

<https://doi.org/10.18778/1898-6773.59.03>

Kaszubi polscy a wybrane populacje europejskie – genetyczne podobieństwa i różnice

Alicja Budnik

Abstract

POLISH KASHUBIANS AND CHOSEN EUROPEAN POPULATIONS – GENETIC SIMILARITIES AND DIFFERENCES. On the basis of allele frequencies of two blood group systems: AB0 and Rh (locus D), the mutual genetic similarities and differences between the Kashubians from Hel Peninsula and Pomerania and the rest of population from Poland and inhabitants of the Baltic countries have been evaluated. Genetic analysis was accompanied by demographic measures defining the degree of isolation of the two Kashubian groups and other Poles living contemporarily, and in the 2nd half of the 19th century.

Alicja Budnik, 1996; *Anthropological Review*, vol. 59, Poznań 1996, pp. 31–43, figs 3, tables 12. ISBN 83-86969-05-9, ISSN 0033-2003

Kaszubi – jedna z ostatnich w Polsce grup ludności, która nadal zachowuje kulturową i biologiczną odrębność, doczekali się wielu opracowań. Pierwsze, pionierskie badania antropologiczne – stały się one możliwe dopiero po powrocie Pomorza do Polski – prowadził w 1921 roku profesor TALKO-HRYNCEWICZ [1926]. Za nim podążyli inni badacze: ĆWIRKO-GODYCKI i WRZOSEK [1937a, 1937b], WRZOSEK [1938], DZIERŻYKRAY-ROGALSKI [1959, 1960, 1962], DZIERŻYKRAY-ROGALSKI i MODRZEWSKA [1956], DZIERŻYKRAY-ROGALSKI i OLEKIEWICZ [1959], DZIERŻYKRAY-ROGALSKI i SZEWKO-SZWAYKOWSKA [1958], GAŁASIŃSKA-POMYKOŁ [1964], CHARZEWSKI [1969], BERDYCHOWSKI i HENNEBERG [1978]. Kaszubi to lud w dalszym ciągu frapujący. Gdy przyglą-

damy się meandrom ich historii, niesłabnące zainteresowanie tą właśnie grupą ludności staje się zrozumiałe. W kaszubskim pejzażu historycznym wpływy polskie i niemieckie splatają się mniej lub bardziej burzliwie. Gdziekolwiek w tej mozaice pojawiają się także elementy połabskie, skandynawskie, litewskie i duńskie.

Cel prezentowanej pracy częściowo określony został w tytule – podjęłam w nim próbę oceny stopnia „spokrewnienia” populacji kaszubskich z tere- nu Pomorza oraz Półwyspu Helskiego z sobą wzajemnie, a także z pozostałą częścią ludności polskiej i ludnością krajów nadbałtyckich (rys. 1). Uzyskane wyniki analizy genetycznej wsparte zostały wybranymi miernikami demograficznymi.

Materiał i metody

Analizę genetyczną oparłam na dwu układach grupowych krwi: AB0 oraz Rh



Rys. 1. Kraje Basenu Morza Bałtyckiego uwzględnione w pracy. Kółka symbolizują populacje kaszubskie z Półwyspu Helskiego i Pomorza.

(lokus D). Ze względu na zupełny i prosty sposób determinacji genetycznej są one powszechnie traktowane jako cechy markerowe, tzn. odzwierciedlające bezpośrednio zróżnicowanie genotypowe populacji. Informacje o grupach krwi uzyskiwałam w latach 1991–1994 z danych medycznych podczas badań rodzin kaszubskich przeprowadzonych na Pomorzu, dokładniej w powiecie kartuskim we wsiach: Załakowo, Kamienica Królewska, Łyśniewo oraz na Półwyspie Helskim w Jastarni i Kuźnicy. Dodatkowo wykorzystywałam oznaczenia grup krwi układu AB0 wykonane przez Piotra Swornowskiego wśród ludności kaszubskiej z pomorskich miejscowości: Gniewino, Chmielno, Łęczyce oraz Kościerzyna [SWORNOWSKI 1984]. Skorzystałam także z wcześniejszej pracy Ireny GAŁASIŃSKIEJ [1956] o grupach krwi z uk-

ładu AB0 wśród ludności jastarnieńskiej. Ostatecznie dysponowałam informacjami o fenotypach grup krwi z układu AB0 dla 837 przedstawicieli populacji kaszubskiej, w tym dla 521 Kaszubów helskich i 316 pomorskich oraz danymi dla 204 osób, w tym 119 z Półwyspu Helskiego i 85 z powiatu kartuskiego w zakresie układu Rh. Dodam jeszcze, że dane dla kobiet i mężczyzn zostały połączone, ze względu na brak wyraźnych różnic dymorficznych. Pozostałe informacje o badanych markerach genetycznych wśród ludności krajów nadbałtyckich zaczerpnięte zostały z piśmiennictwa – dotyczy to głównie układu AB0 [BUNAK 1969, MARCINKOWSKI 1973, SCHEIL i STRUNZ 1994]. Układ Rh badany był znacznie rzadziej – dostępne były nam tylko literaturowe zapisy o Rh wśród Polaków i Niemców (wybrałam dane według SZCZOTKI i SCHLESINGER [1980] dla populacji polskiej oraz KOBYLIANSKY'EGO i wsp. [1982] dla niemieckiej).

W oparciu o fenotypowe częstości grup krwi odtworzyłam częstości genów. Przyjęłam przy tym, że w badanych populacjach spełnione są założenia prawa Hardy'ego-Weinberga. W przypadku układu grupowego AB0, gdzie mamy do czynienia z allelami wielokrotnymi w lokus, spośród różnych metod szacowania częstości genowych wybrałam metodę Bernsteina [CAVALLI-SFORZA i BODMER 1971, JUHÁSZ 1983], która, dając porównywalne z wieloma innymi metodami wyniki, wyróżnia się prostotą obliczeń.

