

## **Familienforschung per DNA-Analyse**

Die traditionelle Familienforschung stößt bei den Familien namens Mirke leider auf scheinbar unüberwindliche Hindernisse, da die hierfür notwendigen Dokumente während der Endphase des Zweiten Weltkrieges in weiten Teilen vollständig vernichtet wurden. Eine Übersicht über die noch vorhandenen schlesischen Kirchenbücher und Standesamtsunterlagen findet man auf der Internetseite "<http://www.christoph-www.de/kbsilesia2.html>"

Für Breslau selbst sieht die Situation noch einigermaßen gut aus. Bei den online einsehbaren Unterlagen der Standesämter I bis IV aus den Jahren 1889 bis 1912 habe ich einen durchschnittlichen Verlust von ca. 30-35 Prozent festgestellt. Weitere Jahrgänge sollten in den nächsten Monaten und Jahren veröffentlicht werden. Standesämter gibt es aber erst seit Oktober 1874. Für alle früheren Ereignisse sind Kirchenbücher (KB) unersetzlich. Derzeit sind nur diejenigen aus den evangelischen Kirchen St. Elisabeth (KB ab ca. 1830, Register ab ca. 1760) und St. Bernhardin (KB ab ca. 1830, z.T. große Lücken) online. Insgesamt gab es rund 15 evangelische Kirchen. Um die Bestände im katholischen Diözesanarchiv habe ich mich noch nicht gekümmert.

Dramatisch sieht es aber bei den Städten und Gemeinden rund um Breslau aus. Die Geburten, Hochzeiten und Sterbefälle meiner Vorfahren wurden in den evangelischen Kirchenbüchern zu Hünern (Kr. Trebnitz, ca. 10 km nördlich von Breslau) aufgezeichnet. Die dortige Kirche brannte 1945 nieder und die Aufzeichnungen aus den Jahren 1720 bis 1945 gelten als verschollen bzw. vernichtet. Ähnliches gilt für die meisten Gemeinden im Kreis Trebnitz und für Trebnitz selbst.

Einen Hoffnungsschimmer bietet in dieser Situation nur die DNA-Analyse. Zu Jahresbeginn habe ich einen Gentest für das männliche Y-Chromosom durchführen lassen. Demnach gehört dieses zur sogenannten Haplogruppe R1a1a (auch R-M17 und R-M512 genannt). Eine genauere Untersuchung führte zur Einordnung in die Untergruppe R1a1a1b1a1a1a1 mit der Variation Y2905+ (dazu später mehr).

Die vermutete Verwandtschaft der momentan getrennten Familien könnte bewiesen werden, wenn sich Vertreter dieser Familien (Männer mit dem Nachnamen Mirke) ebenfalls testen ließen und die Resultate übereinstimmten. Im Idealfall wäre der letzte gemeinsame Vorfahre mit einer Wahrscheinlichkeit von 95 Prozent unter den letzten fünf Generationen zu erwarten (Vater bis Urururgroßvater).



Dies kann dazu führen, dass mehrere Männer mit dem gleichen Nachnamen und einem letzten gemeinsamen, direkten männlichen Vorfahren des selben Nachnamens, der vor 500 Jahren lebte, in allen 111 Markern exakt übereinstimmen, während andere Männer mit dem identischen Familiennamen und dem gleichen letzten gemeinsamen, direkten männlichen Vorfahren sich von ersteren bei 5 oder mehr Markern unterscheiden.

## **Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)**

Als SNP wird eine Variation bei einem einzelnen Basenpaar an einer bestimmten Position im DNA-Strang bezeichnet, sofern diese bei mindestens einem Prozent der Vertreter einer Bevölkerungsgruppe nachweisbar ist. SNPs stellen circa 90% aller genetischen Varianten im menschlichen Genom dar. Sie treten nicht gleichverteilt auf, sondern ungleichmäßig stark in bestimmten Regionen der DNA. Bei zwei Drittel aller SNPs wurde die Base Cytosin durch die Base Thymin ersetzt. Beispielsweise könnte die übliche Basenfolge ...AAGC**C**TA... und deren Variation ...AAGC**T**TA... lauten.

Bei der zu Beginn erwähnten Variation Y2905+ wurde das Basenpaar Nr. 8860885 verändert: die übliche Base Guanin wurde durch die Base Adenin ersetzt.

Auf dem Y-Chromosom, das aus knapp 22 Millionen Basenpaaren besteht, wurden bisher rund 4200 SNPs gefunden. Die Bezeichnungen für individuelle SNPs sind leider nicht standardisiert. Ein gebräuchliches Schema besteht wie bei STRs aus Kombinationen von Buchstaben und Ziffern (z.B. "Z2122" oder "CTS6"), ergänzt mit einem "+" (die Y-DNA enthält die Veränderung) oder einem "-" (die Y-DNA weist keine Veränderung auf).

