

Praktyczne możliwości wykorzystania genealogii genetycznej na przykładzie wstępnych wyników Projektu Silesia DNA

Krzysztof Bulla

Muzeum „Górnośląski Park Etnograficzny w Chorzowie”

Górnośląskie Towarzystwo Genealogiczne „Silius Radicum”

Wstęp

Prowadząc badania historyczne, trzeba liczyć się z pewnymi ograniczeniami. Jednym z nich jest brak źródeł pisanych, który nieraz uniemożliwia ustalenie jakiegokolwiek faktu.

W przypadku badań genealogicznych, zwłaszcza tych dotyczących rodzin chłopskich, liczba dostępnych archiwaliów maleje z każdym stuleciem tak, że odtworzenie wyvodu przodków sięgającego w przeszłość dalej niż do początku XVIII wieku jest niezwykle trudne. Wydaje się jednak, że wykorzystanie najnowszych technologii z zakresu genetyki może pozwolić na uzupełnienie tej brakującej wiedzy lub przynajmniej ułatwić stawianie przekonujących hipotez w odniesieniu do określonych zdarzeń.

Kierując się tą myślą, członkowie Górnośląskiego Towarzystwa Genealogicznego „Silius Radicum” postanowili zainicjować Projekt Silesia DNA, którego głównym zadaniem jest popularyzacja i edukacja w zakresie prowadzenia badań genetycznych do celów genealogicznych oraz gromadzenie i analiza wyników w celu wyciągania bardziej ogólnych wniosków. Materiał genetyczny człowieka (w postaci kwasu deoksyrybonukleinowego – DNA) jest bowiem prawdziwą skarbnicą wiedzy zarówno o nas samych, jak i o naszych przodkach. Celem niniejszego artykułu będzie próba odpowiedzi na pytanie, w jakim stopniu zastosowane metody i uzyskane w ramach omawianego projektu wyniki mogą być praktycznie wykorzystane

do badań z zakresu genealogii tradycyjnej czy historii. Podjęta zostanie także próba oceny, czy możliwości, jakie oferuje genealogia genetyczna, są w stanie wypełnić braki w zakresie źródeł pisanych.

Niniejszy artykuł jest pokłosiem międzynarodowej interdyscyplinarnej konferencji naukowej pt. „Śladami przeszłości... Genealogia genetyczna w badaniach pradziejowych i historycznych”, która odbyła się 21–22 czerwca 2017 roku w Muzeum „Górnośląski Park Etnograficzny w Chorzowie”. Przedstawiono w nim wstępne wnioski, jakie udało się sformułować na podstawie zebranych wyników badań chromosomu Y osób żyjących. Jednak ze względu na niewielką liczbę polskich prac naukowych z zakresu genealogii genetycznej, w pierwszej kolejności scharakteryzowana zostanie sama nauka, jaką jest genealogia genetyczna.

Genealogia genetyczna – definicja i historia

Na samym początku stosowne wydaje się przedstawienie szerszego kontekstu, w jakim prowadzone są badania z zakresu genealogii genetycznej, a w szczególności wyjaśnienie ich specyfiki i używanych w jej ramach pojęć. Samo zdefiniowanie, czym jest genealogia genetyczna sprawia pewne problemy, gdyż jest to nauka stosunkowo młoda. Warto zatem prześledzić, jak kształtowało się to pojęcie od chwili jego powstania do dziś. Uważa się, że po raz pierwszy termin ten został użyty 20 lutego 1989 roku w artykule autorstwa Toma Siegfrida w „Dallas Morning News”¹. Dotyczył odkrycia dokonanego przez Allana Wilsona, zgodnie z którym uznano, że każdy człowiek na ziemi jest potomkiem jednej kobiety żyjącej około 200 000 lat temu w Afryce. Wniosek ten został wyciągnięty w oparciu o badania przeprowadzone przez Allana Wilsona i jego współpracowników na Uniwersytecie Kalifornijskim w Berkeley. Przebadano wówczas różne populacje i dokonano porównania zmian zachodzących w ich mtDNA².

Pierwsze użycie określenia genealogia genetyczna w kontekście projektu dotyczącego chromosomu Y (Y-DNA) najprawdopodobniej miało miejsce w tekście Alana Savina *An introduction to Genetic Genealogy*

■ 1 *All About „Eve” – Genetic History*, [@:] „tribunedigital-orlandosentinel”, http://articles.orlandosentinel.com/1989-03-26/news/8903270172_1_genes-roots-lucky-mother, dostęp: 7.06.2018; *Genetic genealogy – ISOGG Wiki*, [@:] https://isogg.org/wiki/Genetic_genealogy#cite_note-4, dostęp: 7.06.2018.

2 Ibidem.

z 1998 roku³. Zostały w nim opisane możliwości, jakie daje przebadanie DNA osób, które w oparciu o genealogię tradycyjną uważają się za krewnych lub podejrzewają, że mają wspólnego męskiego przodka. Autor zainicjował pod koniec XX wieku projekt przebadania 66 mężczyzn. Do grupy badawczej zaproszono zarówno osoby pewne swojego bliskiego lub dalekiego pokrewieństwa, jak i jedynie przypuszczające posiadanie wspólnych więzi. Można więc uznać, że Alan Savin zapoczątkował nurt badań genetycznych mających na celu weryfikacje i uzupełnienie badań genealogicznych prowadzonych metodami tradycyjnymi. Naturalną konsekwencją tego procesu jest powstawanie projektów, takich jak Silesia DNA.

Współcześnie wśród różnych prób definiowania pojęcia genealogii genetycznej najczęściej akcentuje się, iż jest to połączenie lub zastosowanie genetyki do tradycyjnej genealogii. Jako główny cel wskazuje się przede wszystkim poszerzenie dotychczasowych możliwości w zakresie ustalania i wykluczania pokrewieństwa oraz potwierdzania faktów genealogicznych. Podkreśla się także służebną funkcję genealogii genetycznej jako nauki pomocniczej genealogii⁴.

Wydaje się zatem, że genealogię genetyczną można by zdefiniować jako odrębną naukę pomocniczą historii, zajmującą się ustalaniem pokrewieństwa w oparciu o badania DNA. Umożliwia ona ustalanie pochodzenia jednej osoby od drugiej, potwierdzenie lub obalenie wyvodu przodków opracowanego w sposób tradycyjny (w oparciu o źródła pisane), a także ustalenie stopnia pokrewieństwa zachodzącego między dwiema osobami. Nauka ta zajmuje się także wykorzystywaniem danych uzyskiwanych w ramach badań DNA dla innych dziedzin genetyki, takich jak archeogenetyka, genetyka populacyjna czy genetyka medyczna w celu wzbogaca-

■ 3 *An introduction to Genetic Genealogy*, [[:] <http://www.savin.org/dna/introduction.html>, dostęp: 7.06.2018.

4 *A Genetic Genealogy Glossary*, „The DNA Geek”, [[:] <http://thednageek.com/a-genetic-genealogy-glossary/>, dostęp: 7.06.2018; E.D. Aulicino, *Genetic Genealogy: The Basics and Beyond*, 2013, s. 1; *Często zadawane pytania*, [[:] <http://www.genealogiagenetyczna.com/2016/04/czeste-pytania-faq-genealogia-genetyczna.html>, dostęp: 7.06.2018; *Genealogia genetyczna? Co to takiego?*, [[:] <https://www.deon.pl/inteligentne-zycie/lifestyle/art,306,genealogia-genetyczna-co-to-takiego.html>, dostęp: 7.06.2018; *Genetic genealogy – ISOGG Wiki*; B. Małłek, *Testy DNA – genealogia genetyczna / Tropem Korzeni*, [[:] <http://www.tropemkorzeni.pl/testy-dna-genealogia-genetyczna/>, dostęp: 7.06.2018; M. Nowaczyk, *Poszukiwanie przodków: genealogia dla każdego*, Podkowa Leśna 2015, s. 206–233; A. Ornatowski, *Genealogia genetyczna – to warto wiedzieć!*, [[:] <https://ornatowski.com/genealogia/genealogia-genetyczna/>, dostęp: 15.10.2016; G.H. Reference, *What is genetic ancestry testing*, [[:] <https://ghr.nlm.nih.gov/primer/dtcgeneticstesting/ancestrytesting>, dostęp: 7.06.2018.

nia informacji o przodkach (ich pochodzeniu etnicznym, przemieszczaniu się na przestrzeni wieków, kwestiach zdrowotnych itp.)⁵.

Rozwój genealogii genetycznej na większą skalę był możliwy dopiero wówczas, gdy doszło do komercjalizacji badań, a co za tym idzie gwałtownego spadku ich cen. Po raz pierwszy testy DNA dla osób prywatnych stały się dostępne w 2000 roku za sprawą firmy Family Tree DNA (FTDNA) z Houston w Teksasie. Rok później Bryan Sykes założył Oxford Ancestors. W 2005 roku National Geographic Society i IBM, we współpracy z University of Arizona i Family Tree DNA⁶, otworzyło Projekt Genograficzny, którego celem jest między innymi ustalenie tras migracji ludności w czasach prehistorycznych. Zaplanowano go jako projekt pięcioletni, jednak jest rozwijany do dnia dzisiejszego. Do 2018 roku liczba ośrodków wykonujących komercyjne badania DNA znacznie się poszerzyła i do wspomnianych firm dołączyły takie jak: YSEQ, AncestryDNA, 23andMe, LivingDNA, FullGenomes i inne. Poszerzył się także dostępny zestaw badań.

Komercjalizacja badań i ich popularyzacja wśród genealogów skutkowała tym, że bardzo dużo materiałów pozwalających zapoznać się z możliwościami i osiągnięciami tej nauki pojawiło się bezpośrednio w Internecie. Często są one publikowane przez osoby niemające przygotowania uniwersyteckiego w zakresie genetyki i traktujące swoje badania jako działalność pozazawodową. Należy jednak zaznaczyć, że praca nieprofesjonalistów niejednokrotnie charakteryzuje się bardzo wysokim poziomem merytorycznym i jakością niczym nieustępującą dziełom pracowników naukowych. Podobne zjawisko zachodzi w przypadku badań z zakresu genealogii tradycyjnej. Pojawiają się w związku z tym wątpliwości, w jaki sposób odróżnić osoby zajmujące się tą dziedziną w sposób amatorski od zawodowców, a także czy w obliczu upowszechniania się wiedzy o badaniach DNA właściwe jest oddzielanie genealogów tradycyjnych od genetycznych⁷.

W języku polskim nie powstała dotychczas żadna publikacja omawiająca w pełni zagadnienie badań genealogiczno-genetycznych. Fragmentarycznie zagadnienie to zostało poruszone w książce Małgorzaty Nowaczyk

■ 5 T.E. King, M.A. Jobling, *What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution*, „Trends in Genetics” 2009, t. 25, nr 8.

6 *History of genetic genealogy*, [@] https://isogg.org/wiki/Timeline:History_of_genetic_genealogy, dostęp: październik 2018.

7 B. Bettinger, *What is a Genetic Genealogist?*, [@:] <https://thegeneticgenealogist.com/2016/12/27/what-is-a-genetic-genealogist/>, 27.12.2016, dostęp: 7.06.2018.

pt. *Poszukiwanie przodków*⁸. Podobnie czynią autorzy książek poświęconych poszczególnym rodom, na przykład: Mirosław Mitrenga w *Genealogii świerklanieckiego rodu Mitręgów/Mitrengów*⁹ czy Andrzej Szalewicz w *Rodopisie Szalewiczów, czyli wszyscy pochodzimy od jednego przodka*¹⁰.

Wśród źródeł internetowych na uwagę zasługuje między innymi blog Eryka Grzeszkowiaka *Genealogia Genetyczna*¹¹. Zawiera on wprawdzie jedynie podstawowe informacje z zakresu omawianej dziedziny, lecz może stanowić dobre wprowadzenie dla osób chcących rozpocząć badania z zakresu genealogii genetycznej. Tematyka ta poruszana jest także na blogach poświęconych w głównej mierze genealogii tradycyjnej¹². Do popularyzowania wiedzy i udzielania wzajemnej pomocy wykorzystywane są także media społecznościowe, na przykład Facebook¹³.

Najwięcej literatury z zakresu omawianej dziedziny odnaleźć można w języku angielskim. W całości genealogii genetycznej poświęcone zostały takie publikacje jak: *Genetic Genealogy: The Basics and Beyond*¹⁴ autorstwa Emily D. Aulicino, *The Family Tree Guide to DNA Testing and Genetic Genealogy*¹⁵ napisana przez Blaine T. Bettinger czy *Genetic Genealogy in Practice*¹⁶ autorstwa Blaine T. Bettinger i Debbie Parker Wayne. Nieregularnie ukazuje się także czasopismo „Journal of Genetic Genealogy”.

Spółeczność genealogów genetycznych od 2005 roku jest skupiona w The International Society of Genetic Genealogy, w skrócie ISOGG.

■ 8 M. Nowaczyk, *Poszukiwanie przodków...*, s. 217–233.

9 M. Mitrenga, *Genealogia świerklanieckiego rodu Mitręgów/Mitrengów*, Chorzów 2018 [Monografie i Materiały MGPE, nr 11].

10 A. Szalewicz, *Rodopis Szalewiczów. Czy wszyscy pochodzimy od jednego przodka? Materiały źródłowe*, Warszawa 2008.

11 *Genealogia genetyczna, Pierwszy polski blog o genealogii genetycznej*, [@:] <http://www.genealogiagenetyczna.com/>, dostęp: sierpień 2018.

12 A. Ornatowski, *Genealogia genetyczna – to warto wiedzieć!*, [@:] <https://ornatowski.com/genealogia/genealogia-genetyczna/>, dostęp: sierpień 2018; B. Małek, *Testy DNA – genealogia genetyczna*, [@:] <http://www.tropemkorzeni.pl/testy-dna-genealogia-genetyczna/>, dostęp: sierpień 2018; M. Oziębłowski, *Genealogia genetyczna Oziębłowskich (Oziębłowskich)*, [@:] <http://www.oziembowski.eu/dna/index.htm>, dostęp: sierpień 2018; G. Rychlik, *Kolejność testowania DNA autosomalnego*, [@:] <https://praktykowaniegenealogii.wordpress.com/2018/03/05/kolejnosc-testowania-dna-autosomalnego/>, dostęp: sierpień 2018.

13 Facebook – grupa publiczna: *Genealogia Genetyczna*, [@:] <https://www.facebook.com/groups/306712486185021/>, dostęp: sierpień 2018.

14 E.D. Aulicino, *Genetic Genealogy...*

15 B.T. Bettinger, *The family tree guide to DNA testing and genetic genealogy*, [b.m.] 2016.

16 B.T. Bettinger, D.P. Wayne, *National Genealogical Society, Genetic genealogy in practice*, [b.m.] 2016.

Głównym celem tego stowarzyszenia jest doradzanie i edukowanie z zakresu wykorzystania genetyki do badań genealogicznych. W ramach swojej działalności udostępnia ono aktualizowane na bieżąco drzewo haplogrup Y-DNA czy ISOGG Wiki, która jest internetową encyklopedią genealogii genetycznej.

