

Výsledky projektu „Genetika a příjmení“ a zapojení Klusáčků do něj (4. upravená verze)

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

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

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

Na výzvu reagovalo 54 osob, tj. 18,4%, z toho však 10 bylo oznámení o úmrtí osloveného nebo jiný důvod proč se zapojit nemohou, 8 osob nevrátilo odběrovou soupravu. Celkem přinesl tento projekt 36 haplotypů.

Z toho přísluší do:

1) haploskupiny R1b

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

2) haploskupiny I2a

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

3) haploskupiny G2a

- 2 osoby, zřejmě nová mladší větev Klusáčků z Hrbova

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

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

5) haploskupiny I2b1

- 5 osob, zatím bez jasného původu

6) haploskupiny E1b1b

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

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

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

Výchozí hypotéza, že všichni nositelé jména Klusáček jsou potomky jednoho praotce rodu, se zcela nenaplnila, ale o příbuznosti, byť v několika „superklanech“ není pochyb. Máme 6 haploskupin rozhodujících, přičemž haploskupina R1b představuje 44,4 % testovaných. Lze zatím předpokládat, že to je skupina historicky nejstarší a ostatní vznikly až v průběhu let.

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

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

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

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

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

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

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

Haploskupina Rb1 – M207

Nyní lze již s pravděpodobností hraničící s jistotou říci, že 15 ze 16 nositelů, zatím nejčastěji zjištěné haploskupiny **R1b**, jsou potomky jednoho společného, výše uvedeného, praděda **Františka**

Klusáčka, či spíše **Pavla Klusáčka**, který již v roce 1602 koupil od své tchyně dům v Příbyslavi, jak se ukázalo po prostudování dochovaných knih smluv. Dále je to doloženo dílčími rodokmeny Klusáčků, pocházejících z Příbyslavi, i když na upřesnění vzájemných vztahů bude nutné ještě pracovat s matrikami. Jedna osoba má 6 ze 17 markerů odlišných od ostatních a patrně František není jejím předkem.

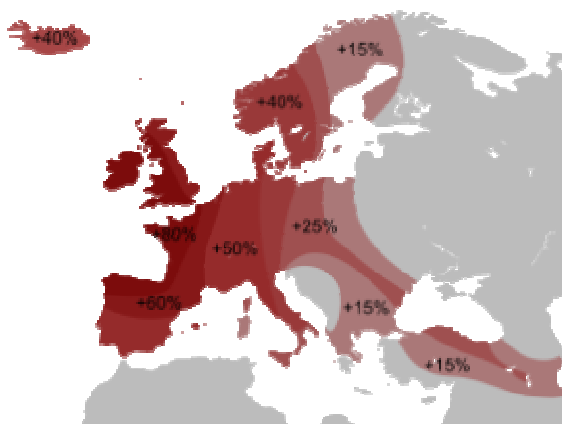
Potomci **Františka z Příbyslavi** přísluší primárně do haploskupiny **R**, která je definována markerem označeným **M207**. Každý kdo má tento znak ve své Y-DNA je z otcovy strany potomkem společného předka, který žil asi před 30 000 lety v západní Asii. Z ní se vyčlenila podskupina **R1**, charakteristická markerem **M173** a **R2 - M124** (ta nás však moc nezajímá, protože potomci této skupiny žijí v Indii a Pákistánu). Z **R1** se vyvinula skupina **R1b**, která je charakteristická přítomností markeru **M343**. Většina ze současných Evropanů s markerem **M343** má zároveň markery **P25** a **M269**. Tato kombinace tvoří podskupinu **R1b1b2*- M269** (dříve označovanou R1b1c, před tím R1b3).

Nositeli této podskupiny je i oněch 14 testovaných, i když to nebylo přímo prokázáno tímto výzkumem. Ten testoval DNA jen na 17 lokusech, což stačí na určení haploskupiny, ale již ne na určení podskupiny. Můj haplotyp testovaný na 43 místech však s vysokou pravděpodobností určil podskupinu **R1b1b2*** a **SNP marker M269** a protože mutace u ostatních testovaných s R1b jsou nepatrné, lze tak můj haplotyp vztáhnout na všechny testované. Vzdálenost mezi nejstarším testovaným k Františkovi je 9 generací, k nejmladšímu 11 generací.

Podle posledních výzkumů se zdá, že nositelé **R1b1b2-M269** do Evropy dorazili až před 8 000 či dokonce 5 000 lety (340 či 240 generací). Původní teorie hovořily o jejich příchodu do Evropy ještě před poslední dobou ledovou, tedy asi před 27 000 lety (940 generací). Byli spojováni s Kromaňonci, prvními moderními lidmi, kteří vstoupili do Evropy. Po nástupu poslední doby ledové, která dosáhla svého vrcholu před 20 000 lety (před 700 generacemi), a kdy se v Evropě rozšířil ledovec a její velká část byla neobyvatelná se měli soustředit do útočiště na Pyrenejském poloostrově a po zlepšení klimatických podmínek koncem doby ledové před 14 000 lety (490 generací), se pak měli rozptýlit severovýchodním směrem a kolonizovat celou Západní Evropu až po Střední Evropu. Tak jak se nacházejí stále nové varianty Y-DNA se však, jak je vidět, tyto teorie stále upravují a zdá se, že s tím musíme počítat i do budoucna. To však nemá zásadní vliv na genealogické využití haplotypu.

