

Univerzita Hradec Králové
Filozofická fakulta

Bakalářská práce

2023

Pavel Anděl

Univerzita Hradec Králové

Filozofická fakulta

Příručka genetické genealogie pro profesionální historiky

Bakalářská práce

Autor: Bc. Pavel Anděl
Studijní program: Historické vědy-Archivnictví
Studijní obor: B0222A120001
Forma studia: Kombinovaná
Vedoucí práce: Mgr. Martina Bolom Kotari, Ph.D.

Hradec Králové, 2023

Zadání bakalářské práce

Autor: Bc. Pavel Anděl
Studium: F20BK0001
Studijní program: B0222A120001 Historické vědy
Studijní obor: Archivnictví

Název bakalářské práce: **Příručka genetické genealogie pro profesionální historiky**

Název bakalářské práce AJ: Handbook of Genetic Genealogy for Professional Historians

Cíl, metody, literatura, předpoklady:

Bakalářská práce má za úkol představit současné možnosti testování DNA v oblasti genetické genealogie, včetně představení a porovnání typů a druhů testů, databází a programů porovnávajících sekvenovanou DNA, vysvětlení principů dědičnosti a využití těchto informací v historických vědách a vědách jim příbuzných. Autor vytvoří příručku, která profesionálním historikům umožní se rychle orientovat v oblasti testování a zpracování DNA a představí typické konkrétní případy objevující se při testování lidského DNA v Evropě.

Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií, Daniel Vaněk a kolektiv, Praha 2016.

Tracing Your Ancestors Using DNA: A Guide for Family Historians - Tracing Your Ancestors, Graham Holton, South Yorkshir 2019.

The Family Tree Guide to DNA Testing and Genetic Genealogie, Blaine Bettinger, New York 2019.

Who We Are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past, David Reich, New York 2018.

Zrození Evropanů, Johannes Krause, Thomas Trappe, Brno 2022.

Zadávací pracoviště: Katedra pomocných věd historických a archivnictví,
Filozofická fakulta

Vedoucí práce: Mgr. Martina Bolom Kotari, Ph.D.

Oponent: Mgr. Bc. Martin Kotačka

Datum zadání závěrečné práce: 21.12.2021

Poděkování

Mé poděkování patří Mgr. Martině Bolom-Kotari, Ph.D., za trpělivé a ochotné vedení bakalářské práce a dále všem z facebookové skupiny Genetická genealogie, zejména jejímu zakladateli. Velké poděkování patří v neposlední řadě mé manželce a dětem.

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem tuto bakalářskou práci vypracoval samostatně a uvedl jsem všechny použité prameny a literaturu.

V Opočně dne 27. 3. 2023

Bc. Pavel Anděl

Anotace

ANDĚL, Pavel, Příručka genetické genealogie pro profesionální historiky, Filozofická fakulta Univerzity Hradec Králové, 2023, 54 s. Bakalářská práce.

Bakalářská práce má za úkol představit současné možnosti testování DNA v oblasti genetické genealogie, včetně představení a porovnání typů a druhů testů, databází a programů porovnávajících sekvenované DNA, vysvětlení principů dědičnosti a využití těchto informací v historických vědách a vědách jim příbuzných. Autor vytvoří příručku, která profesionálním historikům umožní se rychle orientovat v oblasti testování a zpracování DNA a představí typické konkrétní případy objevující se při testování lidského DNA v Evropě.

Klíčová slova

Genetická genealogie, DNA genealogický test, haploskupina, paleogenetika.

Annotation

ANDĚL, Pavel, Handbook of genetic genealogy for professional historians, Philosophical Faculty, University of Hradec Králové, 2023, 54 pp. Bachelor's thesis.

The bachelor's thesis has the task of presenting the current possibilities of DNA testing in the field of genetic genealogy, including the presentation and comparison of types and types of tests, databases and programs comparing sequenced DNA, explaining the principles of inheritance and the use of this information in historical and related sciences. The author will create a handbook that will allow professional historians to quickly navigate the field of DNA testing and processing, and will present typical concrete cases appearing in human DNA testing in Europe.

Keywords

Genetic genealogy, DNA genealogy test, haplogroup, paleogenetics.

Obsah

Úvod	7
O genetické genealogii	9
Jednoduše o lidské genetice.....	14
Co, jak a kde testovat	20
Autozomální testování.....	23
Y-DNA testování.....	31
Testování mitochondriální DNA.....	34
Programy a databáze vhodné k využití	37
Využití analýzy DNA v praxi historiků v současnosti a blízká budoucnost testování	41
Závěr	50
Prameny a literatura	52
Webové stránky a články publikované na internetu	52
Literatura	53

Seznam použitých zkratek:

atDNA	autozomální DNA
cM	centimorgan
DNA	deoxyribonukleová kyselina
FT DNA	Family Tree DNA
MH	MyHeritage
MPI-EVA	Max Planck Institute for Evolutionary Antropology
MRC	Most Recent Ancestor, nejbližší společný předek
mtDNA	mitochondriální DNA
SNP	Single nucleotide polymorphism, jednonukleový polymorfismus
STR	Short tandem repeats, krátká tandemová repetice
Y-DNA	Y pohlavní chromozóm

Úvod

Jistě každého genealoga někdy napadla otázka, zda jeho genealogický výzkum založený na písemných, popřípadě orálních pramenech odpovídá skutečnosti. Tato pochybnost se dá jednoduše vysvětlit známou latinskou větou „*Mater semper certa est pater incertus*“,¹ i když kdekteřý genealog by nesouhlasil ani s jistotou mateřství. Nejistota skutečného (biologického) rodičovství je stará jako lidstvo samo a až možnost spolehlivě otestovat svoji a rodičovskou (respektive jinak příbuznou) DNA tuto nejistotu rozptýlila. Právě analýza lidské DNA umožnila nejen genealogům, ale i archeologům a historikům zodpovědět otázky původu lidstva, jejich migrace, míšení a vymírání jednotlivých skupin, a hlavně již zmíněnou příbuzenskou vazbu, jejichž výzkum samozřejmě není limitován pouze zmíněným otcovstvím. Nově vzniklý obor s názvem **genetická genealogie** spolu se sesterskou **archeogenetikou (paleogenetikou)** a **populační genetikou** obrovským skokovým způsobem obohatil historické obory jak v reálných znalostech, tak v samotných možnostech výzkumu. Masové rozšíření jednoduchých testovacích sad, které si může objednat prakticky kdokoli, jen podporuje současný zvýšený (leč mnohdy stále amatérský) zájem o genealogii, který stoupá i díky zveřejňování genealogických pramenů ve webovém prostředí a rozšíření genealogického softwaru.² Bohužel se nejen mezi laickou veřejností, ale i mezi profesionálními historiky často setkáváme s nepochopením problematiky genealogického DNA testování a základní neznalostí dědičnosti a obecných možností této v mnohém převratné metody. Ač je to pochopitelné, jak z důvodu vrozeného skepticizmu mnoha historiků, tak z důvodu extrémní rozdílnosti oborů genetika a historie, bylo by velmi špatné tyto pochyby nerozptylovat. Samotná nedůvěra vědecké veřejnosti k této převratné metodě je bohužel mnohdy podporována až pseudovědeckými tvrzeními některých komerčních společností věnujících se analýzám DNA, slibujících odhalení příslušnosti testované osoby k prastarým etnikům, příbuznosti se slavnými osobami nebo přesnou predikci zdravotního stavu. Tato skepse se mnohdy potvrdí při hodnocení informací předávaných komerčními, ale i nekomerčními subjekty,

¹ „*Matka je vždy jistá, otec nejistý*“.

² V České republice převážně online software *MyHeritage*. Srov. www.MyHeritage.cz, [citováno k 30. 1. 2023].

kdy je testované osobě udělen líbivý certifikát s minimální informační hodnotou a nulovou možností dalšího využití získaných genetických dat. Tím se dostávám k cílům této práce, tedy představit obor genetické genealogie (a obory příbuzné) profesionálním historikům, vysvětlit jeho možnosti a limity, rozptýlit pochybnosti a mýty o něm a tím vytvořit srozumitelnou příručku umožňující orientaci v základech dědičnosti, testování DNA a zpracování získaných dat.

Samotná práce je kromě úvodu a závěru členěna do pěti kapitol. V první představuji genetickou genealogii, včetně její krátké historie, nejznámějších odborníků, literatury a některých projektů. Další část se věnuje přímo dědičnosti. Je zde v krátkosti vysvětlena lidská genetika a samotná DNA. Třetí kapitola se zabývá testováním, tedy výběrem typu a druhu testu, popřípadě testovací metody. Ve čtvrté kapitole rozebírám, jak a kde je možné dále pracovat s výsledky testů a v poslední části pak uvádím příklady z možného využití získaných dat v historických oborech a možnou budoucnost genetické genealogie. Z důvodu usnadnění čtení nejsou obrázky řazeny do samostatné přílohy, ale rovnou do textu.

O genetické genealogii

Nejprve je nutné definovat, co vlastně je genetická genealogie. Je celkem pochopitelné, že takto mladý obor postrádá jednoznačnou definici a nemá pevně stanoven okruh svého působení. Obecně se dá říci, že se jedná o vědeckou disciplínu, která pomocí analýzy DNA potvrzuje nebo vyvrací tradiční práci genealoga (tedy vytvořený vývod či rozrod) a umožňuje objevit další příbuzenské vztahy dle genetické shody. V širším spektru pak umožňuje částečně zmapovat cestu otcovské a mateřské linie historií a určit její původ. V tom se genetická genealogie spojuje s populační genetikou řešící změny DNA v průběhu lidských dějin a migraci lidského druhu, která je dle proměny DNA stopovatelná v historii. Zde se genetická genealogie potkává s posledním zmíněným příbuzným oborem, a to archeogenetikou, která zkoumá převážně lidskou DNA získanou z archeologických nálezů (nejčastěji kosterních pozůstatků a zubů). Rozbor DNA samozřejmě může sloužit i k odhalení předpokládaných nebo skutečných zdravotních komplikací a nemocí, což může být v některých případech užitečné i pro historiky.³ Nutné je zmínit i stále nepříliš rozšířený výzkum DNA zvířat nějakým způsobem napojených na člověka a změn lidské DNA v závislosti na druhu přijímané potravy a způsobu života.⁴ Ač je genetická genealogie převratnou vědou, musí být vždy propojena s obecnou genealogií a není možné ji používat jako jediný zdroj pro práci genealoga. To samé samozřejmě obdobně platí i pro vztah paleogenetiky a archeologie.

Samotná historie genetické genealogie je mladá a obecně se za její počátek uvádí rok 2000, kdy začala v USA fungovat první firma (*Family Tree DNA*) umožňující komerční testování.⁵ V následujících letech se prakticky po celém světě začaly objevovat společnosti umožňující odběr a rozbor DNA.⁶ Mezi nejpopulárnější a v ČR dostupné mimo již zmíněné

³ Zdravotní rozbor DNA je možné provést na základě komplexního testu DNA provedeného firmou zaměřující se konkrétně na tento typ testování, který je částečně odlišný od genealogického testování. Možné je však i srovnat jednotlivé mutace, zjištěné z genealogických testů, a to například na www.promethease.com.

⁴ Srov. Johanés KRAUSE – Thomas TRAPPE, *Zrození Evropanů: Skutečný příběh našich předků vyprávěný geny*, Brno 2022, s. 74–75, 90–94, 114–115, 118–122.

⁵ Právě zmíněná firma *Family Tree DNA* je dodnes jednou z největších a pro genealogy populární společností podnikající v tomto oboru. Její komplexní nabídka testů, bezproblémový transfer odběrových sad, kvalitní databáze i uživatelské prostředí podpůrných programů činí *Family Tree DNA* jednoznačným favoritem na českém trhu.

⁶ Odběr DNA je v naprosté většině prováděn bukalním stěrem (z vnitřku tváře), výjimečně ze slin. V případě paleogenetiky se preferuje sekvenace ze skalní kosti, popřípadě ze zubu.

Family Tree DNA patří genealogům známá *MyHeritage* a dále méně populární firmy *Ancestry DNA* a *23 and Me*. Přímou v České republice pak působí několik testovacích firem a je třeba říci, že se jimi poskytované služby jak cenou, tak i kvalitou nemůžou srovnávat s již zmíněnou *Family Tree DNA*.⁷

Nekomerční prostor testování DNA a její sekvenace má historii jen o trochu starší. Prakticky se porovnávání lidské DNA používalo i před „kompletním“⁸ rozluštěním lidského genomu v roce 2000.⁹ Nejčastěji se v 90. letech 20. století používala metoda porovnávající **mitochondriální DNA (mtDNA)**, která je dědičná po matce.¹⁰ Kompletně byla mtDNA sekvenována již v roce 1981 a dodnes je tato konkrétní DNA používána jako standard (tedy k porovnávání s ostatními mtDNA).¹¹ Později se začaly srovnávat i mutace (změny) na pohlavním **Y-chromozómu (Y-DNA)**, děděného po otci pouze syny. Až jako poslední bylo možno využít **nepohlavní/autozomální chromozómy DNA (atDNA)**.¹² Velkým zvratem se stala sekvenace genu *neandrtálců* a *denisovanů*, tedy nejbližších příbuzných rodu *Homo sapiens sapiens*. Tento výzkum probíhá v *Institutu Maxe Plancka (MPI-EVA)* od roku 2006 a nepřinesl pouze možnost porovnat lidský genom s nejbližšími příbuznými, ale obrovským způsobem posunul metodiku a rychlost analýzy vzorků.¹³ Právě s *Institutem Maxe Plancka* je úzce spojen čerstvý držitel Nobelovy ceny paleogenetik Svante Pääbo¹⁴ a jeho žák a kolega

⁷ Kvalitou je zde míněna podrobnost testu (např. počet testovaných markerů otcovské linie), rozsah databáze zpracované DNA, poskytnutí kompletních dat nebo uživatelské rozhraní webových aplikací.

⁸ Výzkum nemohl být převážně z technologických důvodů plně dokončen a v roce 2003 bylo sekvenováno cca 90 % lidského genomu. Z celých 100 % se lidský genom podařilo rozluštit až v lednu 2022. Srov. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_009914755.1/, nebo <https://www.genome.gov/about-genomics/educational-resources/fact-sheets/human-genome-project>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁹ Tento projekt *Human genome project* pod patronací *Vlády USA* stále pomocí grantů podporuje mnoho vědců po celém světě. <https://www.genome.gov/human-genome-project>, [citováno k 30. 1. 2023].

¹⁰ Zde se jednalo například o výzkum ostatků rodiny Mikuláše II. Viz dále.

¹¹ Daniel VANĚK a kolektiv, *Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií*, Praha 2016, s. 38.

¹² Jeho porovnávání je dnes pro genetickou genealogii nejdůležitější a autozomální testy jsou zároveň nejpopulárnějším a také nejlevnějším typem testu.

¹³ V současnosti je analýza údajně 100 000 000x rychlejší než před 12 lety. Srov. Johannes KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s. 19–20.

¹⁴ <https://ct24.ceskatelevize.cz/veda/3533657-nobelovu-cenu-za-medicinu-dostal-svante-paabo-za-objevy-v-genetice>, [citováno k 30. 1. 2023].

Johannes Krause.¹⁵ Na našem území je asi největším projektem od roku 2007 stále běžící výzkum pod patronací *Kriminalistického ústavu Policie České republiky* s názvem *Genetika a příjmení*.¹⁶ Hlavními postavami tohoto projektu jsou genetik Vlastimil Stenzl a archivář a historik Martin Kotačka. Z dalších projektů v ČR zmíním například výzkum pod vedením archeologa Lud'ka Galušky porovnávající DNA současných obyvatel Uherskohradištska se vzorky odebraných z kosterních nálezů z období tzv. Velké Moravy.¹⁷ Již zmíněný Martin Kotačka stojí za facebookovou skupinou *Genetická genealogie*, která sdružuje zájemce o tento obor, radí při rozličných oborových problémech a napomáhá k propagaci tohoto oboru.¹⁸ V roce 2022 spustili autoři této skupiny i stejnojmennou webovou stránku, která shrnuje základní problematiku a je neocenitelnou pomocí pro začátečníky v oboru.¹⁹

Právě mladost oborů propojujících genetiku s genealogií a historií je nejlépe vidět na nedostatku vědecké literatury. Ta je však naštěstí nahrazována volně dostupnými internetovými zdroji převážně v anglickém, ale i českém jazyce, které mnohdy dosahují vysoké kvality.²⁰ Prakticky jedinou v češtině dostupnou publikací věnující se mimo genetiky a paleogenetiky i testování a práci s výsledky vydal Daniel Vaněk pod názvem *Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií*.²¹ Toto dílo vzniklo jako doplňková (ale i volně prodejná) literatura ke komerčnímu testování ve *Forenzním DNA servisu*, a proto je pochopitelně napsáno na míru této firmě a jejímu spektru služeb. Přímou genealogickým DNA testováním a konkrétními postupy se zabývá velice kvalitní (leč do češtiny bohužel nepřeložená) publikace

¹⁵ Johannes Krause je mimo jiné odborníkem na historické šíření moru a průkopníkem ve využití výzkumu lidského genomu v historii nemocí. Srov. <https://knowablemagazine.org/article/health-disease/2019/black-death-bubonic-plague-genetics>, [citováno k 30. 1. 2023].

¹⁶ Projekt financovaný *Ministerstvem vnitra* je plně nekomerční a umožňuje srovnání příjmení testovaných mužů s jejich Y chromozómem. Test je poskytován zdarma. Srov. <https://gap.genebase.cz/>, nebo <http://kockacka.cz/>, [citováno k 30. 1. 2023].

¹⁷Srov. <https://sciencemag.cz/na-uherskohradistsku-ziji-primi-potomci-slovanu-z-velke-moravy/>, nebo <https://www.ceskatelevize.cz/porady/10150778447-historie-cs/318281381940002>, [citováno k 30. 1. 2023].

¹⁸ Srov. <https://www.facebook.com/groups/geneticka.genealogie>.

¹⁹ Srov. <https://gengen.cz>.

²⁰ Srov. web *Eupedia* (<https://www.eupedia.com/genetics>), nebo facebooková skupina *Genetická genealogie* (<https://www.facebook.com/groups/geneticka.genealogie>), popřípadě web *Genetická genealogie* (<https://gengen.cz>) [citováno k 30. 1. 2023].

