim, Romi su ubrzo od traženih postali zadržavani zanatlije i besplatna radna snaga. Pet stoljeća dugo razdoblje sužanjstva donijelo je i dodatno raslojavanje romskog stanovništva, ne samo zbog različitih migracijskih putova koji su doveli do podjele na vlaške i nevlaške Rome, već i unutar skupine vlaških Roma prema vlasniku i zanimanjima koja su se za tog vlasnika obavljala.

Analizirajući rezultate filogeografske analize očinskih nasljednih linija u bajaškoj populaciji Hrvatske, romskih i neromskih populacija u Europi te populacija iz jugoistočne Azije, bilo je moguće izdvojiti temeljne evolucijske sile koje su oblikovale suvremeni genetički identitet Bajaša i općenito Roma u Europi, učinak utemeljitelja i uskog grla, genetički drift te tok gena. Genetički identitet Bajaša i romskih populacija u Europi posljedica je indijskog podrijetla, povijesnih migracija i raznih društveno-gospodarskih i političkih prilika u Europi koje su uvjetovale dijeljenje romskog korpusa u cijeli mozaik malih skupina, a time i preslagivanje i reorganizaciju ne samo drevnog, indijskog već i manje davnog europskog, mahom balkanskog, genetičkog nasljeđa.

Genetički identitet suvremenih romskih populacija odražava, mogli bismo reći, maćehinski odnos Europe prema prognanoj azijskoj populaciji u potrazi za novom domovinom te obrambene mehanizme koje je ta azijska populacija usvajala i unaprjeđivala ne bi li opstala. U vremenu koje je ispred nas, svjedočit ćemo zrelosti demokratske i prosperitetne ujedinjene Europe i njezinoj sposobnosti da se prometne u barem brižnu pomajku koja je kadra prigrliti svoju najveću i najsiromašniju manjinu.

POJMOVNIK

- ALEL** – jedna od dvije ili više mogućih varijanti nekog gena ili dijela molekule DNK na određenom položaju na kromosomu (lokusu).
- AMINOKISELINA** – osnovna građevna jedinica proteina, kod čovjeka se pojavljuje 20 aminokiselina.
- AMPLIKON** – sekvenca DNK koja je amplificirana (umnožena) lančanom reakcijom polimerazom. Također naziv za segmentarno duplicirano područje NRY regije.
- AUTOSOMNI KROMOSOM (AUTOSOM)** – svaki kromosom koji nije spolni. Čovjek ima 22 para autosomnih kromosoma. Svaki je autosomni kromosom prisutan i u ženskom i u muškom spolu. Autosomi se nasljeđuju biparentalno, tj. od oba roditelja po jedan.
- AUTOSOMNO RECESIVNA BOLEST** – pojavljuje se samo onda kad je osoba homozigotna za mutirani gen, tj. kad se mutacija nalazi na oba alela.
- BAZA** – građevna jedinica molekule DNK, odnosno jedna od tri molekule nukleotida (uz šećer i fosfatnu skupinu) koja sadrži nasljednu informaciju. Postoje četiri vrste dušikovih baza u molekuli DNK, dvije purinske baze adenin (A) i gvanin (G) te dvije pirimidinske baze timin (T) i citozin (C).
- BIALELNI (BINARNI) BILJEG** – lokus na kojem se u populaciji javljaju dva alela.
- BILOKALNO NASELJAVANJE** – naseljavanje u blizini mjesta rođenja muža ili žene.
- CENTROMERA (PRIČVRSNICA)** – dio kromosoma za koji su vezane niti diobenog vretena tijekom mitoze i mejoze.
- DEFICIT GALAKTOKINAZE** – autosomno recesivna metabolička bolest koja nastaje zbog mutacija unutar GALK1 gena odgovornog za sintezu galaktokinaze. Smetnje u metabolizmu galaktoze u pravilu ne uzrokuju teže kliničke simptome.
- DELECIJA** – gubitak dijela kromosoma ili dijela molekule DNK (npr. jednog ili više nukleotida).
- DEMSKA DIFUZIJA** – širenje zemljoradnje zbog migracija zemljoradničkog stanovništva.

DESCENDENTNA JEDINICA – skupina koja vuče linearno podrijetlo od stvarnog ili pretpostavljenog pretka.

DIPLOID – stanica ili organizam s dva seta kromosoma ($2n$).

EFEKTIVNA VELIČINA POPULACIJE (N_e) – koeficijent pomoću kojeg se određuje utjecaj genetičkog drifta u različitim populacijama; temelji se na broju jedinki koje sudjeluju u reprodukciji.

EGZOGAMIJA – sklapanje braka izvan neke skupine ili mjesta.

EKSON – dijelovi gena koji kodiraju proteine.

ENDOGAMIJA – sklapanje braka unutar određene skupine pojedinaca ili mjesta.

ETNONIM – ime pripadnika određenog naroda ili etničke skupine.

EUKROMATIN – transkripcijski aktivan dio molekule DNK (dio kromatina koji nije zgusnut).

FILOGENETIČKA MREŽA – grafički prikaz evolucijskih odnosa koji uključuje više ciklusa ili retikulacija, odnosno prikaz koji objedinjuje niz mogućih evolucijskih stabala.

FILOGENETIČKO STABLO – grafički prikaz evolucijskih odnosa različitih vrsta ili nekih drugih kategorija za koje se pretpostavljaju zajednički preci. Svako čvorište iz kojeg se granaju potomci označava zadnjeg zajedničkog pretka. Dužine grana označavaju procijenjeno vrijeme kroz koje su se različite kategorije odvojeno razvijale ili broj mutacija koje su se u tom vremenu dogodile.

FIZIČKA MAPA – mapa u kojoj su relativne pozicije biljega definirane njihovom fizičkom udaljenošću izraženom u parovima baza (a ne učestalosti rekombinacije).

GAMETA – spolna (haploidna) stanica – jajna stanica i spermatozoid.

GEN – dio molekule DNK koji se prepisuje u molekulu RNK; većina gena sadrži uputu (kod) za slijed aminokiselina u proteinu.

GENETIČKI DRIFT – slučajne fluktuacije u učestalosti alela/gena u populacijama ograničene veličine zbog slučajnog odabira gameta koje se nasljeđuju u sljedećoj generaciji.

GENETIČKA STRUKTURA – odnos gena (alela) i genotipskih (alelskih) učestalosti unutar populacije, odnosno, način raspodjele i kombiniranja gena (alela) unutar populacija.

- GENETIČKI BILJEG** – zasebno, segregirajućo svojstvo koja se na temelju svoje prisutnosti, odsutnosti, ili visoke učestalosti u jednim i/ili niske u drugim populacijama, može koristiti za njihovo opisivanje.
- GENOM** – cjelokupni genetički materijal organizma.
- GENSKA KONVERZIJA** – n recipročna izmjena sekvenci između dviju molekula DNK.
- GOTRA** – jedinica indijskog društva u kojoj se pripadništvo određuje muškom nasljednom linijom.
- HAPLOGRUPA (KLADA)** – kombinacija stabilnih binarnih biljega nerekombinirajućeg dijela kromosoma Y ili mtDNK.
- HAPLOIDAN (HAPLOID)** – stanica ili organizam s jednim setom kromosoma (n).
- HAPLOTIP** – kombinacija alelnih stanja na više lokusa duž jednoga kromosoma.
- HETEROKORMATIN** – uglavnom transkripcijski neaktivni dijelovi molekule DNK (dio kromatina koji je zgusnut, sadrži mikrosatelitske sljedove).
- HETEROZIGOTNOST** – mjera različitosti polimorfnih lokusa; kod diploidnih lokusa odnosi se na vjerojatnost da su dva alela istog lokusa različita.
- HETEROZIGOT** – diploid koji sadrži različite alele na određenom genskom lokusu.
- HOLOCEN** – razdoblje zadnjih 11.000 godina obilježeno stabilnom i toplom klimom.
- HOMOZIGOT** – diploid koji sadrži istovjetne alele na određenom genskom lokusu.
- INDEL POLIMORFIZAM** – polimorfizam koji uključuje inserciju ili deleciju dijela molekule DNK.
- INSERCIJA** – umetanje jednog ili više nukleotida u postojeći slijed molekule DNK.
- INTRON** – nekodirajući nizovi nukleotida unutar gena.
- INVERZIJA** – strukturna promjena kromosoma koja je obilježena obrnutim poretkom gena jednog kromosomskog segmenta.
- IZOLAT** – populacija koja ne izmjenjuje gene sa susjednim populacijama pa je stoga diferencirana u odnosu na druge populacije.