Podstawowe pojęcia z zakresu genealogii genetycznej

Genom człowieka, czyli cały jego materiał genetyczny, zbudowany jest z DNA. Można go podzielić na ten znajdujący się w jądrze (genom jądrowy) oraz w mitochondrium (genom mitochondrialny). Do badań z zakresu genealogii genetycznej wykorzystuje się oba rodzaje. Materiał genetyczny w jądrze przyjmuje formę podwójnej helisy i zbudowany jest z podjednostek zwanych nukleotydami. Każda z nich składa się z zasady azotowej połączonej wiązaniem N-glikozydowym z cukrem w postaci pentozy (deoksyrybozy) oraz przyłączonej do niej grupy fosforanowej. W DNA wyróżnić można cztery typy zasad: adeninę (A), guaninę (G), cytozynę (C) i tyminę (T). W każdej komórce znajduje się 3 200 000 000 nukleotydów, które zorganizowane są w 23 chromosomy. Powstają one w wyniku kilkietapowego upakowania podwójnej helisy DNA podczas cyklu komórkowego. Genom mitochondrialny to z kolei kłosa cząsteczka DNA zawierająca tylko 16 569 nukleotydów¹⁷. Na materiał genetyczny człowieka cały czas oddziałuje otaczające go środowisko. Jest to główna przyczyna jego zmienności, czyli występowania dziedzicznych i niedziedzicznych różnic między komórkami danego organizmu, osobnikami należącymi do tej samej populacji lub populacjami. Przyczyną uszkodzenia DNA mogą być czynniki egzogenne (zewnętrzne), takie jak promienie jonizujące, ultrafioletowe, różnego rodzaju związki chemiczne, niektóre leki czy zanieczyszczenia przemysłowe. Do czynników endogennych (wewnętrznych) zaliczyć można wolne rodniki czy zaburzony transport elektrolitów¹⁸.

Większość informacji genetycznej jest wspólna dla wszystkich ludzi. Jednak nawet u blisko spokrewnionych osób wyróżnić można szereg różnic zwanych polimorfizmami. To one w znacznej części są odpowiedzial-

■ 17 T.A. Brown, P. Węgleński, *Genomy*, Warszawa 2009, s. 4; G. Drewa, T. Ferenc, *Genetyka medyczna: Podręcznik dla studentów*, Wrocław 2011, s. 27–30.

18 G. Drewa, T. Ferenc, *Genetyka medyczna...*, s. 279.

ne za zróżnicowanie panujące w naszej populacji. W przypadku, gdy taka zmiana zachodzi w danej zbiorowości/grupie stosunkowo rzadko lub jej wpływ na fenotyp jest znaczący, wówczas określa się ją mianem mutacji¹⁹.

Poruszanie się po sekwencji DNA ułatwiają markery genetyczne, czyli geny lub segmenty DNA o znanym położeniu w chromosomie, których obecność można łatwo wykryć. Używa się ich jako punktów odniesienia przy budowie map genetycznych²⁰. Położenie genu na takiej mapie ustala się w oparciu o odległość w stosunku do dwóch najbliższych markerów genetycznych. Lokalizacja markera na chromosomie nazywana jest *locus* (l.mn. *loci*)²¹.

W przypadku genealogii genetycznej istotne znaczenie mają markery molekularne (markery DNA). Jest to każda sekwencja nukleotydowa, której polimorfizm pozwala na ustalenie różnic genetycznych między osobnikami, niezależnie od ich fazy rozwojowej. Wyróżnić można trzy główne kategorie polimorfizmów, które spełniają kryteria markera DNA: polimorfizm sekwencji anonimowych, polimorfizm długości prostych sekwencji (polimorfizm sekwencji mini- i mikrosatelitarnych) oraz polimorfizm pojedynczego nukleotydu. Dla badań z zakresu genealogii genetycznej główne zastosowanie mają dwie ostatnie kategorie²².

Polimorfizm długości prostych sekwencji (*simple sequence length polymorphism* – SSLP) to szeregi powtórzeń sekwencji o różnej długości, zawierających różną liczbę jednostek powtarzalnych. Istnieją dwa rodzaje markerów SSLP. Pierwszym z nich są mikrosatelitarne sekwencje, czyli proste powtórzenia tandemowe (*short tandem repeat* – STR). W tym rodzaju zmienności sekwencja nukleotydowa składająca się od 2 do 6 par zasad, na przykład CTA, jest zorganizowana jako powtórzenie tandemowe, czyli ten sam zestaw nukleotydów powtarza się kilka lub kilkanaście razy, a powtórzenia sąsiadują ze sobą, na przykład CTACTACTACTACTACTA itd. Ich liczba u poszczególnych osób może się różnić, ale zwykle w jednym *locus* wynosi ona między 10 a 30, nie więcej niż 50. W przypadku

■ 19 M. Marcinkowska, P. Kozłowski, *Wpływ polimorfizmu liczby kopii na zmienność fenotypową człowieka*, „Postępy Biochemii” 2011, s. 240.

20 Przedstawiają one graficznie liniowe uporządkowanie genów w cząsteczce DNA.

21 W. Li, *Genetic Marker*, [w:] *Encyclopedia of Systems Biology*, red. W. Dubitzky, O. Wolkenhauer, K-H Cho, H. Yokota, New York 2013; *Genetic Map*, [w:] *Encyclopedia of Genetics, Genomics, Proteomics and Informatics*, Dordrecht 2008; *Locus*, [w:] *Encyclopedic Reference of Genomics and Proteomics in Molecular Medicine*, Berlin – Heidelberg 2006; *Genetic Map*, [w:] *Encyclopedic Reference of Genomics and Proteomics in Molecular Medicine*, Berlin – Heidelberg 2006.

22 G. Drewa, T. Ferenc, *Genetyka medyczna...*, s. 732–734.

blisko spokrewnionych osób liczba powtórzeń jest najczęściej identyczna. Na podstawie tej zgodności lub odmienności można wnioskować o pokrewieństwie dwóch osobników²³.

Drugim rodzajem markerów SSLP są minisatelitarne sekwencje DNA, czyli zmienna liczba powtórzeń tandemowych (*variable number of tandem repeats* – VNTR). W tym rodzaju zmienności sekwencja nukleotydowa składa się od 10 do 100 par zasad i powtarza się nawet do 1000 razy. Jednak obecnie odchodzi się od badania tych polimorfizmów na rzecz STR²⁴.

Jako marker DNA wykorzystuje się także polimorfizmy punktowe, czyli polimorfizmy pojedynczego nukleotydu (*single nucleotide polymorphism* – SNP)²⁵. Stanowią one najmniejszą jednostkę zmienności sekwencji genetycznej występującą średnio co 1 na 1000 par zasad²⁶. Mogą przybrać postać substytucji, czyli zamiany jednej zasady na inną, na przykład cytozyny (C) na tyminę (T), delecji – usunięcia nukleotydu, lub insercji polegającej na wstawieniu dodatkowego nukleotydu.

Spośród 23 par chromosomów 22 z nich to autosomy (atDNA) (o identycznej morfologii u obu płci), a pozostała para to heterosomy (chromosomy płciowe) X i Y. Przedstawione w niniejszym artykule wyniki będą się opierać na porównywaniu sekwencji zapisanej na chromosomie Y (Y-DNA). Jest on najmniejszym ze wszystkich, ale warunkuje płęć męską i w przeciwieństwie do pozostałych jest dziedziczony tylko w linii patrylinearnej (ojcowskiej). Oznacza to, że w niemal niezmiennionej postaci jest przekazywany z ojca na syna. W taki sam sposób w kulturze polskiej, jak i sąsiednich, przekazywane jest nazwisko. Ta korelacja dla genealogów jest niezmiernie istotna, gdyż w ten sposób, mimo braku źródeł pisanych, możliwe jest potwierdzenie lub wykluczenie pokrewieństwa u tak samo nazywających się osób, a nawet określenie, kiedy żył ich wspólny przodek²⁷.

W badaniach z zakresu genealogii genetycznej poza Y-DNA wykorzystywane są także wszystkie pozostałe chromosomy (atDNA) oraz DNA mitochondrialne (mtDNA). Dziedziczy się je w sposób odmienny niż w przypadku chromosomu Y. mtDNA jest przekazywane w linii matry-

■ 23 Ibidem, s. 125, 732–734.

24 Ibidem, s. 732–734.

25 Ibidem, s. 732–734.

26 *Single Nucleotide Polymorphisms*, [w:] *Encyclopedic Reference of Genomics and Proteomics in Molecular Medicine*, Berlin – Heidelberg 2006.

27 T.E. King, M.A. Jobling, *What's in a name?*, „Trends in Genetic” 2009, t. 1, nr 8.

linearnej (matczynej)²⁸, czyli z matki na córki i synów. Jest to bardzo niewielka część ludzkiego DNA i zmiany w nim pojawiają się na tyle wolno, że osoby mające identyczny genom mogą być bardzo daleko spokrewnione. W związku z tym w większości przypadków nie będzie możliwe powiązanie wyniku badania genetycznego ze źródłami pisanyymi.

atDNA jest dziedziczone po wszystkich przodkach, choć w różnym stopniu. Im dalszy przodek, tym mniejszy fragment jego DNA zostanie odziedziczony przez badaną osobę. Uważa się, że wykorzystywanie danych autosomalnych do celów genealogii genetycznej jest skuteczne jedynie wtedy, gdy wspólnym przodkiem jest co najwyżej praprapradziadek. Po przodku tego rzędu istnieje statystyczna szansa na odziedziczenie około 3,125% jego materiału genetycznego. W przypadku prapraprapradziadków procent ten maleje do około 1,562%, a z każdym kolejnym pokoleniem prawdopodobieństwo posiadania wspólnego DNA zbliża się proporcjonalnie do zera²⁹. Jednak ze względu na pewną losowość dziedziczenia, odcinek DNA wystarczający do potwierdzenia pokrewieństwa może być przekazywany przez większą liczbę pokoleń, nawet do ośmiu³⁰.

Wpływ na możliwości wykorzystania informacji zawartej w DNA dla celów genealogii genetycznej ma także rodzaj wykonanego badania. W przypadku chromosomu Y najczęściej wykorzystuje się analizę krótkich powtórzeń tandemowych (STR). Są to grupy sekwencji, różniące się od siebie liczbą powtórzonych kilkunukleotydowych traktów, na przykład AGAGAG itd. Każdy człowiek w danym allelu może bowiem mieć różną liczbę powtórzeń, co umożliwia odróżnienie jednej osoby od drugiej. Znacznie bardziej szczegółowe wyniki można uzyskać, wykonując badanie całej sekwencji chromosomu Y. W tym przypadku za pomocą technologii NGS (*Next Generation Sequencing*) odczytuje się pełny ciąg

■ 28 Ostatnie badania wskazują, że w bardzo rzadkich przypadkach mtDNA może być przekazane także w linii ojcowskiej, por. *Mitochondrialne DNA można odziedziczyć także po ojcu*, [[:]] <http://naukawpolsce.pap.pl/aktualnosci/news%2C31898%2CMitochondrialne-dna-mozna-odziedziczyc-takze-po-ojcu.html>, dostęp: grudzień 2018.

29 E. Grzeszkowiak, *Czy DNA dziedziczą po wszystkich przodkach? – Każdy ma dwa drzewa*, [[:]] <http://www.genealogiagenetyczna.com/2015/08/czy-dna-dziedzicze-po-wszystkich.html>, dostęp: sierpień 2018.

30 E. Grzeszkowiak, *Jak odległy może być odcinek DNA? – prawdziwa historia*, [[:]] <http://www.genealogiagenetyczna.com/2017/05/jak-odlegly-moze-byc-odcinek-dna.html>, dostęp: sierpień 2018; E. Grzeszkowiak, *Ile mam wspólnego DNA z danym krewnym?*, [[:]] http://www.genealogiagenetyczna.com/2015/09/ile-mam-wspolnego-dna-z-danym-krewnym_10.html, dostęp: sierpień 2018; E. Grzeszkowiak, *Czy DNA dziedziczą po wszystkich przodkach? – Każdy ma dwa drzewa*, [[:]] <http://www.genealogiagenetyczna.com/2015/08/czy-dna-dziedzicze-po-wszystkich.html>, dostęp: sierpień 2018.

nukleotydów na danym chromosomie. Umożliwia to analizę wszystkich SNP, a przez to dokładne określenie posiadanej haplogrupy.

Badania genetyczne mogą stać w opozycji do wyvodu przodków ustalonego za pomocą genealogii tradycyjnej. Model, w którym mężczyzna jest głową rodziny i po którym potomkowie dziedziczą nazwisko, nie zawsze musi oznaczać, że jest on ojcem dzieci pochodzących z małżeństwa. Na określenie tego zjawiska używa się sformułowania non-paternity event, w skrócie NPE. Ma ono dwie główne przyczyny. Pierwszą jest zdrada małżeńska, druga to przysposobienie dziecka³¹.

W sytuacji, gdy badania DNA wskazują na brak pokrewieństwa, a mimo to na podstawie takich źródeł jak metryki kościelne czy akta stanu cywilnego ustalono, że dwie osoby pochodzą od wspólnego przodka w linii patrylinearnej, można się spodziewać, że wystąpił NPE, popełniony został błąd przy sporządzaniu wyvodu przodków lub zachowane dokumenty nie przedstawiają stanu faktycznego. Dla genealoga genetycznego są to bardzo cenne informacje, nawet jeżeli nie jest w stanie dociec, która z wymienionych sytuacji miała miejsce.

Dużą wartość poznawczą będą miały badania DNA w sytuacji, gdy źródła pisane w ogóle się nie zachowały i nie jest możliwe odtworzenie w oparciu o nie wyvodu przodków. Wówczas, gdy dwie osoby uważane są za należące do tego samego rodu (np. ze względu na tożsame nazwisko lub herb), a uzyskały różne wyniki badania genetycznego, można podejrzewać, iż doszło do NPE lub do innej sytuacji wykluczającej pokrewieństwo (np. nazwiska ukształtowały się niezależnie od siebie, nastąpiła adopcja herbowa lub doszło do zmiany nazwiska)³². W przypadku potwierdzenia pokrewieństwa, możliwe jest orientacyjne ustalenie dat życia wspólnego przodka, a przez to budowa genetycznego wyvodu przodków.

Kolejnym bardzo ważnym dla badań genealogiczno-genetycznych pojęciem jest haplogrupa, czyli grupa podobnych ze względu na swoje pochodzenie haplotypów, a te ostatnie są z kolei zestawem dziedziczonych razem polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP)³³. Spoglądając na haplogrupę z perspektywy genealogii genetycznej, można zdefiniować ją jako grupę osób wyróżnioną spośród całej populacji, która ma wspólnego przodka w linii matrylinearnej lub patrylinearnej. Wynikiem takiego po-

■ 31 T.E. King, M.A. Jobling, *What's in a name?...*

32 Ibidem.

33 *Haplogroup*, [w:] *Encyclopedia of Genetics, Genomics, Proteomics and Informatics*, Dordrecht 2008; T.A. Brown, *Genomy*, red. Piotr Węgleński, Warszawa 2009, s. 614; D.L. Hartl, A.G. Clark, *Podstawy genetyki populacyjnej*, red. Jarosław Burczyk, Warszawa 2009, s. 31.

krewniostwa jest posiadanie przez co najmniej dwie osoby takiego samego zestawu SNP. Poszczególne haplogrupy oznacza się kolejnymi literami alfabetu. W przypadku Y-DNA będą to litery od A do T, dla mtDNA przyjęto oznaczenia od A do Z.

