

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

دليل الفحوصات الجينية لدراسة الأنساب العرقية

النسخة الأولى

30 يوليو 2016

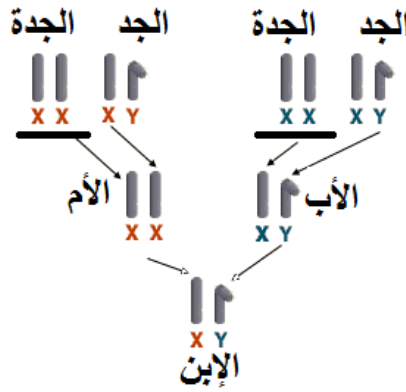
هذا التقرير المختصر والموجز هدفه توفير نبذة موجزة عن علم الأنساب الجينية، أساسياتها ومبادئها مع أمثلة حيّة.

المحتويات

١- مقدمة.....	4
٢- تحاليل السلالة الذكرية.....	7
٢,١ تحليل الماركرات Y-STR :.....	8
٢,٢ تحليل التحورات Y-SNP :.....	11
٣- مقارنة النتائج، مثال واقعي، تحديد السلالة الجينية، مفهوم البصمة الجينية، والمسافة الجينية.....	15
٣,١ مقارنة النتائج:.....	15
٣,٢ مثال واقعي:.....	20
٣,٣ السلالة الجينية وتحديدها:.....	26
٤- الكتب والأبحاث والدراسات العلمية التي تطرقت لعلم الأنساب الجينية.....	28
٤,١ الدراسة الأولى:.....	28
٤,٢ الدراسة الثانية:.....	34
٤,٣ الدراسة الثالثة:.....	35
٤,٤ الدراسة الرابعة:.....	36
٤,٥ الدراسة الخامسة:.....	36
٤,٦ الدراسة السادسة:.....	37
٤,٧ الدراسة السابعة:.....	38
٤,٨ الدراسة الثامنة:.....	39
٤,٩ الدراسة التاسعة:.....	40
٤,١٠ الدراسة العاشرة:.....	42
٤,١١ كتاب:.....	43
٥- معلومات لا بد منها.....	44
٦- أبرز شركات فحص الـ DNA	45

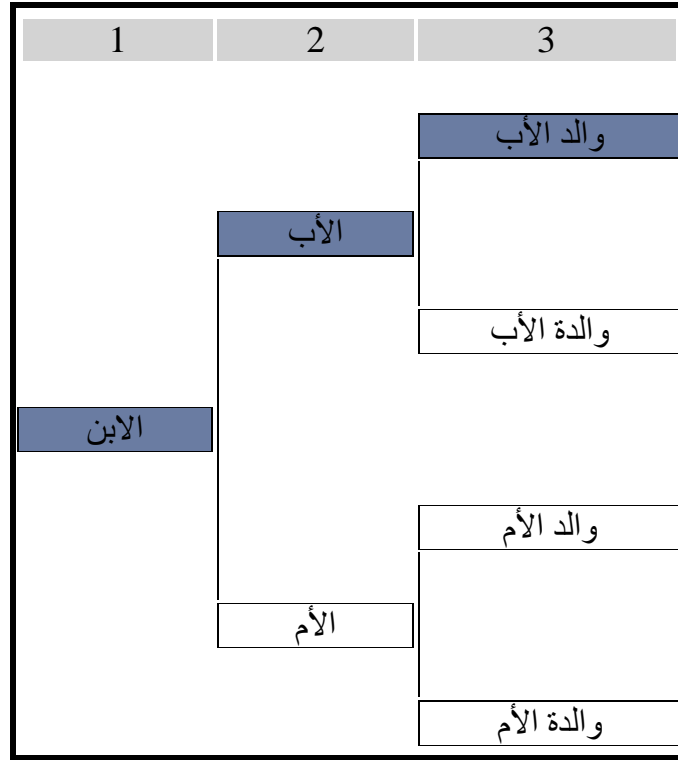
١ - مقدمة

هذه النبذة مقتصرة على تقديم أساسيات التحليل للسلاسل الذكرية ولا يستطيع أن يفحصه إلا الذكور فقط، بسبب أنه يعتمد على الكروموسوم الجنسي Y Chromosome الموجود فقط عند الذكور؛ فالكروموسوم الذكري Y لجميع الذكور منتقل لهم من أجدادهم إلى آبائهم ثم إليهم وسينتقل إلى أبنائهم وأحفادهم ... إلخ.



