

CERTIFIKÁT



Otcovská linie Y-DNA
Jméno a příjmení Miroslav Fulín

přísluší do Y-haploskupiny G2a

certifikát je přílohou zprávy o výsledku č. #28825

08.02.2013

datum

odpovědná osoba / podpis



Genealogický DNA test – stanovení příslušnosti k otcovské haploskupině
Zákazník

 Miroslav Fuřín
 Újezdská 186
 257 44 Netvořice
 Czech Republic

Vyšetřovaný

 Vzorek: 13-00914
 Jméno: Miroslav Fuřín
 Datum narození: 10.01.1960
 Pohlaví: muž
 Datum přijetí vzorku: 30.01.2013
 Vyšetřovaný materiál: stěr ústní sliznice

Výsledek: Haploskupina G2a

Y-DNA STR markerý	počet repetit	Y-DNA STR markerý	počet repetit
DYS19	15	DYS385a	14
DYS385b	14	DYS389-I	12
DYS389-II	29	DYS390	22
DYS391	10	DYS392	11
DYS393	13	DYS437	16
DYS438	10	DYS439	11

Komentář k výsledku

Byla provedena fragmentační analýza Y-DNA STR markerů, na základě kterých byla stanovena příslušnost vyšetřované osoby k haploskupině otcovské linie. Tato zpráva o výsledku má přílohy:

Příloha č. 1: Informace ke genealogickému DNA testu

Příloha č. 2: Informace k výsledné haploskupině

Příloha č. 3: Osobní certifikát

Cílem genetického testu je stanovení haplotypu vyšetřované osoby a její přiřazení k nejpravděpodobnější haploskupině. Laboratoř odpovídá za správnost provedení testu. Historické souvislosti, uvedené v přílohách této zprávy, nejsou předmětem genealogického testu, ale jen inspirativním doplněním. Existuje řada historických výkladů, přístupů a zdrojů, některé z nich se mohou odlišovat od výkladu v přílohách této zprávy.

Metoda: SOP84

Datum vystavení zprávy: 08.02.2013

Jméno odpovědné osoby: Mgr. Barbora Bláhová, analytik



Zpráva o výsledku zkoušky nesmí být bez souhlasu laboratoře reprodukována jinak než celá. Výsledek se vztahuje pouze ke zkušební položce.

Informace ke genealogickému DNA testu otcovské linie

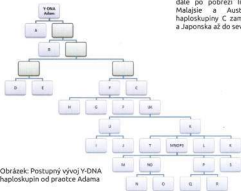
Y chromozom

Y chromozom je jedním ze dvou chromozomů určujících pohlaví u většiny savců, včetně člověka. U člověka se tento chromozom skládá z 60 milionů párů bází a představuje tak asi pouze 2% z celkové DNA v mužské buňce. DNA uložená v Y chromozomu je předávána z otce na syna.

Y-STR (Y - short tandem repeat) jsou krátké tandemové repetice nacházející se na Y chromozomu. Tandemovými repeticemi nazýváme opakování kombinace dvou nebo více nukleotidů v sekvenci několikrát za sebou. Například v sekvenci DNA: -A-T-C-G-A-T-C-G-A-T-C-G- je STR motiv (ATCG)₃ opakován třikrát za sebou.

Existuje mnoho typů značení jednotlivých Y-STR, v genealogii jsou nejčastěji používány zkratky DYS NNIN, kde NNIN jsou číselné kombinace související s polohou daného Y-STR na chromozomu.

Genealogický DNA test zkoumá tyto Y-STR markery a na jejich základě určuje specifický haplotyp daného jedince. Na základě znalosti haplotypu je možné přiřadit danému jedinci haplogrupu, ke které náleží.



Obrázek: Postupný vývoj Y-DNA haplogrup od prarodce Adama

Společný prapředek

Vznik dnešního typu člověka Homo sapiens sapiens se odhaduje na dobu před 140 tisíci lety. Každý dnešní žijící muž může díky Y chromozomu vypátrat svůj původ k jedinému společnému předkovi tzv. Adamovi, žijícímu asi před 80 tisíci lety ve východní Africe. Vznik jednotlivých Y-DNA haplogrupin a jejich šíření v období před 80-10 tisíci lety naznačuje mapa přiložená na samostatném listě. Potomci tohoto jediného společného prapředka Adama v čase postupně putovali z východní Afriky na jih i na západ. Toto byli příslušníci nejstarších haplogrupin A a B, které jsou dosud nejvíce rozmanitými haplogrupinami vůbec.