Częstości genów posłużyły jako podstawa oszacowań tzw. odległości genetycznych między badanymi populacjami. Badania odległości genetycznych przeżywają obecnie prawdziwy renesans i metod ich szacowania jest bardzo wiele (dobry przegląd w pracy JORDE [1985]). Każda

z nich wychodzi z innych założeń teoretycznych; wszystkie prezentują zarówno zalety jak i wady. Wybrałam trzy spośród najchętniej obliczanych na świecie odległości genetycznych:

1. Odległości χ^2 [JACQUARD 1974]:

$$\chi^2 = \sum_i \frac{(p_{iA} - p_{iB})^2}{\bar{p}_i}$$

gdzie p_{iA} i p_{iB} odpowiadają częstościom i -tego allelu odpowiednio w grupie A i grupie B, zaś \bar{p}_i jest średnią arytmetyczną tych częstości w obu grupach.

2. Kątowe odległości $\cos \theta$ [CAVALLI-SFORZA i BODMER 1971], a dokładniej odległości d , gdzie $d \subset \sqrt{1 - \cos \theta}$ zaś

$$\cos \theta = \sum_i \sqrt{p_{iA} p_{iB}} \quad (p_{iA}, p_{iB} - \text{jak wyżej})$$

3. Odległości Nei [NEI 1972]:

$D = -\ln I_i$; oraz

$$I_i = \frac{\sum_i p_{iA} p_{iB}}{\sqrt{\sum_i p_{iA}^2 \sum_i p_{iB}^2}}$$

Oznaczenia p_{iA} i p_{iB} – jak poprzednio.

Macierze odległości genetycznych uporządkowane zostały metodą Warda w formie dendrogramów [Statistica 1994, WARD 1963].

Ponadto, jeden z rodzajów odległości genetycznej – odległość $\cos \theta$ – wykorzystany został do oceny międzygrupowego współczynnika spokrewnienia f_θ [CAVALLI-SFORZA i BODMER 1971] zgodnie z formułą:

$$f_\theta = \frac{4(1 - \cos \theta)}{k - 1}$$

gdzie k oznacza liczbę alleli w lokus

Wreszcie, oszacowałam także współ-

czynniki spokrewnienia F_{ST} , oparte na wahlundowskiej wariancji częstości genów [CAVALLI-SFORZA i BODMER 1971, CAVALLI-SFORZA i in. 1994]:

$$F_{ST} = \frac{\sum_{i=1}^L \bar{p}_i (1 - \bar{p}_i) F_{STi}}{\sum_{i=1}^L \bar{p}_i (1 - \bar{p}_i)}$$

gdzie L symbolizuje liczbę alleli w lokus, \bar{p}_i – średnią częstość i -tego allelu w zbiorze porównywanych populacji, F_{STi} zaś wariancję Wahlunda częstości i -tego (pojedynczego, każdego kolejnego) allelu w lokus w tym zbiorze:

$$F_{STi} = \frac{\text{var}(p_i)}{\bar{p}_i (1 - \bar{p}_i)}$$

Ze względu na zróżnicowane liczby obserwacji w próbach charakteryzujących porównywane populacje, średnie częstości alleli ważone były przez wielkości prób.

Ocena zjawisk genetycznych i ich przyczyn byłaby niepełna bez podstawowej przynajmniej analizy demograficznej interesujących nas grup ludzkich, w szczególności obu grup kaszubskich. W związku z tym, na podstawie zebranych w trakcie wcześniejszych badań terenowych materiałów rodzinnych, oszacowałam sposobność do działania selekcji naturalnej w badanych populacjach. Wykorzystałam w tym celu wskaźnik zaproponowany przez CROWA [1958]:

$$I = I_m + \frac{1}{P_s} I_f,$$

w którym I_m jest składową mierzącą naciski selekcyjne wynikające ze zróżnicowanej wymieralności, I_f zaś to wskaźnik

sposobności do selekcji przez różnicową płodność. Odpowiednie formuły matematyczne mają postać następującą:

$$I_m = \frac{pd}{p_s}$$

$$I_f = \frac{V_f}{\bar{x}^2}$$

p_d – frakcja osób umierających przed osiągnięciem dojrzałości płciowej

p_s – frakcja dożywających wieku reprodukcji

V_f – wariancja płodności mierzona liczbą urodzeń w rodzinie o płodności zakończonej

\bar{x} – średnia liczba urodzeń w takiej rodzinie

W oparciu o materiały współczesne oraz wpisy z XIX-wiecznych ksiąg metrykalnych z terenu Kaszub, wyliczyłam współczynniki spokrewnienia f (są to wstępne szacunki o charakterze pilotażowym). Użyłam równań Malecot'a w modyfikacji HENNEBERGA [1979] dla migracji izotropowej dwuwymiarowej w przypadku Kaszubów z Pomorza:

$$f = \frac{1}{1 + 32\pi^3 m^3 N_b \left(\frac{-1}{\ln 2b} \right)},$$

oraz 1,5-wymiarowej w przypadku Kaszubów helskich:

$$f = \frac{1}{1 + 8\pi^3 m^3 N_b \left(\frac{-1}{\ln 2b} \right)},$$

(por. BUDNIK, PRZYBYSZEWSKA [1991]). Wyrażenie N_b w równaniach oznacza liczbę osób zdolnych do rozrodu. Dane niezbędne do oszacowania tej wielkości zaczerpnięte zostały z *Rocznika Demograficznego* [1968]. Składnik b stanowi

poprawkę na działanie liniowych nacisków stabilizujących pulę genów, co w praktyce sprowadza się do natężenia mutacji stwierdzanych u człowieka, zaś m jest współczynnikiem egzogamii, szacowanym tu jako frakcja małżonków pochodzących spoza badanych miejscowości w ogólnej liczbie nowożeńców.

Dodatkowo, niektóre z mierników demograficznych (długość I odstepu intergenetycznego, liczba dzieci w rodzinach oraz liczba porodów przedwczesnych i poronień naturalnych przypadających na kobietę) posłużyły do oceny stopnia działania selekcji naturalnej na poszczególne grupy krwi w wybranych populacjach.