²¹ Daniel VANĚK a kolektiv, *Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií*, Praha 2016.

The Family Tree: Guide to DNA Testing and Genetic Genealogy od Blaina Bettingera.²² Tato kniha může sloužit k rozšíření vědomostí čtenářů této práce a stala se pro moji práci hlavní literaturou. Blain Bettinger patří k předním světovým odborníkům v genealogickém testování DNA a zabývá se mimo jiné i jeho právní stránkou. Autor provozuje poradenskou službu, vede blog a organizuje webináře k tématu genetické genealogie. Předchozí knize je velmi podobná kolektivní práce *Tracing Your Ancestor Using DNA: A Guide for Family Historians* editovaná Grahamem Holtonem, která je nejnovějším dílem vydaným v tomto oboru.²³ Zajímavým počinem je kniha z oblasti příruček, respektive v tomto případě přesněji průvodců. *Your DNA Guid: The Book* od Diahan Southard představuje genetickou genealogii v publikaci bez poznámkového aparátu a cílí převážně na laické genealogy.²⁴ Přesto, nebo právě proto, může být pro rychlý přehled vhodnější. Autorka dále provozuje webové stránky a webináře.²⁵ Naopak kolektivní dílo *Advanced Genetic Genealogy: Techniques and Case Studies*, editované Debbie Parker Wayne, zveřejňuje ryze odborné studie na konkrétní témata z oborů genetické genealogie a vyžaduje minimálně základní znalost tématu v rozsahu předešlých knih.²⁶ V bouřlivém vědeckém vývoji posledních let velmi rychle zaostala jedna z přelomových knih zabývajících se hlavně paleogenetikou (a převážně mitochondriální částí DNA) s názvem *Sedm dcer Eviných* genetika Bryana Sykese z roku 2001.²⁷ Jeho dílo rozvíjí a v rámci nového výzkumu posunuje zmíněný paleogenetik a ředitel *Institutu Maxe Plancka* Johannes Krause v nově vydané knize *Zrození Evropanů: Skutečný příběh našich předků vyprávěný geny*.²⁸ Obě knihy doplňují znalost genealogického DNA testování, genetiky a práce s výsledky o aspekt vývoje lidské DNA, mutací a poznání haploskupin. Zvláště poslední jmenovaná publikace ukazuje, jak můžeme pomocí DNA analýzy kosterních vzorků mapovat prehistorické migrace a dějinné události dávno před prvními písemnými prameny. Etické aspekty studia

²² Blaine BETTINGER, *The Family Tree Guide to DNA Testing and Genetic Genealogy*, New York 2019.

²³ Graham S. HOLTON – John CLEARY – Michelle LEONARD – Iain McDONALD – Alaisdair F. MacDONALD, *Tracing Your Ancestor Using DNA: A Guide for Family Historians*, Barnsley 2022.

²⁴ Diahan Southard, *Your DNA Guid: The Book – Step by step plans to connect you with your family using your DNA*, USA, 2020.

²⁵ Srov. www.yourdnaguid.com.

²⁶ Debbie Parker WAYNE, *Advanced Genetic Genealogy: Techniques and Case Studies*, Texas, 2019.

²⁷ Bryan SYKES, *Sedm dcer Eviných*, Praha 2004.

²⁸ Johannes KRAUSE, *Zrození Evropanů*.

lidského genomu, možné genové úpravy, ale i vývoj Homo sapiens a vliv výzkumu DNA na národy zkoumá Adam Rutherford ve své knize *Stručné dějiny každého z nás*.²⁹ Právě publikace tohoto známého popularizátora genetiky a bojovníka s rasismem odpovídají na mnohé stále kontroverzní otázky genetického testování z oblastí rasistických teorií, eugeniky nebo nacionalistické historiografie, které konfrontuje se soudobými znalostmi v oblasti genetiky a paleogenetickým výzkumem.³⁰

²⁹ Adam RUTHERFORD, *Stručné dějiny každého z nás*, Praha 2021.

³⁰ Srov. Adam RUTHERFORD, *How to Argue With a Racist: History, Science, Race and Reality*, London, 2021, nebo Adam RUTHERFORD, *Control: The Dark History and Troubling Present of Eugenics*, London, 2022.

Jednoduše o lidské genetice

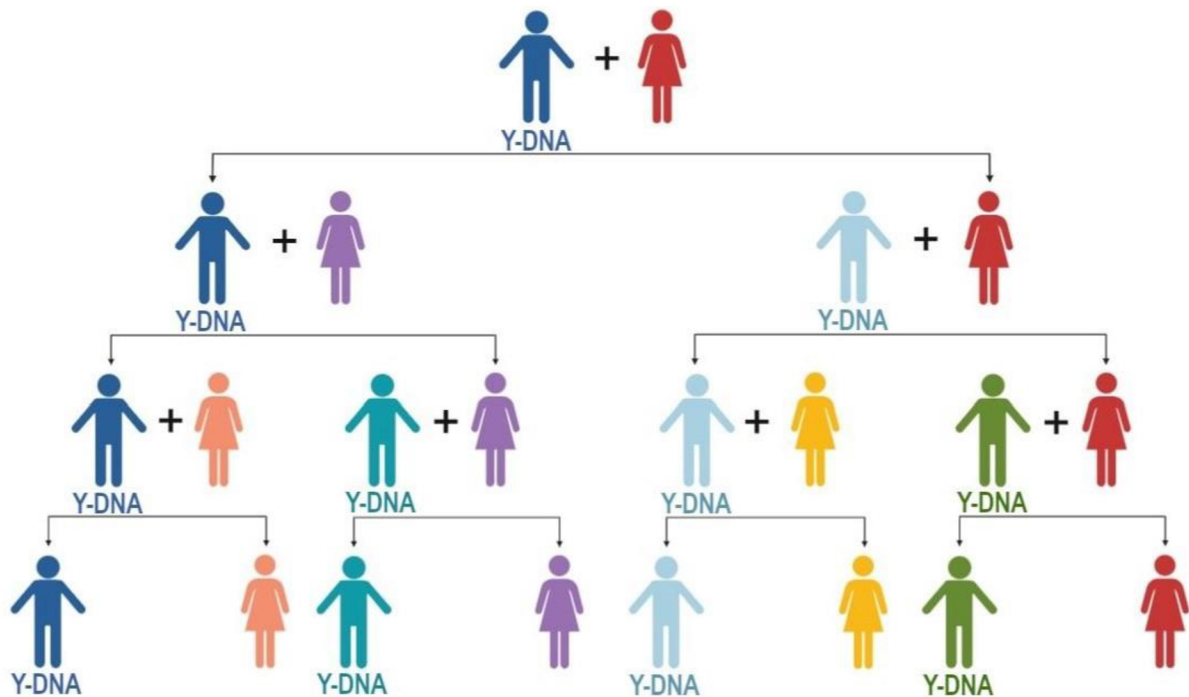
Genetika, tedy věda zabývající se dědičností, je velice komplikovaná věda, k jejímž zakladatelům můžeme hrdě řadit brněnského kněze Gregora Mendela. Právě zmíněná složitost genetiky bohužel odradí mnoho potenciálních zájemců o genetickou genealogii ihned v počátku. Zde je namístě říci, že zcela zbytečně. Pro základní orientaci v problematice genetické genealogie badateli totiž v počátku stačí gymnaziální znalosti o dědičnosti a DNA. Ve výsledku však ani ty nejsou třeba, jelikož se stačí seznámit s několika základními genetickými pravidly a pochopit, co můžeme z které části DNA zjistit a jaký tedy máme zvolit druh testování. Přesto, že se tato práce nevěnuje přímo genetice, je vhodné zde uvést alespoň základní informaci o podobě, struktuře DNA a hlavně o zmíněných principech dědičnosti.

V **DNA (deoxyribonukleové kyselině)** se ukládá genetická informace a můžeme ji nalézt v každé lidské buňce. To je velice podstatná informace, jelikož teoreticky nám pro výzkum stačí jakýkoliv biologický materiál zkoumané osoby. Realita je bohužel jiná, protože DNA, která je vystavena různým vnějším vlivům, velice rychle degraduje.³¹ DNA se skládá z **nukleotidů**, které se řadí do jedné ze čtyřech možných nukleových bází (A-adenin, G-guanin, T-Tiamin, C-cytozin). Tyto nukleotidy se navzájem párují vždy v kombinaci adenin s thyaminem a guanin s cytozinem a vytvářejí notoricky známý pravotočivý řetězec v podobě dvoušroubovice. Právě tato sekvence bází nám (velice zjednodušeně řečeno) umožňuje určit příbuznost jednotlivých testovaných osob. Ta se určuje pomocí dvou základních forem. Rozdílnost v jednotlivém nukleotidu se nazývá **SNP** (Single nucleotide polymorphism, jednonukleový polymorfismus). Rozdílnost v opakování krátké sekvence se nazývá **STR** (Short tandem repeats, krátká tandemová repetice).³² Zmíněná dvoušroubovice DNA dále vytváří **chromozómy**. V každé lidské buňce (vyjma pohlavních buněk) se nachází 23 párů chromozómů. 22 párů je nepohlavních (autozomálních) a jeden pár chromozómů je pohlavní. Autozomální chromozómy jsou označeny arabskými číslicemi vzestupně dle své délky, pohlavní chromozóm je označen u mužů kombinací XY a u žen XX. Souborem všech 46 chromozómů je pak **karyotyp**. Mimo jádro buňky se dále nachází tzv. **mitochondriální DNA**.

³¹ Viz dále.

³² Obě tyto metody jsou dále vysvětleny a je možné je srovnat na obrázku 13.

Pro problematiku genetické genealogie je podstatné vysvětlit si hlavně pojmy autozomální, mitochondriální DNA a Y-chromozóm, a to hlavně z toho důvodu, že se tak obecně nazývají i tři základní typy DNA genealogických testů.



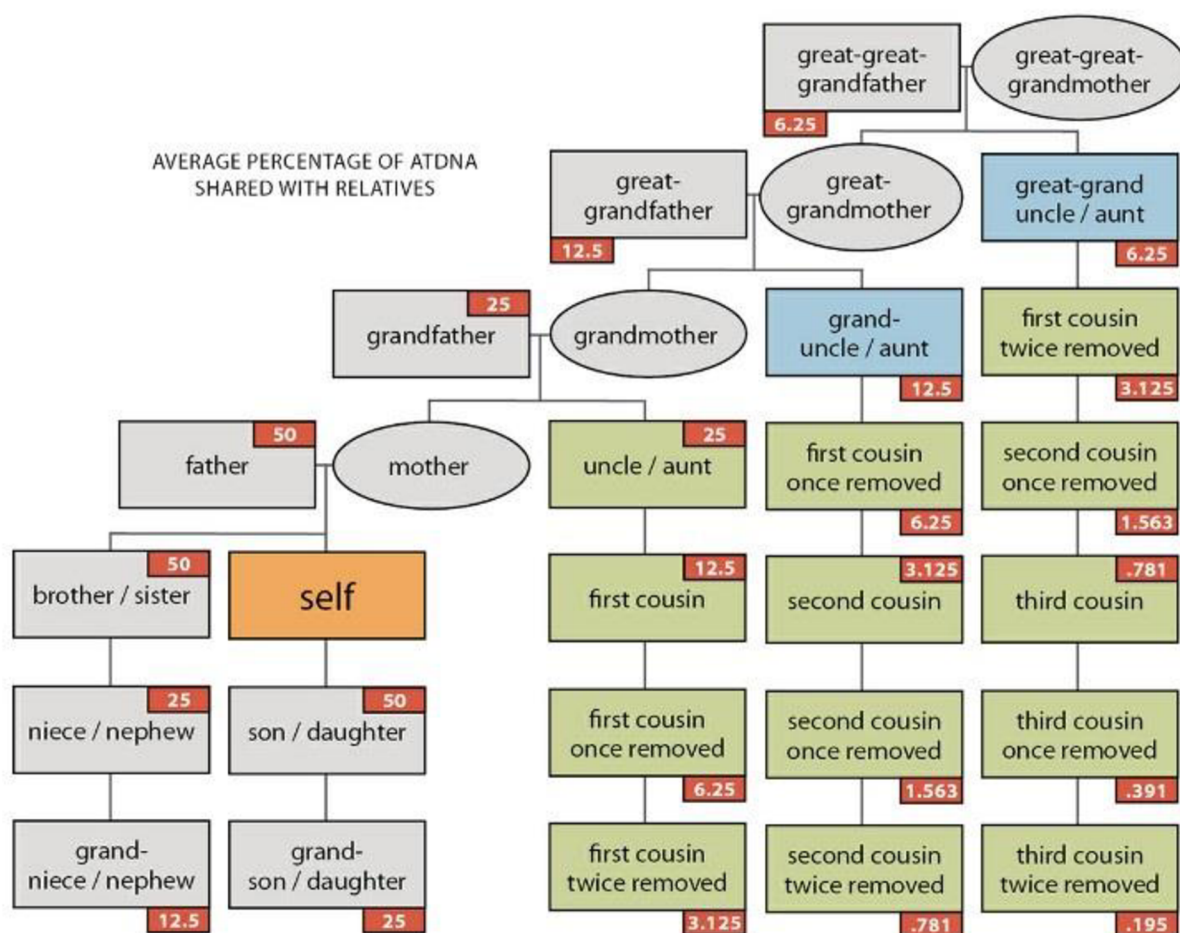
Obr. 1: Dědičný strom Y-DNA. Y-chromozóm je děděn vždy jen přímo v paterální linii. Zdroj www.livingdna.com.

Každý člověk má tedy dva **pohlavní chromozómy**. Při spojení dvou pohlavních buněk dochází s 50% pravděpodobností k výběru pohlaví, záleží tedy, zda se ve spermii bude nacházet chromozóm X, nebo Y. Ve vajíčku se vždy nachází X. Synové od otce zdědí **Y chromozóm (Y-DNA)** (obr. 1) a od matky X chromozóm. Dcery pak od obou rodičů získají jeden X chromozóm. Y chromozóm je díky tomu děděn prakticky v neměnném stavu.³³ Logicky tedy pouze u mužů můžeme sledovat tzv. **otcovskou linii**, kterou rozdělujeme do haploskupin.³⁴

³³ Y chromozóm se nijak nemění, jelikož nemá protější chromozóm k tzv. rekombinaci (promíchání). Dochází u něj jen k drobným mutacím zhruba jednou za 100 let.

³⁴ Viz dále.

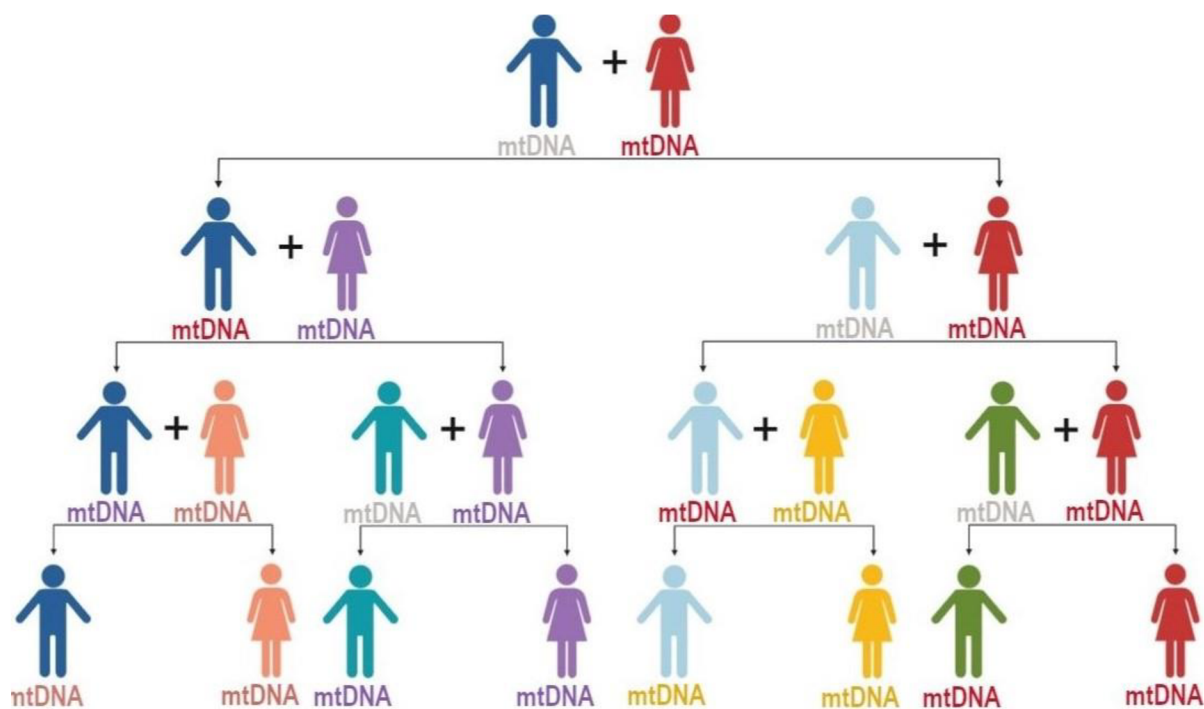
Autozomální DNA (atDNA) se skládá ze 44 chromozómů (22 párů) a získáváme ji rovnoměrně od svých rodičů (obr. 2). Oba nám tedy dají 50 % své DNA, kterou ve stejném množství získali od svých rodičů. Logicky máme tedy od každého prarodiče 25 % jeho DNA.³⁵ Ani vlastní sourozenci však nemají stejnou DNA, jelikož zdědili po rodičích jiné části genomu.³⁶ Autozomální DNA se tedy dědí prakticky rovnoměrně u obou pohlaví a nedělí se na žádné haploskupiny.



Obr. 2: Znárodnění průměrného procenta sdílené atDNA s konkrétními příbuznými. Zdroj B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 55.

³⁵ Nutné je zmínt, že dochází k drobným odchýlkám v procentuální dědičnosti DNA, a to například 23 / 27 % u prarodičů. Srov. B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 55.

³⁶ Mnohdy je zjednodušeně udáváno, že od každého rodiče obdržíme jeden chromozóm. To ale není zcela pravda, jelikož by tedy všichni sourozenci byli stejní. Ve skutečnosti dochází k tzv. rekombinaci, náhodnému promíšení dvou otcových chromozómů (výsledný chromozóm poté dědíme) a stejně tak matčiny. Prakticky „stejná“ jsou pouze jednovaječná dvojčata.