Znacznie istotniejszy dla badań z zakresu genealogii genetycznej jest podział haplogrup na subklady (podgrupy, podgałęzie). Istnieją dla nich dwa systemy nazewnnicze. Pierwszy polega na zestawieniu litery haplogrupy, a następnie naprzemiennie określonych cyfr i liter, na przykład R1a1a2. W drugim systemie pierwszy człon jest identyczny, lecz dodaje się do niego po dywizie nazwę SNP charakterystycznego dla wszystkich osób zaliczanych do danej podgrupy, np. I-Y2245. Do powstania (nazwania) nowego subkladu dochodzi wtedy, gdy przynajmniej dwie przebadane osoby mają ten sam, nowy zestaw polimorfizmów. Pozostałe zmiany uznawane są za prywatne do momentu, gdy nie będzie można ich przyporządkować do nowej podgrupy. Ze względu na średnie tempo zachodzenia zmian w DNA możliwe jest wydatowanie momentu, w którym powstała dana zmiana i kiedy żył ostatni wspólny przodek badanych osób³⁴.

Projekty genealogiczno-genetyczne – definicja i podział

Wyniki badań z zakresu genealogii genetycznej najpełniej prezentują różnego rodzaju projekty. Słowo to można rozumieć szeroko, jako inicjatywy podejmowane prywatnie i najczęściej nieformalnie lub wykonywane w sposób sformalizowany przez jednostki sektora publicznego. Te pierwsze można nazwać zatem nieinstytucjonalnymi, a te drugie instytucjonalnymi. Podział ten jest istotny ze względu na możliwości (szczególnie finansowe), jakie ma dany projekt, co naturalnie przekłada się na jakość i specyfikę prowadzonych badań oraz uzyskanych wyników.

■ 34 Obecnie dość popularnym serwisem do analizy nieprzetworzonych danych pełnej sekwencji chromosomu Y jest YFull. Dostarcza on narzędzia ułatwiające odczytanie oraz interpretację uzyskanych wyników. Ponadto w oparciu o dane uzyskane od użytkowników jest tworzone, aktualizowane na bieżąco i uzupełniane o nowe subklady drzewo filogenetyczne (Haplogroup YTree). Administratorzy serwisu dla każdej przebadanej próbki podają estymację wieku powstania danej zmiany oraz czasu życia najstarszego wspólnego przodka dla wszystkich osób zaliczanych do przedstawicieli danego subkladu, [@:] <https://www.yfull.com/faq/what-yfulls-age-estimation-methodology/>; opierają się przy tym na metodzie przedstawionej w *Defining a New Rate Constant for Y-Chromosome SNPs based on Full Sequencing Data*, „The Russian Journal of Genetic Genealogy” (Русская версия) 2015, t. 7, nr 1.

Czynniki te należy zawsze brać pod uwagę przy ocenie tego typu przedsięwzięć.

W przypadku polskich projektów instytucjonalnych duży nacisk położono na tzw. antyczne DNA (aDNA), czyli materiał genetyczny pochodzący od dawno już zmarłych organizmów. Największym tego typu przedsięwzięciem jest „Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych”, którego kierownikiem jest prof. dr. hab. Marek Figlerowicz z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN³⁵. Głównym celem tego projektu jest znalezienie odpowiedzi na pytania dotyczące pochodzenia populacji zamieszkującej rejon między Odrą i Wisłą w okresie formowania się państwa Piastów, obalenie lub potwierdzenie tezy o genetycznej, morfologicznej i kulturowej homogeniczności populacji zamieszkującej Wielkopolskę w wiekach X–XII oraz weryfikacja hipotez dotyczących rodzimego lub obcego pochodzenia Piastów i elit państwa, którym rządzą. Wyniki oparte o tego typu dane zaliczane są już wprawdzie do archeogenetyki, lecz ze względu na ich odniesienie do dynastii Piastów zyskują też wymiar genealogiczny. Dotychczas ukazały się jedynie częściowe wyniki, niepozwalające jeszcze na dokładną analizę omawianych zjawisk.

Do innych przedsięwzięć wykorzystujących materiał genetyczny w celu ustalania faktów historycznych można zaliczyć badanie szczątków ludzkich odnajdowanych w miejscach grzebania ofiar reżimu komunistycznego, na przykład w kwaterze na „Łączce” w Warszawie czy na cmentarzu komunalnym przy ulicy Panewnickiej w Katowicach³⁶. Dość ciekawego odkrycia dokonali także badacze projektu „Kultura funeralna elit Rzeczypospolitej od XVI do XVIII wieku na terenie Korony i Wielkiego Księstwa Litewskiego. Próba analizy interdyscyplinarnej”, prowadzonego przez prof. Annę Drązkowską z Instytutu Archeologii Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu. Z zębów oraz kości udowej szkieletu księcia mazowieckiego Janusza wyizolowane zostało DNA chromosomu Y, co pozwoliło po raz pierwszy na określenie haplogrupy, do której należeli przedstawiciele rodu Piastów³⁷.

■ 35 *Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych*, [@:] <https://www.ncn.gov.pl/finansowanie-nauki/przyklady-projektow/figlerowicz>, dostęp: sierpień 2018.

36 K. Szwaagrzyk, *Policzyć dokładnie, zawołać po imieniu, opatrzyć na drogę... Badania i prace ekshumacyjne Biura Poszukiwań i Identyfikacji IPN*, [@:] <https://ipn.gov.pl/pl/aktualnosci/47896>, *Policzyc-dokladnie-zawolac-po-imieniu-opatrzy-na-droge-Badania-i-prace-ekshumac.html*, dostęp: sierpień 2018.

37 *Toruń/ Szczecin/ Genetycy zbadali pochodzenie biologiczne książąt mazowieckich*, [@:] <http://naukawpolsce.pap.pl/aktualnosci/news%2C413863%2Ctorun-szczecin-genetycy-zbadali-pochodzenie-biologiczne-ksiazat-mazowieckich.html>, dostęp: sierpień 2018.

W przypadku projektów nieinstytucjonalnych do badań wykorzystuje się próbki pobierane od osób żyjących, a w celu sekwencjonowania DNA korzysta się z usług laboratoriów komercyjnych. Tego rodzaju przedsięwzięcia najczęściej są inicjowane i prowadzone przez przedstawicieli nauk humanistycznych czy społecznych, ale także przez osoby niezwiązane z nauką uniwersytecką, na przykład przez genealogów rodzinnych³⁸. Świadectwem tego, jak popularne są tego typu inicjatywy, może być ich liczba, która na samym portalu Family Tree DNA wynosi ponad 10 tysięcy, z czego ponad 7 tysięcy to projekty poświęcone konkretnym rodom³⁹. W Polsce świadomość możliwości, jakie daje poznanie struktury DNA stopniowo rośnie, choć wydaje się, że jeszcze dużo czasu upłynie nim osiągnie poziom zbliżony do tego w krajach Europy Zachodniej i USA.

Projekt Silesia DNA – założenia i cele

Projekt Silesia DNA jest przykładem projektu nieinstytucjonalnego i w dodatku stosunkowo młodego. Zapoczątkowany został w kwietniu 2016 roku i nadal jest w fazie rozwojowej. Jego początki związane są z narzędziami udostępnionymi w ramach portalu FTDNA. Początkowo analizy odbywały się na bazie próbek DNA osób, które wykonały badanie właśnie w tym laboratorium. Obecnie zakres działania został poszerzony i pod uwagę brane są wyniki badań wykonanych w dowolnym ośrodku.

Omawiany projekt jest administrowany przez członków Górnośląskiego Towarzystwa Genealogicznego, a także osoby z nim niezwiązane, ale aktywnie działające w środowisku genealogów genetycznych⁴⁰. Pozwala to na utrzymanie odpowiedniego poziomu merytorycznego, zarówno

■ 38 Autor uważa, że podział na genealogów profesjonalnych (uniwersyteckich) i nieprofesjonalnych (amatorów) nie odpowiada panującym dziś realiom. Niejednokrotnie osoba niemająca wykształcenia historycznego posiada znaczenie większą wiedzę i umiejętności w zakresie prowadzenia badań genealogicznych niż naukowiec, który ma w tym zakresie akademickie przygotowanie, ale na co dzień nie zajmuje się tą dziedziną. Wobec tego bardziej precyzyjne wydaje się określenie genealog rodzinny. Określenie to w wystarczający sposób wskazuje na ograniczenie pola badawczego do własnej rodziny lub grupy osób spokrewnionych i spowinowaconych, lecz nie narzuca od razu określenia mogącego sugerować brak odpowiednich kompetencji.

39 FTDNA – *Surname & Geographical Projects*, [a:] <https://www.familytreedna.com/projects.aspx>, dostęp: sierpień 2018.

40 W Górnośląskim Towarzystwie Genealogicznym „Silius Radicum” administratorami są: Krzysztof Bulla, Damian Jureczko i Joanna Skowron-Szalach. Środowisko genealogów genetycznych reprezentują: Robert Gabel, Eryk Jan Grzeszkowiak, Łukasz Lubicz Łapiński, Artur Martyka.

z dziedziny genealogii genetycznej, jak i genealogii tradycyjnej, ze szczególnym uwzględnieniem obszaru Śląska.

Projekt Silesia DNA ma za zadanie odkrycie bogatego dziedzictwa genetycznego Ślązaków i ich potomków. Jego cechą charakterystyczną jest wieloaspektowe podejście do wykorzystania informacji uzyskiwanych z DNA do badań naukowych. Jednakże, aby jakiegokolwiek analizy były możliwe, konieczne jest zebranie odpowiedniej bazy danych. W genealogii genetycznej można zauważyć pewną zależność – im więcej osób wykona badanie i udostępni jego wyniki, tym większą korzyść uzyska cała społeczność. Skuteczność metod stosowanych w tej nauce zależy bowiem od tego, czy w bazie danych znajduje się wystarczająca liczba osób, których wyniki badań DNA można porównać.

Gromadzenie i przetwarzanie informacji pochodzących z sekwencjonowania DNA stwarza pewne problemy. Poważnym utrudnieniem jest wciąż wysoki koszt, który uniemożliwia finansowanie badań bez uzyskania zewnętrznej dotacji. W grę wchodzi także ograniczenia prawne, a zwłaszcza ochrona danych osobowych. Specyfika projektu wymaga ponadto przestrzegania sztywnych ram terytorialnych i czasowych, w oparciu o które będą gromadzone próbki.

Współczesne granice administracyjne Polski czy Czech niewiele mają wspólnego z rzeczywistym przebiegiem granic historycznych, kulturowych czy językowych. Nie mogły się zatem stać podstawą do określenia ram terytorialnych projektu, który skupia się na analizie określonej grupy etnicznej⁴¹. Konieczne było ich wytyczenie w oparciu o inne kryteria. Najbardziej odpowiednie wydało się przyjęcie historycznych granic Śląska. Zasięg terytorialny projektu obejmuje zarówno historyczny Dolny Śląsk, czyli teren dawnych księstw brzeskiego, głogowskiego, jaworskiego, legnickiego, nyskiego, oleskiego, świdnickiego, wrocławskiego, wołowskiego, ziębickiego, żagańskiego wraz z wolnymi państwami stanowymi milickim, sycowskim, żmigrodzkim, bytomsko-odrzańskim, jak i obszar historycznego Górnego Śląska, czyli teren dawnych księstw cieszyńskiego, karniowskiego, opawskiego, opolskiego, raciborskiego, a także wolnych państw stanowych bytomskiego i pszczyńskiego. Ponadto ze względu na silne związki z tymi ziemiami w projekcie wzięto pod uwagę także teren dawnego hrabstwa kłodzkiego oraz księstwa krośnieńskiego.

■ 41 Zachodnia część województwa śląskiego składa się obecnie z ziem należących do historycznego Górnego Śląska, zaś wschodnia to Małopolska. W przypadku województwa dolnośląskiego w jego skład wchodzi historyczny Dolny Śląsk, Łużyce i hrabstwo kłodzkie. Województwo lubuskie to zlepek wielu regionów, takich jak Dolny Śląsk, Łużyce, ziemia lubuska oraz Wielkopolska.

Ramy czasowe projektu zostały ustalone z uwzględnieniem zmian składu etnicznego, jakie zachodziły na Śląsku na przestrzeni dziejów. Region ten wielokrotnie doświadczał dużych strat ludności, jak i napływu nowych mieszkańców. Jednym z celów projektu jest próba uchwycenia tych zmian w kontekście genetycznym. Biorąc pod uwagę możliwość uzyskania w przyszłości danych ze szczątków kopalnych miejscowej populacji, nie wyznaczono dolnej granicy czasowej projektu i z konieczności będzie ona tożsama z datą najstarszych zachowanych śladów ludzkich z badanego obszaru, które będą mogły być poddane sekwencjonowaniu DNA.

Inaczej jest w przypadku górnej granicy czasowej. Postanowiono, aby do Projektu Silesia DNA przyjmować wyniki badania DNA osób (lub ich przodków), które urodziły się na Śląsku co najmniej przed 1939 rokiem. Śmierć tysięcy Ślązaków podczas II wojny światowej, jak i masowe przesiedlenia po jej zakończeniu, zmieniły obraz tego regionu. Na Dolnym Śląsku doszło do niemal całkowitej wymiany ludności⁴². Była to pierwsza tak gwałtowna i drastyczna zmiana demograficzna w dziejach tych ziem, mimo że na przestrzeni ostatnich 400 lat dochodziło do wielkich konfliktów wyniszczających Śląsk, takich jak I wojna światowa, wojny śląskie czy wojna trzydziestoletnia⁴³.

Czynniki historyczne nie są jedynymi, które brano pod uwagę przy wyznaczaniu tej cezurę czasowej. Nic nie stałoby na przeszkodzie, aby dokonać analizy całościowej, uwzględniając zmiany, jakie zaszły od 1939 roku do współczesności. Zwrócono jednak uwagę na znaczną mobilność ludności urodzonej w tym okresie. Część tego pokolenia nadal żyje i może w każdej chwili opuścić obszar uwzględniany w projekcie. Z drugiej strony wiele osób mieszkających współcześnie na Śląsku urodziło się poza jego granicami. Analiza okresu powojennego wymagałaby zatem zbierania wielu szczegółowych danych osobowych, co stanowiłoby dodatkową komplikację. Jest to jeden z głównych powodów odrzucenia okresu od 1939 do współczesności. Nie jest jednak wykluczone, że w przyszłości i ten przedział czasowy zostanie uwzględniony w projekcie.

W ramach Projektu Silesia DNA zbierane są dane z trzech rodzajów sekwencjonowania DNA: chromosomu Y, chromosomów autosomalnych i X oraz DNA mitochondrialnego. W przypadku pierwszego z nich podstawową informacją jest haplogrupa, do której należy dana osoba, bez względu na to, czy będzie ona ustalona w oparciu o badanie STR czy

■ 42 E. Kaszuba, *Dzieje Śląska po 1945 roku*, [w:] *Historia Śląska*, red. M. Czaplinski, Wrocław 2007, s. 493–505.