Do oceny istotności różnic w zakresie wartości wymienionych wyżej mierników demograficznych w zależności od grup krwi, międzygrupowych różnic w częstościach genów oraz w wariancjach częstości genów, a także w wartościach odległości genetycznych pomiędzy wydzielonymi grupami populacji użyłam kolejno testów: t , u , F oraz prostej analizy wariancji i testu Wilcozona [BLALOCK 1977, ŁOMNICKI 1995, OKTABA 1976]. Przyjęłam jeden, pięcioprocentowy przedział ufności.

Wyniki i dyskusja

Fenotypowe częstości grup krwi posłużyły, jak już wspomniałam, do odtworzenia częstości genów. Częstości te dla obu grup kaszubskich i pozostałej części populacji polskiej przedstawia tabela 1, pokazując statystycznie istotne różnice w zakresie frekwencji genów A i 0 między Kaszubami helskimi i pomorskimi oraz Kaszubami helskimi i innymi Polakami. Jak widać, Kaszubi z Pomorza nie odbiegają w sposób znamieny od reszty Polaków. Nie ma też istotnych różnic między badanymi grupami w zakresie frekwencji

Tabela 1. Częstości genów z układów grupowych krwi AB0 i Rh w populacjach kaszubskich i u pozostałych Polaków

	Częstości genów				
	AB0			Rh	
	$p(A)$	$q(B)$	$r(O)$	D	d
Kaszubi helscy	0,23**	0,16	0,61**	0,51	0,49
Kaszubi pomorscy	0,27 *	0,18	0,55 *	0,59	0,41
Polacy	0,27 •	0,16	0,57 •	0,57	0,43

* Kaszubi helscy a pomorscy – różnice statystycznie istotne

• Kaszubi helscy a Polacy – różnice statystycznie istotne

genów locus D z układu Rh. Znakomita większość różnic w częstościach genowych pomiędzy Kaszubami i mieszkańcami państw Basenu Morza Bałtyckiego (oraz między tymi krajami wzajemnie) jest statystycznie istotna.

Metody szacowania częstości genów zastosowane w pracy przyjmują założenia prawa Hardy'ego-Weinberga, w szczególności założenie o braku selekcji naturalnej. Zagadnienie działania doboru naturalnego na grupy krwi (czy szerzej na markery genetyczne) nie jest do końca poznane i wymaga badań na szeroką skalę. Pewne dowody selekcyjnej wrażliwości grup krwi od czasu do czasu pojawiają się jednak w literaturze. W związku z tym postanowiłam sprawdzić czy w materiale rodzinnym, którym dysponowałam, zaznaczy się związek pomiędzy badanymi grupami krwi a wybranymi miernikami płodności, takimi jak: liczba dzieci w rodzinach o zakończonej reprodukcji, długość I odstepu intergenetycznego u kobiet, a także liczba porodów przedwczesnych i liczba poronień naturalnych przypadających średnio na jedną kobietę. Do powyższej analizy wybrałam populację Kaszubów z Półwyspu Helskiego. Wydaje się bowiem, że o ile dobór naturalny w ogóle działa jeszcze we współczes-

nych populacjach naszego kręgu cywilizacyjnego, to jego efekty da się ewentualnie uchwycić właśnie w takiej populacji jak Kaszubi helscy – długo izolowanej, źle wykształconej, o niewysokim poziomie świadomości zdrowotnej, rozrodczej itd., równocześnie żyjącej w trudnych warunkach klimatycznych i trudniącej się wyczerpującą fizycznie, niszcząca pracą, jaką jest rybołówstwo. Dodajmy, że z materiału odrzucone zostały dane dotyczące stadeł stosujących jakąkolwiek kontrolę urodzeń. Pojawiały się one zresztą sporadycznie.

Nie wykryłam żadnej statystycznie istotnej zależności którejkolwiek z wymienionych wyżej zmiennych płodności od grup krwi z układów AB0 i Rh. Możemy zatem stwierdzić brak działania doboru naturalnego na grupy krwi z obu tych układów poprzez wyżej wymienione czynniki. Użycie do dalszych analiz częstości genowych wydaje się tym samym uprawnione.

Stwierdzenie braku efektów działania doboru naturalnego nie powinno nas dziwić. Sposobność do działania selekcji naturalnej zarówno wśród Kaszubów helskich jak i pomorskich, a także wśród innych Polaków reprezentowanych tu przez wiejskie populacje z Wielkopolski, jest znikoma. Świadczą o tym wyliczone dla tych populacji wartości wskaźnika Crowa (tab. 2) – są one bardzo niskie. Jest to zjawisko powszechne we współ-

Tabela 2. Sposobność do działania selekcji naturalnej wyrażona wartościami wskaźnika Crowa w populacjach kaszubskich i wiejskich populacjach z Wielkopolski

	Im	If	I
Kaszubi helscy	0,29	0,09	0,38
Kaszubi pomorscy	0,08	0,17	0,26
Wielkopolska	0,05	0,26	0,32

czesnym tzw. cywilizowanym świecie.