SNPs mutieren deutlich langsamer als STRs. Mit Hilfe der SNPs lässt sich daher die Entwicklung des Y-Chromosoms über sehr lange Zeiträume verfolgen.

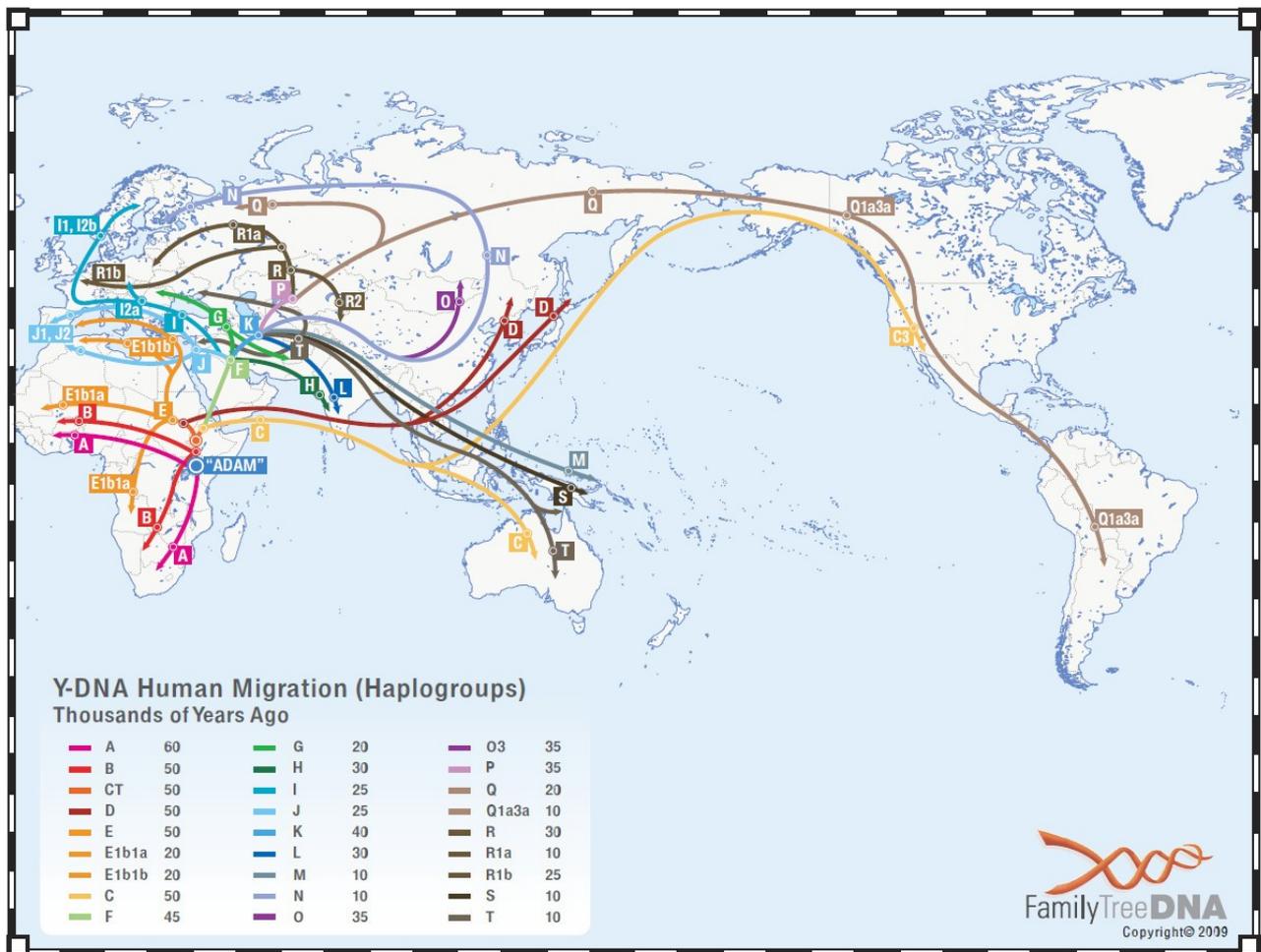
## **Haplogruppen, Subgruppen und Cluster**

In den letzten 50 000 Jahren besiedelte der genetisch moderne Mensch in mehreren Phasen von Ostafrika kommend alle Kontinente mit Ausnahme der Antarktis. Mittlerweile leben über 7 Milliarden Menschen auf unserem Planeten. Sowohl die Y- als auch die mt-DNA dieser Menschen weicht erstaunlich wenig von einem "Mittelwert" ab.