Obr. 3: Dědičný strom mtDNA. Mitochondriální DNA je děděna vždy na dceru a syna, ale dále ji přenáší pouze ženy po maternální linii. Zdroj www.livingdna.com.

Překvapením pro laiky většinou bývá, že se **materšská linie** nezjišťuje, ale ani nedědí po pohlavním X chromozómu, ale po tzv. **mitochondriální DNA (mtDNA)**.³⁷ Ta se nachází ve velkém množství mimo jádro buňky, kde je zodpovědná za její zásobování energií. Mitochondriální DNA se nachází ve vajíčku matky a přenáší se jak na dceru, tak na syna (obr. 3). Dále jí však na další dědice přenáší pouze ženy. Stejně jako Y-DNA, i mtDNA nerekombinuje, tedy zůstává prakticky nezměněná a dají se u ní definovat haploskupiny.

Jak je uvedeno výše, konkrétní druh mutací na Y-DNA a mtDNA se nazývá **haplotyp**. **Haploskupina** je pak nadřazený termín haplotypu. Jedná se o společnou větev osob sdílejících dědičně stejnou sérii mutací. Celou mužskou populaci je možné zařadit do jednoho rozsáhlého stromu Y-DNA a postupně se propracovat až k tzv. **Y-DNA Adamovi**, tedy původnímu prapůvodci všech současně žijících mužů. Stejně u mitochondriální DNA nám haploskupiny vytváří strom, jehož větve nás zavedou až k **mitochondriální Evě**. Tyto teze vedou mnoho lidí k nesprávné myšlence, že snad v jednu dobu na zemi žila pouze jedna žena a jeden muž a ti spolu zplodili celé lidstvo. To je samozřejmě vysoce nepravděpodobné, jelikož dochází

³⁷ Muž totiž své dceři předává vždy chromozóm X, který je stejný jako dostal on od své matky. Jeho chromozóm (jako u každého muže) totiž neměl druhý X chromozóm, se kterým by se rekombinoval). Viz dále.

běžně k **vymírání rodů**, což se dá připodobnit k zániku příjmení. Ač bylo například v době genetického Adama (tedy zhruba před 300 000 lety) na celé zemi pouze 3000 jedinců, jistě z nich většina měla potomky.³⁸ Ti však (kromě Adama a Evy) do dnešní doby nezanechali žádnou mitochondriální DNA nebo Y-DNA, a tedy po nich nezůstala žádná haploskupina ani její větev. Zajímavý může být i fakt, že zmíněný genetický Adam se s genetickou Evou nikdy nepotkal a jejich životy dělily desítky tisíc let.

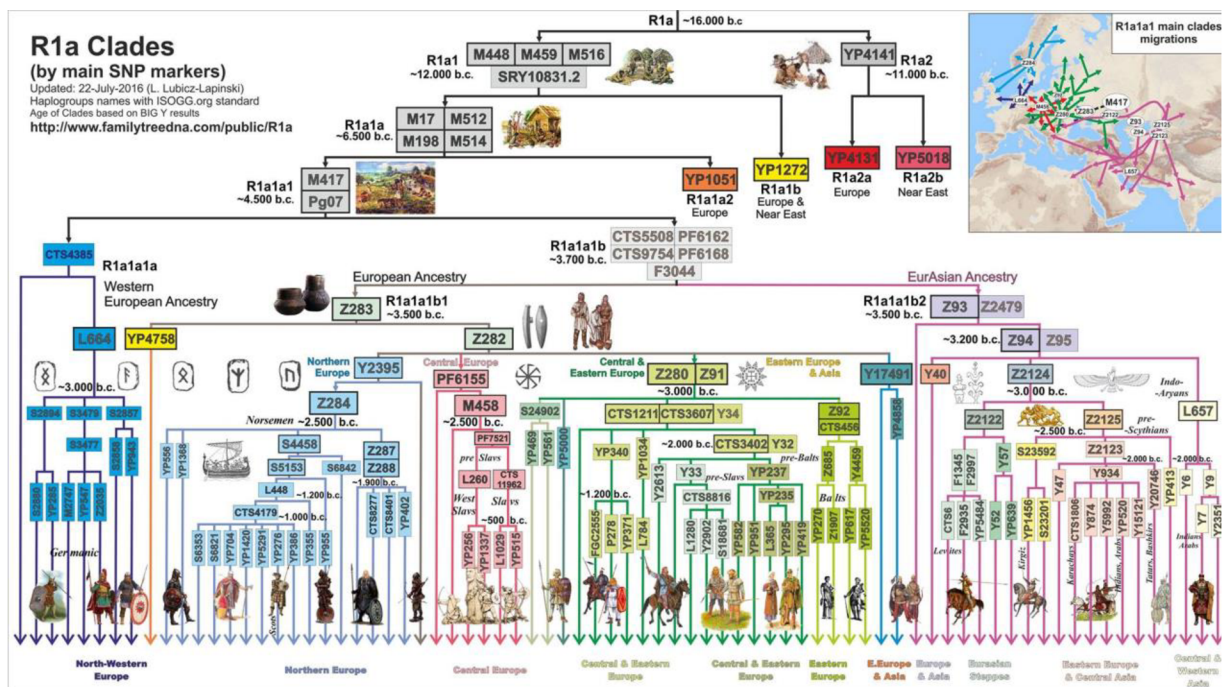
Přiřazování jednotlivců k haploskupinám je velice populární a umožňuje historikům poodhalit vývoj lidského druhu a jejich migrační cesty. Rozborem DNA kosterních pozůstatků z pravěkých hrobů jsme totiž schopni doplnit do stromu haploskupin další chybějící články a místo nálezu propojit i s přibližným obdobím života daného jedince.³⁹ Zde je třeba zmínit, že u mtDNA dochází k mutacím méně často (oproti mutacím na chromozómu Y). To může být výhoda pro archeology a paleogenetiky, avšak pro genealogy je to velká nevýhoda. Jelikož k jedné mutaci dochází v horizontu vyšších stovek až nižších tisíců let⁴⁰, nedá se mtDNA haplostrom prakticky využít k čistě genealogické práci. Naopak u chromozómu Y dochází k mutacím mnohem častěji a nepravidelně. Právě častější mutace jsou výhodou pro genealogy, jelikož se objevuje více rozdílných haploskupin, které je možné logicky časově řadit podle vzniku jednotlivých mutací a tím i predikovat společného předka v řádu stovek let (obr. 15). Právě na vývoji haploskupin je možné pozorovat závratnou rychlost vývoje genetické genealogie a paleogenetiky. Prakticky každým dnem narůstá počet podskupin hlavních haploskupin a dochází k neustálému zpřesňování fylogenetického stromu lidstva, a to hlavně u Y-DNA haploskupin.

³⁸ D. VANĚK, *Průvodce DNA testováním*, s. 36.

³⁹ Tato metoda, spolu s analýzou izotopů stroncia v zubech a kostech, je archeology označována jako naprosto převratná a je přirovnávána k objevu radiokarbonové metody určování věku nálezů. Srov. J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s.20–22, nebo Lenka KOVÁČIKOVÁ – Jan BRŮŽEK, *Stabilní izotopy a bioarcheologie – výživa a sledování migrací v populacích minulosti*, *Živa* 2/2008, dostupné online <https://ziva.avcr.cz/files/ziva/pdf/stabilni-izotopy-a-bioarcheologie-vyziva-a-sledova-1.pdf>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁴⁰ Viz dále.

I v současnosti se naleznou firmy, které se neostýchají předložit testovanému zákazníkovi „certifikát“ s tím, že je Kelt či Slovan, a to na základě příslušnosti k haploskupině. Zde je na místě objasnit, že se jedná o nesmysl, jelikož v době, kdy vznikala naprostá většina haploskupin, neexistoval ani jeden z těchto kmenů.⁴¹ Jednotlivé haploskupiny se velice rychle začaly mísit mezi sebou. Například v České republice nejčastější haploskupina R1a má procentuálně nejvyšší zastoupení v Polsku, ale její podskupiny se etablovaly před několika tisíci lety i v západní Evropě, Skandinávii a na Britských ostrovech (viz obr. 4). Přesto však (viz výše) můžeme jednotlivé podskupiny haploskupiny R1a přiřadit do určitých časových období a geografických lokalit.⁴²



Obr. 4: Příklad migrace Y haploskupiny R1a a jejich mutací. Haploskupina R1a má v české populaci největší zastoupení (cca 37%). Zdroj www.ftdna.com – Lubicz Lapinski.

⁴¹ Často se srovnává haploskupina R1a se Slovany a R1b s Kelti. Tato dezinterpretace má zřejmě základ v nacionalistické historiografii 19. a 20. století, která má na paleogenetiku velký vliv a stojí i za mnoha jinými genetickými mýty. Srov. J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s. 109–116, 215–217.

⁴² Velmi kvalitní rozbor historie mtDNA a Y-DNA haploskupin včetně map zobrazujících jejich zastoupení v různých oblastech se nachází na <https://www.eupedia.com/genetics/>, [citováno k 30. 1. 2023].

Co, jak a kde testovat

V dnešní době máme naštěstí již mnoho možností, jak a kde odebraný vzorek DNA otestovat. Důležité však je mít **promyšlenou strategii testování** již před objednáním konkrétní služby, výběru laboratoře i samotným odběrem DNA. V případě genetické genealogie, kde budeme s největší pravděpodobností odebírat DNA žijící osobě, je nutné nejprve přihlédnout k pohlaví osoby. Tím samozřejmě narážím na nemožnost rozboru Y-DNA u žen. Vždy je tedy nutné mít na mysli základy genetiky z předchozí kapitoly, tedy převážně dědění mtDNA po maternální linii a dědění Y-DNA po paternální linii. Dále je ještě před odběrem vhodné mít zpracován alespoň základní vývod předků testované osoby. Zde je třeba použít veškeré možné genealogické prameny a kriticky přistupovat k orálním pramenům. Vzhledem k tomu, že nám genealogické testování vždy ukáže skutečné, respektive biologické rodiče, podhalujeme mnohdy pečlivě a chtěně zakrytá rodinná tajemství, která mohou být již dávno zapomenuta, nebo naopak cíleně zatajována. To samozřejmě vede k etickému problému testování, který mnohdy iniciátorům odběru uniká. Zde je nejprve nutné zamyslet se, zda je pravděpodobné odhalení nějakého neočekávaného rodinného tajemství v podobě falešné paternity, adopce apod. Ač zde můžeme opět argumentovat druhou větou této studie, dají se tyto jevy předpokládat na základě indicií získaných právě z genealogických pramenů, nebo naopak téměř vyvrátit.⁴³ Vždy však musíme testovanou osobu s touto možností seznámit a zcela ji informovat o dalších aspektech testování. Vhodné je například zmínit, že vzorky se po několik let uchovávají v laboratořích pod specifickým kódem, ale samotná laboratoř většinou je schopna spojit vzorek se jménem. V případě zasílání vzorku do USA musíme počítat s tím, že FBI má v omezené míře a v konkrétně zákonem daných případech povolen „vstup“ do databáze vzorků.⁴⁴ Přístup k „soukromým“ DNA datům v databázích zatím bezpečnostní složky v Evropě nemají (alespoň ne zákonně), ale v budoucnu se dá očekávat velká diskuze k tomuto tématu. Prakticky každá laboratoř vyžaduje při odběru DNA vyplnění krátkého dotazníku včetně seznámení se s ochranou dat a nakládáním se vzorkem DNA, které musí testovaná osoba stvrdit podpisem. V některých publikacích je důrazně doporučeno, aby si osoba

⁴³ Např. chybějící rodné listy, změny jmen, podezřelé události v rodině, neochota mluvit o tématu atd.

⁴⁴ Srov. <https://www.nbcnews.com/news/world/your-dna-police-database-flna6c10617124>

provádějící test, nechala podepsat souhlas o odběru a nakládání s genetickým materiálem od testovaného a tím se vyvarovala případným možným sporům. Vždy je také nutné informovat testovanou osobu o tom, do jakých srovnávacích databází hodláme jeho DNA nahrát, popřípadě k čemu konkrétně budou její DNA data používána.⁴⁵

V naprosté většině případů budeme při genealogické práci využívat laboratoře komerčních firem. V omezené míře pak, speciálně při vědeckých projektech, můžeme využít k rozboru DNA i laboratoře nekomerční.⁴⁶ V současnosti se v oblasti genetické genealogie etablovala tzv. *velká čtyřka* firem,⁴⁷ které prakticky po celém světě umožňují testování DNA pomocí jednoduchých sad, které vám po objednání doručí pošta. Tyto sady se většinou skládají z jednoduchého návodu, dvou stěrových tyček a dvou malých zkumavek, do kterých se po provedení stěru z vnitřku tváře zmíněné tyčky odlomí a uzavřou (viz obr. 5). Další variantou je odběr DNA pomocí vzorku slin v tzv. odběrovém kontejneru. Vždy je samozřejmě nutné bedlivě prostudovat návod zaslaný s odběrovou sadou.⁴⁸



Obr. 5: Sady pro bukální stěr jsou napříč firmami velmi podobné. Obsahují dvě zkumavky s roztokem, dvě stěrové tyčky, návod, prohlášení o povolení nakládání s biologickým materiálem a zpětnou obálku. Zdroj archiv autora.

⁴⁵ Některé databáze umožňují vkladateli potvrdit možnost vložení dat DNA např. do policejní databáze nebo poskytnout veškerá svá vložená data k vědeckým účelům.

⁴⁶ V České republice se většinou k vědeckým účelům využívá laboratoř *Kriminalistického ústavu v Praze*, popřípadě univerzitní laboratoře *Masarykovy univerzity v Brně* a *Univerzity Karlovy v Praze*. Na základě celoevropské spolupráce je například u významných archeologických nálezů využívána špičková laboratoř *Institutu Maxe Plancka v Mnichově*.

⁴⁷ Jedná se o společnosti *FT DNA*, *23andMe*, *MyHeritage* a *AncestryDNA*.

⁴⁸ Kupříkladu odběr spolehlivě znehodnotí lepidlo na protézy, káva apod.

V příložené obálce se poté zkumavky zašlou zpět do laboratoře včetně vyplněných a podepsaných dokumentů. Samotné testy je vhodné zakoupit na konkrétních webových stránkách firem,⁴⁹ které nabízejí různé sady produktů. Než si však vyberete, od koho a jaký test zakoupíte, je vhodné vědět, k čemu daný test slouží a jaké informace vám může poskytnout.⁵⁰

V případě paleogenetiky je přístup většinou opačný. Jelikož jsou kosterní nálezy mnohdy ve stavu, který neumožňuje kompletní sekvenaci DNA, provádí se pouze rozbor té části DNA, který je proveditelný. V mnoha případech se tak podaří analyzovat pouze mtDNA, která se v buňce nachází ve velkém množství. Naopak výhodou testování z lidských pozůstatků (převážně zubů a kostí) je možnost (a mnohdy nutnost) odběru testovaného materiálu přímo laborantem/genetikem, který rapidně zvyšuje kvalitu získaného vzorku. Současný vývoj v oboru extrémně snižuje potřebné množství vzorku, což umožňuje testovat i donedávna netestovatelné vzorky.

Jak již bylo zmíněno, základní dělení testů odpovídá základnímu genetickému dělení z předešlé kapitoly. Bavit se tedy budeme o testu autozomálním, Y chromozomálním a mitochondriálním. Komerční firmy mnohdy nabízejí i jiné testy, ty však ve většině případů vycházejí z informací zjištěných na základě zmíněného testování.⁵¹

⁴⁹ FT DNA www.familytreedna.com, MyHeritage www.myheritage.co, 23and Me www.23andme.com, AncestryDNA www.ancestry.com, [citováno k 30. 1. 2023].

⁵⁰ Viz dále.

⁵¹ Může se jednat o již zmíněnou predikci nemoci nebo určení tzv. válečnického genu. Reálná výpovědní hodnota je však diskutabilní a pro genetickou genealogii je využitelnost prakticky nulová.