W następnej kolejności, skoro zamierałam podjąć próbę oceny podobieństw genetycznych pomiędzy Kaszubami i innymi populacjami, zainteresował mnie stopień izolacji obu grup kaszubskich. O zakresie izolacji, a co za tym idzie, także o możliwościach wymiany genów między populacjami, wnioskować można na podstawie panującego w grupie systemu kojarzeń małżeńskich oraz natężenia egzogamii. Syntetyczną miarą stopnia izolacji jest tzw. współczynnik spokrewnienia f . W niniejszej pracy do obliczenia współczynników spokrewnienia użyłam równań Malécota w modyfikacji Henneberga dla migracji izotropowej dwuwymiarowej w przypadku Kaszubów z Pomorza oraz 1,5-wymiarowej w przypadku Kaszubów helskich, ponieważ tam od północy Bałtyk stanowi wyraźną barierę izolacyjną [HENNEBERG 1979, BUDNIK i PRZYBYSZEWSKA 1991]. Uwzględniłam dane współczesne i z ksiąg metrykalnych z XIX wieku (dokładniej sprzed stu lat – doniesienie to ma charakter pilotażowy). Dla porównania wyliczyłam też współczynniki spokrewnienia dla współczesnych wiejskich populacji wielkopolskich. Współczynniki f dla wsi wielkopolskich z II połowy XIX wieku zaczerpnęłam z pracy HENNEBERGA [1978], dla współcześnie żyjących Kaszubów z Pomorza – z opracowania BERDYCHOWSKIEGO i HENNEBERGA [1978]. Wszystkie wyniki przedstawia kolejna tabela (tab. 3). Ude-

Tabela 3. Wartości współczynników spokrewnienia f dla populacji kaszubskich i wiejskich populacji z Wielkopolski

	współcześnie	II poł. XIX w.
Kaszubi helscy	0,0016	0,2122
Kaszubi pomorscy	0,0005*	0,0001
Wielkopolska	0,0001	0,0013*

• za: BERDYCHOWSKI i HENNEBERG [1978]

* za: HENNEBERG [1978]

rzające jest, że pod koniec XIX wieku wartość współczynnika spokrewnienia wśród Kaszubów helskich była bardzo wysoka, ponad 160 razy (!) większa, niż w Wielkopolsce z tego mniej więcej okresu. Na wsi wielkopolskiej izolacja została złamana bardzo szybko, właściwie zaraz po uwłaszczeniu, ale i przed wystąpieniem zmian ekologiczno-kulturowych i zjawisk ludnościowych wywołanych akcją uwłaszczeniową, współczynnik f nigdy nie był tu aż tak wysoki ($f = 0,0035$; HENNEBERG [1978]) jak na Helu. Współcześnie w Wielkopolsce jest on oczywiście bardzo niski. Izolacja na Półwyspie Helskim efektywnie zaczęła być przezwyciężana niedawno, właściwie dopiero w pokoleniu osób urodzonych po 1950 roku, a więc zawierających małżeństwa w latach osiemdziesiątych i później. Toteż i dzisiaj współczynnik f jest tu wyższy niż gdzie indziej w Polsce i osiąga rozmiary współczynnika dla wielkopolskich populacji z XIX wieku. Uderza także brak izolacji w XIX-wiecznej populacji kaszubskiej z Pomorza. Zjawisko to zostało zapewne spowodowane intensywną migracją bardzo młodych ludzi, nie posiadających jeszcze własnych rodzin, w poszukiwaniu pracy, wskutek niedoborów ziemi na tym terenie.

Natężenie egzogamii, mierzone udziałem małżonków pochodzących spoza badanych miejscowości w ogólnej liczbie nowożeńców, potwierdza obraz wyłoniony dzięki współczynnikom spokrewnienia (tab. 4). Nic dziwnego, skoro współczyn-

Tabela 4. Wartości współczynników egzogamii m w obrębie populacji kaszubskich i wiejskich populacji z Wielkopolski

	współcześnie	II poł. XIX w.
Kaszubi helscy	0,63	0,15
Kaszubi pomorscy	0,74*	0,93
Wielkopolska	0,92	0,50*

• za: BERDYCHOWSKI i HENNEBERG [1978]

* za: HENNEBERG [1978]

niki egzogamii m stanowią jeden z ich elementów składowych. Jak widać, w naszym materiale najniższy jest współczynnik m dla Kaszubów helskich z końca XIX wieku. Potwierdza to duży stopień izolacji tej grupy.

Jedną z miar genetycznego podobieństwa pomiędzy populacjami jest tzw. odległość genetyczna. W niniejszej pracy, na podstawie częstości genów z układu AB0 wyliczyłam odległości genetyczne pomiędzy wszystkimi branymi pod uwagę populacjami. Jak już pisałam, wykorzystałam trzy rodzaje odległości: χ^2 [JACQUARD 1974], kątowe odległości $\cos\theta$ (dokładniej wyliczone na ich podstawie odległości d ; CAVALLI-SFORZA i BODMER [1971]) oraz odległości NEI [1972]. Macierze tych odległości przedstawione zostały w tabelach 5, 6 i 7. Wymienione metody bazują na zupełnie innych założeniach wyjściowych, ale mimo to dają bardzo zbliżone wyniki. Współczynniki korelacji między nimi są bardzo wysokie – bliskie jedności (tab. 8).

Macierze odległości genetycznych uporządkowane zostały następnie metodą WARDA [1963] w formie dendrogramów (rys. 2, 3 i 4). Jak widać, dają one bardzo zbliżone obrazy związków między populacjami i potwierdzają bardzo bliskie powiązania pomiędzy Kaszubami z Pomorza i innymi Polakami. Wydzielenie się Kaszubów helskich w innym zespole wynika niewątpliwie ze znacznego stopnia ich izolacji o czym wspominałam wcześniej. Na uwagę zasługuje jednak fakt, że obie populacje kaszubskie uplasowały się wraz z resztą Polaków oraz populacjami bałtyckimi i uralskimi w jednej grupie, bardzo wyraźnie oddzielonej od grupy krajów germańskich (jeśli wziąć pod uwagę językowe kryterium przy wydzieleniu populacji). Te różnice między gru-

pami są statystycznie istotne, o czym świadczą wyniki przeprowadzonej analizy wariancji a także testu Wilcozona. Za wyodrębnienie się tych dwu zespołów częściowo odpowiedzialna jest z pewnością klinowa zmienność, jaką wykazuje w Europie gen B. Tak czy inaczej, bardzo silna germanizacja, jakiej przez wieki i do niedawna poddawani byli Kaszubi, nie zostawiła po sobie śladów – w każdym razie w badanych w pracy markerach. Podobny obraz uzyskano dla odległości genetycznych oszacowanych na podstawie genów z obu branych pod uwagę układów grupowych krwi: AB0 i Rh (tab. 9). Danych o Rh jest w literaturze niewiele, stąd do obliczeń użyte zostały tu, oprócz populacji kaszubskich, tylko populacje polska i niemiecka. Odległości genetyczne pomiędzy Kaszubami helskimi i Niemcami przewyższają odległości między populacją kaszubską i polską blisko 7-krotnie, zaś odległości między Kaszubami pomorskimi i Niemcami są aż 38-krotnie większe od odległości między Kaszubami z Pomorza i Polakami.