Dies führte in der Wissenschaft zu dem Schluß, dass es vor "relativ kurzer" Zeit eine Art "Adam" für das Y-Chromosom und eine Art "Eva" für die mitochondriale DNA gegeben haben muß. Und alle heute lebenden Menschen haben ihre Y- bzw. mt-DNA letztlich von diesen beiden geerbt. Die Schätzungen über den Zeitpunkt, wann diese Vorfahren gelebt haben, gehen noch weit auseinander. Im Jahr 2013 wurde in der renommierten Wissenschaftszeitschrift "Science" eine Studie publiziert, der zufolge der "Adam" des Y-Chromosoms vor 120 000 bis 156 000 Jahren lebte und die mitochondriale "Eva" vor 99 000 bis 148 000 Jahren.

In diesem Zeitraum kam es immer wieder zu Veränderungen sowohl am Y-Chromosom wie auch an der mitochondrialen DNA. Durch die Untersuchung tausender DNA-Proben aus aller Welt war es möglich, die räumliche und zeitliche Ausbreitung der Menschheit in den vergangenen 60 000 Jahren einigermaßen sicher zu rekonstruieren.

Die wesentlichen Variationen in der Y- bzw. mt-DNA wurden zu Haplogruppen (A bis T) zusammengefaßt. Die nachfolgende Abbildung zeigt farblich codiert, wann die Vertreter der einzelnen Haplogruppen der Y-DNA in welchen Teil der Erde zogen.



Quelle: FamilyTreeDNA, (c) 2009

Die Fortschritte in den letzten Jahren ermöglichten es, den großen genetischen "Baum" immer detaillierter zu untersuchen und die großen Haplogruppen in Zweige ("Subgruppen") und Ästchen ("Cluster") aufzuspalten. Entsprechend wurde die Nomenklatur angepaßt. Zur Haplogruppe R gehören nun die "dicken" Zweige R1a, R1b und R2, und die feinsten Verästelungen bekamen Bezeichnungen wie R1a1a7a oder R1b1b2a1a1d1a1. Meine Probe ließ ich mittlerweile auf 67 Marker untersuchen, und das "Urteil" lautet: R1a1a1b1a1a1a1.

Einen optisch gelungenen Versuch, die Vielfalt der Haplogruppen auf einer Weltkarte darzustellen, finden Sie unter der nachfolgenden Adresse. In dieser Version wird allerdings vermutet, dass der "Adam" des Y-Chromosoms in Westafrika lebte. Für die Forscher gibt es also in den kommenden Jahren noch einiges zu klären.

<http://www.mirke.org/pdf/haplogruppen.pdf>

## Resultate des Y-DNA37-Tests

Zentrale Ergebnisse des Tests sind zum einen die festgestellten Werte an den 37 STR-Markern sowie die Einordnung in eine Haplogruppe. Hierzu gibt es dann Karten zur Ausbreitung der gefundenen Haplogruppe (Migration Map) und deren regionalen Häufigkeit in der heutigen Weltbevölkerung (Frequency Map).



Y-DNA - Standard Y-STR Values

PANEL 1 (1-12)											
Marker	DYS393	DYS390	DYS19**	DYS391	DYS385	DYS426	DYS388	DYS439	DYS389I	DYS392	DYS389II***
Value	13	25	17	10	10-14	12	12	10	13	11	30

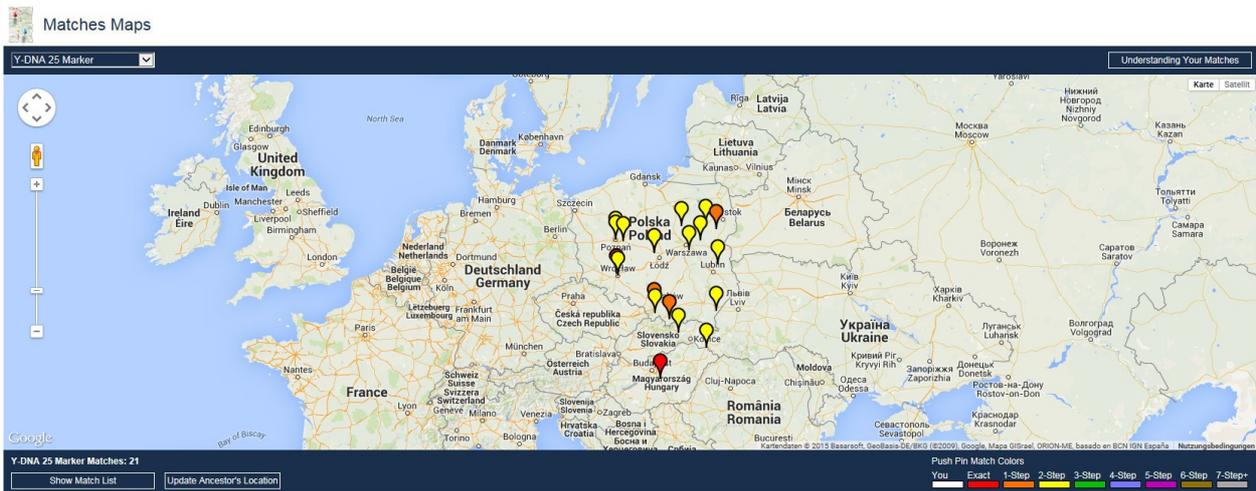
  

PANEL 2 (13-25)									
Marker	DYS458	DYS459	DYS455	DYS454	DYS447	DYS437	DYS448	DYS449	DYS464
Value	17	9-10	11	11	23	14	20	33	12-14-16-16