Podle <http://www.nature.com/ejhg/journal/vaop/ncurrent/abs/ejhg.2009.231a.html> je haploskupina **R1b1b2-M269** v rozptýlena takto:

	R1b1b2 - M269
Západní Evropa	57.8%
Severozápadní Evropa	55.8%
Korsika	48.2%
Střední Evropa	42.9%
Itálie	26.4%
Východní Evropa	20.8%
Balkán	12.9%
Rusko	6.7%
Západní Asie	5.5%
Egypt Semité—oáza Baharia	2.4%
Egypt Semité	2.0%
Jižní Asie	1.7%
Severovýchodní Evropa	1.4%
Egypt Berbeři - oáza Siwa	1.1%
Severní Afrika	0.7%
Maroko	0.6%
Východní Asie	0.6%



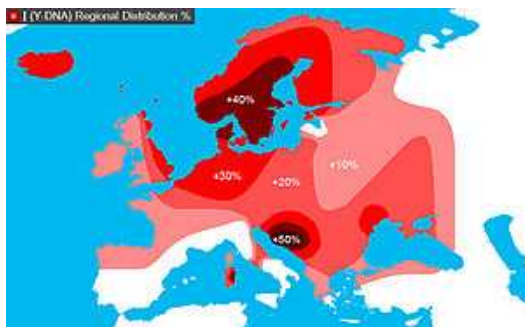
Rozšíření R1b je zřejmé z mapky.

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

Vzhledem k velkému počtu testovaných lze nyní k této skupině přiřadit 80 žijících potomků Františka z Přibyslavi.

Haploskupina I - M170

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



Podskupina I2b1

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

Přiřazení této haploskupiny k rodopisným datům se zatím nedaří, vzhledem k mlčení testovaných o jejich předcích i současících. Nejstaršího předka této skupiny máme doloženo k roku 1868. Vzdálenost mezi zakladatelem tohoto klanu a nejstarším testovaným lze odhadnout na 5 generací. Do této skupiny lze zařadit nyní 12 žijících osob.

Podskupina I2a2 – M 423

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



Tito čtyři Klusáčkové jsou všichni se největší pravděpodobností potomky Klusáčků z Hrbova. Zatím se zdá, že Klusáčkové z Hrbova přísluší k uvedenému haplotypu a mají tak odlišného předka od Klusáčků rozrozených od Františka z Přibyslavi. Hypotéza, že František je synem (popř. bratrem) Jakuba Klusáčka, prokazatelně doloženého v Hrbově roku 1653 a letech následujících, se tak zatím nepodařilo prokázat. Ale testovaných hrbovských Klusáčků je stále málo, aby tento závěr byl stoprocentní. Vzdálenost mezi Jakubem a nejstarším testovaným je 10 generací. K této skupině lze patrně (nepřinesou-li nové testy jiné výsledky) přiřadit 32 žijících příslušníků rodu.

Haploskupina E1b1b - M215

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

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



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

Haploskupina G2a - M201 – první klan

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

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

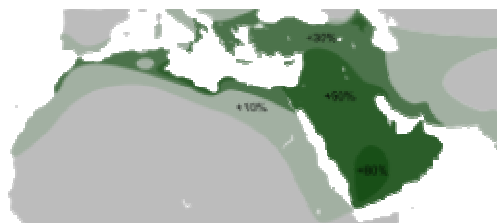
Do této skupiny patří potomci Jiříka (Jíry) Klusáčka z Ostrova nad Oslavou, který se zmiňuje již k roku 1641 jako člen městské rady a v letech 1657 až 1665 byl purkmistrem města. Dnes lze do této skupiny přiřadit 11 žijících příslušníků rodu. Vzdálenost mezi nejstarším testovaným a zakladatelem klanu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

Haploskupina G2a - M201 – druhý klan

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

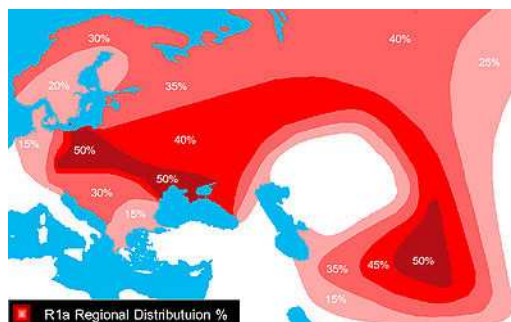
Haploskupina J

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



Haploskupina R1a

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



Haploskupina I1a

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

V Praze dne 25. května 2011

Jiří Klusáček, Praha–Ruzyně