Odległości genetyczne, dokładniej odległości kątowe $\cos\theta$, mogą ponadto stanowić punkt wyjścia dla oceny międzygrupowych współczynników spokrewnienia (czy wsobności) f_{θ} . Kolejna tabela (tab. 10) przedstawia wartości tych właśnie współczynników, obliczonych między każdą z grup kaszubskich a krajami nie-germańskimi (grupa A w tabeli, obejmująca: Polskę, Litwę, Łotwę, Estonię i Finlandię) oraz germańskimi (grupa B w tabeli: Niemcy, Dania, Szwecja, Norwegia). Jak widać, współczynniki spokrewnienia między Kaszubami i populacjami germańskimi są znacznie większe (ponad 6-krotnie) od współczynników między Kaszubami i krajami z grupy A.

Tabela 5. Macierz odległości genetycznych χ^2 pomiędzy populacjami nadbałtyckimi (na podstawie częstości alleli z układu grupowego krwi AB0)

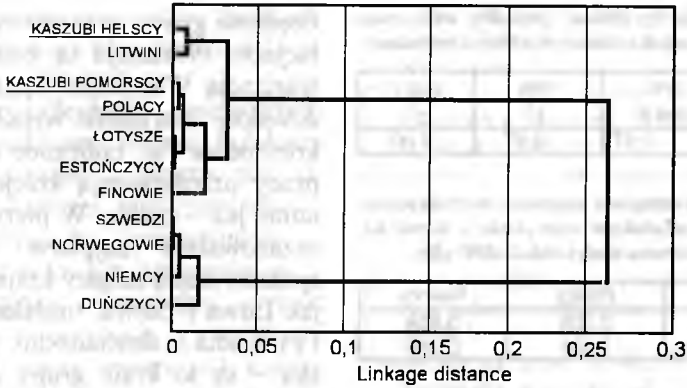
	Kaszubi helscy	Kaszubi pomorscy	Polska	Litwa	Łotwa	Estonia	Finlandia	Szwecja	Norwegia	Dania	Niemcy
Kaszubi helscy	—										
Kaszubi pomorscy	0,01759	—									
Polska	0,01131	0,00229	—								
Litwa	0,00818	0,03193	0,01803	—							
Łotwa	0,00505	0,00383	0,00240	0,01720	—						
Estonia	0,00398	0,00490	0,00233	0,01424	0,00014	—					
Finlandia	0,02365	0,01551	0,00711	0,01552	0,01588	0,01430	—				
Szwecja	0,07839	0,07818	0,05769	0,04268	0,07605	0,07148	0,02513	—			
Norwegia	0,07866	0,08415	0,06202	0,04121	0,07939	0,07441	0,02862	0,00052	—		
Dania	0,06851	0,10066	0,07365	0,03025	0,08330	0,07709	0,04341	0,01551	0,01074	—	
Niemcy	0,05262	0,06405	0,04360	0,02225	0,05615	0,05158	0,01793	0,00391	0,00299	0,00729	—

Tabela 6. Macierz kątowych odległości genetycznych d pomiędzy populacjami nadbałtyckimi (na podstawie częstości alleli z układu grupowego krwi AB0)

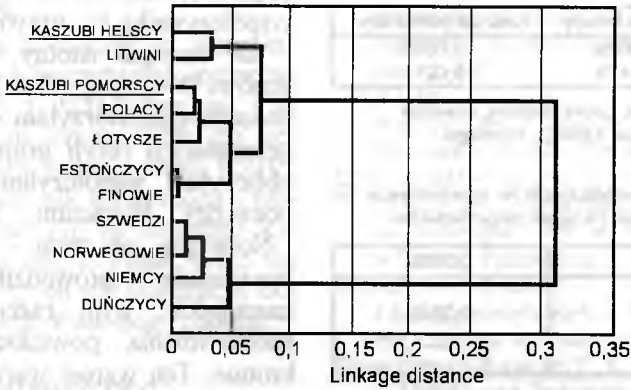
	Kaszubi helscy	Kaszubi pomorscy	Polska	Litwa	Łotwa	Estonia	Finlandia	Szwecja	Norwegia	Dania	Niemcy
Kaszubi helscy	—										
Kaszubi pomorscy	0,04690	—									
Polska	0,03742	0,01732	—								
Litwa	0,03162	0,06324	0,04796	—							
Łotwa	0,02449	0,02236	0,01732	0,0469	—						
Estonia	0,02236	0,02449	0,01732	0,04243	0,00447	—					
Finlandia	0,05477	0,04472	0,03000	0,04359	0,04472	0,04243	—				
Szwecja	0,10000	0,10050	0,08602	0,07348	0,09899	0,09592	0,05657	—			
Norwegia	0,10050	0,10440	0,08944	0,07211	0,10099	0,09798	0,06000	0,01000	—		
Dania	0,09381	0,11402	0,09695	0,06164	0,10392	0,09950	0,07416	0,04359	0,03742	—	
Niemcy	0,08185	0,09055	0,07416	0,05291	0,08485	0,08124	0,04796	0,02236	0,02000	0,03000	—

Tabela 7. Macierz odległości Nei pomiędzy populacjami nadbałtyckimi (na podstawie częstości alleli z układu grupowego krwi AB0)