JAT – društvena klasa u Indiji koja se poistovjećuje sa zanimanjem, a rukovodi se strogim hijerarhijskim pravilima koja određuju dozvoljene poslove.

JEDINSTVENI EVOLUCIJSKI POLIMORFIZAM (*engl.* unique event polymorphism, UEP) – svaka bialelna mutacija za koju je dokazano da se pojavila jednom tijekom ljudske evolucije.

KB – kratica za pojam kilobaza (1 kilobaza sadrži 1000 parova baza).

KLINA (*engl.* cline) – gradijent učestalosti gena (alela) između pojedinih geografskih područja.

KOALESCENCIJA – retrospektivna rekonstrukcija podrijetla nasljednih linija.

KODON – uzastopni redosljed od tri ribonukleotida u glasničkoj RNK koji se tijekom sinteze proteina prevodi u određenu aminokiselinu.

KROMOSOM – štapičasta struktura građena od molekule DNK i bjelančevina, smještena u jezgri (eukariotske) stanice. Tjelesne ili somatske stanice zdravog čovjeka sadrže dvostruki ili diploidni broj kromosoma ($n = 46$), a spolne stanice ili gamete sadrže polovični ili haploidni broj kromosoma ($n = 23$).

KROMOSOMSKA ABERACIJA – bilo koja promjena u normalnoj strukturi ili broju kromosoma; obično dovodi do nastanka tjelesnih ili mentalnih abnormalnosti.

KROSINGOVER – izmjena genetičkog materijala između nesestrinskih kromatida homolognih kromosoma.

KULTURNA DIFUZIJA – usvajanje novih tehnologija obrade zemlje bez ekspanzije zemljoradničkog stanovništva (npr. učenje od novopridošlog stanovništva u zonama dodira).

LANČANA REAKCIJA POLIMERAZOM – postupak selektivnog umnožavanja ciljnog dijela molekule DNK uz pomoć enzima (termostabilne Taq polimeraze), oligonukleotidnih klica i deoksinukleozid-trifosfata.

LOKUS – mjesto na kromosomu na kojem se nalazi gen ili određeni segment molekule DNK.

MATRILINEARNO NASLJEĐIVANJE – nasljeđivanje po majci.

MATRILOKALNO NASELJAVANJE – naseljavanje u blizini mjesta rođenja žene.

- MB** – kratica za pojam megabaza (1 megabaza sadrži milijun parova baza).
- MEJOZA** – mehanizam podjele genetičke upute tijekom kojeg od diploidnih stanica nastaju haploidne stanice (gamete).
- MEZOLITIK** – srednje kameno doba.
- MIKROSATELIT** ili **KRATKI PONAVLJAJUĆI NIZ** (*engl.* short tandem repeat, STR) – polimorfizam koji sadrži ponavljajuće jedinice dužine manje od 10 parova baza, najčešće 2 do 6 parova baza.
- MINISATELIT** ili **VARIJABILNI BROJ PONAVLJAJUĆEG NIZA** (*engl.* variable number of tandem repeat, VNTR) – polimorfizam koji sadrži ponavljajuće jedinice dužine od 10 do 100 parova baza.
- MIŠIĆNA DISTROFIJA ZDJELIČNOG POJASA - TIP 2C** – autosomno recesivna distrofija koja nastaje zbog mutacija unutar SGCG (gama-sarkoglikan) gena.
- MITOHONDRIJSKA DNK (mtDNK)** – mala, kružna molekula DNK smještena unutar mitohondrija, nasljeđuje se matrilinearno.
- MITOZA** – proces pravilne raspodjele udvostručene genetičke upute za vrijeme diobe eukariotske stanice tijekom koje iz svake stanice nastaju dvije genetički identične stanice (klonovi).
- MULTIALELNI BILJEG** – lokus na kojem se u populaciji javlja više od dva alela, npr. mikrosateliti.
- MUTACIJA** – promjena strukture genetičkog materijala.
- NASLJEDNA SENZOMOTORNA NEUROPATIJA - TIP LOM** (također se naziva Charcot–Marie–Tooth bolest tip 4D) – autosomno recesivna periferna neuropatija popraćena gluhoćom i neuobičajenim neuropatološkim osobitostima uzrokovana mutacijama unutar mijelinskog gena NDRG1. Ova je bolest prvi put opisana kod Roma iz malog gradića Lom na sjeverozapadu Bugarske.
- NEOLITIK** – mlađe kameno doba.
- NEREKOMBINIRAJUĆA REGIJA KROMOSOMA Y** (*engl.* nonrecombining portion of the Y, NRY) – područje kromosoma Y koje ne podliježe rekombinaciji tijekom mejoze. Sljedovi unutar ovog područja specifični su za muški spol.
- NUKLEOTID** – monomer koji gradi polimer DNK (ili RNK). Nukleotid sadrži jednu od četiri dušikove baze, šećer deoksiribozu (ili ribozu

kod RNK) i fosfatnu skupinu. Pojedinačni monomeri nukleotida vezani su međusobno fosfodieterskom vezom.

ONOMASTIKA – grana lingvistike koja izučava značenje i nastanak vlastitih imena.

PALEOLITIK – starije kameno doba.

PALINDROM – sekvenca DNK koja je jednaka svojoj komplementarnoj sekvenci očitanoj unatrag (npr. ACCTAGGT je palindrom jer je njegova komplementarna sekvenca TGGATCCA očitana unatrag jednaka originalnoj sekvenci).

PARSIMONO FILOGENETIČKO STABLO – temelji se na najmanjem mogućem broju mutacija potrebnih za objašnjenje uočenih evolucijskih odnosa.

PATRILEARNO NASLJEĐIVANJE – nasljeđivanje po ocu.

PATRILOKALNO NASELJAVANJE – naseljavanje u blizini mjesta rođenja muža.

PB – kratica za pojam par baza, odnosi se na dvije komplementarne baze unutar molekule DNK.

PLEISTOCEN – geološko razdoblje u razvoju Zemlje koje je trajalo od prije 2 milijuna do prije 10.000 godina, obilježeno osciliranjem klime te izmjenom nekoliko glacijala i interglacijala.

POLIMORFIZAM – pojava dviju ili više varijanti (DNA slijeda, proteina, kromosoma, fenotipa) u populaciji, a čija je učestalosti jednaka ili viša od 1%.

POPULACIJA – skup pojedinaca koji dijele određenu društvenu i/ili biološku značajku.

POPULACIJSKA STRUKTURA – izostanak slučajne reprodukcije unutar populacije; često se pod ovim pojmom podrazumijeva da je određenu populaciju pogodnije razmatrati kao *metapopulaciju* koja se sastoji od nekoliko *subpopulacija*.