První putování z Afriky

Putování prapředků z Afriky na další kontinenty se uskutečnilo asi před 60 tisíci lety skrz Bab el Mandeb průliv mezi Rudým mořem a Adenským zálivem. V té době to byla, díky nižší hladině moře, jediná cesta z Afriky do dnešního Jemenu. Odtud se populace příslušející k haplogrupině C šířila dále po pobřeží Indického oceánu až do Malajsie a Austrálie. Část populace haplogrupiny C zamířila podél pobřeží Číny a Japonska až do severní Ameriky.

Haploskupina D následovala haploskupinu C až do dnešní Malajsie, dále pak pokračovala na území dnešní Číny a Japonska. Dnes nese 40% obyvatel Japonska haploskupinu D.

Putování v období poslední doby ledové

Haploskupina E se do doby před 30 tisíci lety nacházela jen ve východní Africe, poté se šířila směrem na sever ke středozemnímu moři a dále přes Arabský poloostrov, Malou Asii až na území Balkánu. Další migrace haploskupiny E byla před 20 tisíci lety z východní Afriky směrem na jihozápad Afriky.

Jedna z migrací z Afriky na Blízký východ byla uskutečněná asi před 45 tisíci lety. O migraci předků tímto směrem opět svědčí archeologické nálezy, např. zbraně či keramika. Z této druhé vlny migrace vychází většina neafričských lidí; Tito jsou nositeli haploskupin, které se vyvinuly ze skupiny F: G, I, J, K, L, M, N, O, P, Q, R, S, T.

Přechod z jižní do západní Asie učinila haploskupina O asi před 35 tisíci lety trasou vedoucí jižním podhůřím Himalájí. Klimatické podmínky té doby způsobily růst ledových příkrovů a spolu s horskými masivy zabránily průchodu této linie dále na sever.

Před 30 tisíci lety začíná první migrace haploskupiny R do Evropy a do západních plání Ruska.

Populace migrující východně od jižní Sibíře asi před 20 tisíci lety s sebou bere haploskupinu Q.

Lidé s haploskupinou I se přesunuli před 20 tisíci lety z Blízkého východu do Evropy. Během této doby nebylo možné jít dáleko na sever, protože severní Evropa byla pokryta ledovými plátý. Lidé nalezli útočiště v lesích a tundrových oblastech, táhnoucích se střední a jižní Evropou - území Kavkazu, Ukrajiny a Balkánu umožnilo těmto lidem přežít poslední dobu ledovou.

Putování po poslední době ledové

Po době ledové, asi před 10 tisíci lety, nastalo velké oteplování a ledové kry začaly ustupovat. Vegetace a fauna se začala rozšiřovat na sever. To umožnilo další migraci lidí a haploskupiny I na sever Evropy.

V rámci Evropy prošly haploskupiny R1 a dalšími děleními. R1b prošla střední Evropou přes území Francie až na Pyrenejský poloostrov. R1a se oddělila a směřovala přes

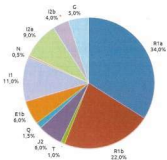
Ukrajinu na Kavkaz. Část nositelů I skupiny se vydalo přes střední Evropu na Jutský poloostrov a do severní Evropy.

Migrace haploskupiny Q před 10 tisíci lety ze Sibíře do severní Ameriky byla umožněna táním ledovců a zpřístupněním cesty oblastí Beringie (území mezi Sibíří a Aljaškou).

Putování spojené s šířením zemědělství

Vývoj zemědělství způsobil nejen růst populace, ale ovlivnil i genetickou rozmanitost populací. Chov a šlechtění zvířat a užitkových plodin má svůj původ na území Úrodného půlměsíce (oblast Irák, Irán, Syrie) asi před 9 tisíci lety. Rozšiřování zemědělských dovedností se šílo ústně, nebo migrací farmářů. Šíření bylo jednodušší ve stejné zeměpisné síťce, v pásu, kde je podobné vegetační období i druhy rostlin. Názorně to ukazuje šíření haploskupiny J1 s J2 z Blízkého východu do Evropy a E3b ze severní Afriky do Středomoří.

Graf: Procentuální zastoupení Y haploskupin v České republice v dnešní době



Přehled haploskupin

A je nejstarší haploskupina, nejrozšířenější v Africe. Náležel do ní Y-chromozomální Adám, nalezá se v celé Africe, patří sem Hadza z Tanzanie i Afričtí Křováci.

B má největší zastoupení u Afrických Pigmayů (zejména kmeny Baka a Mbuti) v sub-Saharské Africe, také patří mezi nejstarší a nejrozmanitější.