PANEL 3 (26-37)										
Marker	DYS460	Y-GATA-H4	YCAII	DYS456	DYS607	DYS576	DYS570	CDY	DYS442	DYS438
Value	11	11	19-22	16	15	17	19	34-40	13	11

Hinweise auf möglicherweise verwandte Personen gibt es in einer Liste mit sogenannten Matches. Das sind Personen, die sich ebenfalls testen ließen, und deren Resultate (nahezu) exakt mit den eigenen übereinstimmen. Die Aufnahme in die Liste erfolgt nur nach vorheriger Zustimmung des Getesteten. Dies gilt auch für die Darstellung in einer Karten mittels einstellbarer Filter. Im nachfolgenden Beispiel war die Option "25 Marker" ausgewählt. Rot bedeutet eine exakte Übereinstimmung, orange einen und gelb zwei abweichende Marker.



Bei 37 Markern lautete das Ergebnis: Eine Probe stimmt exakt überein (die Vergleichsprobe eines Cousins), drei Proben weichen in jeweils 4 Merkmalen ab (sehr wahrscheinlich keine Verwandten) und eine weitere Probe unterscheidet sich nur in einem einzigen Marker.

Diese Probe hatte ein junger Mann abgegeben, der in Kasachstan geboren und von einer Familie in den USA adoptiert wurde. Die genauere Untersuchung meiner Y-DNA mit 67 Markern ergab inzwischen insgesamt 6 Abweichungen, und folglich besteht auch zwischen uns beiden kein Verwandtschaftsverhältnis.