Autozomální testování

Autozomální test⁵² je označován jako nejužitečnější v genetické genealogii a zároveň je cenově nejdostupnější. Nabízí ho všechny zmíněné firmy tzv. *velké čtyřky*. V České republice prozatím není žádná česká firma, která by komerčně tento test nabízela, a proto je prakticky jedinou možností využít zahraniční nabídky.⁵³ Test zkoumá autozomální (chromozomální) DNA, kterou dědíme vždy prakticky rovnoměrně (viz předchozí kapitola a obr. 2). Díky tomu, že rozsah zděděné genetické informace autozomální DNA je do určité míry matematicky predikovatelný, jsme tak schopni podle podobnosti sekvencí genů odhadnout příbuznost. Právě určení konkrétní příbuznosti je možné díky zjištění celkové délky sdílené DNA, která je udávána v jednotkách nazvaných **centimorgeny (cM)**. V přiložené tabulce (obr. 6) jsou uvedeny průměrné hodnoty centimorgenu a jejich minimální a maximální hodnota pro konkrétní příbuzenský vztah. V dnešní době každá z firem *velké čtyřky* umožňuje porovnat svůj vzorek DNA s ostatními sekvenovanými vzorky a anonymně je porovnat s použitím webových aplikací umožňujících okamžité zjištění teoretického příbuzenského vztahu. Slovíčko teoretického je zde důležité, jelikož čím je potenciální příbuzenská vzdálenost větší, tím se zvyšuje možnost náhodné podobnosti profilu DNA a tedy tzv. falešné genetické

INFORMACE V GRAFU: příbuznost průměr rozsah		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič		Pra-pra-prarodič	
Poloviční pra-prateta / strýc	Pra-prarodič											Praprateta/strýc	1C3R	2C3R	Jiné vztahy						
208 103 – 284	887 485 – 1486											420 186 – 713	117 25 – 238	51 0 – 154							
Polovina 1C2R	Poloviční prateta / strýc	Prarodič				Prateta / strýc	1C2R	2C2R	3C2R												
125 16 – 269	431 184 – 680	1754 984 – 2462				869 330 – 1467	221 33 – 471	71 0 – 244	36 0 – 166												
Polovina 2C1R	Polovina 1C1R	Poloviční tetra / strýc	Rodič			Teta / strýc	1C1R	2C1R	3C1R	4C1R	6C1R										
66 0 – 190	224 62 – 469	871 492 – 1315	3485 2376 – 3720			1741 1201 – 2282	433 102 – 980	122 14 – 353	48 0 – 192	28 0 – 126	15 0 – 56										
Polovina 3C	Polovina 2C	Polovina 1C	Polorodý sourozenec	Sourozenec	JÁ	Šestřenic / bratranec 1C	2C	3C	4C	5C	6C2R										
48 0 – 168	449 10 – 325	166 – 979	1759 1160 – 2436	2613 1613 – 3488		966 396 – 1397	229 41 – 692	73 0 – 234	36 0 – 139	25 0 – 117	13 0 – 46										
Polovina 3C1R	Polovina 2C1R	Polovina 1C1R	Poloviční neteř / synovec	Neteř synovec	Dítě	1C1R	2C1R	3C1R	4C1R	5C1R	7C										
37 0 – 139	66 0 – 190	224 62 – 469	871 492 – 1315	1740 1201 – 2282	3487 2376 – 3720	433 102 – 980	122 14 – 353	48 0 – 192	28 0 – 126	21 0 – 80	14 0 – 57										
Polovina 3C2R	Polovina 2C2R	Polovina 1C2R	Poloviční praneteř / synovec	Praneteř/synovec	Vnuče	1C2R	2C2R	3C2R	4C2R	5C2R	7C1R										
27 0 – 76	48 0 – 144	125 16 – 269	431 184 – 668	860 330 – 1467	1754 984 – 2462	221 33 – 471	71 0 – 244	36 0 – 166	22 0 – 93	18 0 – 65	12 0 – 50										
Polovina 3C3R	Polovina 2C3R	Polovina 1C3R	Poloviční pra-praneteř / synovec	Pra-pra-neteř / synovec	Pravnouče	1C3R	2C3R	3C3R	4C3R	5C3R	8C										
60 0 – 120	208 103 – 284	80 0 – 120	208 103 – 284	420 186 – 713	887 485 – 1486	117 25 – 238	51 0 – 154	27 0 – 96	19 0 – 60	13 0 – 30	11 0 – 42										

Obr. 6: Graf zobrazuje rozmezí a průměrnou hodnotu sdílených shod atDNA v centimorgenech, a to podle stupně příbuznosti. Zdroj B.BETTINGER, *The Family Tree*, s. 68, upravil a přeložil Martin Pilař.

⁵² Srov. B.BETTINGER, *The Family Tree*, s. 52–92.

⁵³ To však neznamena, že v ČR neexistují firmy testující některé části atDNA, popřípadě porovnávající jednotlivé autozomální chromozomy dvou a více vzorků (např. v paleogenetice).

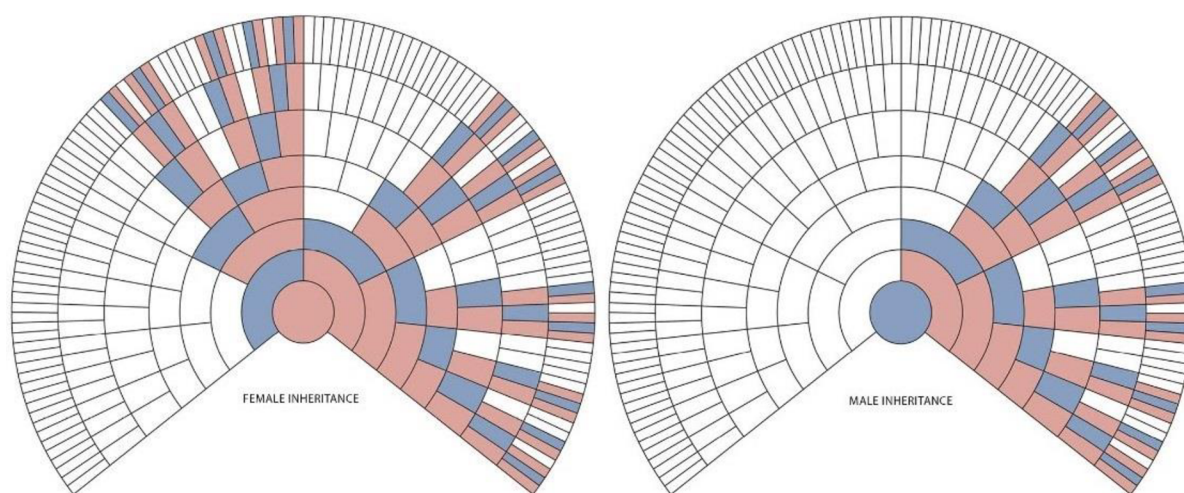
příbuznosti. Například tzv. „bratranec přes koleno“ (druhý bratranec, nebo syn otčova bratrance) se mnou sdílí v průměru pouze 3, 125 % atDNA (viz obr. 2). Proto je vždy žádoucí porovnávat jednotlivé sekvence DNA v programech, které umožňují srovnat jednotlivé chromozomy obou vzorků a vyloučit náhodné shody.⁵⁴ Z uvedeného vyplývá, že celkově lze použít tento test pro genealogické využití maximálně do 6. až 8. generace. Z tabulky (obr. 6) je také zřejmé, že číselná hodnota (procentuální, nebo v cM) nám většinou přesně neurčí konkrétní příbuznost. Pro mnoho příbuzenských vztahů je totiž číselná hodnota (respektive její rozptyl) podobná. Vždy je tedy nutné postupně dle genealogických vývodů, nebo dalších otestovaných osob, vylučovat nemožné a přibližovat se ke konkrétnímu a jedinému příbuzenskému vztahu. Výhodou testů atDNA je jejich cenová dostupnost a možnost otestovat obě pohlaví. Nejčastěji jsou v ČR používány autozomální testy firmy *FTDNA* a *MyHeritage*.

Name	Ancestral Surnames	Haplogroup	Relationship Range	Shared DNA	Longest Block	X Match
Pavel Anděl	Žďárková, Žďárek, Anděl, Bašová, Bočková, Boček Jira, Bodlákova, Benda,...	Y-DNA: R-FTD3... mtDNA: H1c7	Parent/Child GRANDSON	3565 cM	284 cM	No Match
[Redacted]	Stach	Y-DNA: R-FTA15... mtDNA: N/A	2nd Cousin - 4th Cousin Link on Family Tree	74 cM	30 cM	No Match
[Redacted]	Glasser, Stauffer	mtDNA: K2a6	2nd Cousin - 4th Cousin Link on Family Tree	65 cM	26 cM	No Match
[Redacted]	Not Provided	mtDNA: N/A	2nd Cousin - 4th Cousin Link on Family Tree	49 cM	29 cM	No Match
[Redacted]	Not Provided	Y-DNA: N/A mtDNA: N/A	3rd Cousin - 5th Cousin Link on Family Tree	43 cM	18 cM	No Match

Obr. 7: Základní tabulka zobrazující shody v programu firmy FT DNA. Výhodou je i zobrazení shod na X chromozómu, popřípadě v haploskupině. Tyto dodatečné informace mohou velice rychle potvrdit, nebo vyvrátit příbuznost, popřípadě nasměrovat genealoga do správné větve rodokmenu. Zdroj www.ftdna.com.

⁵⁴ K tomu bývá nejčastěji používána webová aplikace *GedMatch*, která je volně přístupná a umožňuje nahrát data jiných společností a poté je srovnat s rozsáhlou databází (viz dále). Vždy je zde záhodno nesledovat pouze celkovou hodnotu délky společné atDNA, ale hlavně nejdelší společné (jednotlivé) části atDNA.

Konkrétní příklad základního výsledného zobrazení atDNA testu od firmy FTDNA můžeme vidět na obrázku 7. Systém ve své databázi automaticky vyhledá tzv. shody, tedy dříve otestované osoby ve firemní databázi, které dle algoritmu považuje za příbuzné. Každá firma dále umožňuje řadit nalezené shody dle několika atributů, přičemž základní je **celková délka sdílené DNA v centimorgenech (shared DNA)**. Tento údaj nám při blízké příbuznosti jednoznačně odhalí příbuznost a většinou se trefí i do **příbuzenského vztahu (relationship range)**, který program také odhaduje.⁵⁵ Minimálně u vzdálenějších potenciálních příbuzenských vztahů je vždy záhodno sledovat **nejdelší sdílený blok (longest block)**, který může potvrdit příbuznost. Právě tento celistvý blok většinou prokazatelně vede k tomu, že je zděděn od nějakého společného předka, zatímco krátké segmenty mohou být náhodnou shodou a jejich součet v celkově sdílené DNA může vést k falešné příbuznosti. Nezanedbatelnou informací, která může velice pomoci při zjišťování, jak jsme s dotyčnou osobou příbuzní, je hodnota shody na **X chromozómu** (obr. 7).⁵⁶ Právě u chromozómu X je třeba porozumět, kdo ho mohl od koho zdědit, a tím postupně vyloučit jednotlivé větve z příbuzenského vztahu se shodou (viz obr. 8). Další zobrazenou hodnotou, která nám může ulehčit bádání po společném předkovi, jsou zobrazené **haploskupiny**. Ty nám umožňují



Obr. 8: Levý vývod zobrazuje dědičnost chromozómu X v případě, že střenem je žena. Vpravo je obdobná situace, ale střenem je zde muž. Zdroj B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 99–103.

⁵⁵ Jak je pochopitelné z anglického termínu *relationship range*, většinou systém odhaduje možný rozsah příbuzenského vztahu, tedy například *třetí až pátý bratranec*.

⁵⁶ Srov. D. B. WAYNE, *Advanced Genetic Genealogy*, s. 55–74.

přiradit, nebo vyloučit osobu, v přímé otcovské či mateřské linii. Nevýhodou je, že toto testování zatím není tolik rozšířené a naprostá většina firem ho ani nenabízí. Opatrnost je na místě v případě shody v mtDNA haploskupině, což ve skutečnosti může znamenat i příbuznost v horizontu tisíců let (viz dále). Poslední a velice důležitou pomůckou jsou **příjmení předků** osoby se shodou v atDNA, které se však pochopitelně zobrazí pouze pokud je majitel testu poskytne. Obdobnou neocenitelnou pomůckou v pátrání je zveřejněný vývod z předků, který je možné přímo v programu rozkliknout. Bohužel mnohdy jakýkoli pokus o rodokmen chybí anebo je nevalné úrovně.

Matrix Matches							
	Anderson, Craig John	Anderson, Alan Mills	Blachon, Mizya	Bracegirdle, John	Anděl, Pavel	Zdeněk, Bohumila	Anderson, Tomáš, Rob
Anderson, Craig John					✓		
Anderson, Alan Mills			✓				
Blachon, Mizya		✓					
Bracegirdle, John					✓		
Anděl, Pavel	✓			✓		✓	
Zdeněk, Bohumila					✓		
Anderson, Tomáš, Rob							

✓ - This person is identified as a match.

Obr. 9: Triangulační utilita Family Finder Matrix využívá základní genetické poučky, že žádný předek nemůže svým potomkům předat genetickou informaci, kterou sám nemá. I díky tomu je zde velice lehké nalézt shody, se kterými máte stejný segment DNA a tedy i společného předka. Zde mají společného předka Pavel, oba Johnové, Bohumila a samozřejmě držitel této DNA – Zdeněk, který zde není zobrazen. Alan a Mizya mají společného předka pouze se Zdeňkem. Triangulace velmi zjednodušuje pátrání po konkrétním, společném předkovi a prokazuje genetickou příbuznost daných osob. Zdroj www.ftdna.com.

V případě toho, že vyhodnotíme shodu jako pravděpodobného příbuzného, můžeme ho oslovit skrze vložený e-mail. Ve většině případů je však vhodné využít i dalších možností a porovnat vzorky i jinou formou. Kupříkladu tzv. **triangulace** umožňuje zjistit, které skupiny osob mají shodnou DNA, a tedy pocházejí od stejného předka. Vhodný je například nástroj FTDNA **Family Finder Matrix** (viz obr. 9).

The screenshot displays four DNA match profiles from the MyHeritage program. Each profile includes a profile picture, name, relationship, age, country, and DNA sharing statistics. The first two matches are identified as the user's father and mother. The other two matches are more distant relatives, with shared DNA percentages of 0.9% and 0.8% respectively.

Profile	Name	Relationship	Age	Country	Shared DNA %	Shared Segments	Longest Segment (cM)
1	Zdeněk Anděl	Otec	70-79	Czechia	49.9%	22	283.3
2	Drahomíra Dubánková	Matka	60-69	Czechia	49.9%	23	283.3
3	[Redacted]	3. - 4. sestřenice	40-49	Czechia	0.9%	3	34.6
4	[Redacted]	3. - 5. bratranec/sestřenice	20 nebo méně	Czechia	0.8%	5	21.3

Additional details for the matches include:

- Zdeněk Anděl:** "Zdeněk Anděl je součástí Vašeho rodokmenu. On je Váš otec."
- Drahomíra Dubánková:** "Drahomíra Dubánková je součástí Vašeho rodokmenu. Ona je Vaše matka."
- Match 3:** "Vyskytuje se v rodokmenu s 96 lidmi, který sama spravuje". Shared surnames: Jelínek. Shared birthplaces: Česko.
- Match 4:** "Vyskytuje se v rodokmenu s 4 lidmi, který sama spravuje". Shared birthplaces: Česko.

Obr. 10: Zobrazení nejbližších autorových shod v programu MyHeritage. Na prvních místech se nachází rodiče a dále prakticky neznámé osoby, které jsou však s vysokou pravděpodobností příbuzné. Zdroj www.MyHeritage.com.

Nalezené potenciální shody je také vhodné porovnat ve webové aplikaci **GEDmatch**, která umožňuje detailně porovnat shody na jednotlivých chromozómech, a to i u několika vzorků najednou. K tomu je vždy nutné stáhnout svoje atDNA data v tzv. **raw formátu**⁵⁷ a poté je nahrát do příslušné databáze aplikace. Velmi důležité je také nespolehat na to, že databáze komerčních firem jsou sjednoceny, respektive propojeny. Nejsou! Nejvíce shod nalezneme v rozdílných databázích, jelikož pochopitelně ne každý nahrává svá data do všech a jejich velikost je rozdílná.⁵⁸ Pokud si tedy provedeme test například u FT DNA, můžeme bezplatně nahrát svůj atDNA test na GEDMatch a do databáze MyHeritage. Vždy je vhodné si před testováním v jakékoli firmě ověřit, zda vám poskytne právě *raw data*. Pokud tomu tak není, testování prakticky postrádá smysl. V některých případech je nahrání atDNA testu jiných firem do některých databází zpoplatněno, ale každopádně je řádově levnější než nový test.

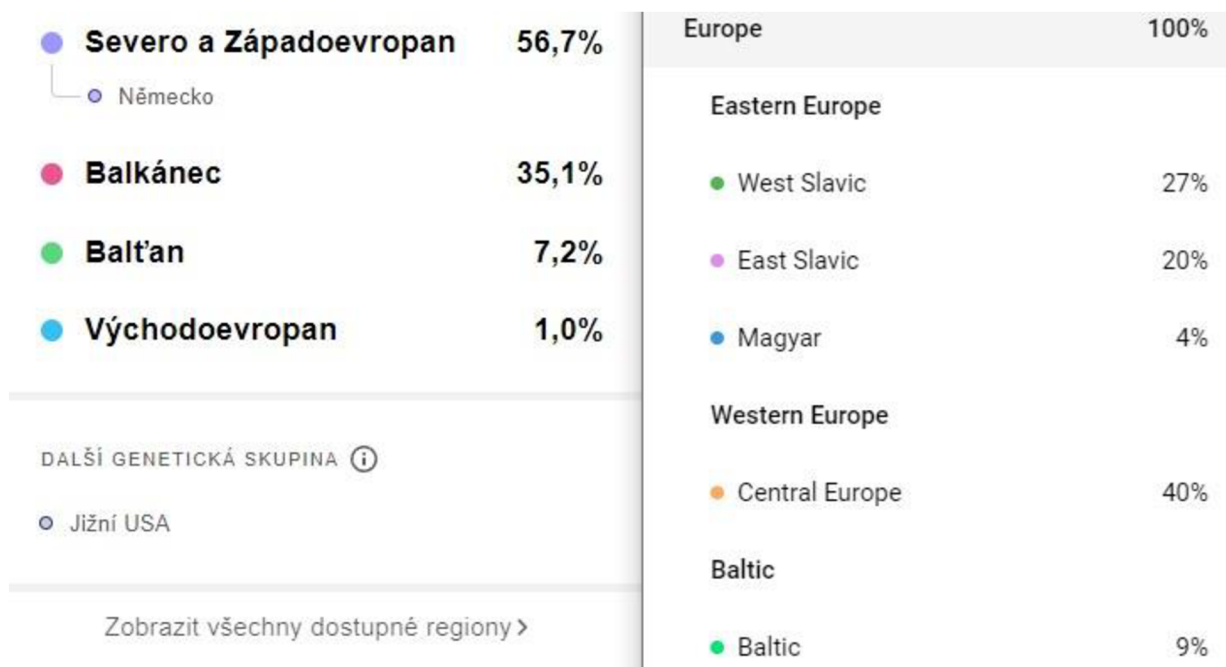
Obdobné zobrazení shod výsledků testu atDNA, ale od firmy MyHeritage, ukazuje obr. 10. Jednotlivé algoritmy tvořící seznam shod se pochopitelně u konkrétních firem liší a vždy je diskutabilní jejich úspěšnost odhadu. V případě hledání shod u firmy MyHeritage je velkou výhodou předpokládaná dostupnost genealogického vývodu potenciačního příbuzného, jelikož tato firma apriori podniká v propojování vývodů jednotlivých osob a ulehčuje vyhledávání předků.⁵⁹

⁵⁷ *Raw data* – většinou unifikovaný balíček dat, který umožňuje práci (porovnání DNA) v mnoha programech. Srov. D. B. WAYNE, *Advanced Genetic Genealogy*, s. 189–214.

⁵⁸ Největší databázi má v současnosti *AncestryDNA* (cca 15 miliónů) a *23andMe* (10 miliónů). Firma *MyHeritage* má databázi zhruba o 5 miliónech uživatelů s nahranou DNA. Podstatná je samozřejmě i etnická struktura databází, jelikož typický Středoevropan má většinou minimální shody v Asii a Africe (na rozdíl od uživatele z USA). V asijských databázích, popřípadě v databázích s převažující asijskou etnicitou, většinou shody nenalézáme.