PRIRODNA SELEKCIJA – diferencijalni reproduktivni uspjeh jedinke ili genotipa.

PRIVATNA MUTACIJA – mutacija koja se pojavljuje samo u jednoj određenoj populaciji.

PSEUDOAUTOSOMNI DIO KROMOSOMA Y – dio kromosoma Y koji je homologan dijelu kromosoma X pa je među njima moguće sparivanje i segregacija tijekom mjeoze.

- PSEUDOGEN** – nefunkcionalna sekvenca DNK koja pokazuje veliku sličnost nealelnom homolognom genu.
- REKOMBINACIJA** – izmjena genetičkog materijala između nesestrinskih kromatida homolognih kromosoma.
- SEKVENCA** – slijed nukleotida u molekuli DNK.
- SEKVENCIJIRANJE** – postupak određivanja redoslijeda nukleotida (sekvenca) u molekuli DNK.
- SINDROM KONGENITALNOG KATARAKTA, FACIJALNOG DISMORFIZMA I NEUROPATIJE** – autosomno recesivna bolest česta kod romskih populacija, a uzrokovana je supstitucijom jednog nukleotida unutar CTDP1 gena odgovornog za elongaciju RNK polimeraze II.
- SINDROM KONGENITALNE MIASTENIJE** – autoimuna, neuromuskularna i autosomno recesivna bolest koja najčešće nastaje zbog mutacija u genu za kolin acetiltransferazu ili genu za acetilkolin receptor koje dovode do poremećaja vezivanja acetilkolina na receptore neuro-mišićnih sinapsa.
- SOMATSKA (TJELESNA) STANICA** – svaka stanica koje ne sudjeluje izravno u spolnom razmnožavanju.
- SPOLNI KROMOSOM** – kromosomi X i Y; sadrže gene koji određuju spol.
- SPOLNA STANICA** – svaka stanica koja sudjeluje izravno u spolnom razmnožavanju.
- SROĐIVANJE** (*engl.* inbreeding) – reprodukcija između bliskih srodnika.
- SUPSTITUCIJA** – zamjena jednog nukleotidnog para drugim.
- TOK GENA** (*engl.* gene flow) – prijenos alela/gena iz jedne populacije u drugu.
- TRANSKRIPCIJA** – proces prepisivanja genetičke upute iz molekule DNK u molekulu RNK, odnosno sinteza glasničke RNK pomoću ribosoma.
- TRANSPOZICIJA** – pomak dijela molekule DNK iz jedne genomske lokacije u drugu.
- TRANZICIJA** – supstitucija jedne purinske baze drugom purinskom bazom ili jedne pirimidinske baze drugom pirimidinskom bazom.
- TRANSVERZIJA** – supstitucija jedne purinske baze pirimidinskom bazom ili obrnuto.

UČINAK UTEMELJITELJA (*engl.* founder effect) – smanjena genetička varijabilnost u populacijama koje su potekle od malog broja pojedinaca (utemeljitelja, osnivača).

UČINAK USKOG GRILA (*engl.* bottleneck effect) – smanjenje genetičke varijabilnosti uslijed izrazito jakog smanjenja veličine populacije.

UNIPARENTALNO NASLJEĐIVANJE – nasljeđivanje po jednom roditelju.

VRIJEME KOALESCENCIJE – vrijeme za koje se procjenjuje (računajući unatrag) da je bilo potrebno da se dvije ili više nasljednih linija ujedinu u jednu ancestralnu nasljednu liniju.

ZALIHA GENA (*engl.* gene pool) – skup svih gena/alela neke populacije.

BIBLIOGRAFIJA

- Achim, V. The Roma in Romanian history. CEU Press, Budimpešta, New York, 2004.
- Ammerman, A. J., L. L. Cavalli-Sforza. The Neolithic transition and the genetics of the populations in Europe. Princeton University Press, Princeton, 1984.
- Avise, J. C., J. Arnold, R. M. Ball, E. Bermingham, T. Lamb, J. E. Neigel, C. A. Reeb, N. C. Saunders. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18:489-522, 1987.
- Barać, L., M. Peričić, I. Martinović Klarić, S. Rootsi, B. Janičijević, T. Kivisild, J. Parik, I. Rudan, R. Villems, P. Rudan. Y chromosomal heritage of Croatian population and its island isolates. *European Journal of Human Genetics* 11:535-542, 2003.
- Barać, L., M. Peričić, I. Martinović Klarić, B. Janičijević, J. Parik, S. Rootsi, P. Rudan. Y chromosome STRs in Croats. *Forensic Science International* 138:127-133, 2003.
- Barać Lauc, L., M. Peričić, I. Martinović Klarić, A. Šijački, D. Popović, B. Janičijević, P. Rudan. Y chromosome STR polymorphisms in a Serbian population sample. *Forensic Science International* 150:97-101, 2005.
- Bernasovsky, I., J. Suchy, K. Bernasovska, T. Vargova. Blood groups of Roms (Gypsies) in Czechoslovakia. *American Journal of Physical Anthropology* 45:277-280, 1976.
- Bosch, E., F. Callafell, A. Gonzáles-Neira, C. Flaiz, E. Mateu, H. G. Scheil, W. Huckenbeck, L. Efremovska, I. Mikerezi, N. Xirrotiris, C. Grasa, H. Schmidt, D. Comas. Paternal and maternal lineages in the Balkans show a homogeneous landscape over linguistic barriers, except for the isolated Aromuns. *Annals of Human Genetics* 70:459-487, 2006.
- Burton, M. L., C. C. Moore, J. W. M. Whiting, A. K. Romney. Regions based on social structure. *Current Anthropology* 37:87-123, 1996.
- Casanova, M., P. Leroy, C. Boucekkine, J. Weissenbach, C. Bishop, M. Fellous, M. Purrello, G. Fiori, M. Siniscalco. A human Y-linked DNA polymorphism and its potential for estimating genetic and evolutionary distance. *Science* 230:1403-1406, 1985.
- Ceppellini, R., E. Curtoni, P. Mattiuz, V. Miggiano, G. Scudeller, A. Serra. Genetics of leukocyte antigens. A family study of segregation and linkage. U: E. S. Curtoni, P. L. Mattiuz, R. M. Tosi (ur.): *Histocompatibility testing*. Munksgaard, Copenhagen, 1967.
- Chaix, R., L. Quintana-Murci, T. Hegay, M. Hammer, Z. Mobasher, F. Austerlitz, E. Heyer. From social to genetic structures in Central Asia. *Current Biology* 17:43-48, 2007.
- Chaubey, G., M. Metspalu, T. Kivisild, R. Villems. Peopling of South Asia: investigating the caste-tribe continuum in India. *Bioessays* 29:91-100, 2006.