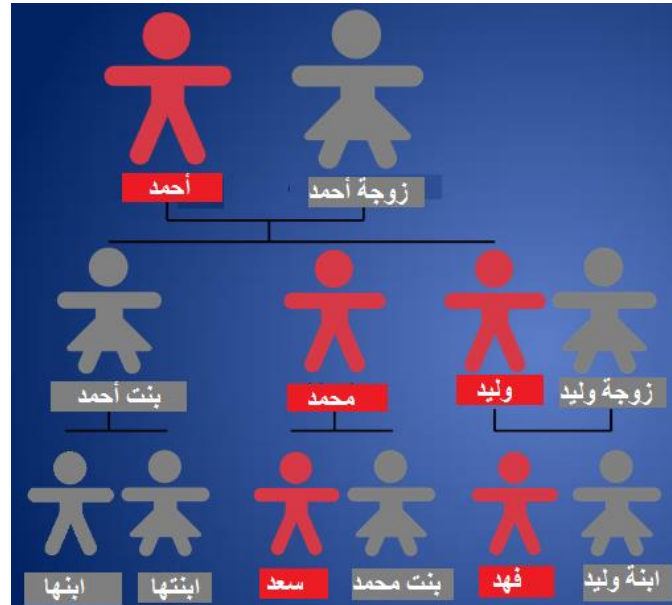
صورة 1 : إنتقال Y من الجد إلى الأب إلى الإبن

الجدات والأمهات والزوجات أياً كان لونهم أو عرقهم لا يؤثر على الكروموسوم Y على الإطلاق، فالكروموسوم Y ينتقل من الجد إلى الأب إلى الابن، دون أن تؤثر الأم على ذلك وكذلك دون أن يؤثر الكروموسوم الذكري Y للجد من طرف الأم على ذلك. كما هو موضح بالجدول المبسط:



جدول 1 : وراثه الكروموسوم الذكري بين الذكور فقط

مثال آخر للتبسيط في الصورة 2:



صورة 2 : إنتقال Y من أحمد لأبنائه وأحفاده الذكور فقط

الجد أحمد ينقل الكروموسوم Y لأبنائه الذكور فقط دون بناته، وأبناؤه ينقلون Y لأحفاد أحمد، وهكذا، دون أن تؤثر زوجة أحمد، أو زوجات أبنائه على ذلك؛ أما حفيد أحمد لابنته، فهو لا يحمل كروموسوم Y من جده أحمد بل من جده عن جهة أبيه.

ابنة أحمد إن رغبت بمعرفة سلالة أسرتها الذكرية فيجب أن يتقدم أحد أبناء أسرتها الذكور للفحص مثل: إخوانها، أبناء أخيها، والدها، أو جدها أو أبناء عمها؛ نتيجة ابنها لا تمثل أسرتها بل تمثل أسرة زوجها فقط.

قبل المضي في ذكر أساسيات هذا العلم يجب على القارئ أن يعي جيداً هذه النقاط الهامة:

- هذه الفحوصات لا تعطي شجرة عائلة، ولا تخبر المفحوص أنه من المدينة الفلانية أو البلد الفلاني، ولا تستطيع هذه الفحوصات أن تخبره بأن جده هو فلان أو علان، وكذلك نتائج هذه الفحوصات لا تقول أن المفحوص من القبيلة الفلانية.
- نتيجة شخص واحد لا تعني شيئاً، وليس لها قيمة، إلا في حال وجود نتائج أشخاص آخرين من أجل المقارنة.

بالمقابل ..

- هذه الفحوصات تؤكد للمفحوص وبشكل قطعي أنه هو فلان وفلان وينتمون إلى جد واحد، بغض النظر عن: أسمائهم، قبائلهم، ديارهم، لون بشرتهم. الخ.