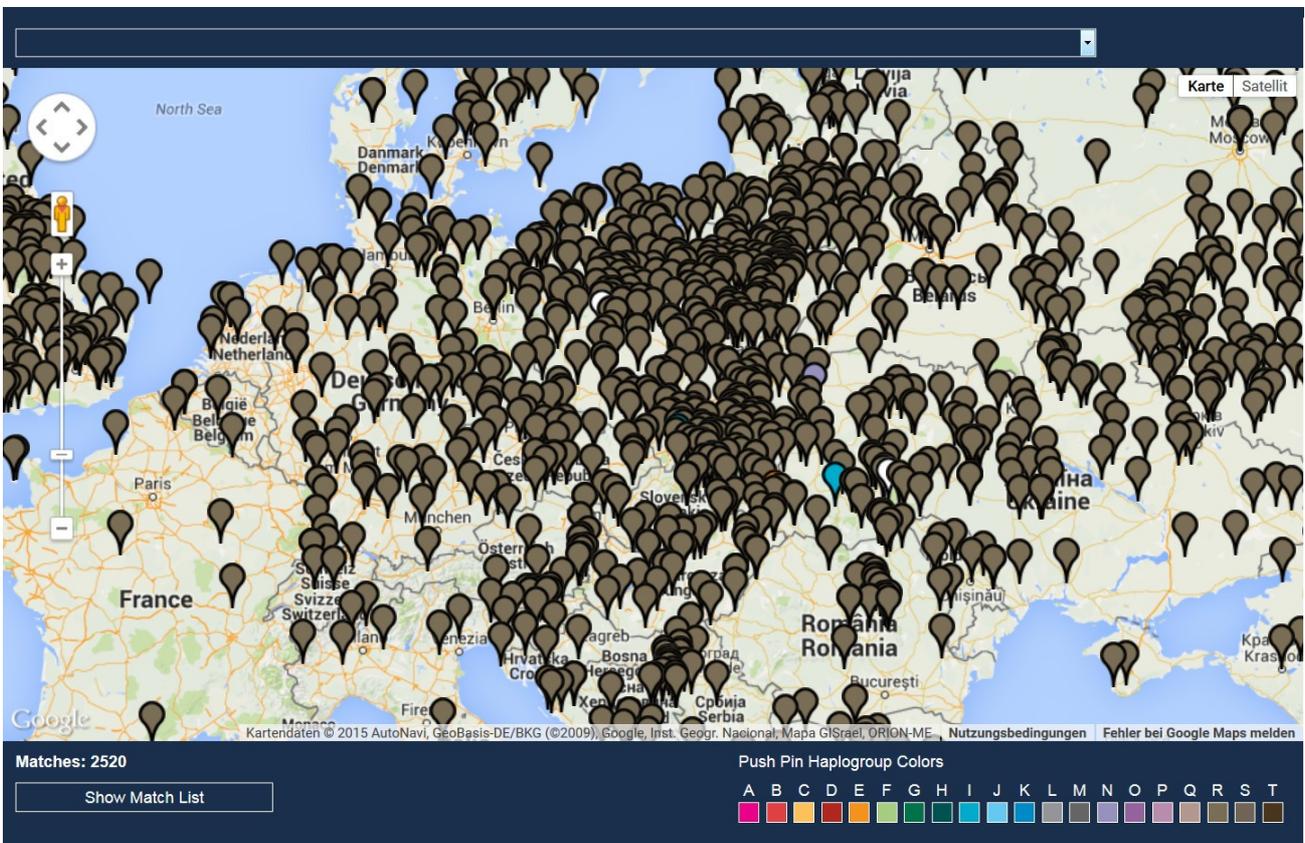
## Resultate des Y-DNA67-Tests

Unter dem Dach des Unternehmens FamilyTreeDNA gibt es über 8000 Projektgruppen, die auf der Grundlage der Testergebnisse spezielle Ziele verfolgen: am häufigsten sind Projekte zu Familiennamen (z.B. auch zum Nachnamen "Katzenellenbogen") oder zu einzelnen Haplogruppen (zum Beispiel zur Gruppe R1a).

Das Projekt zur Haplogruppe R1a bzw. R1a1a hat derzeit etwa 4200 Mitglieder (einschließlich meiner Wenigkeit). Die Initiatoren erforschen die zahlreichen Verästelungen innerhalb dieser Haplogruppe und deren Entstehungszeitpunkte. Der Link zur Gruppe lautet:

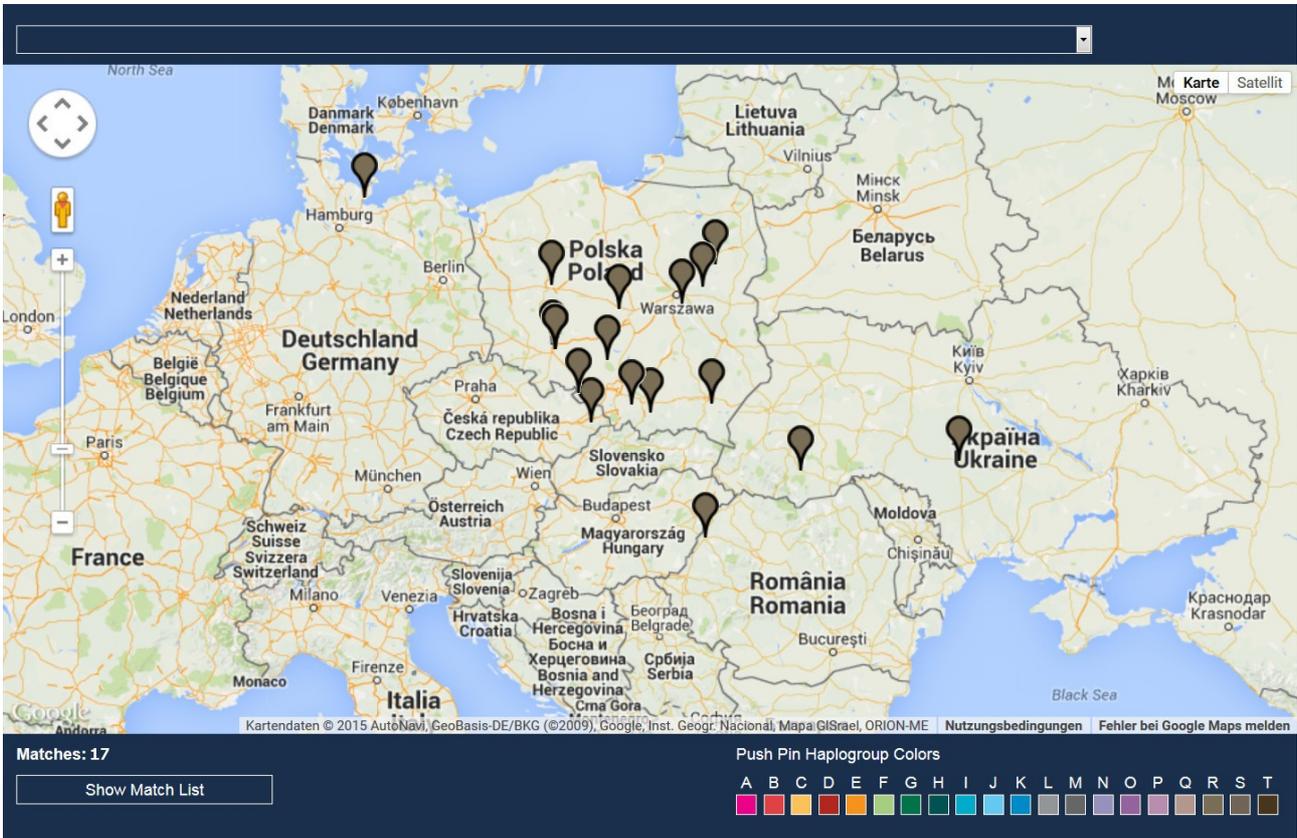
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1a/about>