- Clarke, V. A. Genetic factors in some British Gypsies. U: D. F. Roberts, E. Sunderland (ur.): *Genetic Variation in Britain*. Taylor and Francis, London, 1973.
- Cinnioğlu, C., R. King, T. Kivisild, E. Kalfoglu, S. Atasoy, L. G. Cavalleri, A. S. Lillie, C. C. Roseman, A. A. Lin, K. Prince, P. J. Oefner, P. Shen, O. Semino, L. L. Cavalli-Sforza, P. A. Underhill. Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Human Genetics* 114:127-148, 2004.
- Collins, F. S., M. S. Guyer, A. Charkravarti. Variations on a theme: cataloging human DNA sequence variation. *Science* 278:1580-1, 1997.
- Cordaux, R., R. Aunguer, G. Bentley, I. Nasidze, S. M. Sirajuddin, M. Stoneking. Independent origins of Indian caste and tribal paternal lineages. *Current Biology* 14:231-235, 2004.
- Courthiade, M. Rromani endaja (romske skupine). Seminar "Kulturni identitet Roma, Cigana, Putnika i srodnih skupina u Europi", Strazburg, 15.-16. rujna 2003.
- Cruciani, F., R. La Fratta, P. Santolamazza, D. Sellitto, R. Pascone, P. Moral, E. Watson, V. Guida, E. Colomb, B. Zaharova. Phylogeographic analysis of haplogroup E3b (E-M215) Y chromosomes reveals multiple migratory events within and out of Africa. *American Journal of Human Genetics* 74:1014-1022, 2004.
- Cruciani, F., R. La Fratta, A. Torroni, P. A. Underhill, R. Scozzari. Molecular dissection of the Y chromosome haplogroup E-M78 (E3b1a): a posteriori evaluation of a microsatellite-network based approach through six new biallelic markers. *Human Mutation* 27:831-832, 2006.
- Cruciani, F., R. La Fratta, B. Trombetta, P. Santolamazza, D. Sellitto, E. Beraud Colomb, J. M. Dugoujon, F. Crivellaro, T. Benincasa, R. Pascone, P. Moral, E. Watson, B. Melegh, G. Barbujani, S. Fuselli, G. Vona, B. Zagradisnik, G. Assum, R. Brdicka, A. I. Kozlov, G. D. Efremov, A. Coppa, A. Novelletto, R. Scozzari. Tracing past human male movements in Northern/Estern Africa and Western Eurasia: new clues from Y-chromosomal haplogroups E-M78 and J-M12. *Molecular Biology and Evolution* 24:1300-1311, 2007.
- Dennell, R. *European economic prehistory: a new approach*. Academic Press, London, 1983.
- de Pablo, R., C. Vilches, M. E. Moreno, M. C. Rementeria, R. Solis, M. Kreisler. Distribution of HLA antigens in Spanish Gypsies: a comparative study. *Tissue Antigens* 40:187-196, 1992.
- Firasat S., S. Khaliq, A. Mohyuddin, M. Papaioannou, C. Tyler-Smith, P. A. Underhill, Q. Ayub. Y-chromosomal evidence for a limited Greek contribution to the Pathan population of Pakistan. *European Journal of Human Genetics* 15:121-126, 2007.
- Fraser, A. *The Gypsies*. Blackwell Publishers, Oxford, 1992.
- Fonseca, I. *Sahranite me uspravno*. Naklada Pelago, Zagreb, 2005.
- Fuller, D. An agricultural perspective on Dravidian historical linguistics: archaeological crop packages, livestock and Dravidian crop vocabulary. U: P. Bellwood, C. Renfrew (ur.): *Examining the farming/language dispersal hypothesis*. McDonald Institute Monographs, Cambridge, 2003.

- Füredi, S., B. Egyed, M. Csikai, Á. Osztrovics, J. Woller, and Z. Pádár. Y-STR haplotyping in seven Hungarian (speaking) populations. IV. International Forensic Y-User Workshop, Berlin, 2004.
- Goldstein, D. B., A. Ruiz Linares, L. L. Cavalli-Sforza, M. W. Feldman. Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 92:6723-6727, 1995.
- Grellmann, H. M. G. *Die Zigeuner. Ein historischer Versuch über die Lebensart und Verfassung, Sitten und Schicksale dieses Volks in Europa, nebst ihrem Ursprunge.* Dessau, Leipzig, 1783.
- Gresham, D., B. Morar, P. A. Underhill, G. Passarino, A. A. Lin, C. Wise, D. Angelicheva, F. Calafell, P. J. Oefner, P. Shen, I. Tournev, R. de Pablo, V. Kućinskas, A. Perez-Lezaun, E. Marushiakova, V. Popov, L. Kalaydjieva. Origins and divergence of the Roma (Gypsies). *American Journal of Human Genetics* 69:1314-1331, 2001.
- Guglielmino, C. R., J. Beres. Genetic structure in relation to the history of Hungarian ethnic groups. *Human Biology* 68:335-355, 1996.
- Haliti, N., M. Čarapina, M. Mašić, D. Strinović, I. Martinović Klarić, M. Kubat. Evaluation of population variation at 17 autosomal STR and 16 Y-STR haplotype loci in Croatians. *Forensic Science International*: DOI 10.1016/j.fsigen.2008.11.004.
- Hammer, M. F., S. Horai. Y chromosomal DNA variation and the peopling of Japan. *American Journal of Human Genetics* 56:951-962, 1995.
- Hammer, M. F., T. Karafet, A. Rasanayagam, E. T. Wood, T. K. Altheide, T. Jenkins, R. C. Griffiths, A. R. Templeton, S. L. Zegura. Out of Africa and back again: nested cladistic analysis of human Y chromosome variation. *Molecular Biology and Evolution* 145:427-441, 1998.
- Hancock, I. *Sindrom parije. Priča o ropstvu i progonu Roma.* Ibis grafika, Zagreb, 2006.
- Hurles, M. E., C. Irwen, J. Nicholson, P. G. Taylor, F. R. Santos, J. Loughlin, M. A. Jobling, B. C. Sykes. European Y-chromosomal lineages in Polynesians: a contrast to the population structure revealed by mtDNA. *American Journal of Human Genetics* 63:1793-1806, 1998.
- Jobling, M. A., C. Tyler-Smith. The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews Genetics* 4:598-612, 2003.
- Kaessmann, H., F. Heissig, A. von Haeseler, S. Pääbo. DNA sequence variation in a non-coding region of low recombination on the human X chromosome. *Nature Genetics* 22:78-81, 1999.
- Kalaydjieva, L., D. Gresham, F. Calafell. Genetic studies of the Roma (Gypsies): a review. *BMC Medical Genetics* 2:5, 2001.a.
- Kalaydjieva, L., F. Calafell, M. A. Jobling, D. Angelicheva, P. de Knijff, Z. H. Rosser, M. E. Hurles, P. A. Underhill, I. Tournev, E. Marushiakova, V. Popov. Patterns of inter- and intra-group genetic diversity in the Vlax Roma as revealed by Y chromosome and mitochondrial DNA lineages. *European Journal of Human Genetics* 9:97-104, 2001.b.