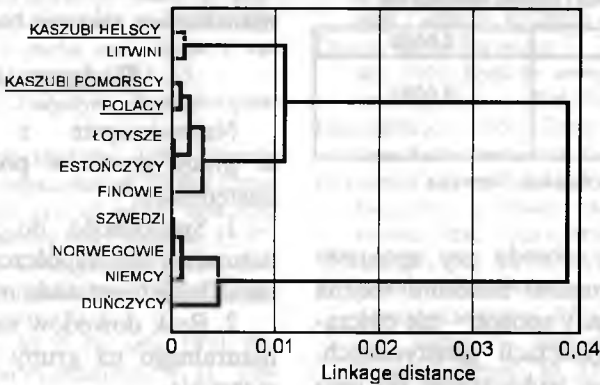
	Kaszubi helscy	Kaszubi pomorscy	Polska	Litwa	Łotwa	Estonia	Finlandia	Szwecja	Norwegia	Dania	Niemcy
Kaszubi helscy	—										
Kaszubi pomorscy	0,00638	—									
Polska	0,00390	0,00065	—								
Litwa	0,00144	0,00957	0,00545	—							
Łotwa	0,00170	0,00149	0,00070	0,00419	—						
Estonia	0,00134	0,00188	0,00077	0,00343	0,00004	—					
Finlandia	0,00659	0,00319	0,00136	0,00547	0,00347	0,00324	—				
Szwecja	0,01447	0,01286	0,00873	0,00899	0,01250	0,01170	0,00325	—			
Norwegia	0,01329	0,01377	0,00914	0,00754	0,01240	0,01148	0,00369	0,00017	—		
Dania	0,00941	0,01938	0,01288	0,00348	0,01291	0,01200	0,00860	0,00536	0,00366	—	
Niemcy	0,00870	0,01172	0,00715	0,00397	0,00905	0,00814	0,00300	0,00116	0,00058	0,00186	—



Rys. 2. Dendrogram odległości genetycznych χ^2 porządkujący populacje porównywane pod kątem frekwencji alleli z układu ABO



Rys. 3. Dendrogram odległości genetycznych d porządkujący populacje porównywane pod kątem frekwencji alleli z układu ABO



Rys. 4. Dendrogram odległości genetycznych Nei porządkujący populacje porównywane pod kątem frekwencji alleli z układu ABO

Tabela 8. Korelacje Spearmana pomiędzy wartościami odległości genetycznych obliczanych różnymi metodami

Odległości genetyczne	Nei cos θ	Nei χ^2	cos θ χ^2
<i>r</i>	0,97	0,97	1,00

Tabela 9. Wartości odległości genetycznych (Nei) pomiędzy populacjami kaszubskimi oraz polską i niemiecką, obliczone na podstawie alleli z układu AB0 i Rh

	Polacy	Niemcy
Kaszubi helscy	0,005	0,034
Kaszubi pomorscy	0,001	0,038

Tabela 10. Wartości współczynnika spokrewnienia f_{ST} między Kaszubami oraz krajami niegermańskimi (grupa A) i germańskimi (grupa B)

	Kaszubi helscy	Kaszubi pomorscy
Grupa A	0,0029	0,0032
Grupa B	0,0178	0,0211

Grupa A: Polska, Litwa, Łotwa, Estonia, Finlandia
Grupa B: Niemcy, Dania, Szwecja, Norwegia

Tabela 11. Wartości współczynników spokrewnienia F_{ST} między Kaszubami i krajami niegermańskimi

Grupa A	0,0035
Grupa A + Kaszubi helscy Kaszubi pomorscy	0,0040

Grupa A: Polska, Litwa, Łotwa, Estonia, Finlandia

Tabela 12. Wartości współczynników spokrewnienia F_{ST} między Kaszubami i krajami germańskimi

Grupa B	0,0026
Grupa B + Kaszubi helscy Kaszubi pomorscy	0,0231

Grupa B: Niemcy, Dania, Szwecja, Norwegia

Współczynniki inbredu czy spokrewnienia między grupami ludzkimi można także uzyskać w inny sposób – nie opierając ich na odległościach genetycznych. Można mianowicie wykorzystać do tego celu międzypopulacyjną wariację częstości genów, ustandaryzowaną na średnie

częstości genów w porównywanych populacjach. Wariancja ta zwana jest często wariancją Wahlunda. Oparte na wahlundowskiej wariacji współczynniki spokrewnienia F_{ST} , obliczone dla potrzeb tej pracy przedstawiają kolejne dwie – ostatnie już – tabele. W pierwszej (tab. 11) oszacowałam najpierw współczynniki spokrewnienia między krajami bałtyckimi, jak Litwa i Łotwa, uralskimi jak Estonia i Finlandia, i słowiańskim, jakim jest Polska – są to kraje grupy A (wydzielone przedtem w jeden zespół metodą Warda). Następnie wprowadziłam do tej grupy populacje kaszubskie. Jak widać, wartość współczynnika F_{ST} prawie się nie zmieniła – nie nastąpił istotny wzrost wariacji genów. W drugiej tabeli (tab. 12) tę samą procedurę powtórzyłam dla grupy krajów germańskich (czyli grupy B), to znaczy obliczyłam współczynnik spokrewnienia pomiędzy Niemcami, Danią, Szwecją i Norwegią, po czym – analogicznie jak poprzednio – wprowadziłam do niej grupy kaszubskie. Tym razem współczynnik spokrewnienia powiększył się aż 9-krotnie. Ten wzrost wariacji genów jest statystycznie istotny i potwierdził raz jeszcze brak genetycznych związków między Kaszubami i populacjami germańskimi w zakresie badanych cech.

Podsumowanie

Najważniejsze z przedstawionych w pracy wyników podsumować można następująco:

1. Sposobność do działania selekcji naturalnej we współczesnych populacjach kaszubskich jest znikoma.

2. Brak dowodów na działanie doboru naturalnego na grupy krwi w badanym materiale.

3. Najsilniej izolowaną spośród wszystkich zbadanych pod tym kątem grup była

i jest populacja Kaszubów helskich Świadczą o tym wartości współczynników spokrewnienia i egzogamii.