43 Ibidem, s. 183–186.

określonych SNP-ów. Dotychczas w bazie projektu zgromadzona została liczba danych pozwalająca na wykonanie pierwszych analiz. Zostaną one przedstawione w dalszej części artykułu.

Prezentacja wyników badań autosomalnych wymaga znacznie bardziej skomplikowanej metody porównywania danych niż w przypadku YDNA czy mtDNA. Najczęściej sekwencja DNA jest poddawana obliczeniom przez kalkulator etniczny, który określa procentowo podobieństwo do kilku lub kilkunastu różnych komponentów⁴⁴. Uzyskane wyniki poddaje się następnie analizie głównych składowych (PCA), co umożliwi ich prezentację na wykresie dwuwymiarowym. Wówczas, poprzez porównanie dystansu między punktami, w przystępny sposób można zobrazować różnice i podobieństwa pod względem genetycznym między osobami znajdującymi się w bazie projektu, czy też między nimi a innymi grupami etnicznymi. Zebrane w bazie projektu wyniki badań DNA nie pozwalają jeszcze na wyczerpującą analizę. Wydaje się jednak, że w niedalekiej przyszłości, po pokonaniu trudności technicznych związanych ze stworzeniem narzędzia do PCA, możliwe będzie zaprezentowanie wstępnych wyników.

Stosunkowo najmniej udało się zebrać wyników badań DNA mitochondrialnego. Z tego powodu mogą one być skutecznie wykorzystane jedynie do analizy w obrębie poszczególnych rodów, gdyż dla celów analizy rozmieszczenia terytorialnego są niewystarczające.

Dużym problemem projektów niemających zewnętrznego finansowania jest wysoki koszt badań. Uniemożliwia on swobodne kreowanie bazy próbek w oparciu o założone z góry cele. Obecnie cena jednego badania autosomalnego wynosi około 300–450 zł, badania chromosomu Y obejmującego 37 markerów 630 zł, a pełna sekwencja YDNA to wydatek sięgający nawet 2400 zł⁴⁵. Przeniesienie tych wszystkich wydatków na inicjatywę oddolną uniemożliwiłoby rozpoczęcie funkcjonowania jakiegokolwiek projektu nieinstytucjonalnego. Jednak, ze względu na rosnącą popularność prywatnych badań genetycznych, pojawiła się możliwość przezwyciężenia tego ograniczenia. Osoby zainteresowane swoją przeszłością pokrywają koszt badania z własnych środków. Uzyskane w ten sposób wyniki są udostępniane w bazie projektu. Jego administratorzy

■ 44 Narzędzia, takie jak kalkulatory etniczne, oferuje strona: <https://www.gedmatch.com/> oraz <https://dna.land/>.

45 W przypadku najpopularniejszych laboratoriów zagranicznych koszt jednego badania zależy od kursu dolara lub euro, dla przykładu za badanie autosomalne w Ancestry DNA trzeba zapłacić 99 euro, w 23andme 99\$, a w FTDNA 79\$. Za badanie obejmujące 37 markerów w FTDNA należy zapłacić 129\$, pełna sekwencja w tej firmie to koszt 650\$, a konkurencyjnej FullGenomes 645\$.

w zamian za uzyskane dane starają się udzielać pomocy merytorycznej przy ich analizie. Podobnie jest w przypadku Projektu Silesia DNA, w ramach którego można uzyskać wsparcie w ustalaniu swojego pochodzenia także metodą genealogii tradycyjnej, co ma duże znaczenie dla późniejszej interpretacji badań DNA.

Niektóre działania podejmowane w ramach omawianego projektu bezpośrednio wspomagają genealogię tradycyjną, na przykład prowadzenie czy wspieranie rozwoju projektów rodowych (nazwiskowych), tworzenie filogenetycznego drzewa Ślązaków, promocja i świadczenie pomocy w interpretacji wyników badań czy potwierdzanie lub wykluczanie pokrewieństwa badanych osób. Istotnym zagadnieniem podejmowanym w ramach projektu jest analiza terytorialnego zróżnicowania haplogrup chromosomu Y na Śląsku w okresie między XVI a XX wiekiem oraz porównanie ich procentowego udziału⁴⁶. Uzupełnia ona wiedzę na temat przeszłości poszczególnych śląskich rodów.

W ramach Projektu Silesia DNA rozważa się także możliwość wykorzystania danych z odkryć aDNA w celu porównania ich z próbkami znajdującymi się w bazie. Pozwoliłoby to na potwierdzenie lub zaprzeczenie teorii o ciągłości zamieszkiwania ziem śląskich przez tę samą grupę ludności. W przypadku uzyskania szczegółowych wyników możliwe będzie nawet odnalezienie potomków osób, których szczątki odnajdywane są na dawnych cmentarzyskach. Zagadnienia te nie tylko wpisują się w genealogię genetyczną, lecz również dostarczają wielu cennych informacji dotyczących Ślązaków jako odrębnej grupy etnicznej.

Procentowy udział haplogrup na Śląsku

Wyniki badań DNA w postaci udziału haplogrup na danym obszarze najczęściej prezentuje się za pomocą formy tabelarycznej. Podane w ten sposób dane są bowiem interesujące nie tylko dla genealogów genetycznych, ale także dla osób badających zróżnicowanie populacji zamieszkującej poszczególne regiony oraz historię przemieszczania się ludów na przestrzeni wieków. Podobny lub odmienny rozkład procentowy haplogrup Y-DNA może świadczyć odpowiednio o wspólnym lub różnym pochodzeniu męskich mieszkańców poszczególnych państw czy regionów.

■ 46 Wszystkie informacje dotyczące projektu, jak i na bieżąco aktualizowane drzewo filogenetyczne Ślązaków, omówienia projektów rodów nazwiskowych oraz mapę przedstawiającą rozmieszczenie haplogrup chromosomu Y na Śląsku, odnaleźć można na stronie projektu: <http://siliusradicum.pl/projekt-silesia/>.

Zaobserwować można pewne korelacje między obszarami zajmowanymi przez ludy mające korzenie słowiańskie, germańskie czy celtyckie a konkretnymi haplogrupami. Na przykład zauważono, że haplogrupa R1a1 dominuje na obszarach zamieszkiwanych w okresie wczesnego średniowiecza przez ludność zachodniosłowiańską, a więc nie tylko na terenie Polski czy Czech, ale także wschodnich Niemiec⁴⁷. Należy jednak pamiętać, że związek ten nie musi jeszcze oznaczać, iż przodkowie wszystkich przebadanych osób mających tę haplogrupę związani byli w średniowieczu czy we wcześniejszych okresach z tym samym ludem. Kultura, język czy religia są bowiem efektem wpływów niezależnych od wspólnego pochodzenia biologicznego w linii patrylinearnej.

Procentowy udział chromosomu Y na terenie Polski i Niemiec został przedstawiony w artykule *Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis*, w którym autorzy podjęli się porównania 2128 próbek niespokrewnionych ze sobą osób: 913 z nich pochodziło z ośmiu regionów Polski, a 1215 z 11 regionów Niemiec. W większości były pobierane w lokalnych laboratoriach, a więc powinny odzwierciedlać różnice między regionami obu państw⁴⁸.

W tym kontekście najbardziej interesujące dla Śląska są wyniki laboratorium wrocławskiego. Przebadano w nim 101 osób, rezultaty zaprezentowano w tabeli nr 1.

Tabela 1. Udział haplogrup na podstawie wyników laboratorium wrocławskiego

| Haplogrupa | Liczba próbek | Udział procentowy |
|--------------------|---------------|-------------------|
| DExE3b | 0 | 0,00% |
| E3b (M35) | 12 | 11,9% |
| FxI,J2,K,N,P (M89) | 6 | 5,9% |
| I (M170) | 13 | 12,9% |
| J2 (M172) | 2 | 2,00% |
| N3 (M46) | 5 | 5,00% |
| PxR1 (M74) | 1 | 1,00% |
| R1xRa1a (M173) | 13 | 12,90% |
| R1a1 (M17) | 49 | 48,50% |
| Suma próbek | 101 | |

Oprac. K. Bulla na podstawie M. Kayser i in., *Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis*, „Human Genetics” 2005, t. 117, nr 5

■ 47 M. Kayser i in., *Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis*, „Human Genetics” 2005, t. 117, nr 5 (2005).

48 Ibidem.

Warto zaznaczyć, że w porównaniu do innych badanych regionów Polski stosunek procentowy występowania haplogrupy R1a1 był najmniejszy. Zauważyć można także, że dość licznie reprezentowana była haplogrupa E3b, gdyż jej udział obliczono na 11,9%, choć średnia krajowa wynosiła 4,5%. Zaskakująca jest dość niewielka liczba osób z haplogrupą I, stanowiąca jedynie 12,9% ogółu badanych. W laboratoriach w Gdańsku i Szczecinie jej udział wyniósł odpowiednio 21,3% i 21,9%⁴⁹. Ze względu na to, że Projekt Silesia DNA na razie nie bierze pod uwagę badań osób przybyłych na Śląsk po 1939 roku oraz ich potomków, zaprezentowane wyniki wydają się być interesujące pod względem porównawczym do tych, które są rezultatem projektu.

Badania te nie mogą jednak zostać uznane za reprezentatywne dla populacji zamieszkujących przedwojenny Śląsk. Nawet sami autorzy publikacji zaznaczyli, że na skutek wydarzeń z okresu II wojny światowej i krótko po jej zakończeniu zmieniła się jej struktura genetyczna. Mimo to postawili tezę o korelacji między współczesnym zróżnicowaniem haplogrup chromosomu Y na tym obszarze a ludnością słowiańską zamieszkującą go w średniowieczu⁵⁰. Wydaje się, że o ile przed 1939 rokiem można byłoby zauważyć podobną zależność, to w oparciu o uzyskane wyniki badań nie jest możliwe potwierdzenie wspomnianego przypuszczenia.

Warto podkreślić konieczność posiłkowania się genealogią tradycyjną w badaniach genetycznych terenów takich jak Śląsk w przypadkach, gdy pożądane jest uzyskanie danych porównawczych dla ubiegłych epok, w tym dla analiz zjawisk mających miejsce w średniowieczu czy starożytności. Konieczne jest również wytyczanie granic poszczególnych regionów historycznych oraz oddzielanie ludności rodzimej od nowo przybyłej. Jedynie w ten sposób można uniknąć zacierania się potencjalnych różnic lub podobieństw genetycznych na obszarach zamieszkałych przez ludność autochtoniczną o silnym poczuciu odrębności kulturowej, jak ma to miejsce w przypadku Ślązaków czy Kaszubów.

W ramach Projektu Silesia DNA postanowiono wykonać podobną analizę procentowego udziału chromosomu Y, jak ta zaprezentowana powyżej. Ze względu na szczególny sposób pozyskiwania danych przywiązano wagę do tego, aby próba była dobrana prawidłowo pod względem statystycznym oraz jak najlepiej oddawała tendencje panujące w całej populacji. Biorąc pod uwagę specyfikę dokonywanych analiz chromosomu Y, takie aspekty jak status majątkowy, wykształcenie czy wykonywany zawód

dawców próbek nie mają żadnego wpływu na wynik końcowy. Wydaje się zatem, że jedynymi czynnikami, które powinny być uwzględnione są: równomierne rozmieszczenie terytorialne próbek, zapewnienie losowości próby oraz potwierdzenie posiadania przodków zamieszkujących na obszarze Śląska przed 1939 rokiem.

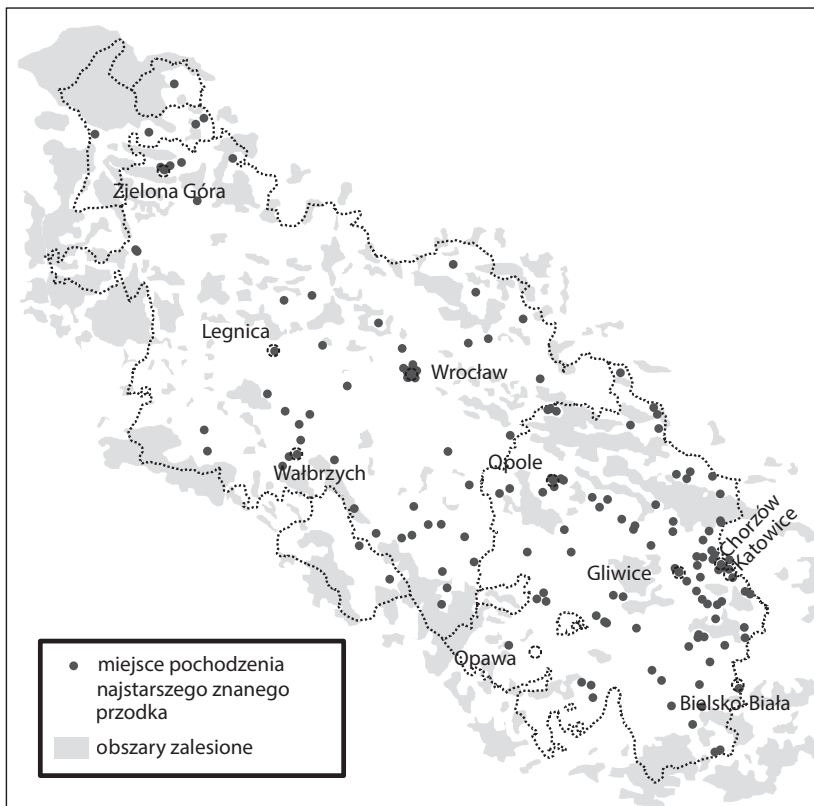
Co do pierwszego czynnika można stwierdzić, że w tym zakresie pokrycie obszaru Śląska nie jest jeszcze w pełni zadowalające, zwłaszcza w przypadku Dolnego Śląska. Pomijając obszary, na których znajdują się większe kompleksy leśne, najsłabiej reprezentowany jest teren dawnego księstwa brzeskiego, głogowskiego oraz legnickiego. Losowość próby zapewniona jest w dużej mierze przez fakt, iż administratorzy nie mają wpływu na to, kto zgłosi się do projektu, zaś w tych razach, w których dołączają do niego osoby należące do wspólnego rodu, liczone są jako jedna próbka. W razie niespełnienia wymogu podania najstarszego znanego przodka urodzonego na Śląsku nie są w ogóle brani pod uwagę. Podobnie dzieje się, gdy informacja o pochodzeniu może budzić uzasadnione wątpliwości lub oparta jest na legendzie rodzinnej.

Miejsca urodzeń najstarszych znanych przodków osób uwzględnionych w Projekcie Silesia DNA przedstawione zostały na mapie 1, na której oznaczono także obszary zalesione. Przy ocenie równomierności rozłożenia próby badawczej należy zauważyć, że tereny zalesione oraz wysokogórskie były znacznie słabiej zasiedlone lub nawet niezasiedlone. Brak lub niewielka liczba próbek z nich pochodzących jest zatem zjawiskiem prawidłowym.

Baza danych jest aktualizowana na bieżąco wraz z przybywaniem informacji o kolejnych przebadanych osobach. W sierpniu 2018 roku łącznie w projekcie zgromadzonych było 166 próbek, dla których wykonano badanie chromosomu Y. W przypadku czterech z nich nie udało się określić dokładnej miejscowości zamieszkania najstarszego przodka na terenie Śląska. Osoby te zostały wliczone do danych obejmujących cały region, nie uwzględniono ich jednak w wynikach z podziałem na Górny i Dolny Śląsk.