C kolonizovala Austrálii a Novou Guineu, méně často se objevuje i v populaci Ameriky, předpokládá se, že do Ameriky migrovali předkové nesoucí skupinu C před 4-6 tisíci lety a usadili se na severozápadě Pacifiku.

D vznikla asi před 50 tisíci lety v Africe, nositelé se účastnili jihoasijské pobřežní migrace, potomci obývají jihovýchodní Asii a oblast Pacifiku, včetně Japonska.

E reprezentuje hlavní část populace, která jako první vyšla z Afriky, vznikla před 50 tisíci lety, potomstvo je nejčastěji na Blízkém Východě a v severní Africe.

E1a - nositelé migrovali na jih od severní Afriky asi před 20 tisíci lety, zastoupení má v dnešní době i u černých Američanů.

E1b - je podskupina migrující z Blízkého Východu do Středomoří asi před 30 tisíci lety, poté migrující na západ během zemědělské expanze v Neolitu, dnes potomci ve východní a severní Africe a jiho-východní Evropě.

F je velmi málo početná haploskupina, potomstvo v dnešní době v malé míře na Blízkém Východě a v severní Americe.

G haploskupina je hodně rozšířena ve Východní Evropě a Asii, navzdory nízkému zastoupení v celkové lidské populaci. Předpokládáný vznik před 25 tisíci lety v Indii či Pákistánu, migrující severozápadním směrem, potomci dnes ve východním Středomoří, Blízkém Východě a západní Asii.

H - vznikla asi před 30 tisíci lety v jižní Asii a dnes velmi rozšířena u obyvatel Indie a Pákistánu.

I tato skupina je spojena se Skandávskou populací Vikingů, v dnešní době široce rozšířena po celé Evropě. Prapředci s předchůdcem haploskupin F a I migrovali pravděpodobně z Blízkého Východu před 25-20 tisíci lety. Dnes se nalezá v hojném počtu u obyvatel oblasti Jadrana (až 1/3 moderních Chorvatů). Předpokládá se, že haploskupina I souvisí s populací Kelťů.

J se vyvinula ze skupiny F přibližně před 20 tisíci lety v západní Asii a má zastoupení v současné populaci v Evropě, Blízkém Východu, severní Africe, potomstvo je nalezáno také v Indii a Pákistánu.

J2 - nositelé této haploskupiny patří k nynější Židovské populaci, s častým zastoupením i ve střední Asii a Středomoří. Doba vzniku před 20 tisíci lety se shoduje s dobou šíření zemědělství. Dnes haploskupina J2 také reprezentuje část Arabské populace.

K vznikla ve střední Asii asi před 40 tisíci lety. Dnes velká část severní polokoule, např. mnoho obyvatel Indie, většina Evropanů a téměř všichni obyvatelé Asie jsou potomci této skupiny. Haploskupina K vychází ze skupiny F a je předchůdce dnešních haploskupin L, M, N, O, P, Q a R.

L přinesla před 30 tisíci lety první velké osídlení do Indie, dnes se stále nachází u indického obyvatelstva a potomstvo je rozšířeno po celé jižní Asii a na Blízkém Východě.

M vznikla asi před 10 tisíci lety v jihovýchodní Asii, potomci v Indonésii a jihovýchodní Asii.

N haploskupina má původ v severní Asii, kde byly její národy rozděleny mezi Sibiř a silnou euroasijskou migrací do Evropy, dnes Evropa, včetně Ruska a Skandáviíve

O prakticky všichni čínští, korejští a japonští muži jsou dnes potomci haploskupiny O. Nemá skoro žádné zastoupení v západní Asijské populaci. Vznik asi před 35 tisíci lety.

Q je společnou linií asijské a severo-americké populace. Původ má na Sibiři před 20 tisíci lety; o 5 tisíc let později prošla přes Beringovu úžinu na americký kontinent. Potomci původních obyvatel Ameriky se pak šířili ze severovýchodní Ameriky na celý kontinent.

R haplogrupina vznikla v severozápadní Asii asi před 35 tisíci lety, hlavními podskupinami jsou **R1a** a **R1b**:

R1a – vznikla v euroasijské planině jižně od Černého a Kaspického moře asi před 10 tisíci lety, dnes slovanské národy východní Evropy, celá polovina polských a ruských mužů pochází z této haplogrupiny

R1b – je nejčastější v Evropě, také vznikla asi před 25 tisíci lety, velmi častá haplogrupina západní Evropy, jižní Anglie, Španělska, Portugalska, Pyrenejský poloostrov a Irsko – až 90% mužů **R1b**. Předci byli Kromaňonci, kteří přišli do Evropy před 35 tisíci lety.