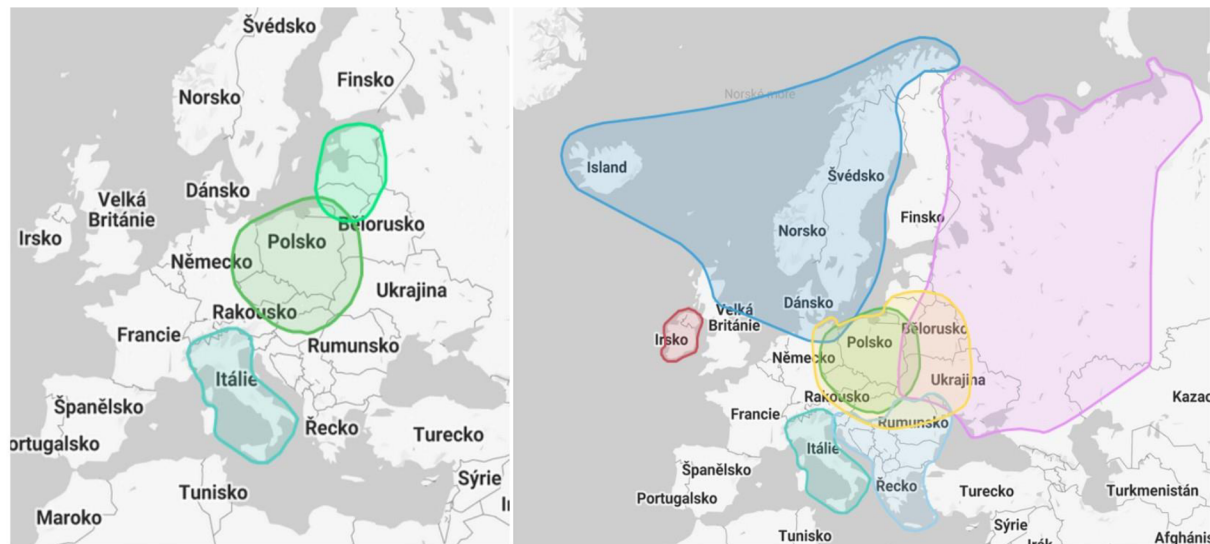
⁵⁹ Samotná problematika genealogických programů ulehčující genealogům jejich práci je velmi ožehavé téma. Mnoho nejen laických genealogů má sklon až k bezmyšlenkovitému rozšiřování svého rodového stromu o nabízené shody příbuzných, které však bez kontroly v relevantních pramenech většinou vedou k chybovosti a naprostému znehodnocení výsledné práce. Diskutabilní je i samotná cenová politika firem a otázka zabezpečení dat.

Součástí většiny komerčních testů atDNA je i tzv. **určení etnicity**. Jednotlivé firmy odhadují, na základě své databáze analyzovaných vzorků a místa života jejich nositelů, příslušnost k etniku. Vzhledem k tomu, že každá komerční společnost využívá jiný algoritmus (a má pochopitelně k dispozici i jiné vzorky DNA), vychází etnicita vždy v různé míře rozdílně (obr. 11). Samotný výsledek je samozřejmě závislý na počtu srovnávaných vzorků a na zadaném etniku. Zatímco v minulosti se uživatel spokojil s tím, že má nejvíce geneticky příbuzné jedince v západní Evropě, a tedy nikoli v Asii, nyní se některé firmy pokoušejí předkládat etnicitu vázanou i na současné národy. Toto pojetí je však značně nevědecké a obecně se dá hovořit o touze komerčních společností splnit (ač nereálný) požadavek zákazníka za každou cenu. V současnosti je tedy určení etnicity pouze orientační a neměla by mu být přikládána přílišná pozornost. Zatímco obyvatel USA může díky určení etnicity zjistit, že jeho předci zřejmě přišli z Evropy a nějaká část například z Afriky, naprostá většina sekvenované DNA z České republiky odpovídá obvyklé migraci v rámci Evropy a nevykazuje pro historiky příliš vědecky využitelné informace. Určení etnicity občanů České republiky, pochopitelně znesnadňuje umístění státu ve středu Evropy. DNA testy jen potvrzují vtipné



Obr. 11: Příklad rozdílnosti odhadu etnického původu u jedné osoby (ze stejného atDNA testu). Vlevo se nachází odhad firmy MyHeritage, vpravo odhad firmy FTDNA. Rozdíl v genetické skupině „Balkán“ a „Východoevropan“ (respektive „West Slavic“), je ohromný. Vypovídací hodnota je prakticky nulová, s výjimkou potvrzující zcela „evropskou“ DNA testovaného a tedy předpokladatelný evropský původ předků. Zdroj www.MyHeritage.com a www.ftdna.com.

tvrzení Martina Kotačky o Čechách jako „*Voříšcích Evropy*“.⁶⁰ Dlouhodobě je však předpokladatelné, že s přibývajícím množstvím testů bude možné zpřesňovat odhad původu předků.



Obr. 12: Příklad znázornění etnicity u dvou sourozenců. Ač se zde příbuznost jeví jako naprosto nemožná, opak je pravdou. Sourozenci totiž vždy sdílejí „pouze“ 50% stejné atDNA. Zdroj www.facebook.com/groups/geneticka.genealogie.

Běžně se také v rámci atDNA testování setkáme se snahou rozličných firem odhalit **slavné předky** testované osoby, včetně šlechtického původu. Tato zdánlivá příbuznost samozřejmě pokulhává na známém faktu, že se počet předků každou generaci zdvojnásobí a tedy ve 12. generaci máme již 4096 „prarodičů“. Pokud bychom tímto jednoduchým výpočtem odhadli počet předků ve 13. století, lehkým bychom se dostali nad počet všech tehdy, ale i dnes žijících lidí.⁶¹ Rodové linie se však pochopitelně prolínají a mnoho osob máme v rodokmenech vícekrát. S touto znalostí tedy zřejmě nikoho nepřekvapí tvrzení Johanne Krause o tom, že každý z nás má s nejvyšší pravděpodobností za předka například Karla Velikého.⁶² Pokud půjdeme ještě dále, někde kolem roku 1500 př. n. l. bychom mohli hledat společného předka všech lidí na celém světě.⁶³ Prakticky všichni tedy máme předky slavné, šlechtické, slovanské, germánské apod. Záleží jen jak vzdáleného „předka“ hodláme za předka považovat.

⁶⁰ Srov. https://www.idnes.cz/xman/styl/geny-analyza-dna-rasa-narod-rasismus-nacionalismus-predci.A200904_102722_xman-styl_fro, [citováno k 30. 1. 2023].

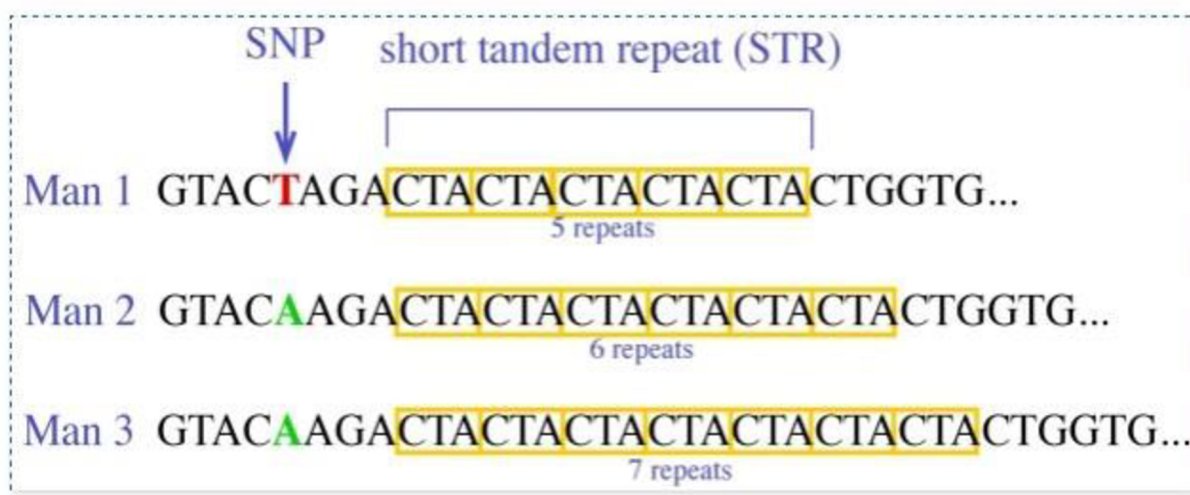
⁶¹ Srov. A. RUTHERFORD, *Stručné dějiny*, s. 9–23.

⁶² J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s. 35.

⁶³ A. RUTHERFORD, *Stručné dějiny*, s. 167–168.

Y-DNA testování

Nejen pro genealogy, ale i pro historiky je velmi zajímavé testování chromozómu Y. Největší nevýhoda testování **Y-DNA**⁶⁴ je nasnadě – nemůžeme totiž testovat ženy, jelikož chromozóm Y nezdědily, a tedy ho nemají. To samozřejmě platí i pro určení příslušnosti k paternální haploskupině. Naopak největší výhodou je, že chromozóm Y nemá protějšek, a tedy nemůže rekombinovat. Zjednodušeně řečeno se „prakticky beze změny“ dědí z otce na syny. Naštěstí se však v průměru jednou za 100 let Y chromozóm nepatrně změní. Tyto mutace nám umožňují zjistit dvě již zmíněné metody testování a to SNP, nebo STR (obr. 13).⁶⁵ Klasicky je testován určený počet markerů, tedy vytipovaných oblastí Y chromozómu, kde dochází ke změnám. Testy se obvykle dle tohoto počtu i značí (např. Y-37, Y-67, Y-111) a je pochopitelné, že čím více markerů je testováno, tím je test přesnější, ale i dražší. Pomocí STR jsme schopni například zjistit vzdálenost příbuzenského vztahu dvou mužů, a to právě díky rozdílnosti v mutacích. Další možností je zjišťování změn na konkrétním nukleotidu, tedy testování SNP. Ač je možné predikovat paternální haploskupinu na základě STR, potvrzuje ji právě SNP.⁶⁶ V minulých letech došlo z důvodu markantního nárůstu



Obr. 13: Zatímco STR porovnává krátká opakování nukleotidových sekvencí, SNP hledá jednotlivé změny. Zdroj <https://mocenso.wordpress.com/2021/06/02/snp-vs-str>.

⁶⁴ Srov. D. B. WAYNE, *Advanced Genetic Genealogy*, s. 80–113.

⁶⁵ K rozdílnosti zkoumání STR a SNP srov. B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 99–103.

⁶⁶ B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 99–103.

haploskupin ke změně nomenklatury jejich pojmenování.⁶⁷ V současnosti se přestává používat dřívější systém „umělých“ názvů (např. R1b1a2a1a1) a nahrazuje ho pojmenování haploskupiny dle terminálního SNP, tedy konkrétní finální mutace na chromozómu Y (např. R-U106).⁶⁸ Vzhledem k tomu, že v současnosti nabízí kvalitní analýzu STR a SNP na Y chromozómu prakticky jen společnost FTDNA, je volba testovací laboratoře jednoduchá.⁶⁹ Obrovskou výhodou je, že FTDNA uchovává zasláný vzorek pro další potenciální rozbor. Je tedy možné jednotlivé vzorky podrobit nižším stupňům testu (Y-37) a až v případě potřeby zvolit dražší a lepší test. Nejvhodnější formou testování je samozřejmě kombinace STR a SNP, kterou umožňuje FTDNA ve svém produktu *Big Y-700*. Výhodou tohoto testu je tedy současná maximální analýza Y chromozómu na 700 markerech, nevýhodou pak cena pohybující se kolem 450\$.

Name	Markers Tested	Genetic Distance	Big Y STR Diff	Y Haplog	Paternal Country of Origin	Paternal Earliest Known Ancestor	Actions
Zdeněk Anděl	1 to 700	Exact Match FATHER	1 of 666	R-FTD33330	Czech Republic	Frantisek Andel, b. 1839 and d. 1908	
William Cummins	1 to 700	Exact Match Link on Family Tree	25 of 582	R-YP983	Scotland	John Cummins b. 1755 PA d. 1827 IN	
Norman Cummins	1 to 700	Exact Match Link on Family Tree	28 of 644	R-Y89180	United States	Anthony Cumings b.? d. abt 1806	
Henry Merritt Walls	1 to 700	Exact Match Link on Family Tree	27 of 620	R-FGC81055	Unknown Origin	Henry Merritt Walls, b. 1798	
Richard Henry Bradner	1 to 700	Exact Match Link on Family Tree	28 of 642	R-FGC81055	Unknown Origin	Richard Henry Bradner son of Unk. Wall, b. VA, 1828	
John Cummings	1 to 700	Exact Match Link on Family Tree	29 of 647	R-A12660	Scotland	John Cummings b. 1748	

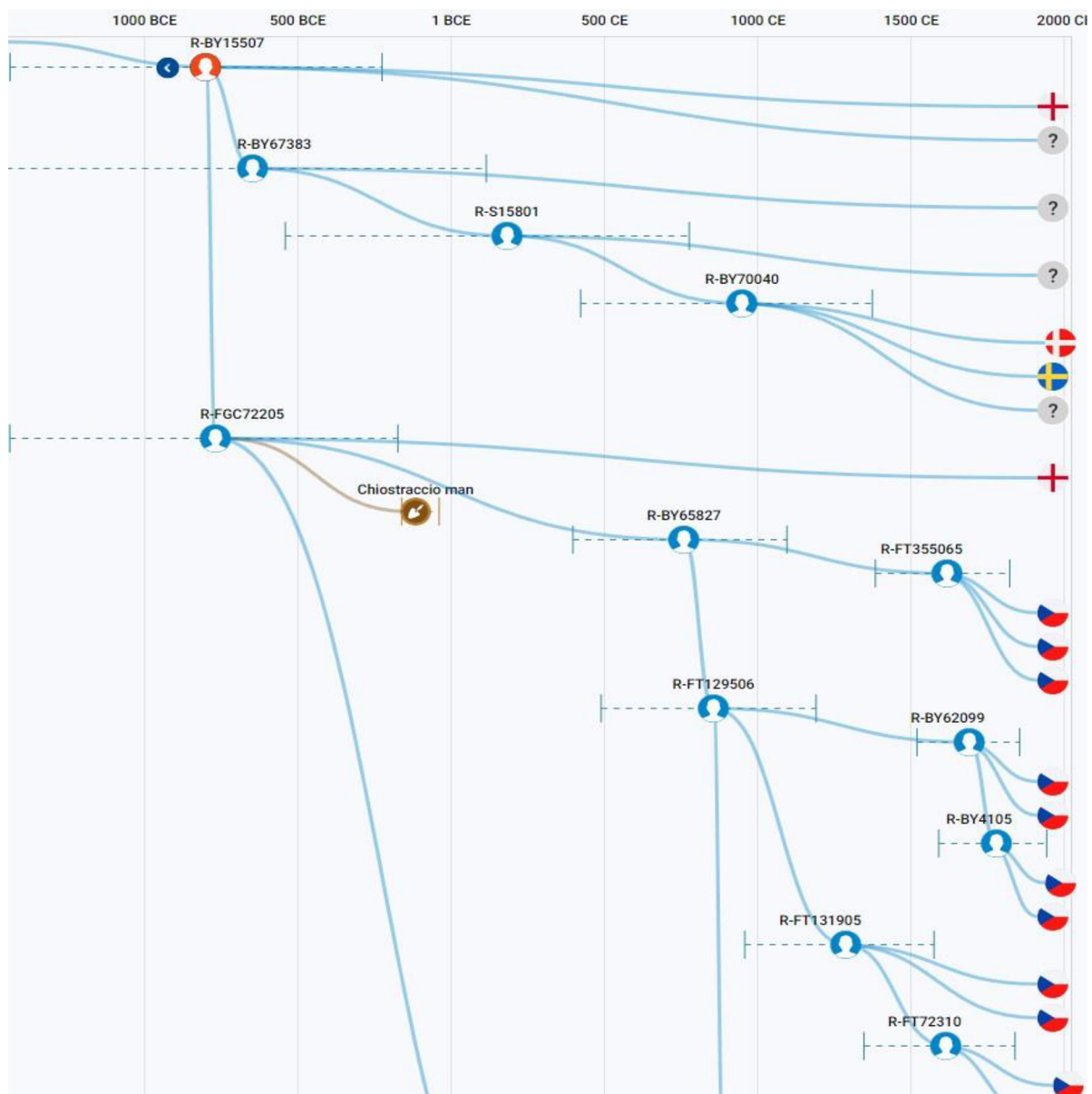
Obr. 14: Tabulka zobrazující shody Y-DNA v programu firmy FT DNA. Zde jde konkrétně o nejbližší shody, které mají koupený nejvyšší test, tedy Big Y-700. Vzdálenost těchto shod je však v tisících let. Pokud se však objeví blízká shoda na Big Y-700, většinou natrefíme na genealogicky výživný zdroj. Naprostá většina osob, které si zakoupili tento test, totiž má zpracovaný podrobný vývod z předků. Zdroj www.ftdna.com.

⁶⁷ K 4. prosinci 2021 bylo 50 000 druhů Y-DNA haploskupin. Srov. www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree, [citováno k 30. 1. 2023].

⁶⁸ B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 101–102, nebo Vít Erban, *Po stopách otcovské linie: Původ a šíření Y-DNA haploskupiny I-L233*, *Anthropologia Integra* 2/2022, s. 10, dostupné online https://journals.muni.cz/anthropologia_integra/article/view/31017/28371?fbclid=IwAR08F-HPPrvJLXkLLY-EnMaT9SQmPuc-Lt1hZ6qB76TKm7hnHyeW1SBbQgo, [citováno k 30. 1. 2023].

⁶⁹ Analýzu SNP Y-DNA nabízí i firma *23andMe*.