Szczegółowe wyniki udziału haplogrup zostały przedstawione w tabeli nr 2. Jak można zauważyć, najwięcej spośród przebadanych na Śląsku osób należało do R1a – aż 37,35% ogółu. Drugą najczęściej występującą okazała się R1b, która stanowiła 19,88%, a trzecią I1 – 12,05% spośród wszystkich próbek. Łącznie ich przedstawiciele stanowią niemal 70% biorących udział w projekcie. Zaprezentowany rozkład najczęściej występujących na

Mapa 1. Miejsca urodzeń najstarszych znanych przodków osób uwzględnionych w Projekcie Silesia DNA



Oprac. K. Bulla

Śląsku haplogrup odbiega od ogólnopolskiego⁵¹. Zauważyć trzeba w szczególności mniejszą liczbę reprezentantów R1a. Udział haplogrupy I1 można uznać za istotnie większy w porównaniu do innych regionów Polski, jednak w zestawieniu z cytowanymi wcześniej wynikami z laboratorium wrocławskiego uzyskane dane są bardzo zbliżone⁵². Najbardziej występującymi haplogrupami okazały się Q i T. Nie stanowi to jednak żadnego zaskoczenia, gdyż ich udział w populacjach europejskich jest niewielki.

■ 51 *Distribution of European Y-chromosome DNA (Y-DNA) haplogroups by country in percentage*, [a:] https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml

52 M. Kayser i in., *Significant genetic differentiation between Poland and Germany...*

Tabela 2. Udział haplogrup na Śląsku na podstawie danych zebranych w Projekcie Silesia DNA

| Haplogrupa | Liczba osób | Udział procentowy |
|-------------|-------------|-------------------|
| E | 11 | 6,63% |
| G | 7 | 4,22% |
| I1 | 20 | 12,05% |
| I2 | 12 | 7,23% |
| J1 | 3 | 1,81% |
| J2 | 12 | 7,23% |
| N | 4 | 2,41% |
| Q | 1 | 0,60% |
| R1a | 62 | 37,35% |
| R1b | 33 | 19,88% |
| T | 1 | 0,60% |
| Suma próbek | 166 | |

Oprac. K. Bulla

Trzeba jednak zauważyć, iż przedstawione wyniki mogą nie być w pełni reprezentatywne. Jak już było to częściowo komunikowane, wynika to z faktu, iż obszar badawczy jest stosunkowo duży, a próba niezbyt jeszcze liczna. Ponadto ujawniają się pewne wady zastosowanej metody. Otóż istnieje podejrzenie, że przedstawiciele haplogrup J1, J2, oraz G i E mogą być nadreprezentowani, gdyż stanowią łącznie 19,89% ogółu bazy. Jest to wynik dość wysoki w stosunku do średniego wyniku dla całego kraju obliczanego na 7,5%⁵³.

Wspomniane haplogrupy są dość charakterystyczne dla osób pochodzących z Bliskiego Wschodu lub północnej Afryki⁵⁴. Częściowo ich występowanie na Śląsku przed 1939 rokiem jest związane z ludnością o korzeniach żydowskich. Nadreprezentacja jest być może wynikiem tego, że rodziny te jeszcze przed lub zaraz po II wojnie światowej wyemigrowały do Stanów Zjednoczonych lub Izraela, w których genealogia genetyczna jest silnie spopularyzowana, a poszukiwanie przodków bardzo częstym zajęciem. Może się to przekładać na większą liczbę przeba-

■ 53 *Distribution of European Y-chromosome DNA (Y-DNA) haplogroups by country in percentage*, [a:] https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml, dostęp: sierpień 2018.

54 *Haplogroup J1 (Y-DNA)*, [a:] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_J1_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018; *Haplogroup J2 (Y-DNA)*, [a:] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_J2_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018; *Haplogroup G2a (Y-DNA)*, [a:] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_G2a_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018; *Haplogroup E1b1b (Y-DNA)*, [a:] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_E1b1b_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018.

danych niż w przypadku Ślązaków, którzy mieszkają w Polsce, Czechach czy Niemczech.

W ustaleniu proporcji, jaką stanowiła ludność żydowska, można oprzeć się na statystyce wyznań ludności zamieszkującej Prowincję Śląską⁵⁵ w 1900 roku. Na 4 668 857 mieszkańców tej jednostki administracyjnej tylko 47 586 osób było wyznania mojżeszowego, stanowiąc tym samym 1% populacji tego terytorium. Jest to znacznie mniej niż wynik uzyskany łącznie dla haplogrup J1, J2 oraz G i E, co potwierdza przypuszczenie o nadreprezentacji. Z drugiej strony należy pamiętać, iż występowały one także u osób niemających pochodzenia żydowskiego. Jako przykład można uznać omówiony w dalszej części artykułu ród Jureczko, który zalicza się do J2. Wydaje się jednak, że osoby takie stanowią wyraźną mniejszość w tych haplogrupach.

Zaprezentowane wcześniej wyniki dla całego Śląska można także przedstawić z rozbiem na Górny i Dolny Śląsk, co pokazano w tabeli nr 3. Zauważyć należy zarysowujące się różnice między tymi regionami. W szczególności niższy udział procentowy R1a oraz wyższy R1b na Dolnym Śląsku. W obu przypadkach haplogrupa I1 stanowi istotny odsetek o porównywalnych wartościach.

Tabela 3. Porównanie udziału haplogrup na Górnym i Dolnym Śląsku na podstawie danych zebranych w Projekcie Silesia DNA

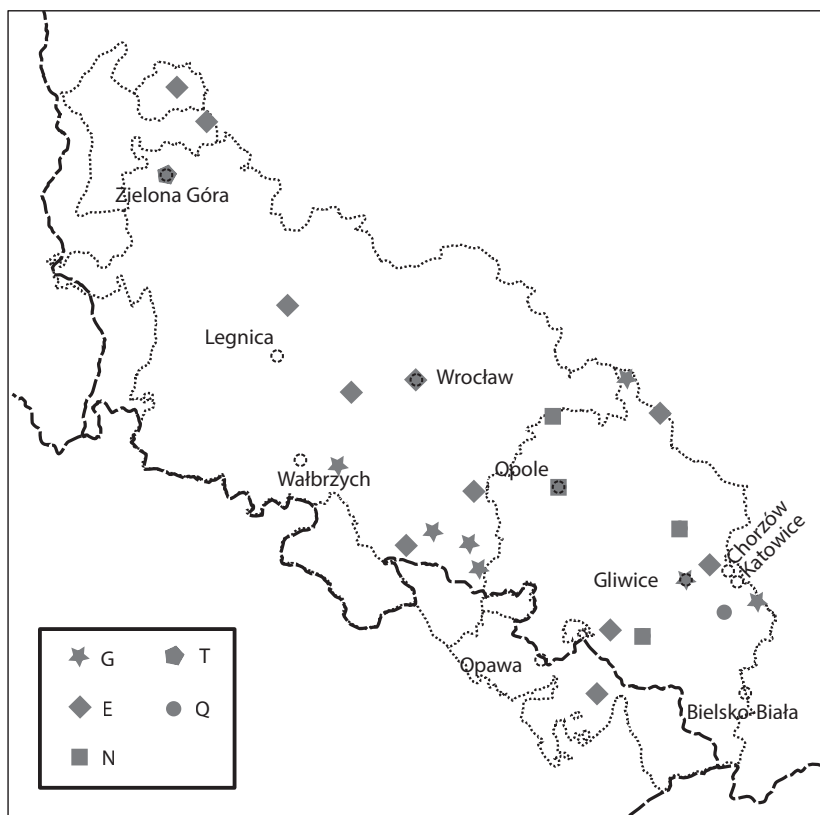
| Dolny Śląsk | | | Górny Śląsk | | |
|-------------|-------------|-------------------|-------------|-------------|-------------------|
| Haplogrupa | Liczba osób | Udział procentowy | Haplogrupa | Liczba osób | Udział procentowy |
| E | 7 | 10,45% | E | 4 | 4,40% |
| G | 4 | 5,97% | G | 3 | 3,30% |
| I1 | 8 | 11,94% | I1 | 10 | 10,99% |
| I2 | 3 | 4,48% | I2 | 7 | 7,69% |
| J1 | 0 | 0,00% | J1 | 3 | 3,30% |
| J2 | 6 | 8,96% | J2 | 5 | 5,49% |
| N | 0 | 0,00% | N | 3 | 3,30% |
| Q | 0 | 0,00% | Q | 1 | 1,10% |
| R1a | 22 | 32,84% | R1a | 37 | 40,66% |
| R1b | 16 | 23,88% | R1b | 17 | 18,68% |
| T | 1 | 1,49% | T | 0 | 0,00% |
| Suma próbek | 67 | | Suma próbek | 91 | |

Oprac. K. Bulla

■ 55 Statystyka sporządzona dla Prowincji Śląskiej (Provinz Schlesien) nie obejmowała Śląska Czeskiego uwzględnionego w projekcie Silesia DNA oraz ziemi krośnieńskiej i świebodzińskiej, nie powinno to jednak zaburzać istoty omawianego zjawiska.

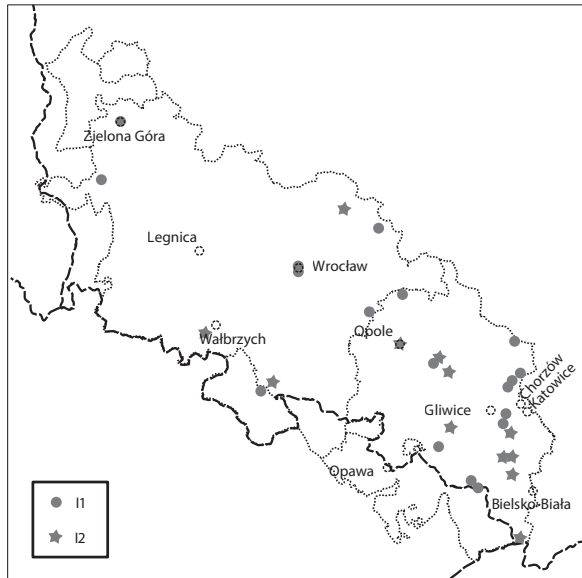
Zebrane w ramach Projektu Silesia DNA informacje o pochodzeniu najstarszego znanego przodka zostały przedstawione także w formie kartograficznej. Mapy nr 2–6 przedstawiają przestrzenne rozmieszczenie haplogrup wśród osób uwzględnionych w bazie projektu, w oparciu o miejsce zamieszkiwania najstarszego znanego męskiego przodka. Obejmują one zbiorczo okres od XVI do XX wieku, lecz wraz z przyrostem próbek, a także rozbudową wywodów przodków o kolejne pokolenia, możliwe będzie wydzielenie okresów i śledzenie zmian, jakie zachodziły na przestrzeni wieków pod względem genetycznego zróżnicowania.

Mapa 2. Występowanie haplogrup Q, N, E, G, T na obszarze historycznego Śląska w świetle wstępnych wyników Projektu Silesia DNA



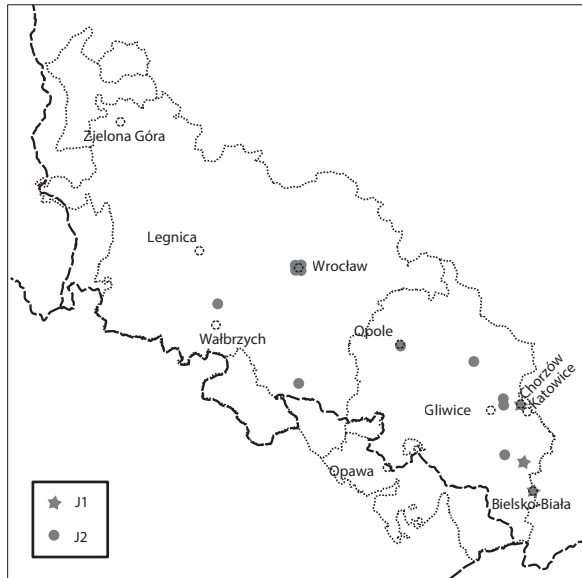
Oprac. K. Bulla

Mapa 3. Występowanie haplogrup I1, I2 na obszarze historycznego Śląska w świetle wstępnych wyników Projektu Silesia DNA



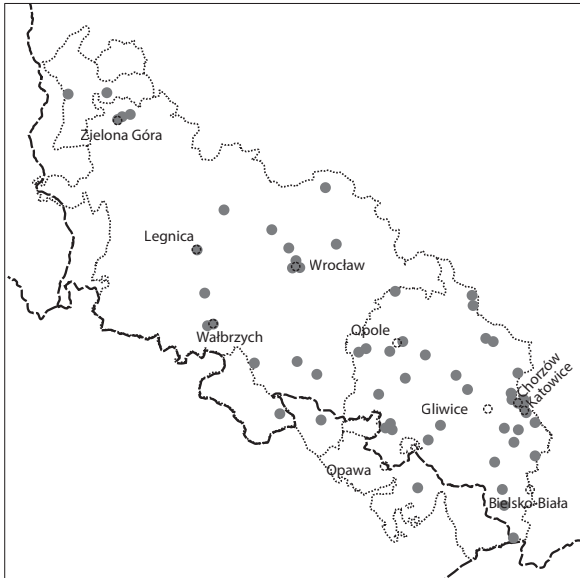
Oprac. K. Bulla

Mapa 4. Występowanie haplogrup J1, J2 na obszarze historycznego Śląska w świetle wstępnych wyników Projektu Silesia DNA



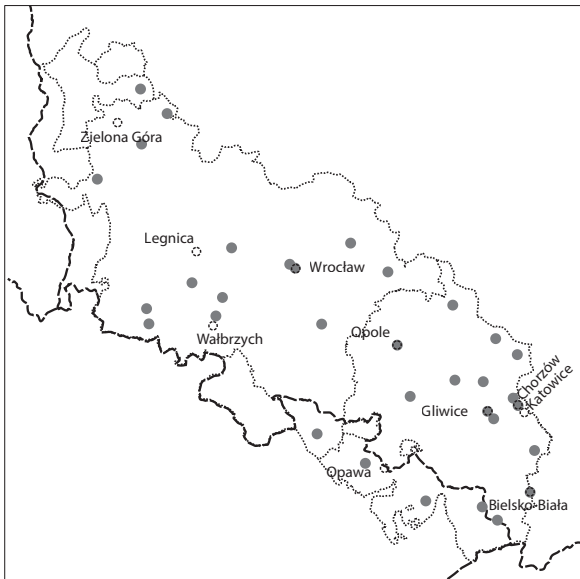
Oprac. K. Bulla

Mapa 5. Występowanie haplogrupy R1a na obszarze historycznego Śląska w świetle wstępnych wyników Projektu Silesia DNA



Oprac. K. Bulla

Mapa 6. Występowanie haplogrupy R1b na obszarze historycznego Śląska w świetle wstępnych wyników Projektu Silesia DNA



Oprac. K. Bulla

W ramach projektu tworzone jest także drzewo filogenetyczne osób, których dane znajdują się w bazie. Przedstawienie ich w ten sposób pozwala zobrazować, czy i jak wszyscy Ślązacy są ze sobą spokrewnieni w linii męskiej, a także dlaczego tak ważne jest pogłębianie badań chromosomu Y. Test DNA badający jedynie 12–16 markerów pozwala zazwyczaj na określenie ogólnej haplogrupy i najczęściej nie daje prawie żadnych informacji na temat poszczególnych subkładaów. Ustalanie haplogrupy w oparciu o STR odbywa się bowiem na podstawie predykcji. Do obliczenia prawdopodobieństwa służą specjalne narzędzia⁵⁶, które pomagają w przyporządkowaniu uzyskanego wyniku do określonej haplogrupy. Jednak nie dają one gwarancji ustrzeżenia się od pomyłki. Czasami konieczne jest uszczegółowienie badań⁵⁷.