4 Analiza odległości genetycznych pomiędzy Kaszubami, innymi Polakami i ludnością pozostałych państw nadbałtyckich oraz wartości między populacyjnych współczynników spokrewnienia – bez względu na to jak szacowanych – plasują obie grupy kaszubskie wśród krajów bałto-słowiańskich i uralskich, odróżniając je zdecydowanie od krajów germańskich. Intensywne i długotrwałe próby germanizacji Kaszubów nie pozostawiły śladu w badanych w pracy markerach genetycznych.

Chciałoby się zakończyć te rozważania, jak w starej kaszubskiej legendzie Józefa CEYNOWY [1985] o tym, jak Pan Bóg po stworzeniu świata zwołał do siebie chłopów z wszystkich stron Polski, aby dowiedzieć się, jak sobie radzą i najlepsze wrażenie wywarł na nim gbur kaszubski: „Bo Kaszuba to Polak, tylko ten lepszy. Przecież to on na niebieskiej odprawie najbardziej się Panu Bogu podobał”

Piśmiennictwo

BERDYCHOWSKI W., M. HENNEBERG, 1978, *Wstępna ocena stanu biologicznego ludności wiejskiej z okolic Kościerzyny na podstawie wybranych danych o ruchu naturalnym i wędrówkowym*, Przegl. Antropol., 44, 53

BLALOCK H. M., 1977, *Statystyka dla socjologów*, PWN, Warszawa

BUDNIK A., M. PRZYBYSZEWSKA, 1991, *Genetic description of the population of Wielkie Drogi village – a specific case of mating distances distribution*, Variability and Evolution, 1, 95

BUNAK W. W., 1969, *Geno-geograficeskie zony wostocnoj Evropy, vydelaemye po faktorom krovii AB0*, Vopr. Antr., 32, 6

CAVALLI-SFORZA L. L., W. F. BODMER, 1971, *The Genetics of Human Populations*, W. H. Freeman & Co., San Francisco

CAVALLI-SFORZA L. L., P. MENOZZI, A. PIAZZA,

1994, *The History and Geography of Human Genes*, Princeton University Press, Princeton, New Jersey

CEYNOWA J., 1985, *Dobro zwycięża. Legendy z Kaszub i Pomorza*, Zrzeszenie Kaszubsko-Pomorskie, Gdańsk

CHARZEWSKI J., 1969, *Analiza niektórych cech antropometrycznych w spokrewnionych grupach kaszubskich z półwyspu Hel*, Roczniki Nauk. AWF w Warszawie, 11, 289

CROW J. F., 1958, *Some possibilities for measuring selection intensities in man*, Hum. Biol., 30, 763

ĆWIRKO-GODYCKI M., A. WRZOSEK, 1937a, *Dzieci kaszubskie w wieku od 7 do 13 lat pod względem antropologicznym*, Przegl. Antropol. 11, 121

ĆWIRKO-GODYCKI M., A. WRZOSEK, 1937b, *Dzieci kaszubskie w wieku od 7 do 13 lat pod względem antropologicznym*, Przegl. Antropol. 11, 187

DZIERŻYKRAY-ROGAŁSKI T., 1959, *Badania antropologiczne Kaszubów na półwyspie Hel*, Człowiek w Czasie i Przestrzeni, 2, 101

DZIERŻYKRAY-ROGAŁSKI T., 1960, *Sprawozdanie z badań antropologicznych dzieci kaszubskich na półwyspie Hel w 1960 r.*, Człowiek w Czasie i Przestrzeni, 3, 102

DZIERŻYKRAY-ROGAŁSKI T., 1962, *Sprawozdanie z badań prowadzonych w 1962 r. na półwyspie Hel*, Człowiek w Czasie i Przestrzeni, 5, 123

DZIERŻYKRAY-ROGAŁSKI T., K. MODRZEWSKA, 1956, *Z badań nad ludnością osady kaszubskiej Jastarnia*, Roczniki AMB, 2, 59

DZIERŻYKRAY-ROGAŁSKI T., M. OLEKIEWICZ, 1959, *Ludność półwyspu Hel pod względem barwy oczu i włosów*, Roczniki AMB, 5, 173

DZIERŻYKRAY-ROGAŁSKI T., I. SZEWKO-SZWAYKOWSKA, 1958, *Badania antropologiczne osady kaszubskiej Kuźnica (Hel)*, Roczniki AMB, 4, 189

GAŁAŚIŃSKA I., 1956, *Grupy krwi ludności osady kaszubskiej Jastarnia*, Roczniki AMB, 2, 77

GAŁAŚIŃSKA-POMYKOŁ I., 1964, *Struktura biomorfologiczna ludności osady kaszubskiej Jastarnia*, Mat. i Prace Antropol., 67, 73

HENNEBERG M., 1978, *Ocena dynamiki biologicznej wielkopolskiej dziewiętnastowiecznej populacji wiejskiej. III. Opis stanu puli genów na podstawie danych demograficznych*, Przegl. Antropol., 44, 33

HENNEBERG M., 1979, *Breeding isolation between populations; theoretical model of mating di-*