Sekvenovanou Y-DNA je obdobně jako u atDNA možné srovnat s ostatními v databázi FT DNA (obr.14). Shody jsou zde řazeny dle počtu shodných markerů, popřípadě dle dalších možných proměnných. Program automaticky odhaduje **příbuzenský vztah** (přesněji genetickou vzdálenost) a sdělí vám odhadovanou nebo přesně určenou Y-haploskupinu potenciální shody. Již tato informace prakticky rozhoduje o reálnosti příbuzenského vztahu po otcovské linii. Větší rozdílnost haploskupin značí velkou vzdálenost od společného paternálního předka a prakticky vylučuje genealogicky zajímavou shodu v této linii.



Obr. 15: Příklad zobrazení části haplostromu Y-DNA větve R1A. Názorně je vidět doba štěpení jednotlivých podvětvi, které se s přibývajícimi testy zpřesňují, popřípadě doplňují o další skupiny. Právě to umožňuje poodhalit původ mužského předka neznámého z písemných pramenů. Zdroj www.ftdna.com.

Predikovatelnost doby mutace umožňuje odhadnout i časový úsek, kdy došlo k oddělení jedné haploskupiny od druhé (obr. 4 a 15). Takto je možné teoreticky vytvořit obrovský fylogenetický strom, který bychom mohli vést až ke genetickému Adamovi. Pokud časový odhad mutace, respektive rozdělení haploskupin, doplníme o informaci, která nám sděluje původ paternální linie shody, můžeme dojít k odhadu, kdy jeden z potomků společného předka opustil rodnou zemi a do jaké lokality se přemístil. Analýza Y-DNA nám sice umožňuje pátrat pouze ve velmi omezeném sektoru našeho genealogického stromu, ale zato nám nabízí možnost sledovat genetickou, ale i geografickou cestu naší paternální linie v porovnání s časem, což je samozřejmě velmi užitečné v paleogenetice.

Pochopitelně právě testování chromozómu Y umožňuje zodpovědět některé genealogické otázky, na které nestačí písemné prameny. Typickým příkladem je nalezení neznámého nepřiznaného předka (muže), kterého jsme s trochou štěstí schopni identifikovat, ale pouze za předpokladu, že otestujeme jeho dalšího mužského potomka (v přímé a nepřerušované otcovské linii). Zcela nutná je analýza Y-DNA při bádání v oblasti příjmení, kdy se například již zmíněný projekt *Genetika a příjmení* pokouší zjistit propojenost existujících jmen a určit jejich původ.

Testování mitochondriální DNA

Obrovskou výhodou testování **mitochondriální DNA**⁷⁰ je možnost testování obou pohlaví. Přestože muž není schopen mtDNA dále předat svým potomkům, získává ho v nezměněné podobě od své matky. Další velikou výhodou mtDNA je její početnost v buňce. Je sice oproti zbytku DNA malá (má pouze 16 569 párů nukleotidů) avšak v buňce se nachází ve velkém množství.⁷¹ Tato vlastnost totiž vede k tomu, že se ve velké míře sekvenovatelně zachová i ve starých nebo poškozených ostatcích. Není proto překvapivé, že se rozbor mtDNA používal jako jeden z prvních a dodnes je často využíván ve forenzní genetice a paleogenetice. Není tomu tak u genetické genealogie. Pro genealogy je využitelnost

⁷⁰ Srov. B.BETTINGER, *The Family Tree*, s. 116–135.

⁷¹ *Tamtéž*, s. 117.

FILTER MATCHES							
Show Matches For:	The Entire Database	Regions:	HVR1, HVR2, Coding Regions	Matches Per Page:	25		
Last Name Starts With:	<input type="text"/>	(Optional) New Since:	<input type="text"/>	Run Report			
HVR1, HVR2, CODING REGIONS - 4 MATCHES							
Genetic Distance	Name			Earliest Known Ancestor	mtDNA Haplogroup	Match Date	
2	Drahomíra Andělová			FMS FF	Marie Zdarkova, 1860?-xxxx	H1c7	1/12/2023
3				FMS FF	Ms. Susanna Trach, b. 1827	H1c7	1/12/2023
3				FMS FF	Mary Clark b abt 1805	H1c7	1/12/2023
3				FMS FF	Miodrag Sivčev	H1c7	1/12/2023
<small>*Based on Build 17 from: van Oven M, Kayser M. 2009. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. Hum Mutat 30(2):E386-E394. http://www.phylotree.org/ (Build 17)</small>						Download: CSV	

Obr. 16: Zobrazení výsledků mtDNA je prosté. Přesto i zde může člověk narazit na velice neobvyklé náhody. Mezi mnou a matkou došlo dle algoritmu k mutaci na jednom nukleotidu. Genetická vzdálenost 2 v jedné prokazatelné generaci je velice výjimečná záležitost a vzbudila velkou pozornost. Přeci jen když se odehraje najednou věc, na kterou se běžně čeká stovky až tisíce let, je to zvláštní úkaz. Nakonec se za přispění komunity facebookové skupiny Genetická genealogie podařilo prokázat nepříliš častý genetický jev, heteroplasmii mtDNA. V podstatě se jedná o to, že se v těle nachází dvoje mtDNA s rozdílem na jednom nukleotidu. Tento jev se objevuje zhruba u 1% populace. Tato odchylka má naštěstí speciální značení na konkrétním nukleotidu, a je tedy možné rozpoznat heteroplasmii ve výčtu jednotlivých mutací. Zdroj www.ftdna.com. Srov. B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 128–129, nebo G. HOLTON, *Tracing Your Ancestors*, s. 152–153.

mtDNA ze všech třech druhů testů nejnížší. MtDNA totiž na rozdíl od Y-DNA mutuje velice pomalu. Odhadnout dobu jedné mutace mtDNA je velice složité, jedná se však o vyšší stovky let až nižší tisíce.⁷² Do jedné haploskupiny patří tisíce lidí a nejsme schopni rozlišit pouze pomocí mtDNA, zda je náš nejmladší společný příbuzný⁷³ vzdálen desítky, stovky, nebo dokonce tisíce let. Přesto však můžeme genealogicky využít mtDNA k rozřazování jednotlivých shod v genealogickém vývodu. Stejně tak se dá analýza mtDNA využít při sporném materství (viz dále).

⁷² Uváděná mutační doba mtDNA se většinou pohybuje v rozsahu 2000–3500 let. Vždy je třeba zohlednit, že mutace jsou náhodné, a tedy jsou uvedena rozpětí průměrné hodnoty známých mutací. Srov. J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s.29, nebo Daniel VANĚK, *Genetická genealogie – sledování rodových linií pomocí analýzy DNA II. Mitochondriální DNA*, Živa 2010, dostupné online <https://ziva.avcr.cz/2010-1/geneticka-genealogie-sledovani-rodovych-linii-pomoci-analyzy-dna-ii-mitochondrialni-dna.html>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁷³ Nejmladší společný předek, MRCA–Most Recent Ancestor.

Mitochondriální testování je nabízeno v různém stupni rozboru mtDNA mnoha firmami i v České republice. Vždy je potřeba zjistit, zda laboratoř provádí kompletní, nebo částečnou analýzu SNP, přičemž úplný rozbor je vždy lepší.⁷⁴ Ze zmíněných komerčních firem provádí plnou analýzu, včetně poskytnutí *raw dat*, pouze firma FT DNA.⁷⁵ Na obrázku 16 jsou zobrazeny mtDNA shody z databáze FT DNA. Genetická vzdálenost nám říká, kolika mutacemi se lišíme od našeho společného předka (MRCA). Tato hodnota je nevypočitatelná, ale existuje na ni určitý odhad.⁷⁶ I když se kvůli dlouhé mutační době může mitochondriální testování jevit pro genealogy jako neúčinné, není tomu tak. Jeho využitelnost je ve vyloučení, nebo potvrzení příbuznosti v maternální linii a tím zjednodušení dalšího bádání.

⁷⁴ MtDNA se skládá ze dvou hypervariabilních oblastí (HVR 1 a HVR 2) a jedné kódované oblasti. Srov. Daniel VANĚK a kolektiv, *Průvodce DNA testováním*, s. 19.

⁷⁵ Firma 23andMe určuje pouze mtDNA haploskupinu. *Forezní DNA servis* analyzuje podstatnou část zmíněných oblastí.

⁷⁶ U genetické vzdálenosti 2 je to např. 50% pravděpodobnost za posledních 18 generací, 75% pravděpodobnost za posledních 26 generací, 90% pravděpodobnost za posledních 35 generací. Srov. G. HOLTON, *Tracing Your Ancestors*, s. 152. Celkově je jasné, že doba jedné mutace je náhodná a může k ní dojít i naprosto mimo odhadované rozpětí, které se pohybuje od vyšších stovek po nižší tisíce let, viz výše. Pochopitelné je také to, že mutace je závislá na počtu nosičů možných potenciálně mutujících nukleotidů, tedy vajíček, respektive počtu žen na zemi.

Programy a databáze vhodné k využití

Testování DNA je však v mnohém pouze začátek. V současnosti naprostá většina seriálních komerčních poskytovatelů testování DNA umožňuje využít své nebo spřízněné **databáze**. Jak již bylo řečeno, pokud hledáme genetické příbuzné, měli bychom se pokusit nahrát svá genetická data do co největšího počtu databází a tím zvýšit možnost nalezení shody. Bohužel firmy *Ancestry* a *23andMe* neumožňují nahrání dat od jiných společností. Spokojit se musíme s nahráním *raw dat* do databází testovacích společností *FT DNA*, *MyHeritage* a *Living DNA* a databází *GEDmatch* a *Geneanet*. Samotné dodatečné zpracování dat je někdy zpoplatněno částkou ve výši jednotek US dolarů a trvá maximálně několik dní.

V případě pokročilé práce s Y-DNA a mtDNA je vhodné se přihlásit na stránkách FT DNA do příslušného **projektu** (ty jsou většinou řazeny dle haploskupin), kde je možné využít informace ostatních osob, popřípadě se účastnit cíleného bádání.⁷⁷

Velice populárním online programem a databází je již zmíněný **GEDmatch**.⁷⁸ Samotná databáze uchovává několik miliónů DNA profilů, které mezi sebou umožňuje srovnávat. Obrovskou výhodou je pokročilé srovnání možných shod (*One to Many*), kde je vidět jméno, kontakt, pohlaví, zdroj testu, autozomální veličiny, haploskupiny (pokud jsou známy) a hodnoty X chromozómu (pokud byl testován) (obr.17). Další možností je vybraný test srovnat s dalším

Kit	Jméno (* => alias)	E-mail	GEDWikiStrom	Věk (dny)	Typ	Sex	Haploskupina		Autozomální			X-DNA		Zdroj	Překrytí
							Mt	Y	Celkem cM	Největší	Gen	Celkem cM	Největší		
DP5745154	Drahomíra Andělová	[redacted]@seznam.cz		135	2	F			3580	151,8	1,00	187,7	105	FTDNA	318305
JP2574881	Zdeněk Anděl	[redacted]@seznam.cz		135	2	M			3573,6	151,8	1,00	0	0	FTDNA	319130
A319742	Barbara [redacted]	[redacted]@yahoo.com	Wiki	1562	2	F			66,9	27,1	3,87	0	0	Migrace - F2 - A	65076
AA4794485	Clarence [redacted]	[redacted]@yahoo.com		2045	2	M			51,1	10,7	4,07	0	0		281039
MC6513474	*jag2382	[redacted]@gmail.com		1893	2	F			50,6	11,7	4,07	0	0	23andMe	281640
PL1124132	Gary [redacted]	[redacted]@ntlworld.com		1109	2	M	J2b1a	R-Y2404	45,4	13,1	4,15	0	0	Živá DNA	285683
ER5024925	*KAW	[redacted]@yahoo.com		798	2	F			44,1	13	4,17	0	0	23andMe	280971
MB1297922	*MEG	[redacted]@gmail.com		456	2	F	H		43,3	11,9	4,19	0	0	23andMe	281914
BH8461554	* Ashley S	[redacted]@gmail.com		2028	2	F			42,9	10,8	4,19	0	0	23andMe	280240
UL9820873	Jiří [redacted]	[redacted]@yahoo.com		1553	2	M			41,5	10,7	4,22	0	0	23andMe VS	280722





Obr. 17: Část nalezených shod skrze webovou aplikaci One to Many od GEDmatch. Zdroj www.gedmatch.com.

⁷⁷ Srov. G. HOLTON, *Tracing Your Ancestor*, s. 163–190.




⁷⁸ Srov. www.gedmatch.com, [citováno k 30. 1. 2023].

testem (*One to One*), což umožňuje konkrétní porovnání dvou DNA profilů. Zde je umožněno zobrazení porovnávaných autozomálních chromozómů, a to jak ve vizualizaci, tak v matematické formě (obr. 18). Obdobné je zobrazení umožňující srovnání chromozómů X (*One to One X*). Další hojně využívanou součástí této služby je možnost zjistit, zda jsou rodiče příbuzní (*Are You Parents Related*). Tato zdánlivě směšná myšlenka je velice podstatná pro případná další bádání a pokročilé zpracovávání dat a program pomocí srovnání bloků SNP z testu jejich potomka určí případnou blízkou příbuznost. Databáze a aplikace GEDmatch jsou nenahraditelným pomocníkem v genetické genealogii a příbuzných oborech, což je podpořeno i bezplatným nahráním pěti testů a dalšími kvalitními službami.⁷⁹

Indikace jednotlivých značek:

Základní páry s plnou shodou	
Základní páry s poloviční shodou	
Shoda s fázovanými daty	
Základní páry bez shody	

Platnost segmentů:

Hustota SNP 0 až 0,5. Tmavší modrá znamená vyšší hustotu.	
Velká mezera mezi sousedními SNP	
Žádná shoda	

Porovnání Kitu DP5745154 (Drahomíra Andělová) [FTDNA] a Kitu ZS3225337 (Pavel Anđel) [FTDNA]

Velikost prahu segmentu bude upravována dynamicky s průměrem 200 SNP. Asi 2/3 nastanou mezi 185 a 214 SNP.

Minimální cM segmentu, který má být zahrnut celkem = 7,0 cM

Limit nesouladu seskupení bude upraven na 60 procent prahové velikosti segmentu pro jakýkoli daný segment.

Chr	B37 Start Poz'n	B37 Konec Poz	Centimorgany (cM)	SNP	Prahová hodnota segmentu	Hromadný limit	SNP Density Ratio
1	727 841	121 349 358	149,9	19 531	184	110	0,33
1	148 544 983	249 222 527	129	17 277	194	116	0,34

Chr 1



Zmenšení velikosti obrázku: 1/38

Chr	B37 Start Poz'n	B37 Konec Poz	Centimorgany (cM)	SNP	Prahová hodnota segmentu	Hromadný limit	SNP Density Ratio
2	11 944	89 130 884	111,7	16 786	165	99	0,35
2	95 345 619	243 048 760	151,8	20 323	197	118	0,31

Chr 2

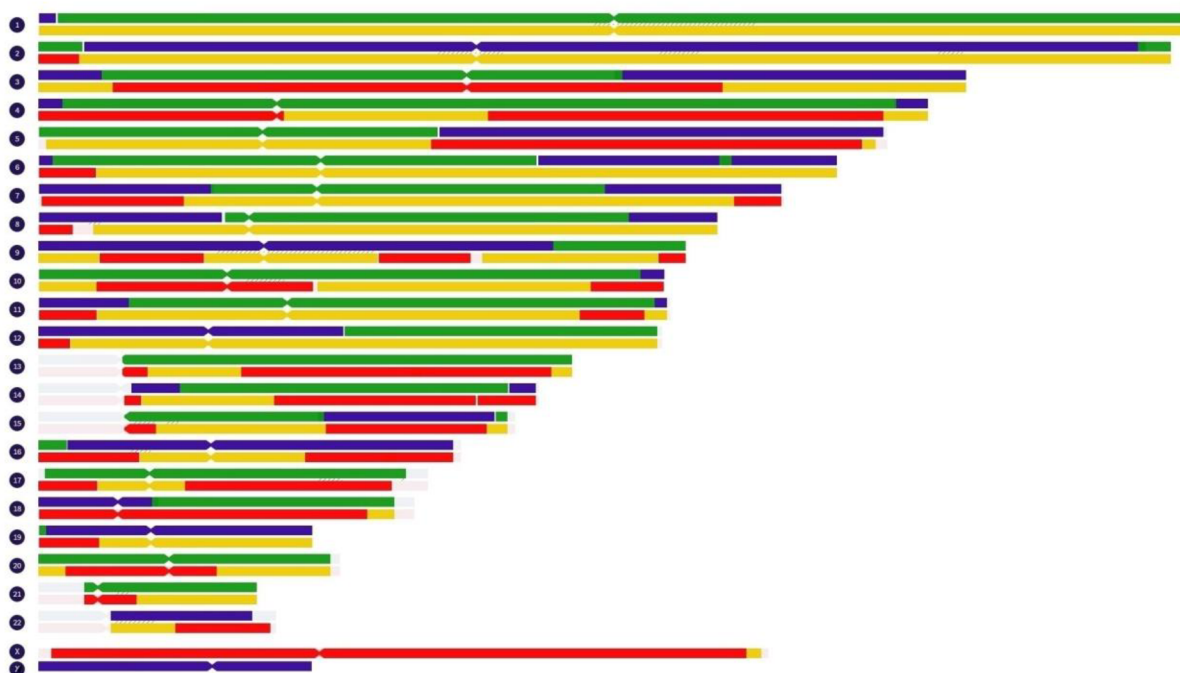


Zmenšení velikosti obrázku: 1/38

Obr. 18: Vysvětlivky a vizualizace shod na prvních dvou chromozómech matky a syna, včetně matematické formy zobrazení v aplikaci *One to One* od GEDmatch. Zdroj www.gedmatch.com.

⁷⁹ Web poskytuje přes 13 služeb zdarma. Po poplatku 10\$ měsíčně je možné využívat další pokročilé aplikace a nahrát do databáze větší počet testů. Srov. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 158–167.

Další program **DNA Painter**⁸⁰ slouží k určování, který segment DNA jsme obdrželi od kterého předka. Tato metoda nazývaná *mapování chromozómu*, je založená na tom, že pokud má nějaká naše shoda stejnou část DNA jako my, museli jsme ji oba získat od našeho předka. To umožňuje vytvořit například schéma jako na obrázku 19. DNA Painter také umožňuje ve webovém rozhraní okamžité porovnání možných příbuzenských vztahů podle autozomálních jednotek centimorganů, včetně procentuální pravděpodobnosti konkrétního vztahu.⁸¹



Obr. 19: Vizualizace zděděné DNA podle DNA Painter. Otcovský pár prarodičů je znázorněn zeleno-fialově, mateřský pár červeno-žlutě. Malá míra rekombinace u prvních dvou chromozomů je zcela náhodná. Zdroj www.facebook.com/groups/geneticka.genealogie. Zdroj www.dnapainter.com.