- Karafet, T., F. L. Mendez, M. B. Meilerman, P. A. Underhill, S. L. Zegura, M. E. Hammer. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal tree. *Genome Research* 18:830-838, 2008.
- Kingman, J. F. C. *The coalescent. Stochastic Processes and their Applications* 13:235-248, 1982.
- Kivisild, T., M. J. Bamshad, K. Kaldma, M. Metspalu, E. Metspalu, M. Reidla, S. Laos, J. Parik, W. S. Watkins, M. E. Dixon, S. S. Papiha, S. S. Mastana, M. R. Mir, V. Ferak, R. Villems. Deep common ancestry of Indian and western-Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Current Biology* 9:1331-4, 1999.
- Kivisild, T., S. Rootsi, M. Metspalu, S. Mastana, K. Kaldma, J. Parik, E. Metspalu, M. Adojaan, H.-V. Tolk, V. Stepanov, M. Gölge, E. Usanga, S. S. Papiha, C. Cinniöglü, R. King, L. L. Cavalli-Sforza, P. A. Underhill, R. Villems. The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. *American Journal of Human Genetics* 72:313-332, 2003.
- Kumar, V., B. T. Langstieh, K. V. Madhavi, V. M. Naidu, H. Pal Singh, S. Biswas, K. Thangaraj, L. Singh, B. M. Reddy. Global patterns in human mitochondrial DNA and Y-chromosome variation caused by spatial instability of the local cultural processes. *Public Library of Science Genetics* 2:e53, 2006.
- Kuroda-Kawaguchi, T., H. Skaletsky, L. G. Brown, P. J. Minx, H. S. Cordum, R. H. Waterston, R. K. Wilson, S. Silber, R. T. Oates, S. Rozen, D. C. Page. The AZFc region of the Y chromosome features massive palindromes and uniform recurrent deletions in infertile men. *Nature Genetics* 29:279-286, 2001.
- Kwok, C., C. Tyler-Smith, B. B. Mendonca, I. Hughes, G. D. Berkovitz, P. N. Goodfellow, J. R. Hawkins. Mutation analysis of 2 kb 5' to SRY in XY females and XX intersex subjects. *Journal of Medical Genetics* 33:465-468, 1996.
- Lahn, B. T., D. C. Page. Four evolutionary strata on the human X chromosome. *Science* 286:964-967, 1999.
- Martinović Klarić, I., L. Barać Lauc, M. Peričić, B. Janićijević, R. Terzić, I. Čolak, A. Kvesić, P. Rudan. Evaluation of Y-STR variation in Bosnian and Herzegovinian populations. *Forensic Science International* 154:252-256, 2005.
- Martinović Klarić, I., M. Peričić Salihović, L. Barać Lauc, L. A. Zhivotovsky, S. Rootsi, B. Janićijević. Dissecting the molecular architecture and origin of Bayash Romani patrilineages: genetic influences from South-Asia and the Balkans. *American Journal of Physical Anthropology*, DOI: 10.1002/ajpa.20933.
- Mastana, S. S., S. S. Papiha. Origin of Romany Gypsies - genetic evidence. *Zeitschrift für Morphologie und Anthropologie* 79:43-51, 1992.
- Marushiakova, E., V. Popov. *Gypsies (Roma) in Bulgaria. U: Studien zur Tsiganologie und Folkloristik.* Peter Lang, Frankfurt am Main, 1997.
- Miklosich, F. *Über die Mundarten und die Wanderungen der Zigeuner Europa's.* Vol. III, Wien, 1873.

- Miller, S. A., D. D. Dykes, H. F. Polesky. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research* 16:1215, 1988.
- Morar, D., D. Gresham, D. Angelicheva, I. Tournev, R. Gooding, V. Guerguelcheva, C. Schmidt, A. Abicht, H. Lochmüller, A. Tordai. Mutation history of the Roma/Gypsies. *American Journal of Human Genetics* 75:596-609, 2004.
- Nacionalni program za Rome. Vlada Republike Hrvatske, Zagreb, 2003.
- Nagy, M., L. Henke, J. Henke, P. K. Chattopadhyay, A. Völgyi, A. Zalán, O. Peterman, J. Bernasovská, H. Pamjav. Searching for the origin of Romanies: Slovakian Romani, Jats of Haryana and Jat Sikhs Y-STR data in comparison with different Romani populations. *Forensic Science International* 169:19-26, 2007.
- Nachman, M. W., S. L. Crowell. Estimate of the mutation rate per nucleotide in humans. *Genetics* 156:297-304, 2000.
- Ngo, K. Y., G. Vergnaud, C. Johnsson, G. Lucotte, J. Weissenbach. A DNA probe detecting multiple haplotypes of the human Y chromosome. *American Journal of Human Genetics* 38:407-418, 1986.
- Oota, H., W. Settheetham-Ishida, D. Tiwawech, T. Ishida, M. Stoneking. Human mtDNA and Y-chromosome variation is correlated with matrilineal versus patrilineal residence. *Nature Genetics* 29:20-21, 2001.
- Peričić, M., L. Barać Lauc, I. Martinović Klarić, B. Janićijević, I. Behluli, P. Rudan. Y chromosome haplotypes in Albanian population from Kosovo. *Forensic Science International* 146:61-64, 2004.
- Peričić, M., L. Barać Lauc, I. Martinović Klarić, S. Rootsi, B. Janićijević, I. Rudan, R. Terzić, I. Čolak, A. Kvesić, D. Popović, A. Šijački, I. Behluli, D. Đorđević, Lj. Efremska, Đ. D. Bajec, B. D. Stefanović, R. Villems, P. Rudan. High-resolution phylogenetic analysis of Southeastern Europe (SEE) traces major episodes of paternal gene flow among Slavic populations. *Molecular Biology and Evolution* 22:1964-1975, 2005.a.
- Peričić, M., I. Martinović Klarić, L. Barać Lauc, B. Janićijević, D. Đorđević, Lj. Efremska, P. Rudan. Population genetics of 8 Y chromosome STR loci in Macedonians and Macedonian Romani (Gypsy). *Forensic Science International* 154:257-261, 2005.b.
- Ramana, G. V., B. Su, L. Jin, L. Singh, N. Wang, P. Underhill, R. Chakraborty. Y-chromosome SNP haplotypes suggest evidence of gene flow among caste, tribe, and the migrant Siddi populations of Andhra Pradesh, South India. *European Journal of Human Genetics* 9:695-700, 2001.
- Regueiro, M., A. M. Cadenas, T. Gayden, P. A. Underhill, R. J. Herrera. Iran: tricontinental nexus for Y-chromosome driven migration. *Human Heredity* 61:132-43, 2006.
- Renfrew, C. Language families and the spread of farming. U: D R. Harris (ur.): *The origins and spread of agriculture and pastoralism in Eurasia*. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, 1996.

- Rex-Kiss, B., L. Szabo, S. Szabo, E. Hartmann. ABO, MN, Rh blood groups, Hp types and Hp level, Gm(1) factor investigations on the Gypsy population of Hungary. *Human Biology* 45:41-61, 1973.
- Roewer, L., J. Amemann, N. K. Spurr, K.-H. Grzeschik, J. T. Epplen. Simple repeat sequences on the human Y chromosome are equally polymorphic as their autosomal counterparts. *Human Genetics* 89:389-394, 1992.
- Rootsi, S., C. Magri, T. Kivisild, G. Benuzzi, H. Help, M. Bermisheva, I. Kutuev, L. Barač, M. Peričić, O. Balanovsky, A. Pshenichnov, D. Dion, M. Grobei, L. A. Zhivotovsky, V. Battaglia, A. Achilli, N. Al-Zahery, J. Parik, R. King, C. Cinnioglu, E. Khusnutdinova, P. Rudan, E. Balanovska, W. Scheffrahn, M. Simonescu, A. Brehm, R. Goncalves, A. Rosa, J.-P. Moisan, A. Chaventre, V. Ferak, S. Füredi, P. J. Oefner, P. Shen, L. Beckman, I. Mikerezi, R. Terzić, D. Primorac, A. Cambon-Thomsen, A. Krumina, A. Torroni, P. A. Underhill, A. S. Santachiara-Benerecetti, R. Villems, O. Semino. Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe. *American Journal of Human Genetics* 75:128-137, 2004.
- Rosser, Z. H., T. Zerjal, M. E. Hurles, M. Adojaan, D. Alavantic, A. Amorim, W. Amos, M. Armenteros, E. Arroyo, G. Barbujani, G. Beckman, L. Beckman, J. Bertranpetit, E. Bosch, D. G. Bradley, G. Brede, G. Cooper, H. B. Côte-Real, P. de Knijft, R. Decorte, Y. E. Dubrova, O. Evgrafov, A. Gilissen, S. Glisic, M. Gölge, E. W. Hill, A. Jeziorowska, L. Kalaydjieva, M. Kayser, T. Kivisild, S. A. Kravchenko, A. Krumina, V. Kucinskas, J. Lavinha, L. A. Livshits, P. Malaspina, S. Maria, K. McElreavey, T. A. Meitinger, A. V. Mikelsaar, R. J. Mitchell, K. Nafa, J. Nicholson, S. Nørby, A. Pandya, J. Parik, P. C. Patsalis, L. Pereira, B. Peterlin, G. Pielberg, M. J. Prata, C. Previderé, L. Roewer, S. Rootsi, D. C. Rubinsztein, J. Saillard, F. R. Santos, G. Stefanescu, B. C. Sykes, A. Tolun, R. Villems, C. Tyler-Smith, M. A. Jobling. Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language. *American Journal of Human Genetics* 67:1376-81, 2000.
- Rozen, S., H. Skaletsky, J. D. Marszalek, P. J. Minx, H. S. Cordum, R. H. Waterston, R. K. Wilson, D. C. Page. Abundant gene conversion between arms of palindromes in human and ape Y chromosomes. *Nature* 423:873-876, 2003.
- Sahoo, S., A. Singh, G. Himabindu, J. Banerjee, T. Sitalaximi, S. Gaikwad, R. Trivedi, P. Endicott, T. Kivisild, M. Metspalu, R. Villems, V. K. Kashyap. A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103:843-848, 2006.
- Schneider, S., D. Roessli, L. Excoffier. Arlequin ver 2.000. A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland, 2000.
- Seielstad, M. T., E. Minch, L. Luca Cavalli-Sforza. Genetic evidence for a higher female migration rate in humans. *Nature Genetics* 20:278-280, 1998.