Genealogické databáze

Výsledkem genealogického DNA testu je určení haplotypu a přiřazení k určité haplogrupině. Existuje řada genealogických databází, kde lidé mohou na základě znalosti svých haplotypů najít osoby o stejném Y-DNA haplotypu. Databáze jsou volně přístupné a každý po zadání svého haplotypu do databáze může vyhledat další jedince se stejným haplotypem po celém světě.

Doporučujeme databáze:

- Y Chromosome Haplotype Reference Database
www.yhrd.org
- Y Search - Y-DNA public database
www.ysearch.org
- Sorenson Molecular Genealogy Foundation: Y-Chromosome Database
<http://www.smfgf.org/peoplesdatabase.jsp>

Citace

1. J. Zastera, et al. Assembly of a large Y-STR haplotype database for the Czech population and investigation of its substructure, *Forensic Sci. Int. Genet.* (2009), doi:10.1016/j.fsigen.2009.06.005
2. Phillip G. Goff and T. Whit Athey; Diagnostic Y-STR markers in haplogroup G; *Journal of Genetic Genealogy*, 2(1):12-17, 2006
3. John M. Butler and Dennis J. Reeder (NIST Biochemical Science Division), Short Tandem Repeat DNA Internet DataBase; www.cstl.nist.gov/strbase/
4. T. Whit Athey; Haplogroup Prediction From Y-STR Values Using a Bayesian-Allele-Frequency Approach; *Journal of Genetic Genealogy* 2:34-39, 2006
5. Eupedia; www.eupedia.com
6. Bryan Sykes – The Seven Daughters of Eve, ISBN 13: 9780552152181
7. International Society of Genetic Genealogy; www.isogg.org

Informace k haploskupině G

Haploskupina G

Haploskupina G má své kořeny v okolí Kavkazu. Je rozšířena v horských oblastech Blízkého východu a Indie (Kavkaz, Írán, Afghánistán, Kašmír) i ve střední Asii (Kazachstán), Evropě a severní Africe. Haploskupina G má dvě podskupiny – G1 a G2.

G1

G1 je dnes zastoupena převážně v Íránu a Kazachstánu.

G2

Většina Evropanů patří do podskupiny G2a; většina severních a západních Evropanů konkrétněji k G2a3b. Obecně G2a tvoří 5-10% populace středomoří, ucelku vzácná je v severní Evropě. Místa, kde G2 přesahuje 10%, jsou Kantábrie, Švýcarsko, Tyrolsko,

střední a jižní Apeniny, Sardynie, severní Řecko (Thesálie) a Kréta – všude je jedná o horské a relativně izolované regiony.

G2c se vyskytuje v okolí Afghánistánu, odkud pravděpodobně pochází. Většina G2c Evropanů náleží k Ashkenazi Židům.

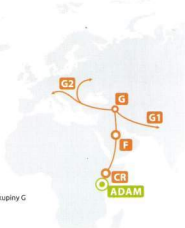
Známý nositel haploskupiny G2a1 byl Josef Stalin, který byl gruzinského původu. Existuje několik teorií o původu G2a v Evropě:

1. Haploskupinu G2a přinesli neolitickí horští pastevci

První hypotéza vychází od neolitických kavkazských farmářů a pastevců putujících přes Malou Asii do Evropy asi před 9-6 tisíci lety. Kočovníci s sebou přivedli ovce a kozy, které domestikovali na jižním Kavkazu před 12 tisíci lety. To by vysvětlovalo, proč je haploskupina G nejvíce rozšířena v horských oblastech.



Obrázek: Mapa vzniku a putování haploskupiny G v období před 10 – 80 tisíci lety.



Kontinuita G2a od Malé Asie k Thesálii, na Italský poloostrov, Sardinii, jižní Francii a Iberii ukazuje, že G2a mohla být spojena s kardiální keramickou kulturou (ozdobné otisky mušlí do hliněných nádob, 5000-1500 př.n.l.).

2. Haploskupinu G2a3 přinesli Indoevropané

Kavkaz je jedním z prvních míst na světě, kde se rozvinula znalost kovů, zejména mědi a cínu. Haploskupina G2a3 byla spojena s šířením kovů z Kavkazu a Anatólie (oblast Malé Asie) a do míst jako Sardinie a Alpy. Někteří zástupci G2a3 mohli cestovat do Evropy spolu s Indoevropany (skupina R1b), jejichž kolébku bylo právě území severní Anatólie anebo Kavkaz.