Jak databáze, tak i programy využitelné k práci s DNA daty pochopitelně procházejí bouřlivým vývojem. Například naprostá většina softwarových pomůcek uvedených v knize *Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií*⁸² z roku 2016 již nefunguje. Proto je vhodné prodiskutovat použití konkrétního druhu aplikace například s ostatními

⁸⁰ Srov. www.dnapainter.com, [citováno k 30. 1. 2023].

⁸¹ Srov. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 153–15, nebo D. B. WAYNE, *Advanced Genetic Genealogy*, s.30–52.

⁸² D. VANĚK, *Průvodce DNA testováním*.

zkušenými uživateli na zmíněné facebookové skupině *Genetická genealogie*. Tato skupina pořádá i setkání, na kterých je možné si některé pokročilé aplikace osvojit.

I když prakticky každá testující komerční firma již nabízí více či méně pokročilé webové programy ke zpracování a porovnání DNA dat, jsou výše zmíněné aplikace mnohdy potřebné k porovnání shod, popřípadě k pokročilejšímu zpracování dat. Nezbytné jsou v případě, že DNA data dostáváme z nekomerčních laboratoří a nemáme tedy přístup do jejich databází.⁸³ Mnohdy jsou nenahraditelné v případě porovnávání DNA získané při forezním nebo archeologickém výzkumu.

⁸³ Vždy je nutné být držitelem svolení k nahrání DNA dat do jakékoli databáze, a vyhnout se případným právním sporům.

Využití analýzy DNA v praxi historiků v současnosti a blízká budoucnost testování

Jedním z prvních a zároveň nejznámějších testování DNA za účelem zjištění genetické příbuznosti byl výzkum domnělých kosterních nálezů **Romanovců**. Ostatky bolševicky popravené rodiny ruského cara Mikuláše II. byly v 70. letech 20. století lokalizovány geologem Dr. Alexandrem Avdoninem a v roce 1991 vyzdviženy.⁸⁴ Devět koster bylo podrobena antropologickému výzkumu, který potvrdil, že se jedná o ostatky cara, carevny, jejich 3 dětí a služebnictva s lékařem. Již v roce 1992 byl proveden genetický výzkum ostatků, který pomocí mitochondriálního DNA podpořil, ale nepotvrdil tezi o pravosti ostatků. Mitochondriální DNA carevny Alexandry (vnučky královny Viktorie) a jejich dětí bylo porovnáno s mtDNA prince Filipa, vévody z Edinburgu, tedy se stejnou maternální linií. Stejný test byl proveden u domnělých pozůstatků cara Mikuláše II., které byly srovnány s mtDNA získané z kostry jeho bratra Georgie Romanova. Obě analýzy potvrdily stejnou mitochondriální haploskupinu porovnávaných vzorků, ale to stále nevyklučovalo náhodnou shodu. Tato nevýhoda mtDNA již zde byla zmíněna a spočívá v její malé mutační schopnosti. Do jedné větve mtDNA tedy patří velká skupina lidí a nedá se na ní zakládat přímá příbuznost. Vývoj v oblasti sekvenace DNA však umožnil, že se později pomocí srovnání vzorků autozomální DNA podařilo potvrdit příbuznost ostatků Romanovců. V roce 2007 byly v blízkosti zmíněného hrobu nalezeny ostatky dívky a chlapce, které byly podrobena analýze atDNA a Y-DNA (pouze u chlapce). Tato analýza uzavřela takřka stoleté tajemství ostatků rodiny posledního Ruského cara, jelikož odhalila osud careviče Alexeje a jeho sestry Anastasie.⁸⁵ Na základě autozomální DNA byla nepopíratelně stanovena přesná rodinná příbuznost mezi popravenými Romanovci, ale i žijícími příbuznými, a naopak vyvrácena domnělá příbuznost některých osob vydávajících se například za Anastasii. Posledním potvrzením bylo otestování a porovnání Y-DNA z krve, která ulpěla na košili Mikuláše II. a překvapivě byla tato DNA stále sekvenovatelná.⁸⁶

⁸⁴ D. VANĚK, *Průvodce DNA testováním*, s. 38.

⁸⁵ *Tamtéž*.

⁸⁶ Tato košile byla vystavena v *Ermitáži v Petrohradu*. Srov. <https://www.em.muni.cz/vite/9047-jak-identifikovat-pozustatky-slavnych-pomuze-mitochondrialni-dna>, [citováno k 30. 1. 2023].

Tento výzkum zároveň prokázal velkou budoucnost testování DNA, která z různých příčin ulpěla na povrchu rozličných materiálů.⁸⁷ Testování krvavé skvrny se zdá být jednoznačným zdrojem DNA, realita však ukazuje pravý opak. Naprostá většina takovýchto stop je totiž záhy vystavena střídání povětrnostních vlivů, slunečnímu záření nebo chemickému ošetření, které spolehlivě poškozují nebo zcela likvidují DNA. Stejně pak reaguje DNA na většinu konzervačních roztoků (např. z arzenu a lihu) hojně používaných k uchování tkání, nebo vlasů. V mnoha případech se setkáváme s velkým množstvím biologického materiálu, který však neobsahuje dostatek DNA ke kompletní sekvenaci. Například známý projekt analýzy DNA neandrtálce byl ve skutečnosti „poslepován“ z mnoha analýz jednotlivých vzorků odebraných, ale i testovaných na mnoha místech.⁸⁸ U kosterních nálezů vykazuje nejlepší stálost DNA v zubech a skalní kosti, ideálně uložené mimo sluneční svit v suchých a teplotně stabilních prostorech. Možné je však získat DNA například ze slin na dopisní známce, nebo obálce, popřípadě odběrem DNA ze žiletky, kartáče, nebo hřebenu.⁸⁹ Tato metoda je však stále ještě velmi drahá a velmi často bezvýsledná.⁹⁰ Právě u takového druhu testování se doporučuje potenciální DNA se svým nosičem vhodně uložit a vyčkat zdokonalení analýz DNA v dalších letech.

Velice často rezonuje prostorem české populárně naučné literatury lehce výbušné téma, že **Tomáš Garrigue Masaryk** byl synem Františka Josefa I. Ač se může tato teorie jevit jako notně fantaskní, je zcela vědecké pochybovat, a pokud máme možnost, tak i prověřovat. Zde se však tento případ stává precedentem, kdy případné otestování a rozvrácení původní domnělé rodinné vazby může poškodit rodinu, a to převážně v etické rovině, ale možná i v rovině finančně dědické. Z uvedených důvodů nejen potomci TGM, ale i jiné šlechtické rody odmítají genealogické DNA testování. K případu příbuznosti Franze Josefa a TGM zbývá jen doplnit, že sám František Josef je podle některých teorií syn Napoleona II.

⁸⁷ Tato metoda je obecně nazývána *artefact testing*. Srov. B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 225.

⁸⁸ J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s.18–39.

⁸⁹ B.BETTINGER, *The Family Tree*, s. 225–226.

⁹⁰ Kompletní cena analýzy DNA z poštovní známky se pohybuje kolem 3000 \$. Srov. <https://www.totheletterdna.com> [citováno k 30. 1. 2023].

Představa, že by Napoleon Bonaparte mohl být prapraotcem Tomáše Garrigua Masaryka, je jistě nejen pro historiky až komická.

Teoreticky by zmíněným potenciálním dědičným sporem mohl skončit i v současnosti značně medializovaný případ řešící analýzu kosterního nálezu učiněného v roce 2012 v britském Leicesteru. Dle všech pramenů, ale i antropologických analýz se mělo jednat o ostatky krále **Richarda III.** Porovnávana byla mtDNA, kde byla zjištěna raritní haploskupina J1c2c, která odpovídala potomkům v maternální linii. Dále bylo přikročeno k analýze Y-DNA, která však překvapivě nepotvrdila shodu v paternální linii. Zatímco DNA analyzovaná z kostí patřila do skupiny G-P287, Y-DNA současných „potomků“ byla přiřazena do skupiny R1b-U152 a I-M170.⁹¹ Tento test však ani tak nevyvrací, že zmíněné ostatky patří Richardu III., ale dokládají, že nevěra (v tomto případě dokonce dvojitá) je i ve šlechtických kruzích běžná. Výzkum nakonec prokázal, že kosterní nález na 99,999 % opravdu patří králi Richardovi III.⁹²

V roce 2022 se však v České republice zřejmě podařilo vyřešit letitý spor, který také živil mnohé populárně naučné časopisy desítky let, a to vyvrátit příbuznost spisovatelky **Boženy Němcové** a šlechtického rodu Zaháňských.⁹³ Z DNA vlasů Boženy Němcové byla sekvenována DNA za účelem porovnání s její teoretickou matkou Kateřinou Vilemínou Zaháňskou.⁹⁴ DNA odebraná ze zachovaného srdce vévodkyně však nebyla sekvenovatelná,⁹⁵ a proto bylo přistoupeno k porovnání mtDNA, která byla odebrána z kosterních nálezů princezny Charlotty, sestry Kateřiny Zaháňské. Tento odběr vyvrátil blízkou příbuznost po maternální linii tím, že odhalil rozdíl v šesti mutacích mtDNA u Boženy Němcové a princezny Charlotty.⁹⁶ Kompletní sekvenace DNA ani konkrétní mutace a haploskupina prozatím nebyly zveřejněny.

⁹¹ B.BETTINGER, *The Family Tree*, s. 115, 135.

⁹² <https://le.ac.uk/richard-iii/identification/genetics/dna-results>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁹³ <https://www.ceskatelevize.cz/porady/12672091604-tajemstvi-zivota-bozeny-nemcove>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁹⁴ <https://www.muzeumbn.cz/vystavy-a-akce/aktuality/objev-dna-bozeny-nemcove-49cs.html>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁹⁵ Zřejmě kvůli konzervační látce. Srov. výše.

⁹⁶ <https://www.ceskatelevize.cz/porady/12672091604-tajemstvi-zivota-bozeny-nemcove>, [citováno k 30. 1. 2023].

Zjišťování rodinných vazeb dle DNA však může přispět k odhalování příběhů starých i desítky tisíc let. Velkým úspěchem bylo sekvenování DNA ze známého **Věstonického trojhrobu** z období gravettienu i přes velké poškození kostí.⁹⁷ Světoznámý archeologický nález budí dodnes pozornost kvůli nestandardnímu uložení koster, které se navzájem „dotýkají“. V roce 2016 bylo prokázáno, že všechny tři kostry patřily mužům ve věku kolem 20 let. Prostřední kostra, která byla původně sporně považována za ženskou, je také mužská, avšak s výrazně ženskými znaky. Tato osoba trpěla nemocí kostí a jejich deformací. Krajní kostry patřily mužům, bratrům, z nichž jeden zřejmě ohluchl následkem zánětu středního ucha.⁹⁸ Nejnovější výzkum, uveřejněný v březnu 2023 v časopise *Nature*, mimo jiné doložil, že se populace v době (respektive po) maximu doby ledové v této lokalitě kompletně vyměnila.⁹⁹

Celkově je v České republice genetické testování DNA využíváno převážně archeology a amatérskými genealogy, bohužel se však stále neotestovaly například pozůstatky českých panovníků. V roce 2018 a 2022 se sice objevila v médiích zpráva o testování kosterních nálezů z hrobů K1 a K2 ze zaniklé rotundy svatého Víta na Pražském hradě, avšak nejen vědecká veřejnost stále marně čeká na zveřejnění těchto analýz, respektive na jakákoli relevantní data. Již zmíněné populárně naučné články a prohlášení do médií sice propagují genetickou genealogii na veřejnosti, ale k reálnému poznání nepřispívají.¹⁰⁰ Údajné přiřazení **Přemyslovců** k haplogrupině R1b je sice zajímavé, ale nezveřejnění odborné a kritické studie autory výzkumu nikam tento obor neposunulo. Obdobně bohužel dopadl i projekt pokoušející se propojit současnou a dávnou populaci oblasti tzv. **Velké Moravy**.¹⁰¹ Tento chvályhodný

⁹⁷ <https://vesmir.cz/cz/casopis/archiv-casopisu/2011/cislo-5/prvni-geneticka-analyza-trojrobu-z-dolnich-vestonic.html>, [citováno k 30. 1. 2023].

⁹⁸ Erik Trinkaus, *The Pathological People of Dolní Věstonice and Pleistocene Human Abnormalities*, Brno, 2015.

⁹⁹ https://www.nature.com/articles/s41586-023-05726-0?fbclid=IwAR3Hq_wwlgzVaM-ZxrQJa6Bf3Nw_LiR6sZnoex7e154Qt3LoRZ-lKod0uEo, nebo <https://denikn.cz/1100355/jamy-nekopali-z-moravy-odesli-na-vychod-archeologove-popisuji-co-se-stalo-s-lovci-mamutu-na-morave/?ref=inc&cst=6147b5a1643346685b866cd59b4e94590611d6ac00f6c33e851e89e0be2cf44e&fbclid=IwAR2ymSNNAnt6gVoR55FaBtwcnqjyzwepZqV-N0Owtrdzv430nkalXe9rn5M>, [citováno k 30. 1. 2023].

¹⁰⁰ Srov. <https://www.dotyk.cz/magazin/premyslovci-dna-30000216.html>, nebo <https://www.euro.cz/clanky/tak-nam-ten-premysl-dooral-1428722>, [citováno k 30. 1. 2023].

¹⁰¹ <https://kromerizsky.denik.cz/z-regionu/vyzkum-dna-odhalil-11-potomku-velkomoravskych-velmozu-20190305.html>, [citováno k 30. 1. 2023].

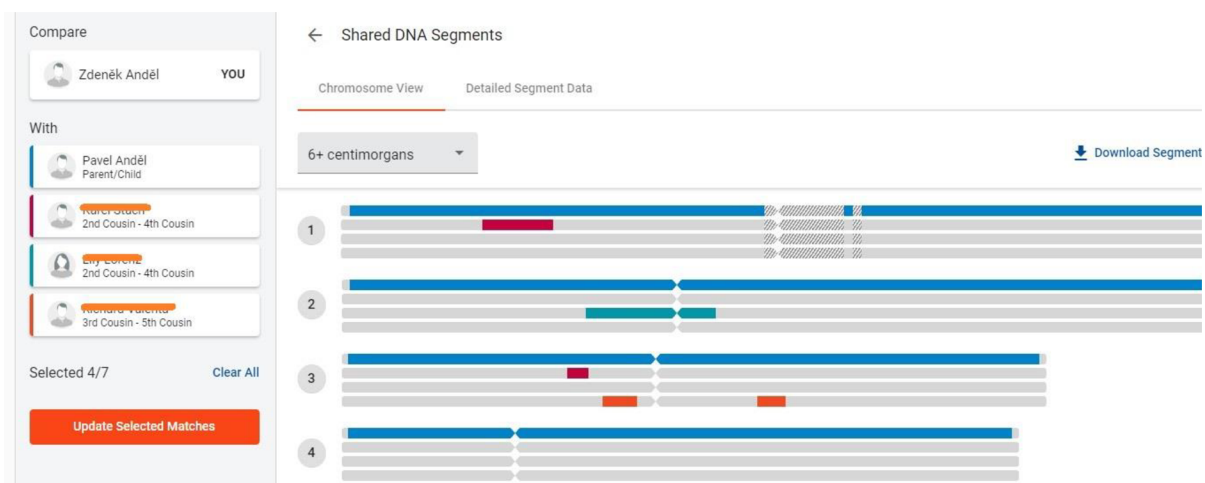
výzkum nakonec neposkytl prakticky žádná data ani odborné veřejnosti a jeho výsledkem bylo jen několik neodborných článků a vysokoškolských závěrečných prací. Právě tyto případy ukazují, že je nutné k výzkumu DNA přistupovat multidisciplinárně a vytvářet široké týmy odborníků, které dohlédnou na kvalitu výzkumu dle svých odborností a řádnou publikaci výsledků. V ideálním případě je vhodné poskytnout surová data DNA testů odborné veřejnosti, a to například nahráním do veřejných databází, jako se děje v okolních zemích. Běžně můžeme svoje DNA porovnat se vzorky zmíněných Romanovců, Wettinů, nebo lovců z neolitu v různých databázích.

Zmíněné databáze DNA v mnoha případech poskytují data rozličným vědeckým týmům, které na jejich základě vypracovávají a zpřesňují fylogenetické stromy haploskupin a pokoušejí se vytvářet migrační mapy. V tomto má populační genetika velikou výhodu, jelikož ji nezajímá, komu konkrétní test patří a nemusí tedy prakticky vůbec řešit ochranu osobních údajů dárce DNA informace. Právě populační genetici spolu se statistiky zjišťují reálné rozložení haploskupin na světové mapě a s pomocí paleogenetiků jsou schopni předpovědět, kdy se která haploskupina oddělila od jiné, což významně rozšiřuje možnost datování nalezených ostatků. V budoucnu je pravděpodobné, že dojde k vysokému zpřesnění jak výše zmíněné etnicity, tak obrovskému rozšíření testování, což povede k nárůstu konkrétních Y-haploskupin. To zřejmě umožní genelogům posunout se ve svých vývodech v paternální linii přes mnohdy nepřekročitelnou hranici 16. a 17. století.

Pro genealogy v dnešní době zůstává nejužitečnější autozomální test, a to i díky stále klesající ceně a stále rostoucí databázi testovaných.¹⁰² Genealog je díky modernímu softwaru schopen okamžitě po analyzování vzorků přímo na stránkách společností porovnat vybraný genom s nabídkou potenciálních příbuzných protříděných dle zadaných parametrů. V případě nalezení pravděpodobné shody je pak vhodné provést porovnání genomu více příbuzných osob (obr. 9), respektive osob po sobě dědicích genetické informace, a srovnat genetický záznam na každém chromozómu (obr. 20).¹⁰³ Tato prověření jsou nezbytná, jelikož vždy může dojít

¹⁰² V současnosti se atDNA test pohybuje v průměru kolem 60 \$, mtDNA test kolem 160 \$ a Y-DNA test od 119 do 450 \$.