- Semino, O., G. Passarino, P. J. Oefner, A. A. Lin, S. Arbuzova, L. E. Beckman, G. De Benedictis, P. Francalacci, A. Kouvatsi, S. Limborska, M. Marcikiae, A. Mika, B. Mika, D. Primorac, A. S. Santachiara-Benerecetti, L. L. Cavalli-Sforza, P. A. Underhill. The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* 290:1155-1159, 2000.
- Semino, O., C. Magri, G. Benuzzi, A. Lin, N. Al-Zahery, V. Battaglia, L. Macciorni, C. Triantaphyllidis, P. Shen, P. Oefner. Origin, diffusion, and differentiation of Y-chromosome haplogroups E and J: Inferences on the neolithization of Europe and later migratory events in the Mediterranean area. *American Journal of Human Genetics* 74:1023-1034, 2004.
- Sengupta, S., L. A. Zhivotovsky, R. King, S. Q. Mehdi, C. A. Edmonds, C. E. T. Chow, A. A. Lin, M. Mitra, S. K. Sil, A. Ramesh, M. V. U. Rani, C. M. Thakur, L. L. Cavalli-Sforza, P. P. Majumder, P. A. Underhill. Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian pastoralists. *American Journal of Human Genetics* 78:202-221, 2006.
- Sikimić, B. Banjaši u Srbiji. U: B. Sikimić (ur.): Banjaši na Balkanu: Identitet etničke zajednice. Srpska akademija nauka i umetnosti, Balkanološki institut, Posebna izdanja 88, Beograd, 2005.
- Sivakova, D. Distribution of three red-cell enzyme polymorphisms (ACP, PGM1 and AK) in Gypsies from Slovakia (Czechoslovakia). *Annals of Human Biology* 10:449-452, 1983.
- Skaletsky, H., T. Kuroda-Kawaguchi, P. J. Minx, H. S. Cordum, L. Hillier, L. G. Brown, S. Repping, T. Pyntikova, J. Ali, T. Bieri, A. Chinwalla, A. Delhaunty, K. Delhaunty, H. Du, G. Fewell, L. Fulton, R. Fulton, T. Graves, S.-F. Hou, P. Latrielle, S. Leonard, E. Mardis, R. Maupin, J. McPherson, T. Miner, W. Nash, C. Nguyen, P. Ozersky, K. Pepin, S. Rock, T. Rohlfing, K. Scott, B. Schultz, C. Strong, A. Tin-Wollam, S.-P. Yang, R. H. Waterston, R. K. Wilson, S. Rozen, D. C. Page. The male-specific region of the human Y chromosome is a mosaic of discrete sequence classes. *Nature* 423:825-837, 2003.
- Sorescu-Marinković, A. Romanian vernaculars in Baranya, Croatia. The International Linguistic Conference "The Romance Balkans", Beograd, 2006.
- Sun, C., H. Skaletsky, B. Birren, K. Devon, Z. Tang, S. Silber, R. Oates, D. C. Page. An azoospermic man with a de novo point mutation in the Y-chromosomal gene USP9Y. *Nature Genetics* 23:429-432, 1999.
- Škarić-Jurić, T., I. Martinović Klarić, N. Smolej Narančić, S. Drmić, M. Perićić Salihović, L. Barać Lauc, J. Miličić, M. Barbalić, M. Zajc, B. Jančićević. Trapped between tradition and transition - anthropological and epidemiological cross-sectional study of Bayash Roma in Croatia. *Croatian Medical Journal* 48:708-719, 2007.
- Tilford, C. A., T. Kuroda-Kawaguchi, H. Skaletsky, S. Rozen, L. G. Brown, M. Rosenberg, J. D. McPherson, K. Wylie, M. Sekhon, T. A. Kucaba, R. H.

- Waterston, D. C. Page. A physical map of the human Y chromosome. *Nature* 409:943-5, 2001.
- Uhlik, R. Iz ciganske onomastike: Plemenska imena i narječja Cigana. Glasnik zemaljskog muzeja u Sarajevu, Sarajevo, 1955.
- Underhill, P. A., L. Jin, A. A. Lin, S. Q. Mehdi, T. Jenkins, D. Vollrath, R. W. Davis, L. Luca Cavalli-Sforza, P. J. Oefner. Detection of numerous Y chromosome biallelic polymorphisms by denaturing high-performance liquid chromatography. *Genome Research* 7: 996-1005, 1997.
- Underhill, P. A., P. D. Shen, A. A. Lin, L. Jin, G. Passarino, W. H. Yang, E. Kaufman, B. Bonnè-Tamir, J. Bertranpetit, P. Francalacci, M. Ibrahim, T. Jenkins, J. R. Kidd, S. Qasim Mehdi, M. T. Seielstad, R. S. Wells, A. Piazza, R. W. Davis, M. W. Feldman, L. L. Cavalli-Sforza, P. J. Oefner. Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature Genetics* 26:358-361, 2000.
- Wells, R. S., N. Yuldasheva, R. Ruzibakiev, P. A. Underhill, I. Evseeva, J. Blue-Smith, L. Jin, B. Su, R. Pitchappan, S. Shanmugalakshmi, K. Balakrishnan, M. Read, N. M. Pearson, T. Zerjal, M. T. Webster, I. Zholoshvili, E. Jamarjashvili, S. Gambarov, B. Nikbin, A. Dostiev, O. Aknazarov, P. Zalloua, I. Tsoy, M. Kitaev, M. Mirrakhimov, A. Chariev, W. F. Bodmer. The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 98:10244-10249, 2001.
- Y Chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Genome Research* 12:339-348, 2002.
- Zaharova, B., S. Andonova, A. Gilissen, J. J. Cassiman, R. Decorte, I. Kremensky. Y-chromosomal STR haplotypes in three major population groups in Bulgaria. *Forensic Science International* 124:182-186, 2001.
- Zvelebil, M. Mesolithic prelude and Neolithic revolution. U: M. Zvelebil (ur.): Hunters in transition: Mesolithic societies of temperate Eurasia and their transition to farming. Cambridge University Press, Cambridge, 1986.
- Zvelebil, M., M. Lillie. Transition to agriculture in Eastern Europe. U: T. D. Price (ur.): Europe's first farmers. Cambridge University Press, Cambridge, 2000.
- Zhivotovsky, L. A., P. A. Underhill, C. Cinnioglu, M. Kayser, B. Morar, T. Kivisild, R. Scozzari, F. Cruciani, G. Destro-Bisol, G. Spedini, G. K. Chambers, R. J. Herrera, K. K. Yong, D. Gresham, I. Tournev, M. W. Feldman, L. Kalaydjieva. The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. *American Journal of Human Genetics* 74:50-61, 2004.