Die nachfolgende Karte zeigt die regionale Verteilung der Proben der Projektmitglieder in Zentraleuropa – beziehungsweise die Herkunftsorte des jeweils frühesten bekannten männlichen Vorfahren (im meinem Fall also Weidenhof bei Breslau). Die komplette Weltkarte kann mit dem angegebenen Link und der Auswahl "All" aufgerufen werden.

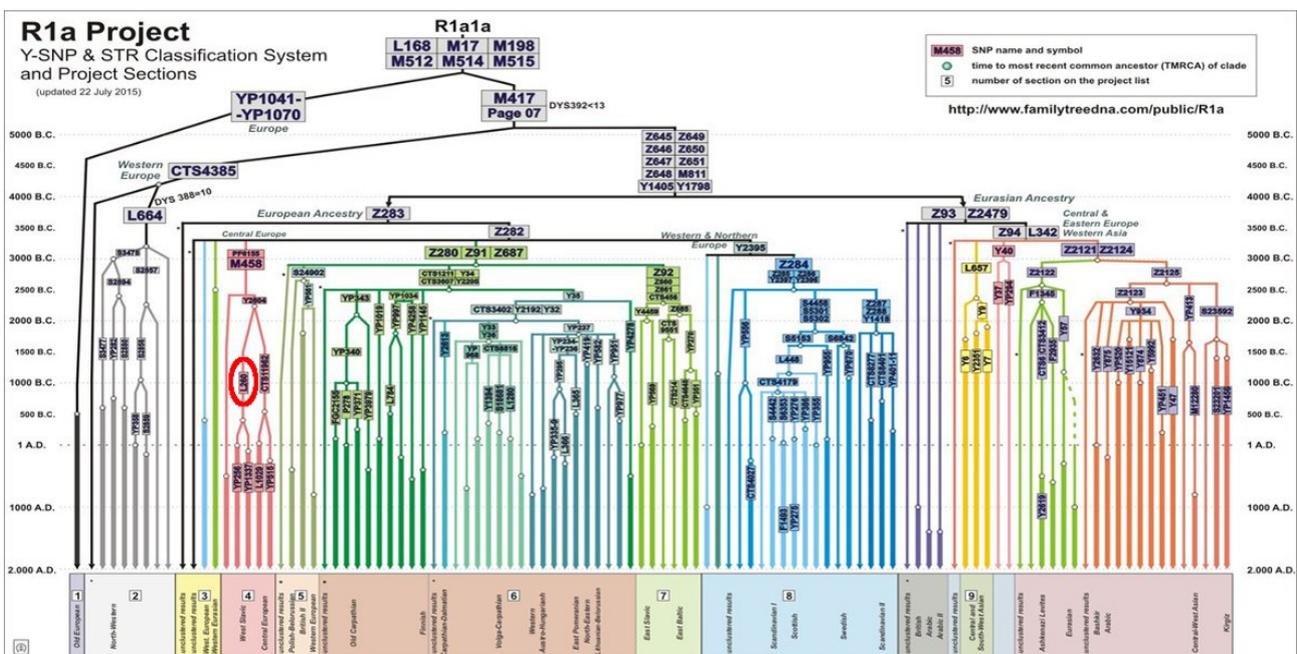


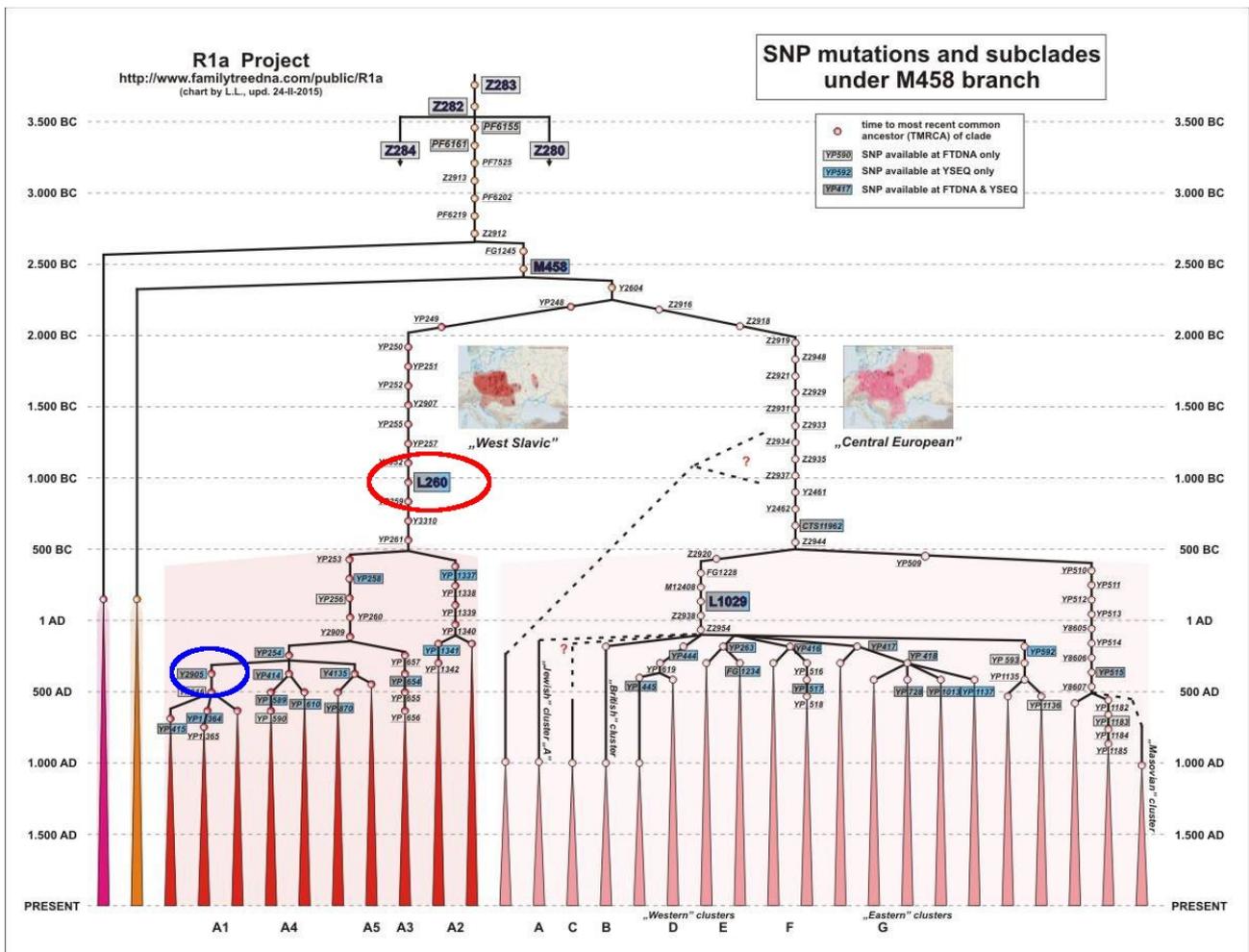
Quelle: <https://www.familytreedna.com/public/r1a/default.aspx?section=ymap>

Nur bei 17 oder 18 Projektmitgliedern (ca. 0,5 Prozent) wurde bis jetzt die Mutation Y2905+ nachgewiesen. Sofern bei den Proben anderer Mirke-Männern diese Variation ebenfalls gefunden würde, käme dies in Kombination mit 37 Markern der Y-DNA und dem identischen Nachnamen meiner Meinung nach einem Verwandtschaftsbeweis gleich.



Die nächsten beiden Darstellungen verdeutlichen die Aufspaltung der Haplogruppe R1a1a auf der Grundlage der Testergebnisse in zahlreiche Zweige und Ästchen:





Quelle: <https://www.familytreedna.com/groups/r-1a/activity-feed>