Od rodzaju wykonanego testu DNA (liczby przebadanych markerów STR lub SNP) zależy jego przydatność dla celów genealogicznych. Samo określenie, że na przykład dana osoba jest przedstawicielem haplogrupy R1a w oparciu o badanie 12 markerów, nie daje praktycznie żadnej informacji na temat pochodzenia. Zmiana ta powstała około 20 000–27 000 lat temu na Bliskim Wschodzie. Od tego momentu jej posiadacze rozprzesztrzenili się na wszystkie kontynenty – są członkami wielu różnych narodów, mówią różnymi językami i kultywują różne obyczaje. Haplogrupa R1a ma równie duży udział wśród ludności słowiańskiej (Serbołużyczanie, Polacy, Ukraińcy), jak i turecko-mongolskiej (Kirgizi) czy irańskiej (Paszuni, Tadzycy)⁵⁸.

Niewiele można także dowiedzieć się na temat krewnych, gdyż nawet zgodność wyniku na wszystkich 12 markerach nie daje pewności, iż pokrewieństwo ma miejsce w czasach historycznych.

■ 56 Genealodzy genetyczni do predykcji haplogrup w oparciu o wartości poszczególnych polimorfizmów mikrosatelitarnych (STR) często korzystają z takich narzędzi jak: NEVGEN (<http://www.nevgen.org/>) czy Haplogroup Predictor (<http://www.hprg.com/hapest5/>).

57 Sytuacja taka miała miejsce w przypadku osoby nr 9 z rodu Mitrengów – wątek ten szerzej opisano w kolejnym podrozdziale. Po wprowadzeniu wartości 12 markerów STR do NEVGEN jako najbardziej prawdopodobna określona została haplogrupa D, a dokładnie subkład D-CTS3097 (D1b1), w oparciu o 14 markerów STR analiza wykazała jako właściwą haplogrupę G i przynależność do podgrupy G-M3155 (G2b), dopiero przy uwzględnieniu wartości 16 markerów STR uzyskano prawidłową haplogrupę, czyli I1. W dodatku najprawdopodobniej badana osoba ma należeć do subkładu I-L621 (I2a1b3).

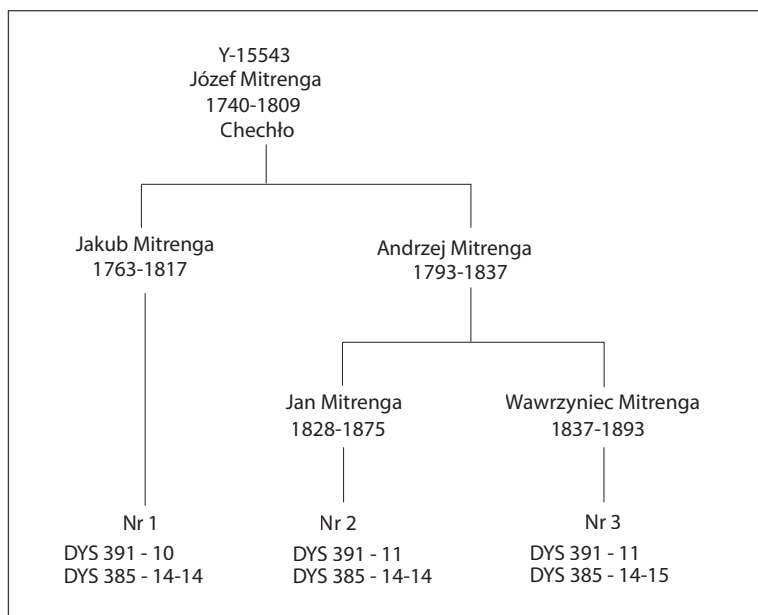
58 *Haplogroup R1a (Y-DNA)*, [@:] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1a_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018.

Wykorzystanie DNA do ustalania historii rodu

W przypadku, gdy dokonywana jest analiza danych dla osób pochodzących z jednego rodu, kwestia wielkości próby badawczej nie odgrywa większego znaczenia. Zastosowanie znajduje metoda porównawcza, a dobór osób następuje ze względu na noszenie wspólnego nazwiska lub w oparciu o podobieństwo genetyczne. Ustalić je można w oparciu o markery DNA, porównując u obu osób liczbę powtórzeń tandemowych w poszczególnych *loci* lub sprawdzając, czy porównywane osoby są nosicielami tych samych SNP.

Przykładem praktycznego zastosowania wyników genealogii genetycznej może być analiza wykonana dla rodu Mitrengów. W bazie znajduje się obecnie dziewięciu przebadanych mężczyzn noszących to nazwisko. Za pomocą metod genealogii tradycyjnej udało się ustalić, że trzy osoby z tego rodu (nr 1–3) mają wspólnego przodka, którym był Józef Mitrenga żyjący w latach 1740–1809 w Chechle (obecnie Świerklaniec). Mając na uwadze, iż pokrewieństwo prawne nie zawsze jest zbieżne z genetycznym, gdyż w którymś momencie mogło dojść do NPE, jedyną metodą rozwiązania wątpliwości było przeprowadzenie badań DNA. W omawianym przy-

Wykres 1. Wykres potomków rodu Mitrenga z Chechła o haplogrupie Y-15543



Oprac. K. Bulla

padku wykazało ono, iż wymienieni przedstawiciele rodu (nr 1–3) mają ten sam SNP o nazwie Y15543⁵⁹. Ocenia się, że zmiana ta powstała na przełomie VI i VII wieku i pojawia się u przedstawicieli zamieszkujących obecnie tereny Polski i Niemiec⁶⁰. Jest to wystarczające potwierdzenie, iż w danym przypadku nie doszło do NPE, każdy inny wynik niż Y15543 będzie świadczył, że dana osoba nie jest spokrewniona w linii męskiej z rodem Mitrengów z Chechła.

DNA ciągle ulega drobnym zmianom, przez co możliwe jest zauważenie nawet niewielkich różnic, także w obrębie jednego rodu. W omawianym przypadku badanie STR obejmujące 12 markerów wykazało, że każdy z trójki przebadanych przedstawicieli rodu Mitrengów miał przynajmniej jedną zmianę, która różniła go od pozostałych. Największy odstęp genetyczny dzieli przedstawicieli rodu wywodzącego się od Jakuba Mitrengi i Wawrzyńca Mitrengi (por. wykres 1), gdyż są to różnice na markerach DYS391 i DYS385, które dla przedstawiciela pierwszego rodu przyjmują odpowiednio wartości 10 i 14–14, a dla trzeciego 11 i 14–15⁶¹.

Można domniemywać, iż zmiana na markerze DYS391 zaszła u Jakuba lub Andrzeja, czyli u jednego z synów Józefa Mitrengi, a następnie była dziedziczona przez potomków. Natomiast różnica na markerze DYS385 zaszła najprawdopodobniej u Wawrzyńca lub któregoś z jego potomków, o czym może świadczyć fakt, że zarówno w linii nr 1, jak i 2 marker ten przyjmuje wartość 14–14⁶².

Genealogia genetyczna pozwala na skuteczne wykluczenie lub potwierdzenie pokrewieństwa u osób noszących to samo nazwisko niezależnie od tego, kiedy żył ich wspólny przodek. Jest to niezwykle istotne, gdyż przy stosowaniu metod genealogii tradycyjnej brak źródeł pisanych uniemożliwia potwierdzenie lub zaprzeczenie istnienia jakiegokolwiek związku. Pozostałe pięć osób o nazwisku Mitrenga, które znajdują się w bazie projektu (nr 4–9) ma znacząco odmienne wartości w badaniu STR⁶³, stąd ich pokrewieństwo w linii męskiej z rodem wywodzącym się od Józefa Mitrengi z Chechła zostało wykluczone.

■ 59 *Silesia (Śląsk, Schlesien) – Y-DNA Classic Chart*, [[:]] <https://www.familytreedna.com/public/SilesiaSlaskSchlesien?iframe=yresults>, dostęp: sierpień 2018.

60 *I-Y6343, YFull YTree v6.04.86*, [[:]] <https://www.yfull.com/tree/I-Y6343/>, dostęp: sierpień 2018.

61 *Silesia (Śląsk, Schlesien) – Y-DNA Classic Chart*, [[:]] <https://www.familytreedna.com/public/SilesiaSlaskSchlesien?iframe=yresults>.

62 Ibidem.

63 Ibidem.

Z pewnością można natomiast powiedzieć, że pozostałe pięć osób o tym nazwisku tworzy dwa osobne rody wywodzące się z dwóch różnych części Śląska (wykres 2 i 3). Do drugiego zaliczyć można potomka Jakuba Mitreği (nr 9) żyjącego na przełomie XVIII i XIX wieku w Kuźni Raciborskiej. W oparciu o badanie 37 markerów STR i SNP ustalono, że przynależy on do haplogrupy I-Y3548. Drugą osobą należącą do tego rodu jest potomek żyjącego w XIX wieku Wawrzyńca Mitreği z Mokrego, obecnie dzielnicy Mikołowa (nr 8). W oparciu o badanie obejmujące 25 markerów STR został on zaliczony przez FTDNA do subkladu I-P37⁶⁴. W obu przypadkach podane subklady stanowią część haplogrupy I2, lecz ze względu na zastosowanie w drugim przypadku mniej dokładnego testu, nie udało się uzyskać identycznego wyniku. Nie ulega jednak wątpliwości, że obie osoby są blisko ze sobą spokrewnione. Świadczy o tym tylko jedna zmiana na markerze DYS390 i zgodność na pozostałych 24. Po wprowadzeniu do NEVGEN wartości przebadanych markerów STR osób nr 9 i nr 8 w obu przypadkach jako prawdopodobny w 100% wskazany został subklad I-L621. Ustalono w ten sposób wynik bardziej szczegółowy niż ten określony przez FTDNA⁶⁵.

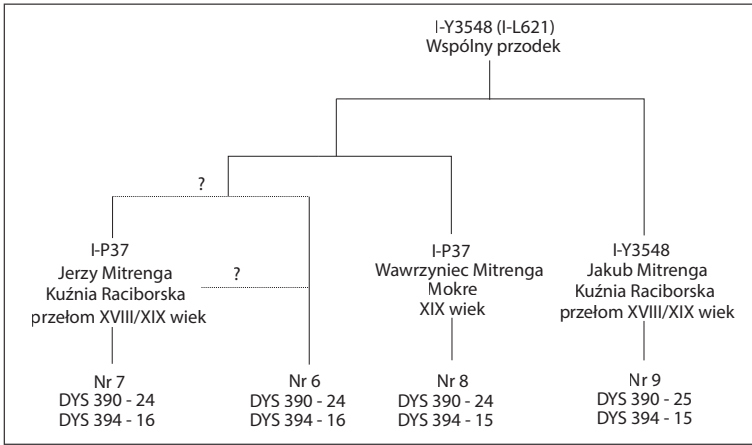
Trzecim przedstawicielem tego rodu jest potomek Jerzego Mitreği z Kuźni Raciborskiej (nr 7). W jego przypadku zbadane zostało jedynie 12 markerów STR, co nie pozwala w sposób pewny na ustalenie haplogrupy. Predykcja dokonana za pomocą NEVGEN wskazała, iż w 46,8% posiadana przez niego haplogrupa to G-M3155 (G2b), w 23% D-M125 (D1b1a), a jedynie 8,7% I-L621 (I2a1b3). Bardzo podobna sytuacja zachodzi w przypadku czwartej osoby (nr 6). Przebadano u niej tylko 12 markerów STR, co jednak nie umożliwiło ustalenia w sposób pewny haplogrupy. Predykcja dokonana za pomocą NEVGEN dała identyczne proporcje, jak w przypadku osoby nr 7.

Pomimo braku ustalenia w sposób pewny haplogrupy badanych o nr 6 i 7 wydaje się, iż z dużym prawdopodobieństwem należy ocenić, iż są także przedstawicielami haplogrupy I-L621, bowiem bardzo podobna sytuacja zaszła w przypadku osoby nr 9, zanim badania nie zostały poszerzone o kolejne 13 markerów STR i testowanie określonych SNP. Ponadto badani nr 6 i 7 charakteryzują się pełną zgodnością na wszystkich 12 markerach STR, a w stosunku do osoby nr 8 różnią się tylko jedną zmianą w *locus* DYS 394, w przypadku zaś nr 9 dwoma zmianami na markerach DYS 390 i 394, co sugeruje, iż jest ona z nimi najdalej spokrewniona.

■ 64 Ibidem.

65 I-L621, YFull YTree v6.06.19, [a:] <https://www.yfull.com/tree/I-L621/>, dostęp: sierpień 2018.

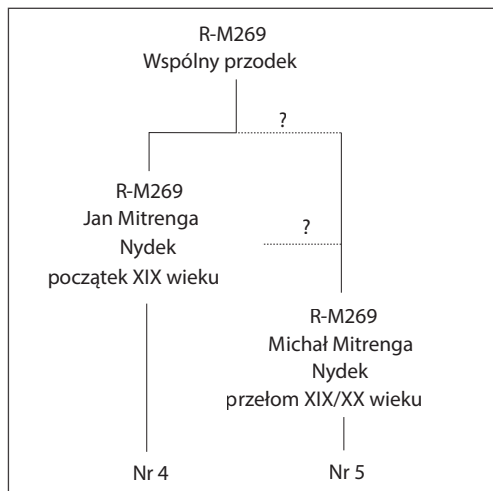
Wykres 2. Przepuszczalny wykres potomków rodu Mitrenga z okolic Kuźni Raciborskiej i Mokrego o haplogrupie I-P37 (I-Y3548)



Oprac. K. Bulla

Trzeci ród o nazwisku Mitrenga tworzą osoby, których przodkowie wywodzą się z Nydka (nr 4–5). Ich rodziny mieszkaly w tej miejscowości w XIX wieku, ale na razie nie udało się ich połączyć metodą genealogii tradycyjnej. Obie osoby wykonały badanie chromosomu Y, obejmujące

Wykres 3. Przepuszczalny wykres potomków rodu Mitrenga z Nydka o haplogrupie R-M269

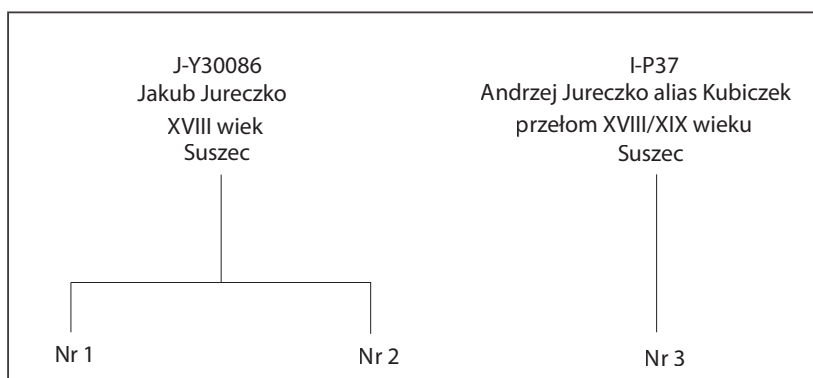


Oprac. K. Bulla

jedynie 12 markerów STR⁶⁶. Wystarczyło to jednak, aby bez żadnych wątpliwości określić, iż są oni przedstawicielami haplogrupy R1b. Ze względu na zamieszkiwanie przez przodków wspomnianych osób badanych tej samej wsi, jak i pełną zgodność dla wszystkich wartości STR, można z dużym prawdopodobieństwem założyć, iż pochodzą od tej samej osoby żyjącej w niedalekiej odległości czasowej. Bardzo możliwe, że wspólnym przodkiem może być Jan Mitrenga urodzony około 1806 roku w Nydku.