KAZALO

- A**
Achim, Viorel 39, 41, 57-58
Afrika 11-12, 27, 82, 101
Albanija 34, 89, 93
Amerika 11
Ammerman, Albert 31
amplikon 2-5
Apenini 35
Armenija 38-39, 95, 103-104
Aškenazi Židovi 51
austroazijski jezici 29, 82
autosomni kromosom (autosom) 3-5,
24-25
autosomno-recesivne bolesti 51
deficit galaktokinaze 51-52
mišićna distrofija zdjeličnog pojasa
- tip 2C 51-52
nasljedna senzomotorna
neuropatija - tip Lom 51-52
sindrom kongenitalnog katarakta,
facijalnog dismorfizma i
neuropatije 51-52
sindrom kongenitalne miastenije
51-52
Avise, John 14
AZFa 2, 9
AZFb 9
AZFc 2, 9
Azija 11, 25-31, 35, 38, 40, 73, 81-82,
85, 101, 103, 105
- B**
Bačka 61
Bajaši 53-103
Balkan, Balkanski poluotok 32-35,
38, 40-42, 54, 57, 80, 82-85, 82-88,
93-95, 101, 103-104
Barać Lauc, Lovorka 32, 62, 97
Baranjsko Petrovo Selo 66-67
Baski 87
Beli Manastir 64-66
Bizant, Bizantsko carstvo 38-39, 57,
95, 103-104
bivša Jugoslavija 42, 54
Bliski istok 11, 28, 31, 34, 82
Bolman 64
Bosch, Elena 93
Bosna i Hercegovina 33, 54, 87, 90, 94
brončano doba 35, 82
Bugarska 40, 48, 52, 54, 79-80, 88, 90
- C**
Casanova, Miriam 10
Cavalli-Sforza, Luca 31
Chaix, Raphaëlle 25
Cordaux, Richard 28
Costa Rica 89
Courthiade, Marcel 43-44, 64
Cruciani, Fulvio 35, 82
- Č**
Češka 33, 41
- D**
Darda 63-68
degenerirani sljedovi 2-5
delta-mi-kvadrat genetička udaljenost
72, 77
demska difuzija 31-32, 35
denaturirajuća tekuća kromatografija
visokog učinka 10
Dennell, Robin 31
descendentna jedinica 27-28
gotra 28-29
kasta 25, 27-28, 82, 94
klan 28, 46, 50-51, 98
pleme 25, 27-29, 34, 46, 55, 94, 98,
101
diploid 24
DNK 2-3, 6, 8-9, 64, 70, 72, 99
dominacija elite 32
Drava 61
dravidski jezici 28, 82

Dunav 40-41, 58, 83, 95

Đ

Đurić, Rajko 44

E

Egipat 40-41

efektivna veličina populacije 24-25,
102

ekspresija 4-5

elektroforeza 70

endogamija 92-93, 96

Engleska, Velika Britanija 39, 41, 47,
54, 97

epigravetijanska kultura 31-32

Erdeljani 61, 77

etnomimikrija 93

Euroazija 27, 29, 102

Europa 11, 26, 29-35, 37-39, 41-42,
46, 48-51, 57-58, 73, 76, 78-96,
101-105

Europljani 30, 32, 57, 96, 102

etnonim 55

eukromatin 2-4

F

filogenetička mreža 77, 79-81, 83-84,
86

filogenetičko stablo 10-11, 12-24, 74

filogeografija 14

Finci 51

Fonseca, Isabel 40

forenzička genetika 9

Francuska 33, 41, 48, 60

Fraser, Angus 37, 46, 57, 60

Fuller, Dorian 28

G

gadžo 38, 47

genetički biljeg 8, 10, 12, 24, 63
bialelni (binarni) biljeg 8-24, 29,
71-74, 82, 87

indel polimorfizam 8

jedinstveni evolucijski

polimorfizam (UEP) 9

multialelni biljezi 9

mikrosatelitski biljezi 11, 71-73, 83,
85, *vidi* satelitska DNK

polimorfizam jednog
nukleotida (SNP) 8

genetički drift 6-8, 24, 26, 33, 52, 75,
84-85, 88-89, 92, 94-95, 102, 105

genetički identitet 101-105

genetička povijest 8, 24, 32, 52, 70,
100-102

genetička raznolikost 26, 49, 73, 75,
78

genetička struktura 27-28, 49-50, 52,
56, 63, 70, 73, 80, 92, 94-96

genetička udaljenost 26, 28, 72, 90

genska konverzija 4-5

gensko propadanje 4

Ghica, Grigore Alexandru, princ 60

Ghica, Grigore, princ 60

glasnička RNK 5

glukoza 65

Goldstein, David 72

Grčka 34, 40, 44, 54, 89

Grellmann, Heinrich 38

Gresham, David 49-50, 82

Gruzija 89

H

Hammer, Michael 12

Hancock, Ian 53, 56-58

haplogrupa 10-24

klada 11

monofiletička haplogrupa 11

parafiletička haplogrupa 11

paragrupa 11

haploid 11, 24-25, 101

haplotip 11

modalni haplotip 80, 82-85, 88

heterokromatin 2-3

heterozigotnost 6

holocen 26, 29, 33-34

Hrvatska 14, 32-34, 40, 48, 54-55, 61,
67-68, 70, 72-73, 78-80, 84-87, 89-
90, 92-95, 97, 105