Die roten Ringe markieren jeweils die Haplogruppe R1a1a1b1a1a (auch L260 genannt). Die typische Mutation für diesen "westslavischen" Zweig soll etwa 1000 Jahre vor Christus entstanden sein. Der blaue Ring markiert die Gruppe R1a1a1b1a1a1a1 mit der charakteristischen Mutation Y2905+. Diese könnte um 300 nach Christus zum ersten Mal aufgetaucht sein.

## Tests bei FamilyTreeDNA

Das US-Unternehmen FamilyTreeDNA ([www.familytreedna.com](http://www.familytreedna.com)) bietet verschiedene Tests für unterschiedliche Aufgabenstellungen an (Stand 06.06.2015):

1. Der FamilyFinder-Test für 99 USD untersucht die autosomale, d.h. geschlechtsunabhängige DNA und liefert Hinweise auf nahe Verwandtschaften innerhalb weniger Generationen.
2. Die Tests Y-DNA37 (169 USD), Y-DNA67 (268 USD) und Y-DNA111 (359 USD) untersuchen das Y-Chromosom auf 37, 67 bzw. 111 STR-Marker. Die kleinste Variante sollte in der Regel ausreichen, um eine vermutete Verwandtschaft bestätigen oder ausschließen zu können. Falls notwendig ist ein späteres Upgrade jederzeit möglich.