Časné střední a západní evropské společnosti doby bronzové se rozvíjely v oblastech bohatých na kov, jako je Irsko, Wales, Cornwall, Bretaň, severní Španělsko, Portugalsko a Alpy. Mnoho z těchto oblastí má překvapivě vysokou koncentraci G2a, např. severní Portugalsko (12%), Kantábrie (přes 10%), severní Španělsko (5%), Švýcarsko (10%), Rakousko (8%) a horské oblasti Čech (5-10%). To je o mnoho víc, než by se očekávalo vzhledem k značné vzdálenosti od místa původu podskupiny na Kavkaze. Vždyť jen průměr výskytu G2a v Anatólii je jen 11%; na Balkáně a v Karpatěch (území ležící mezi Anatólií a Alpami) je zastoupení G2a pozoruhodně malé (0-2%). G2a je jediná haploskupina z Blízkého východu či euroasijských stepí, která nemá podstatnou přítomnost kdekoli ve východní Evropě. Nositelé G2a se museli přemisťovat z Anatólie či Kavkazu přímo do střední a západní Evropy rychle a pravděpodobně za určitým účelem (možná na pozvání), bez zakládání stálých či provizorních táborů.

Příchod G haploskupiny do Evropy v období neolitu či doby bronzové nepochybně koreponduje s výskytem podřídly G2a3b1a. Tato podskupina je také nejčastější formou G ve střední a severní Evropě a je přítomna i v okolí Kavkazu. G2a3b1a se také nalézá

dokonce také v Indii (přišla sem spolu s indoevropskou skupinou R1b). Stačí G2a3b1a je odhadováno asi na 4,5 tisíc let, což je příliš málo pro možnost šíření v době neolitu, ale akorát pro migraci v době bronzové.

3. Haploskupinu G2a šířili Římané

Je nejpravděpodobnější, že G2a přišla do Evropy během neolitu či v době bronzové a že Římané napomohli jejímu šíření okolo. Migrace uvnitř Římské říše pravděpodobně přispěla k zvýšení G2a na severu (Galie, Británie). Frekvence G klesá se vzdáleností od hranic říše Římské. Haploskupina G je extrémně vzácná v severských a baltských zemích. Ale také to může být pouze souhra okolností, protože oblasti severního Německa, Polska a severní Evropy jsou chudší na zásoby kovů a nepřilákaly tak z Kavkazu v době bronzové společnosti pracující s kovy. Severovýchodní Evropa je taktéž chudší na haploskupinu R1b, což opět ukazuje na současné šíření skupin G2a a R1b.

4. Haploskupinu G2a1 přinesli Alané

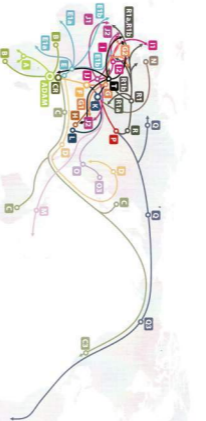
Jediná etnická skupina, která má dnes majoritní zastoupení haploskupiny G, jsou Osetinci (Kavkaz, severní Osetie-Alánie), kteří jsou považováni za potomky Alanů, kmene střední Asie s vazbou na antické Samaritány.

G2a byla v porovnání s okolními regiony nalezena v lehce vyšších frekvencích v Pikardii a Flandrách. Hypotéza říká, že skupina G2a byla přinesena do severní Francie a Belgie Alanů, kteří putovali přes celý evropský kontinent během invaze Barbarů v 5. století našeho letopočtu; Alané v severní Francii nakrátko založili království. Pokud je alanská G v dnešní Evropě, pak musí patřit k jiné podřídce než G, která sem přišla v neolitu či době bronzové (což byla G2a3). G2a1 je v dnešní době nejběžnější variantou na Kavkaze. Z genetického hlediska poměrně nedávná alanská migrace mohla přinést G2a1 podřídku do západní Evropy. G2a1 byla nalezena všude na cestě migrace, ale téměř nikde jinde.



familyDNA

A	60,000	lety
B	50,000	lety
CR	50,000	lety
D	50,000	lety
C	50,000	lety
E	50,000	lety
E1a	20,000	lety
E1b	30,000	lety
F	45,000	lety
I	35,000	lety
U	25,000	lety
I1	20,000	lety
I2	20,000	lety
J1	20,000	lety
J2	20,000	lety
G	25,000	lety
G1	20,000	lety
G2	20,000	lety
H	30,000	lety
K	40,000	lety
L	30,000	lety
M	10,000	lety
N	10,000	lety
O	35,000	lety
O3	10,000	lety
P	35,000	lety
Q	20,000	lety
Q3	10,000	lety
R	35,000	lety
R1	30,000	lety
R2	30,000	lety
R1a	10,000	lety
R1b	25,000	lety
T	10,000	lety



GENOMIA
GENETIC LABORATORY