- I**
 Iberijski poluotok 30, 87, 101
 identitet 98-105
 etnički 92
 genetički 101-107
 Indija 25, 27-29, 38-40, 49-51, 73-74,
 76, 80-82, 84-85, 87-89, 95, 103-104
 individualna pokretljivost u zoni
 dodira 32
 indoeuropski jezici 29, 82
 infiltracija 32
 Institut za antropologiju, Zagreb 32,
 62, 64, 70
 inverzija 4, 6
 Iran 84-85, 101
 Irci 87
 Italija 35, 41, 48-49
 izolat 37, 102
- J**
 jat 50
 jež 34
 Jobling, Mark 1, 12
 Josip II, car 42
- K**
 Kalaydjieva, Luba 49, 51-52
 Karafet, Tatiana 12
 Kivisild, Toomas 28, 73
 klina 26, 30
 Kneževi Vinogradi 64
 koeficijent genetičke diferenciranosti
 (F_{ST}) 71-72, 90, 92
 Kogălniceanu, Mihail 57, 59
 kolesterol 65
 kolonizacija u skokovima 32
 Konzorcij za kromosom Y (*engl.* The
 Y Chromosome Consortium, YCC)
 10
 Kosovo 32, 34, 90
 kris 47
 kromosomska aberacija 6
 krosingover 3-5
 kulturna antropologija 52
 kulturna difuzija 31
- Kumar, Vikrant 25
 Kuroda-Kawaguchi, Tomoko 2
 Kuršanec 67
- L**
 Lahn, Bruce 4
 lančana rekacija polimerazom 10,
 70-71
 Lillie, Malcolm 32
 Litva 79, 88
 lovci-sakupljači 26, 28, 30
- M**
 Mađarska 33, 41, 43-44, 48, 54, 57, 61,
 84-85, 87, 90, 93
mahrime 46, 98
 Makedonija 32-33, 35, 48, 54, 78-80,
 86, 88-89, 90
 Marija Terezija, carica 42
 Marushiakova, Elena 50, 52
 Mediteran 31
 Meilerman, Monica 12
 menarha 69
 Mendez, Fernando 12
 menopauza 69
 mezolitik 32-33, 102
 Miklosich, Franz 38
 mitohondrijska DNK (mtDNK) 1,
 25-27, 49, 63, 70, 100
 Moldavija 40, 42, 56-57, 60
 molekularna antropologija 9, 10, 52
 Morar, Bharti 51
mule 46
 Munćani 61-62, 77
 mutacija 6
 besmislena mutacija 6
 delecija 6, 8-9, 22, 72-73
 insercija 6, 8-9, 22, 72
 inverzija 4, 6
 mutacijska stopa 9, 72, 100
 privatna mutacija 84-85, 88, 93-94,
 103
 promašena mutacija 6
 supstitucija 6
 tiha supstitucija 6
 transverzija 6, 73
 tranzicija 6

N

- naseljavanje 25-26
 - Azije i Indije 27-29
 - bilokalno 25-26
 - Europe 29-32
 - jugoistočne Europe i Hrvatske 32-35
 - matrilokalno 25
 - patrilokalno 25-26, 47, 102
- nasljedna linija 11
- neolitički paket 32
- neolitik 30, 32, 34-35
- Ngo, Kim Yen 10
- nomadi 26, 58, 68

Nj

- Njemačka 39, 41, 48, 97-98
- nomadi 26, 58, 68

O

- Oceanija 11
- onomastika 54-55
- Oota, Hiroki 25
- orinjačka kultura 30
- Otomansko carstvo 41-42

P

- Page, David 4
- Pakistan 51, 74, 81-82, 85, 87
- paleolitik 30, 32-35, 102
- palindrom 4
- parsimono 10
- Peloponez 40
- Peričić Salihović, Marijana 33
- Perzija 38-39, 85, 94-95, 103-104
- polimorfizam 6-10
- Popov, Veselin 50, 52
- populacijska struktura 63, 70
- populacija osnivača, osnivači, osnivačke nasljedne linije 32, 37, 52, 71, 76, 78-80, 89, 102
- populacijsko utočište 30, 32-34, 101
- Portugal 79, 88-89
- posljednje ledeno doba 30, 101
- posrednička manjina 104

prirodna selekcija 6-7

- proto-Bajaši 82, 94, 95, 103
- proto-Romi 50, 52, 73, 82, 95
- pseudoautosomni dio kromosoma Y2
- pseudogen 3-4

R

- raznolikost haplotipova 34, 71, 74, 76, 78, 87, 89, 92
- Referentna baza haplotipova kromosoma Y (*engl.* Y Chromosome Haplotype Reference Database, YHRD) 78, 85-88
- Regueiro, Manuela 84
- rekombinacija 2, 4-5, 7, 24, 70
- Renfrew, Colin 28
- retrotranspozicija 5
- Roewer, Lutz 10
- Romi 37-105
- romipen* 98
- romski jezik (Romano Chib) 38, 41-46, 53, 56, 61, 64, 69, 79-80, 82, 85, 92, 99-100
- ropstvo 42, 56-61, 80, 103
- Rootsi, Siiri 33
- Rosser, Zoë 29-30
- Rumunjska 38, 40, 42, 48, 54-61, 80, 84-85, 87, 89-90, 93, 95, 103, 105
- rumunjski jezik 41-42, 53, 56, 60-61, 78-80, 99
- Rusija 39, 43-44

S

- sanskrt 38
- Sardinija 31, 33
- satelitska DNK 9
 - mikrosatelit 9, 11, 71-74, 78, 81, 83-90, 94, *vidi* STR
 - minisatelit 9, *vidi* VNTR
 - STR 9, 71-72, 78, 80, 84, 89, *vidi* mikrosatelit
 - VNTR 9, *vidi* minisatelit
- sekvenciranje 71
- Semino, Ornella 29-30, 32, 82

- Sikimić, Biljana 54
 simbiotsko nomadstvo 50
 sjedilačka populacija 26
 Skaletsky, Helen 2-3, 5
 Skandinavija 31, 33, 39, 41
 Slaveni 34, 85, 87
 slavenski jezici 30, 38
 Slovačka 48, 54, 90
 Slovenija 54
 smeđi medvjed 34
 Sorescu-Marinković, Annemarie 61
 spolni kromosom 5, 24
 kromosom X 2-5, 24-25
 kromosom Y 1-35
 muška-specifična regija
 kromosoma Y (*engl.* the
 Male Specific Region of the
 Y Chromosome, MSY) 2
 nerekombinirajuća regija
 kromosoma Y (*engl.* Nonrecom-
 bining Portion of the Y Chro-
 mosome, NRY) 2-4, 11, 24-26,
 49-50, 63, 100-101
 Srbija 33-35, 40, 48, 54-55, 61, 87,
 90, 92, 93
 srođivanje (*engl.* inbreeding) 63
 Sun, Chao 2
- Š
- Škoti 87
 Španjolska 41, 48, 79-80, 88
- T
- Tajland 25
 Talijani 35
 Tatari 41, 58
 teorija koalescencije 100
 tibetskoburmanski jezici 29
 Tilford, Charles 2
 tok gena 5, 7, 26, 28-29, 31, 35, 56, 60,
 73, 76, 83, 87, 91-92, 94-95, 98, 105
 Torjanci 61, 64
 Trakija 39-40
 Transilvanija 40, 42, 55, 60-61, 77
 transkripcijska jedinica 3, 5
 trigliceridi 65
 Turska 35, 41, 48, 83, 86, 89
 Tyler-Smith, Chris 1, 12
- U
- učinak uskog grla (*engl.* bottleneck
 effect) 7, 51, 79, 89, 96, 103, 106
 učinak utemeljitelja (*engl.* founder
 effect) 7, 50-52, 94, 103, 106, *vidi*
 populacija osnivača, osnivači,
 osnivačke nasljedne linije
 Uhlik, Rade 55
 Ukrajina 30-31, 34, 54, 101
 Underhill, Peter 10, 12
 uniparentalni polimorfizam 14, 27,
 49, 62-63, 70, 101-102
 Uzbekistan 29
- V
- varijanca mikrosatelitskih alela 71,
 74, 78, 83
 Vlaška 40, 42, 56-57, 60-61, 77
 vrijeme koalescencije 29, 33-35, 51-
 52, 71-72, 76, 83, 102
 vrijeme koje je proteklo od zadnjeg
 zajedničkog pretka (*engl.* Time to
 Most Recent Common Ancestor,
 TMRCA) 100
- Z
- zaliha gena (*engl.* gene pool) 5-7, 29,
 35, 72-73, 80, 82, 84-85, 87, 89, 92-
 93, 95, 103
 Zegura, Stephan 12
 zemljoradnja 25, 27-28, 31-32, 35, 82,
 102
 Zvelebil, Marek 31-32
- Ž
- Židovi 48, 51-52
 Žigmund Luksemburški, car 41
- W
- Wells, Spencer 28