- stances distribution, *Studies in Phys. Anthrop.*, 5, 81
- JACQUARD A., 1974, *Génétique des populations humaines*, Presses Universitaires de France, Vendôme
- JORDE L. B., 1985, *Human genetic distance studies: present status and future prospects*, *Ann. Rev. Anthropol.*, 14, 343
- JUHÁSZ F., 1983, *The Hellinger Distance as used for the representation of serological AB0 distances among earlier human populations*, *Hum. Genet.*, 63, 228
- KOBYLIANSKY E., S. MICLE, M. GOLDSCHMIDT-NATHAN, B. ARENSBURG, H. NATHAN, 1982, *Jewish populations of the world: genetic likeness and differences*, *Annals of Human Biology*, 9, 1
- ŁOMNICKI A., 1995, *Wprowadzenie do statystyki dla przyrodników*, Wyd. Nauk. PWN, Warszawa
- MARCINKOWSKI T., 1973, *Badania serologiczne w dochodzeniu ojcostwa*, Wyd. Prawnicze, Warszawa
- NEI M., 1972, *Genetic distance between populations*, *Am. Natural.*, 106, 283
- OKTABA W., 1976, *Elementy Statystyki Matematycznej i Metodyka Doświadczalnictwa*, PWN, Warszawa
- Rocznik Demograficzny 1945–1966, 1968, GUS, Warszawa
- SCHIEL H. G., H. STRUNZ, 1994, *Zur Verteilung der AB0 – Allelfrequenzen im Regierungsbezirk Düsseldorf (Nordhein-Westfalen)*, *Anthrop. Anz.*, 52, 1
- Statistica 1994, Stat Soft
- SWORNOWSKI P., 1984, *Przydatność markerów genetycznych oraz cech o zmienności ciągłej do badania różnicowania międzygrupowego człowieka*, maszynopis pracy doktorskiej
- SZCZOTKA H., D. SCHLESINGER, 1980, *Tablice do obliczania prawdopodobieństwa ojcostwa w populacji polskiej*, *Mat i Prace Antropol.*, 98, 3
- TALCO-HRYNCEWICZ J., 1926, *Kaszubi jako grupa antropologiczna na zasadzie badań dokonanych na Pomorzu*, *Prace i Materiały Antropologiczne Komisji Antropologicznej Polskiej Akademii Umiejętności*, 4, 3
- WRZOSEK A., 1938, *Kaszubki pod względem antropologicznym*, *Przeł. Antropol.*, 12, 87

Summary

This paper is attempted to evaluate the degree of „affinity” of Kashubian populations between the samples from Pomerania territory and Hel Peninsula, and the rest of Polish population and inhabitants of Baltic countries (fig. 1). Results of the genetic analysis were supported by chosen demographic measures.

Genetic analysis was based on two blood group systems: AB0 and Rh (locus D). Data on Kashubians were obtained during a survey of Kashubian families as well as from literature [GAŁASINSKA 1956, SWORNOWSKI 1984]. Informations on phenotypes of blood groups of AB0 system were available for 521 Kashubians from Hel Peninsula and 316 from Pomerania; there were also data on Rh system for 119 persons from Hel Peninsula and 85 from Kartuzy district. Informations on studied genetic markers among the inhabitants of Baltic countries derive from literature (for AB0: BUNAK [1969], MARCINKOWSKI [1973], SCHEIL & STRUNZ [1994]; for Rh: in Polish population – SZCZOTKA & SCHLESINGER [1980], in German population – KOBYLIANSKY et al. [1982]).

On the basis of phenotypic frequencies of blood groups, gene frequencies were reconstructed (in the case of AB0 system Bernstein's method was employed; CAVALLI-SFORZA & BODMER [1971], JUHÁSZ [1983]) – table 1. Gene frequencies served as a basis for an assessment of genetic distances. Chi-square distances [JACQUARD 1974], d distances [CAVALLI-SFORZA & BODMER 1971] and NEI's distances [1972] were calculated. Matrices of these distances are included in tables 5, 6, 7 and 9. Moreover, the matrices were arranged by the Ward's method in a form of tree diagrams (figs 2, 3, and 4; WARD [1963]).

Based on the angular transformation distances of $\cos \theta$ (components of d distance), coefficients of kinship f_{θ} [CAVALLI-SFORZA & BODMER 1971] were calculated between each studied Kashubian group and German (from the linguistic point of view), and non-German countries (they are two groups of countries previously distinguished by the Ward's method and designated in table 10 as B and A).

Coefficients of kinship F_{ST} , based on the Wahlund's variance of gene frequencies [CAVALLI-SFORZA & BODMER 1971, CAVALLI-SFORZA et al. 1994] were also calculated, between Kashubian populations and the countries of A group (Estonia, Finland, Lithuania, Latvia, Poland; tab. 11) as well as between Kashubians and the countries of B group (Denmark, Germany, Norway, Sweden; tab. 12).

Demographic analysis was based on contemporary family records from the Kashubian territory (Pomerania, Hel Peninsula) and Great Poland as well as from the public register from the 2nd half of the 19th century for the Kashubian area. Data from the literature [BERDYCHOWSKI & HENNEBERG 1978, HENNEBERG 1978] were also employed. Opportunity for natural selection was assessed by the CROW'S method ([1958], tab. 2), and coefficients of kinship f and exogamy m (BUDNIK & PRZYBYSZEWSKA [1991]; HENNEBERG [1979], tabs 3 and 4) were estimated.

Additionally, several demographic measures (number of children in families of completed reproduction, length of the first intergenetic interval, number of premature deliveries and average number of natural abortions per women) contributed to an assessment of the degree of impact of natural selection on particular blood groups in studied populations.

In order to estimate significance of differences within the above mentioned demographic measures in relation to: blood groups, intergroup differences in gene frequencies, variances of gene frequencies, and in values of genetic distances between distinguished groups, t , u and F tests were employed as well as one-way analysis of variance and Wilcoxon test. One level of statistical significance ($\alpha = 0.05$) was applied.

The most important results presented in this paper may be summarized as follows:

1. Opportunity for natural selection in contemporary Kashubian populations is minimal (tab. 2).
2. There is a lack of evidence of natural selection effect on blood groups in studied material (all investigated relationships proved insignificant).
3. The most isolated group among all studied samples has been the population of Kashubians from Hel Peninsula. This is evidenced by values of coefficients of kinship f (tab. 3) and exogamy m (tab. 4).
4. Analysis of genetic distances between Kashubians, other Poles and populations from remaining Baltic countries (tabs 5, 6, 7, 9, figs 2, 3, 4) as well as values of interpopulation coefficients of kinship f_0 (tab. 10) and F_{ST} (tabs 11 and 12) place both Kashubian populations among the Baltic-Slavic and Uralic countries, distinguishing them from the Germanic countries.