3. Die Tests mt+-DNA (69 USD) und mtFull-DNA (199 USD) untersuchen die mitochondriale DNA partiell bzw. vollständig. Für die Bestätigung eines gemeinsamen Ursprung der Mirke-Familien spielen diese keine Rolle.
4. einige Kombinationsangebote der obigen Tests

Die Abgabe einer Speichelprobe ist normalerweise nur bei der ersten Bestellung notwendig, denn die Proben werden mindestens 25 Jahre lang aufbewahrt und stehen somit jederzeit für weitere Tests zur Verfügung.

Nehmen wir mal an, dass Sie den Test Y-DNA37 ordern. Die Kosten betragen 169 USD plus 8 USD für den Versand, beim aktuellen Dollarkurs also etwa 160 Euro. Die Bezahlung erfolgt per Kreditkarte. Die Auftragsbestätigung per Email enthält die Nummer des Probensets und ein Passwort. Innerhalb von zwei bis drei Wochen trifft das Probenset bei Ihnen ein. Es enthält zwei Probenröhrchen, zwei Tupfer, eine Anleitung, einen Rückumschlag und eine Einverständniserklärung. Zwei Varianten der Anleitung inkl. Übersetzung finden Sie in folgender Datei:

<http://www.mirke.org/pdf/probenset.pdf>

Nun nehmen Sie zwei Proben gemäß der Anleitung, füllen die Einverständniserklärung aus (nur drei oder vier Angaben plus Unterschrift), packen alles in den Rückumschlag, frankieren diesen mit 3.45 Euro (Deutsche Post DHL) und werfen den Umschlag in den nächsten Postkasten.

Eine Bestätigung für das Eintreffen des Umschlags bei FamilyTreeDNA erhält man nach weiteren zwei bis drei Wochen per Email. Die nachfolgende Untersuchung der Proben nimmt je nach Auftragslage weitere 4 bis 8 Wochen in Anspruch. Das Ganze erfordert also etwas Geduld. Den aktuellen Stand können Sie mit der Nummer des Probensets und dem Passwort auf der Website von FamilyTreeDNA (unter "Sign In") in Erfahrung bringen. Eine weitere Email verkündet schließlich das Eintreffen der Resultate.

Eine 6-seitige PDF-Datei liefert allgemeine Erläuterungen zu den Testresultaten. Diese inkl. Übersetzung finden Sie in folgender Datei:

<http://www.mirke.org/pdf/resultate.pdf>

Vielleicht haben Sie Bedenken in Bezug auf die Geheimhaltung und die Vertraulichkeit des testenden Unternehmens. Sie können die notwendige Speichelprobe aber wie mein Cousin auch anonym abgeben. In diesem Fall bestelle und bezahle ich den Test und leite das Probenset inklusive ausgefülltem Formular und frankiertem Rückumschlag an Sie weiter. Sie nehmen gemäß Anleitung die beiden Proben, packen diese in den bereits frankierten Umschlag und werfen den Brief in den nächsten Postkasten. Ihr Name würde somit an keiner Stelle erwähnt. Und den vorgestreckten Betrag überweisen Sie anschließend auf mein Konto.

## **Letzte Worte**

Auf zwei Aspekte möchte ich noch hinweisen:

Sofern Sie den Nachnamen Mirke tragen und ein Y-Chromosom besitzen, würde ich mich ganz außerordentlich freuen, wenn Sie sich zur Teilnahme an einem Y-DNA-Test bereit erklärten. Dessen Ergebnisse könnten aber verfälscht werden, wenn es unter Ihren oder meinen Vorfahren zu Seitensprüngen oder unbekanntem Adoptionen gekommen sein sollte.

Aufgrund der mir vorliegenden Dokumente und zweier DNA-Proben sollte es meinerseits bis zum Urururgroßvater Gottlieb Mirke (\*1804) keine Unsicherheiten geben. Zumindest hoffe ich das.

Und bitte verzeihen Sie mir die nachfolgende Formulierung, aber bitte bedenken Sie bei Ihrer Entscheidung, dass niemand ewig lebt, und die Anzahl geeigneter Personen für Y-DNA-Tests permanent abnimmt. In meinem Mirke-Zweig gibt es nur noch zwei männliche Personen mit dem Nachnamen Mirke - mich und den erwähnten Cousin. Unsere Väter sind viel zu früh verstorben, und der gemeinsame Großvater starb schon vor unserer Geburt.

Bei meinen Recherchen im Internet stieß ich allein in dieser Woche (01.-07.06.2015) auf vier Traueranzeigen zu Personen namens Mirke, die in den letzten drei Jahren verstarben. Und dabei habe ich nur nach Mitgliedern von zwei Familien gesucht. Die Angelegenheit besitzt also eine gewisse Dringlichkeit und duldet eigentlich keinen Aufschub.

Bitte geben Sie sich einen Ruck und sagen Sie ja. Sie würden mich damit sehr, sehr glücklich machen. Vielen Dank!