¹⁰³ K tomu slouží například již zmíněná webová aplikace *GEDmatch*. Srov. www.gedmatch.com.



Obr. 20: Zjednodušené zobrazení prvních čtyř chromozómů, na kterých jsou barevně zobrazeny sdílené segmenty čtyř příbuzných s atDNA testované osoby. Pokročilé zobrazení je možné v programu a databázi GEDmatch, kde se však tyto konkrétní shody již nemusejí nacházet. Ideální je vždy oslovit shodu (popřípadě správce daného DNA profilu), aby na GEDmatch nahrál požadovaná DNA data k podrobnému srovnání. Zdroj www.ftdna.com.

k určení „falešné příbuznosti“ kvůli nepřesně zadaným kritériím, ale i náhodné shodě. Genetická genealogie se však bez klasické genealogie neobejde, a proto je nutné dále zjistit, jak ke příbuznosti podle DNA došlo, tedy pokusit se o propojení genealogických vývodů. To je samozřejmě jednodušší u mužských předků (jak kvůli příjmení, tak z důvodu možnosti upřesnění pomocí testování Y chromozómu). V budoucnu lze naštěstí předpokládat velký nárůst testovaných osob, například díky testování novorozenců¹⁰⁴ za účelem predikce nemocí a vad.¹⁰⁵ To, že odběr je neinvazivní a lze ho provést velmi levně i ze slin, povede ke skokovému nárůstu testů také u starších osob. Oba případy poskytnou obrovská množství dat k vytvoření geneticko-genealogického stromu na základě čistě genetických dat, a to pouze pomocí umělé inteligence. Do této databanky se pak můžou ukládat i veškerá paleogenetická data získaná ze všech kosterních nálezů, popřípadě z jakéhokoli materiálu se sekvenovatelnou DNA. Je možné, že se role genetické genealogie a klasické genealogie při vytváření rodokmenů vyrovnají, popřípadě program dle algoritmu automaticky vytvoří genealogický strom na základě DNA

¹⁰⁴ Srov. https://www.idnes.cz/onadnes/zdravi/genetika-lecba-zdravotnictvi-geny-dna-ondrej-seda-onemocneni.A230305_211756_zdravi_albe

¹⁰⁵ V roce 2019 obsahovaly databáze cca 26 milionů testů. Srov. G. HOLTON, *Tracing Your Ancestors*, s. 223.

dat.¹⁰⁶ Velkou otázkou je, co vše nám v budoucnu dovolí pravidla o nakládání s genetickými informacemi a kam až povede ochrana osobních údajů. Díky některým programům je již dnes možné vymodelovat DNA osob, jejichž DNA jsme neodebrali a netestovali.¹⁰⁷ Na základě sekvenované DNA dostatečného množství potomků totiž dojde k vytvoření podoby DNA jejich rodičů. Takovýmto způsobem můžeme vytvořit DNA osoby, kterou nebudeme znát jinak než skrze podobu její DNA.¹⁰⁸

Testování DNA však nemusí být pouze o sledování příbuznosti nebo odhalování migrací obyvatel. Velkým přínosem pro historiky bylo v minulém desetiletí rozluštění historického genomu patogenu moru z Londýna z poloviny 14. století. To odstartovalo **výzkum nemocí**, které nějakým způsobem zanechávají stopu v DNA člověka, kterého ve většině případů usmrtily.¹⁰⁹ Tým vědců z *Institutu Maxe Plancka* zjistil, že morové rány se sice opakovaly, ale vždy s podstatně rozdílnou mutací (tedy i rozdílnými projevy, jinou formou šíření apod.). Zatímco ještě nedávno byl za první morovou ránu považován tzv. Justiniánský mor, paleogenetikům se podařilo prokázat, že mor je zřejmě starý stejně jako dvě nejpočetnější mužské haploskupiny v Evropě R1a a R1b. Mor mohl přijít s těmito skupinami (respektive nadřazenou skupinou R1) kolem roku 3000 př.n.l., kdy muži patřící k tomuto fylogenetickému stromu ovládli Evropu. Samotný mor může vysvětlit, proč se v tomto období v Evropě takřka najednou vyměnila mužská populace.¹¹⁰ Původní mor neměl příliš společného s dýmějovým morem, který známe ze středověkých a novověkých pramenů, ale prokazatelně se šířil s novými, zřejmě imunními migranty a jeho přenašečem mohl být kůň.¹¹¹ Nová nemoc mohla oslabit původní málo početné obyvatelstvo Evropy, které pak invaze stepního obyvatelstva zřejmě vyhladila.¹¹² Prakticky stejná situace, avšak s jinou nemocí, se odehrávala

¹⁰⁶ *Tamtéž*, s. 226.

¹⁰⁷ B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 222–225.

¹⁰⁸ *Tamtéž*, s. 228–230.

¹⁰⁹ Zde je třeba zmínit, že zdaleka ne všechny nemoci se nějak zapíší do lidské DNA, a to včetně těch smrtelných.

¹¹⁰ J. KRAUS, *Zrození Evropanů*, s. 168–170.

¹¹¹ *Tamtéž*, s. 170–173.

¹¹² Právě z rozboru DNA dnes víme, že zatímco původní mužské obyvatelstvo až na pár výjimek vymizelo, ženské haploskupiny se zachovaly. To se dá vysvětlit tak, že noví migranti s haploskupinami R1 si za své partnerky vybrali původní obyvatelky Evropy a místní mužskou populaci zlikvidovali a z části vyhnali do odloučených lokalit. Srov. J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s. 109–118.

v 16. století na americkém kontinentu, kde různé nemoci, proti kterým byli pro změnu Evropané imunní, doslova kosily domorodé obyvatelstvo, které většinou ani nevidělo „bílého“ muže. Výzkum nemocí z lidské DNA mnohdy umožňuje prokázat, na co dotyčná osoba zemřela, zjistit, v jaké podobě se v dané době nemoc vyskytovala a určit její cestu šíření, respektive původ. V *Institutu Maxe Plancka* například zjistili, že není jistá tradovaná teorie o tom, že syfilis přišla do Evropy z Nového světa. Možná se jeví varianta, že v Americe zmutovala obdobná nemoc, dovezená z Evropy, proti které byli Evropané odolní.¹¹³ Výzkum nemocí skýtá obrovský potenciál díky takřka nevyčerpatelnému množství kosterních pozůstatků.

Zvláštní pozornost si zaslouží budoucí vývoj testování DNA z pohledu **epigenetiky**. Tento podobor genetiky zkoumá interakci genů s proteiny, na jejichž základě se dají zřejmě predikovat některé nemoci. Pro historiky je podstatné, že zmíněná biochemická interakce má jakousi paměť, a proto se v ní ukládají i některé životní stavy. Brzy bychom mohli být schopni z DNA přečíst např. míru stresu během života dotyčného.¹¹⁴ Samotná epigenetická metoda by také měla přispět k zpřesnění odhadování příbuznosti.

I přes vše výše uvedené je nutné přistupovat ke genetické genealogii s pokorou. Ač může testování DNA přinést obrovský posun v našem současném historickém vědění, bylo by naivní představit si, že z DNA přečteme vše o sobě a našich předcích. Tato představa je zřejmě zaviněna „popularizací“ výzkumu DNA a analýz DNA v kinematografii, která toto téma trestuhodně zlehčila a pro mnohé vědce naprosto znedůvěryhodnila. Kdekdo si poté představuje možnost sekvenovat DNA z dotyku osoby na předmět, nebo ze zpopelněného biologického materiálu. V ČR například v současnosti probíhá diskuze a petice ohledně vyzvednutí a personalizace ostatků odbojářů a politických vězňů (ale i vrahů, kolaborantů a válečných zločinců) ležících na hřbitově v Praze-Žabovřesce. Tato iniciativa – **Nenechme je tam**¹¹⁵ – je založena na naprosto pochopitelné a chvályhodné snaze důstojně uložit ostatky hrdinů 2. a 3. odboje. Bohužel však v základu opomněla provést jakoukoli analýzu proveditelnosti. I pokud bychom neřešili potřebu závratných finančních nákladů na provedení

¹¹³ J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s. 198–202.

¹¹⁴ B. BETTINGER, *The Family Tree*, s. 230–232.

¹¹⁵ Srov. <https://www.vazmesihrdinu.cz/>

byť „jen“ analýz DNA, stačilo by zvážit, jaký genetický materiál, v jakém množství a stavu nás v jámových hrobech čeká.¹¹⁶ Zcela genealogickou otázkou je pak možnost, respektive nemožnost vyhledání příbuzných pro odběr srovnávacího vzorku DNA. I kdybychom připustili ochotu příbuzných toto testování podstoupit,¹¹⁷ je vysoce pravděpodobné, že velkou většinu potřebných srovnávacích vzorků by nebylo možno vůbec nalézt nebo využít, a to jak z důvodu neexistence žijících příbuzných anebo přílišné genetické vzdálenosti (například u atDNA). Přesto je však diskuze k tomuto tématu vítaná, pokud se však do ní zapojují odborníci, což se bohužel prozatím prakticky nestalo.

¹¹⁶ V neoznačených hrobech bez dochované evidence zde byly ukládány po desítky let ostatky zpopelněné, nezpopelněné, částečně rozložené, popřípadě části ostatků lidí, zvířat, biologický materiál z piteven a operací. Suma potřebná na celkovou exhumaci, genealogický, archeologický a genetickogenealogický průzkum je až 20 miliard korun (sic!). Srov. Petr Zidek, *Nechme hroby zavřené*, *Deník Právo*, 25. 3. 2023, s. 12.

¹¹⁷ V hrobech se nachází i osoby odsouzené za minulého režimu k trestu smrti čistě z kriminálních důvodů, ale například i Emanuel Moravec nebo Karel Čurda.

Závěr

Z předešlých stránek je jednoznačné, že genetická genealogie a jí příbuzné obory si našly svoji cestu nejen k laickým genealogům, ale i profesionálním historikům. Obrovský přínos má v tuto chvíli paleogenetika pro archeology, kde umožňuje přesně určit časové období života dané osoby, její zdravotní stav včetně nemocí, potravinová omezení, pohlaví, barvu očí apod. a samozřejmě potvrdit, nebo vyvrátit spojitost se známými migračními vlnami, popřípadě haploskupinami. Právě díky prolínání migračních vln s haploskupinami¹¹⁸ byl během posledních deseti let radikálně změněn pohled na osídlování Evropy. Genetické testování zcela vyvrací klasickou nacionalistickou historiografii založenou na národech v podobě geneticky příbuzných lidí, dále patřících do nadřazených celků s názvy jako Kelti, Germáni, či Slované. Genetické testování jednoznačně prokázalo, že není možné podle DNA přesně nebo alespoň přesvědčivě určit příslušnost k národu ani „kmenu“ a s velkými problémy ani k etniku. Naopak se současné genetice daří vymanit se až z pejorativního pohledu, který získala po hrůzách druhé světové války. Současná věda například ukazuje, že z DNA nelze jednoznačně určit barvu kůže, která je závislá převážně na době pobytu na slunečním svitu dané osoby, ale hlavně jejích předků.¹¹⁹ Ale i dnes nalezneme osoby zaklínající se slovanskou nebo germánskou DNA, respektive příslušností k jakýmsi pranárodům a práci historiků by mělo být mimo jiné tyto dezinterpretace, fámy a mýty vyvracet, a to na základě jasných argumentů, které nám testování DNA poskytuje.

Obrovský boom, který vyvolalo komerční testování laických genealogů, se naštěstí přenáší i do profesionální genealogie a pomalu se při vytváření genealogických vývodů stává standardem (minimálně tedy analýza DNA střena a ideálně i žijících předků). Velikou výhodou je rychlé zlevňování testů pomáhající v rozšiřování databází potenciálních příbuzných, které z mnoha rozličných důvodů nemusíme nalézt v klasických genealogických pramenech, tedy písemných, obrazových a orálních. To je pro genealogy doslova poklad, který se každým dalším nahaným testem DNA rozšiřuje a vytváří tak celek umožňující v paternální linii

¹¹⁸ V některých případech je dokonce možné mezi určitou haploskupinu a migrační vlnu vložit rovnítko. Například již zmíněná migrační vlna stepních mužů (haploskupiny R1a a R1b.)

¹¹⁹ Srov. J. KRAUSE, *Zrození Evropanů*, s.80–84, nebo A. RUTHERFORD, *Stručné dějiny*, s.229–288.

i odhalení předků z dob, kdy genealogicky využitelné prameny ještě neexistovaly. Jak již bylo zmíněno, genealog si až do této doby nemohl být jist, zda se jeho práce nezakládá na mylných datech (ať omylem, nebo schválně), a to genetická genealogie jednou a provždy změnila. Genetická genealogie ukazuje obrovské možnosti využití moderních technologií v pomocně vědních historických oborech, které se pro některé historiky zdánlivě zasekly na konci 19. století. Nutné propojení profesionálních genealogů s genetiky, statistiky a programátory navozuje myšlenku, zda takováto multidisciplinárnost nepovede v budoucnu k osamostatnění této vědecké disciplíny, a to jak v rovině teoretické, tak praktické (například jako samostatný studijní obor). Na závěr je namístě zmínit, že v jakékoli vědě nemá smysl někoho dohánět a současná genetická genealogie by se měla v ČR zaměřit spíše na konkrétní praktické využití tohoto oboru. Je jen na historících, jak se k využití genetické genealogie a příbuzných oborů postaví a zda pomyslně hozenou rukavici zvednou.

Prameny a literatura

Webové stránky a články publikované na internetu

Veškeré zdroje jsou citovány k 30.1.2023.

<https://www.eupedia.com/genetics>

<https://gengen.cz>

<https://www.facebook.com/groups/geneticka.genealogie>

<https://ct24.ceskatelevize.cz/veda/3533657-nobelovu-cenu-za-medicinu-dostal-svante-paabo-za-objevy-v-genetice>

<https://knowablemagazine.org/article/health-disease/2019/black-death-bubonic-plague-genetics>

<https://le.ac.uk/richard-iii/identification/genetics/dna-results>

<https://vesmir.cz/cz/casopis/archiv-casopisu/2011/cislo-5/prvni-geneticka-analyza-trojhrubu-z-dolnich-vestonic.html>

<https://sciencemag.cz/na-uherskohradistsku-ziji-primi-potomci-slovanu-z-velke-moravy>

<https://www.ceskatelevize.cz/porady/10150778447-historie-cs/318281381940002>

<https://kromerizsky.denik.cz/z-regionu/vyzkum-dna-odhalil-11-potomku-velkomoravskych-velmozu-20190305.html>

<https://www.dotyk.cz/magazin/premyslovci-dna-30000216.html>

<https://www.em.muni.cz/vite/9047-jak-identifikovat-pozustatky-slavnych-pomuze-mitochondrialni-dna>

<https://www.promethease.com>

<https://www.genome.gov/about-genomics/educational-resources/fact-sheets/human-genome-project>

<http://kotacka.cz/>

<https://www.genome.gov/human-genome-project>

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_009914755.1

<https://www.ceskatelevize.cz/porady/12672091604-tajemstvi-zivota-bozeny-nemcove>

<https://www.dnapainter.com>

<https://www.gedmatch.com>
<https://www.totheletterdna.com>
<https://www.ftdna.com>
<https://www.yourdnaguid.com>
<https://www.myheritage.com>
<https://www.livingdna.com>
https://journals.muni.cz/anthropologia_integra/article/view/31017/28371
<https://www.vazmesihrdinu.cz/>
https://www.idnes.cz/onadnes/zdravi/genetika-lecba-zdravotnictvi-geny-dna-ondrej-seda-onemocneni.A230305_211756_zdravi_albe
<https://www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree/A>
https://www.idnes.cz/xman/styl/geny-analyza-dna-rasa-narod-rasismus-nacionalismus-predci.A200904_102722_xman-styl_fro
<https://mocogenso.wordpress.com/2021/06/02/snp-vs-str>
<https://www.euro.cz/clanky/tak-nam-ten-premysl-dooral-1428722/>
<https://www.nbcnews.com/news/world/your-dna-police-database-flna6c10617124>
<https://denikn.cz/1100355/jamy-nekopali-z-moravy-odesli-na-vychod-archeologove-popisuji-co-se-stalo-s-lovci-mamutu-na-morave>
<https://www.nature.com/articles/s41586-023-05726-0>

Literatura

BETTINGER, Blaine, *The Family Tree Guide to DNA Testing and Genetic Genealogy*, New York 2019.

ERBAN, Vít, *Po stopách otcovské linie: Původ a šíření Y-DNA haploskupiny I-L233*, Anthropologia Integra 2/2022.

HOLTON, Graham – CLEARY, John – LEONARD, Michelle – McDONALD, Iain – MacDONALD, Alasdair, *Tracing Your Ancestors Using DNA: A Guid for Family Historians*, Barnsley 2022.

KRAUSE, Johannes – TRAPPE, Thomas, *Zrození Evropanů*, Brno 2022.

KOVAČIKOVÁ, Lenka – BRŮŽEK, Jaroslav, *Stabilní izotopy a bioarcheologie – výživa a sledování migrací v populacích minulosti*, Živa 2/2008.

RUTHERFORD, Adam, *Stručné dějiny každého z nás*, Praha 2021.

RUTHERFORD, Adam, *How to Argue With a Racist: History, Science, Race and Reality*, London 2021.

RUTHERFORD, Adam, *Control: The Dark History and Troubling Present of Eugenics*, London 2022.

SOUTHARD, Diahann, *Your DNA Guid: The Book – Step by step plans to connect you with your family using your DNA*, USA, 2020.

SYKES, Bryan, *Sedm dcer Eviných*, Praha 2004.

TRINKAUS, Erik, *The Pathological People of Dolní Věstonice and Pleistocene Human Abnormalities*, Brno 2015.

VANĚK, Daniel, *Genetická genealogie – sledování rodových linií pomocí analýzy DNA II. Mitochondriální DNA*, Živa 1/2010.

VANĚK, Daniel a kolektiv, *Průvodce DNA testováním a genetickou genealogií*, Praha 2016.

WAYNE, Parker a kolektiv, *Advanced Genetic Genealogy: Techniques and Case Studies*, Texas 2019.

ZÍDEK, Petr, *Nechme hroby zavřené*, Deník Právo, 25. 3. 2023, s.12.