Innym przykładem zastosowania metody analizy rodu z użyciem metod genealogii genetycznej może być rodzina Jureczko. W bazie danych projektu znajdują się obecnie trzy osoby noszące to nazwisko. W przypadku dwóch z nich (nr 1 i 2) udało się potwierdzić metodą genealogii tradycyjnej, że są potomkami tego samego mężczyzny, którym był Jerzy Jureczko żyjący pod koniec XVIII wieku w Suszcu. Wyniki badań genetycznych potwierdziły zgodność tych ustaleń, gdyż obaj przebadani zaliczają się do subkladu J-Y26712 (określanego także jako J-Y30086), stanowiącego część haplogrupy J-M102 (J2b), która jest bardzo rzadka nie tylko w Polsce, ale i na terenie całej Europy Środkowo-Wschodniej⁶⁷. Można mieć zatem pewność co do pochodzenia obu osób od wspólnego przodka.

Wykres 4. Wykresy potomków dwóch rodów Jureczko z Suszca o haplogrupach J-Y30086 i I-P37



Oprac. K. Bulla

W przypadku trzeciej osoby (nr 3) noszącej nazwisko Jureczko i mającej przodków z Suszca okazało się, że w świetle badań DNA nie ma ona

66 Ibidem.

67 *Haplogroup J2 (Y-DNA)*, [@:] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_J2_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018.

w czasach historycznych wspólnego przodka w linii męskiej z potomkami Jakuba Jureczki z Suszca (nr 1 i nr 2). Wyjaśnieniem może być to, iż najstarszy dotychczas ustalony przodek w tej linii (nr 3) posługiwał się dwoma nazwiskami, z których jedno nie zostało odziedziczone po ojcu. Osobą tą był urodzony około 1773 roku Andrzej Jureczko alias Kubiczek⁶⁸.

Jeszcze w XIX wieku na ziemi pszczyńskiej, na której leży między innymi Suszec, stosowanie dwóch lub kilku różnych nazwisk dla tej samej osoby wydaje się być dość powszechne. Sytuacja ta miała miejsce w szczególności, gdy mężczyzna kupował lub wżeniał się w czyjeś gospodarstwo⁶⁹. Wówczas on i jego potomkowie mogli występować w dokumentach pod nazwiskiem rodowym ojca, matki lub nazwiskiem poprzednich właścicieli nieruchomości, w której zamieszkiwali. Ponadto należy zauważyć, że już na etapie kształtowania się nazwisk mogło dojść do sytuacji, w której na tym samym obszarze powstały dwa identyczne nazwiska. W omawianym przypadku nazwisko ma charakter odimienny. Końcówka -ko została zapewne dodana w celu zdrobienia i zasygnalizowania, że dana osoba jest synem chłopca o imieniu Jurek (Jerzy). Jednak potomkowie chłopca zwanego Jureczką nie otrzymali nowego przezwiska i zwano ich tak samo jak ich ojca. Doprowadziło to do utrwalenia się tego określenia jako pełnoprawnego nazwiska i dalszego dziedziczenia go przez potomków. Podobnych przypadków nawet w tej samej wsi mogło być więcej, stąd możliwość wystąpienia dwóch identycznych nazwisk odimiennych u niespokrewnionych ze sobą rodów zamieszkujących tę samą miejscowość. To także mogłoby tłumaczyć odmienność genetyczną rodu Jureczko wywodzącą się od Andrzeja Jureczko alias Kubiczka z Suszca.

Badania genetyczne pozwalają także na uchwycenie szerszego kontekstu historycznego i dalszą rozbudowę wywodu przodków, pomimo braku źródeł pisanych. W oparciu o dane, które można uzyskać z projektów badających haplogrupę J2 (w tym przypadku będzie to J-M172⁷⁰ i J-M241⁷¹), oraz drzewo Y-full⁷² odnaleźć można osoby, z którymi ma się

■ 68 *Silesia (Śląsk, Schlesien) – Y-DNA Classic Chart*, [[:]] <https://www.familytreedna.com/public/SilesiaSlaskSchlesien?iframe=yresults>, dostęp: sierpień 2018.

69 K. Orzechowski, *Zmienność chłopskich nazwisk na Górnym Śląsku w XIX wieku*, „Śląski Kwartalnik Historyczny Sobótka” 1957, t. 12, nr 4, s. 557–559.

70 *J2-M172 Project – Y-DNA Classic Chart*, [[:]] <https://www.familytreedna.com/public/J2-M172?iframe=yresults>, dostęp: sierpień 2018.

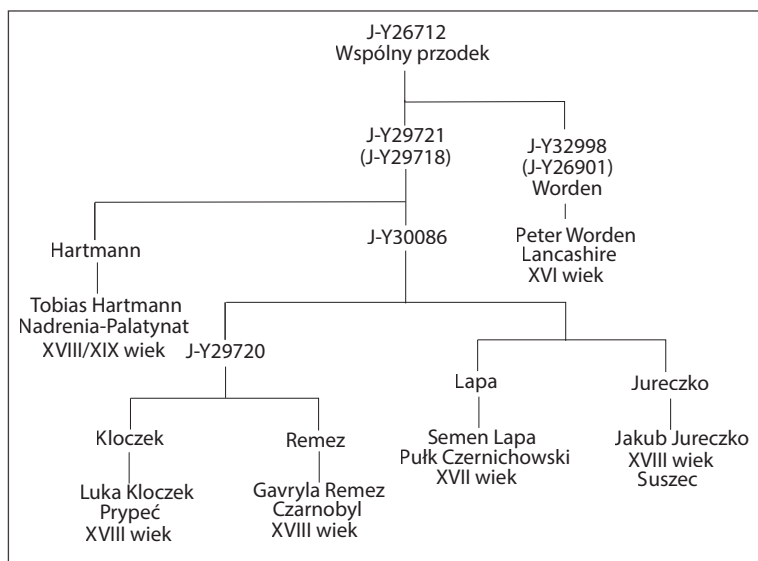
71 *J-M241 PROJECT – Genetic Genealogy Research Project for Y-DNA Hg J-M241 (J2b2) – Y-DNA Classic Chart*, [[:]] <https://www.familytreedna.com/public/m241?iframe=yresults>, dostęp: sierpień 2018.

72 *J-Y26712, YFull YTree v6.04.86*, [[:]] <https://www.yfull.com/tree/J-Y26712/>, dostęp: sierpień 2018.

wspólnego przodka w czasach historycznych. Do subkladu J-Y26712, poza rodziną Jureczko z Suszca, zalicza się obecnie pięć rodów: Hartmann z Niemiec, Worden z Anglii oraz Kloczek, Remez, Lapa z Ukrainy. W ramach tego subkladu są oni ze sobą spokrewnieni w bliższy lub dalszy sposób. Wspomniana zmiana (Y26712) powstała między XII a V wiekiem p.n.e, a wspólny przodek dla wszystkich sześciu rodów żył między X stuleciem p.n.e. a III wiekiem n.e.⁷³.

Ze względu na niewielką wciąż liczbę próbek konieczne jest operowanie dużymi przedziałami czasu. Większa ilość danych porównawczych pozwoliłaby na zawężenie tego zakresu. Jednak z pewnością można stwierdzić, iż ród Worden oddzielił się od polsko-ukraińskiej gałęzi tej haplogrupy najpóźniej w III wieku n.e. Jego potomkowie należą do młodszego subkladu J-Y32998, zaś rody Lapa, Remez, Kloczek, Jureczko i Hartmann do powstałego w podobnym okresie J-Y29718. Jednakże ród Hartmann nie ma SNP Y30086 wspólnego dla pozostałych czterech rodzin, a więc po wykonaniu bardziej szczegółowych badań utworzy on odrębną gałąź w tym subkladzie.

Wykres 5. Wykres pokrewieństwa przedstawicieli haplogrupy J-Y26712



Oprac. K. Bulla

73 J-Y26712, YFull YTree v6.04.86, [[:]] <https://www.yfull.com/tree/J-Y26712/>, dostęp: sierpień 2018; jest to przedział ufności o prawdopodobieństwie wynoszącym 95%.

Ocenia się, że wspólny przodek dla rodów Kloczek, Remez, Lapa i Jureczko żył między II a XII wiekiem⁷⁴. Interpretacja uzyskanych wyników wciąż jest niezwykle trudna, choć możliwe jest stawianie pierwszych tez co do jego pochodzenia. W tym celu należy zwrócić uwagę na ogólną charakterystykę haplogrupy J2 i jej subkladów. Najwięcej osób do niej należących mieszka w południowo-wschodniej Europie oraz na Bliskim Wschodzie, szczególnie w Inguszetii oraz Czeczenii⁷⁵. Podgrupa, do której należą wspomniane wcześniej rody to J-M102 (J2b). Wykształciła się około 30–25 tysięcy lat temu. Wśród obecnych populacji europejskich najczęściej jest spotykana na Bałkanach, zwłaszcza w Kosowie, Albanii i Grecji oraz nad środkową Wołgą w Tatarstanie. Jeszcze niższym subkladem od J-M102 (J2b) jest J-L283 (J2b2a1), najczęściej występujący obecnie na terenie Albanii i Kosowa. Uformował się prawdopodobnie 10 tysięcy lat temu w południowej Europie. Osoby przynależne do tej podgałęzi mieszkają także w Wielkiej Brytanii, Niemczech, Polsce czy Ukrainie, lecz stanowią niewielki procent społeczności tych państw⁷⁶. Pozwala to wnioskować, iż przybycie przedstawicieli tej haplogrupy na teren Górnego Śląska związane było z migracją niewielkiej grupy lub nawet pojedynczej osoby.

W oparciu o miejsca, z których współcześnie pochodzą osoby należące do konkretnego subkladu, społeczność genealogów genetycznych stara się rysować ścieżki rozchodzenia się danej haplogrupy i jej podgrup. Przykładem narzędzia, które umożliwia odtworzenie takiej drogi jest *Phylogeographical Analyzer* na stronie *PhyloGeographer*⁷⁷. Zgodnie z nim, na tereny Górnego Śląska przedstawiciele haplogrupy J-Y29718 (Y30086⁷⁸) przybyli z Ukrainy. Wcześniej mieli mieszkać na terenach Nadrenii oraz Westfalii (Y29721, Z1043). Bardzo możliwe, że stanowili wówczas część ludności kultury halsztackiej. Jako miejsca bytności wcześniejszych pokoleń wskazuje się kolejno Czechy i Morawy (Z631, Z1295), Karyntię i Słowenię (Z1297), Dalmację (Z1296, Z2507, Z628), Bułgarię (Z600). Zauważyć

■ 74 J-Y26712, YFull YTree v6.04.86, [[:]] <https://www.yfull.com/tree/J-Y26712/>, dostęp: sierpień 2018.

75 Haplogroup J2 (Y-DNA), [[:]] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_J2_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018.

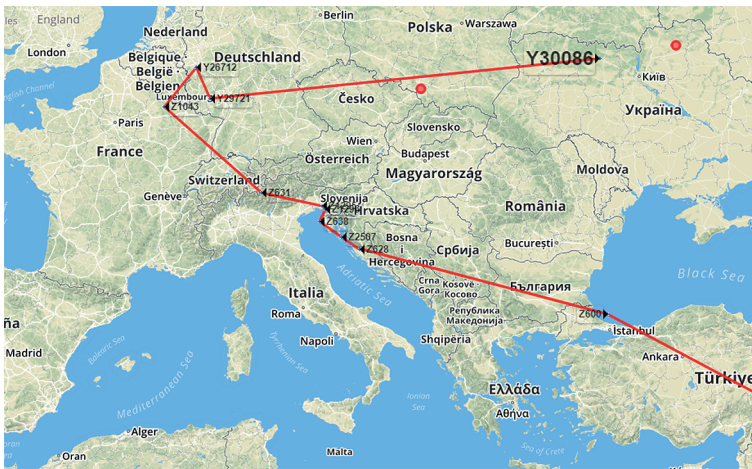
76 Haplogroup J2 (Y-DNA), [[:]] https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_J2_Y-DNA.shtml, dostęp: sierpień 2018.

77 Phylogeographical Analyzer, [[:]] <https://phylogeographer.com/tool/>, dostęp: sierpień 2018.

78 Na stronie *PhyloGeographer* jako SNP charakterystyczny dla rodów Jureczko i Lapa, wskazany został Y30086. Z tego powodu próba wyrysowania wędrowki posiadaczy zmiany Y29718 daje wynik negatywny.

można zatem, iż ludność związana z haplogrupą J2 przesuwała się stopniowo z południowo-wschodniej do centralnej części kontynentu. Jednak nim dotarli do Europy, zamieszkivali Bliski Wschód. Wszystkie wymienione regiony zostały określone w oparciu o przypuszczalne miejsca pojawienia się wymienionych SNP. Wadą tego rozwiązania jest algorytm, który wydaje się być jeszcze bardzo nieprecyzyjny i powinien być traktowany z dużą ostrożnością. Tym bardziej, iż we wrześniu 2018 roku dokonano znaczących zmian w przebiegu trasy, jaką mieli przebyć posiadacze omawianej haplogrupy. Według wcześniejszej wersji algorytmu przedstawiciele J-Y26712 mieli dotrzeć na tereny środkowo-wschodniej Europy z okolic Nadrenii i Westfalii (Z631, Z1043). Wcześniej ich przodkowie mieli zamieszkiwać kolejno obszary Bawarii i Saksonii (Z1297, Z1295), wybrzeże Morza Adriatyckiego (Z615, Z628, Z2507, Z638, Z1296), okolice Lacjum (Z590, Z585), Ligurię (L283), a wyruszyć z południowej Anatolii (M241).

Mapa 7. Próba odtworzenia wędrówki przedstawicieli haplogrupy J-Y30086 na podstawie *Phylogeographical Analyze*



Źródło: PhyloGeographer, [@:] <https://phylogeographer.com/myigrations/>

Na temat rozprzestrzenienia się haplogrupy J2b i jej subkladów pojawiło się wiele innych teorii opartych na częstotliwości jej występowania na określonych terenach. Można do nich zaliczyć te, które łączą się z zasiedleniem Półwyspu Apenińskiego przez Etrusków lub przybyciem do Europy pierwszych rolników neolitycznych. Rozprzestrzenienie się tej haplogrupy na tereny Anglii i zachodnich Niemiec niejednokrotnie próbuje się wiązać z poszerzaniem granic Imperium Rzymskiego oraz stacjo-

nowaniem na podbitych terenach legionów, osiedlaniem się kolonistów i wędrowną kupców⁷⁹.

Wydaje się, że w oparciu o zebrane materiały możliwe jest postawienie pewnych hipotez co do pochodzenia rodu Jureczko. W szczególności należy zwrócić uwagę na miejsce zamieszkania najbliższych krewnych genetycznych. Najstarszym znanym przodkiem dla rodu Remez jest urodzony w XVIII wieku Gavryła Remez z Czarnobyła, dla rodu Kloczek – urodzony w 1761 roku Luka Kloczek z Prypeci⁸⁰. Badania genetyczne wykazały natomiast, że oboje pochodzą od tego samego mężczyzny żyjącego między VIII a XVIII wiekiem⁸¹ i należą do subkladu J-Y29720, który jest oddzielnym w stosunku do rodów Jureczko oraz Lapa. W świetle obecnej wiedzy, to ten ostatni, ukraiński ród jest najbliżej spokrewniony z Jureczkami pochodzącym z Suszca. Jego pierwszym znanym protoplastą był żyjący w XVII wieku w pułku czernichowskim⁸² Semen Lapa.

Stosunkowo bliskie pokrewieństwo rodu Jureczko z mieszkańcami północno-wschodniej Ukrainy pozwala przypuszczać, w jaki sposób przedstawiciele podgrupy J-Y29721 mogli pojawić się na ziemi pszczyńskiej. Jeśli przyjmiemy, iż analiza przedstawiona w *Phylogeographical Analyzer* jest trafna, to subklad ten zrodził się na terenach Nadrenii, a następnie został przeniesiony na teren współczesnej północnej Ukrainy. Z tego obszaru dopiero rozprzestrzeniałby się dalej, w tym między innymi na Górny Śląsk. Biorąc pod uwagę, że znana jest genealogia rodów Kloczek, Remez, Lapa i Jureczko co najmniej do XVIII wieku, ewentualne przybycie na Śląsk przedstawiciela podgrupy J-Y29718 musiało nastąpić przed tym okresem.

Jeżeli wspomniana migracja nastąpiła niedawno, to może być to związane z atakiem wojsk kozackich na ziemię pszczyńską. Jeden z nich miał miejsce w 1587 roku. Wówczas to armia hetmana i kanclerza Jana Zamoyckiego wtargnęła na Śląsk i całkowicie spaliła Mysłowice⁸³. Znaczące w skutkach były także wypady lisowczyków⁸⁴, zwanych polskimi kozaka-

■ 79 *Eupedia forum, Haplogroup J2, Romans, Christianity and Viticulture*, [@:] <https://www.eupedia.com/forum/threads/28988-Haplogroup-J2-Romans-Christianity-and-Viticulture/page4>, dostęp: sierpień 2018.

80 *M102+ Project (J2b, J2b1, J2b2) – Y-DNA Classic Chart*, [@:] <https://www.familytreedna.com/public/m102/default.aspx?section=yresults>, dostęp: sierpień 2018.

81 *J-Y26712, YFull YTree v6.04.86*, [@:] <https://www.yfull.com/tree/J-Y26712/>, dostęp: sierpień 2018.

82 Chodzi w tym przypadku o jednostkę podziału terytorialnego i wojskowego Hetmanatu.

83 A. Sulik, *Historia Mysłowic do 1922 roku*, Mysłowice 2001, s. 65.

84 Była to formacja lekkiej jazdy, która nie pobierała żołdu, lecz utrzymywała się z prawa do zatrzymania łupów wojennych.

mi. W latach 20. XVII wieku pustoszyli oni tereny ziemi pszczyńskiej. Zachowały się także opisy, zgodnie z którymi niezdyscyplinowany oddział kozackich najemników w 1639 roku zajął dla okupu Pszczynę i uwięził jej burmistrza wraz z członkami rady miejskiej, zaś w 1643 roku porwał pszczyńskiego burmistrza i trzymał w Kętach jako zakładnika⁸⁵. Obecność na ziemi pszczyńskiej wojsk rekrutujących się między innymi z ludności zamieszkującej kozacczynę, do której najprawdopodobniej należały rody Kloczek, Remez czy Lapa, stanowi dość silny argument przemawiający za poprawnością tezy o dość późnym przybyciu przodków rodu Jureczko na Śląsk. Jednak biorąc pod uwagę, że wspólny przodek dla wszystkich osób należących do subkladu J-Y29718 żył najpóźniej w III wieku n.e., nie można całkowicie wykluczyć możliwości, że pojawienie się osób noszących ten SNP jest wynikiem znacznie wcześniejszych migracji związanych z wielką wędrówką ludów, a następnie przybyciem Słowian na teren Śląska.

Do innych możliwych hipotez tłumaczących pojawienie się na ziemi pszczyńskiej przedstawicieli subkladu J-Y29718 należy ta, która wiąże ją z Karaimami przybyłymi w orszaku Heleny Korybutówny. Ziemia ta została wydzielona jej jako dożywocie po śmierci męża księcia raciborskiego Jana II Żelaznego. Haplogrupa J2, której podgrupą jest J-Y29718 występuje dość powszechnie w społecznościach karaïmskich⁸⁶. Według legendy jeden z członków orszaku księżnej o imieniu Kałamoj miał osiedlić się w Suszcu. Od niego pochodzą takie nazwy jak Kamojowe Górkki, Kamojowy Potok⁸⁷.

Nie można też wykluczyć, iż pojawienie się J2b na ziemi pszczyńskiej mogło wystąpić jeszcze wcześniej, a droga, jaką pokonali jej przedstawiciele, nie prowadziła przez obszar Dalmacji czy Niemiec, lecz od początku na teren Europy Wschodniej. Świadczy o tym fakt, iż boczną gałęzią subkladu J-Z1048, do którego należy sześć omówionych wcześniej rodów, jest J-Y12000. Na obecną chwilę przynależą do niego wyłącznie Rosjanie, zamieszkujący w większości Republikę Mordowii, a także Tatarstan i Obwód Riazański⁸⁸. Niektórzy z nich deklarują także tatarskie korzenie⁸⁹.

■ 85 J. Polak, *Pszczyna w okresie habsburskim 1517–1740*, [w:] *Pszczyna. Monografia historyczna*, red. R. Kaczmarek, J. Sperka, t. 1, Pszczyna 2014, s. 155–157.

86 K.A. Brook, *The genetics of Crimean Karaites*, [a:] http://www.karam.org.tr/Makaleler/909058854_5-%20Brook.pdf, dostęp: sierpień 2018.

87 B. Cyganek, M. Wróbel, *Perły Ziemi Pszczyńskiej*, Pszczyna 2010, s. 45.

88 *J-Z1043, YFull YTree v6.04.86*, [a:] <https://www.yfull.com/tree/J-Z1043/>, dostęp: sierpień 2018.

89 *J2-M172 Project – Y-DNA Classic Chart*, [a:] <https://www.familytreedna.com/public/J2-M172?iframe=yresults>, dostęp: sierpień 2018.

Nie jest zatem wykluczone, że pojawienie się J-Y29718 może być związane z najazdem tatarskim w XIII wieku.

Na podstawie zebranych dotychczas danych nie da się jednoznacznie ustalić, kiedy i skąd przybył na Śląsk pierwszy przedstawiciel rodu Jureczko. Jednak dzięki pracy genealogów genetycznych na całym świecie możliwe staje się odkrywanie dalekich związków pokrewieństwa, których nie dałoby się ustalić, bazując jedynie na źródłach pisanych. Możliwe jest także postawienie pierwszych hipotez co do pochodzenia poszczególnych rodów, a ich potwierdzenie lub obalenie będzie z pewnością przedmiotem dalszych badań.

Podsumowanie

Genealogia genetyczna jest nauką stosunkowo młodą i nie pozwala jeszcze na definitywne rozstrzygnięcie wielu kwestii. Wynika to z niewielkiej liczby osób, które wykonały i udostępniły wyniki badania DNA. Biorąc pod uwagę spadek cen oraz wzrost popularności genealogii genetycznej w ciągu kilku ostatnich lat, wpływ czasu będzie powodował stopniowy wzrost ilości dostępnych danych, a to przyniesie zwiększenie sprawdzalności i dokładności interpretacji wyników badań genetycznych.

W przypadku projektów nieinstytucjonalnych wszystko wskazuje na to, że ich administratorzy będą się coraz bardziej specjalizować, a prowadzone przez nich przedsięwzięcia dostarczać będą rzetelnej wiedzy, którą będzie można wykorzystać do badań nie tylko z zakresu genealogii genetycznej, ale także historii czy archeologii. W przyszłości Projekt Silesia DNA także będzie rozbudowywany o nowe pola, w tym analizę wyników badań autosomalnych, DNA mitochondrialnego, a we współpracy z poszczególnymi rodzinami będą rozwijane kolejne badania rodów.

Na marginesie przeprowadzanych rozważań wypada także odnieść się do paru istotnych kwestii związanych z popularyzacją wiedzy o badaniach z zakresu genealogii genetycznej. Jakkolwiek nauka ta staje się w Polsce coraz bardziej popularna, tak wciąż niewiele jest prac naukowych z tej dziedziny w języku polskim. Jak pokazała zorganizowana w Chorzowie konferencja naukowa pt. „Śladami przeszłości... Genealogia genetyczna w badaniach pradziejowych i historycznych” środowisko osób prowadzących badania genealogiczno-genetyczne jest w naszym kraju stosunkowo liczne i ma dobre przygotowanie merytoryczne. Niestety krótkie wzmianki w książkach poświęconych głównie opracowaniu dziejów konkretnego rodu, czy też publikacje na blogu, nigdy nie będą w stanie zastąpić dyskursu naukowego,

który mógłby prowadzić do rozwoju tej dziedziny w Polsce czy chociażby opracowania terminologii i dobrych praktyk badawczych. Należy zatem ubolewać nad tym, iż środowisko to nie chce podejmować aktywniejszej postawy i prezentować pisemnie wyników swoich prac.

Ponadto podczas zbierania materiałów do niniejszego artykułu zauważyłem, że brak łatwo dostępnych opracowań naukowych w języku polskim prowadzi do szerzenia się informacji błędnych lub opartych na uproszczeniach, przekłamaniach czy niezrozumieniu tematu. Najbardziej jaskrawym przykładem tego zjawiska jest tzw. *turbosłowianizm*⁹⁰. Przedstawiciele tej idei postulują istnienie w czasach prehistorycznych wielkiego Imperium Lechitów, obejmującego swym zasięgiem niemal całą Europę Środkową i Wschodnią. Jednym z argumentów przemawiającym za jego istnieniem w tych granicach jest wysoki udział występowania haplogrupy R1a wśród ludności zamieszkującej współcześnie ten obszar⁹¹.

Pojawianie się w Internecie różnego rodzaju treści zniekształcających lub w nieprawidłowy sposób wykorzystujących wyniki badań genetycznych jest szczególnie istotne w kontekście niniejszego artykułu, jak i projektów nieinstytucjonalnych. Stanowi bowiem realne zagrożenie wytworzenia się przekonania, iż wszystkie publikowane w Internecie artykuły poświęcone genetyce lub genealogii genetycznej są z założenia błędne i niewarte uwagi. Mogą one także obniżyć zaufanie naukowców do działań podejmowanych przez osoby niemające wykształcenia akademickiego lub specjalizujące się w naukach humanistycznych, a wykorzystujących narzędzia z zakresu genetyki. Takie podejście byłoby jednak bardzo szkodliwe dla dalszego rozwoju genealogii genetycznej.

Wydaje się, że konieczne jest podjęcie merytorycznej krytyki źródeł pojawiających się w Internecie, aby oddzielić treści oparte na metodzie naukowej od tych, które w sposób dowolny interpretują fakty lub wprost wprowadzają w błąd. Niektóre z nich tworzone są bowiem tak, aby sprawiały wrażenie rzetelnie opracowanych. Wówczas dopiero szczegółowa analiza pozwala wykryć ich niedoskonałości.

■ 90 O popularności tego zjawiska można świadczyć fakt, iż po wpisaniu do przeglądarki internetowej frazy „haplogrupa R1a”, jednymi z najwyższej pozycjonowanych wyników są obecnie strony popularyzujące idee Wielkiej Lechii.

91 Np. *Kolejne dowody wskazują, że starożytne Imperium Lechitów mogło istnieć naprawdę!!*, [@:] <https://zmianyaziemi.pl/wiadomosc/kolejne-dowody-wskazuja-ze-starozytne-imperium-lechitow-moglo-istniec-naprawde>, dostęp: sierpień 2018 [więcej na ten temat, zob. A. Przybyła-Dumin, *Z mitologii nauki. Narracje spiskowe związane z genealogią genetyczną*, w niniejszym tomie – przyp. red.].

Ze względu na to, iż genealogia genetyczna rozwija się bardzo dynamicznie, nie należy zrezygnować z możliwości, jakie daje Internet, przede wszystkim w zakresie publikacji wyników badań czy rezultatów projektów nieinstytucjonalnych. Duża popularność tej dziedziny nauki, zwłaszcza w Europie Zachodniej i USA, przekłada się na bardzo szybki przyrost nowych danych, co skutkuje koniecznością aktualizowania ich na bieżąco. Z tego też powodu w niniejszym artykule znajduje się spora liczba odwołań do źródeł internetowych. Napisanie artykułu z zakresu dopiero kształtującej się dziedziny nauki nie należy do łatwych zadań, jednak wydaje się, że zaprezentowane metody i wyniki mogą okazać się przydatne zarówno dla genealogów, jak i przedstawicieli innych dziedzin nauki. Być może publikacja niniejszego tekstu zachęci innych genealogów genetycznych do rozpoczęcia dyskursu naukowego i publikacji własnych badań.

Summary

Practical Possibilities of Using Genetic Genealogy on the Example of Preliminary Results of the Silesia DNA Project

The article presents the possibilities of practical use of researches in the field of genetic genealogy. They are based on data obtained as part of the Silesia DNA project. Genetic Genealogy is a young scientific discipline that has not yet been subject to many publications in Polish. For this reason, the text contains a short overview of the basic concepts of this field of science, such as the haplogroup, haplotype, single nucleotide polymorphism, microsatellite polymorphism, as well as the types of DNA used for research (YDNA, mtDNA, atDNA). Furthermore, the authors of the study also discuss institutional and non-institutional projects. Meanwhile, the later part of the article presents the assumptions and methodology of the Silesia DNA Project, as well as the preliminary interpretation of the obtained results. The research activities focus, among others, on the collection and analysis of DNA samples of people whose ancestors were born in Silesia before the outbreak of World War II. The article presents a study of the spatial distribution of the Y chromosome in the studied area based on 166 samples. It provides knowledge on the proportion of haplogroups in the discussed area in historical times compared to other European regions. In addition, two detailed analyzes of local families were conducted (Jureczko, Mitrenga). They show how the history of a family from times for which written sources has not been preserved can be recreated on the basis of genetic research.