لذلك:

- معرفة أن فلان من الأسرة الفلانية أمر مستحيل في ظل غياب نتيجة من تلك الأسرة للمقارنة، ففي حالة التطابق فهذا يؤكد أنهم من جد واحد، وفي حال الاختلاف فكلا الطرفين ينتميان لجدين مختلفين؛ الأمر نفسه ينطبق على أبناء الأفخاذ من القبائل، فلمعرفة إن كان هناك جد جامع لقبيلة

معينة فيجب أن تؤخذ عينات من مختلف فروع تلك القبيلة للتحقق، فإن وجد هناك سلف مشترك بين المفحوصين من 12 فخذ من أصل 15 فخذ، فهذا يعني أن 12 فخذاً يجمعهم جد واحد، وهوية هذا الجد تعتبر واضحة.

٢- تحاليل السلالة الذكرية

يوجد تحاليل متعددة للكروموسوم الذكري Y أبرزها:

أ- تحليل الماركرات (Y-STR)

ب- تحليل التحورات (Y-SNP)

وهذه التحاليل مهمة ومفيدة في مجال علم الأنساب الجينية، وبواسطتها يتم تحديد الخطوط الجينية للمجموعات والقبائل ومعرفة إن كانت قبيلة معينة يجمعها جد واحد أم لا، وكذلك يفيد في معرفة أي القبائل أقرب إلى بعض، وأي الأسر أقرب إلى بعض وهكذا.

الـ DNA مبني على القواعد: A, C, G, و T؛ وعلم الأنساب الجينية يعتمد على قراءة النتيجة للمفحوص ومقارنتها مع شخص آخر؛ الاختلاف بين النتيجتين يساعدنا على فهم التغير الذي طرأ في انتقال الشفرة من الأجداد وبالتالي بإمكاننا حساب هذه التغيرات والتحورات لتحديد العلاقة بين الطرفين، وحساب العمر للجد الجامع بينهم.

تحليل الماركرات والتحورات يمكن من خلالهما تحديد السلالة الجينية (الهابلوغروب Haplogroup) التي ينتمي لها الشخص المحلل.

ملاحظة: الماركرات Y-STRs من خلالها يمكن التنبؤ Predict بشكل عالي جداً لتحديد السلالة الجينية، بينما التحورات Y-SNPs تؤكد Confirm السلالة بشكل قطعي.

٢,١ تحليل الماركرات Y-STR:

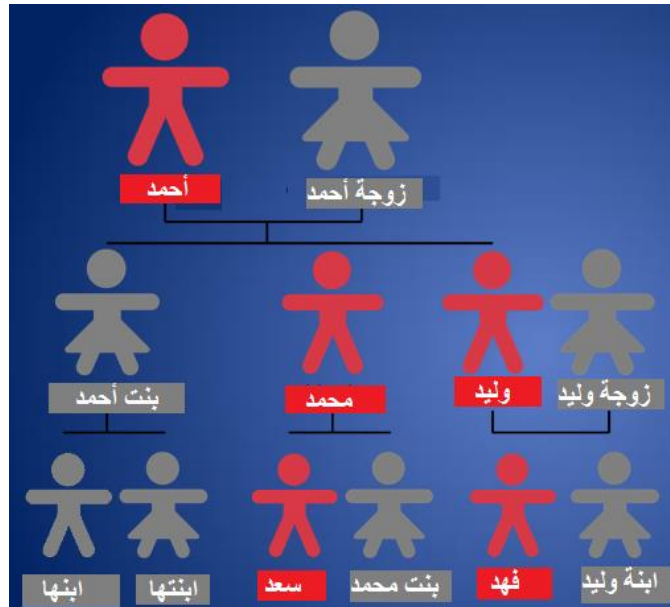
STR هو اختصار لـ **Short tandem repeat** (التكرار المترادف القصير) ، وهو مكان في شفرة الحمض النووي له حروف متكررة بشكل متسلسل.

على سبيل المثال عندما تفحص لدى مختبر ماركز معين، لنفترض الماركز DYS643 ويظهر:

AGTAAGTAAGTA

يتضح أن التسلسل AGTA تكرر 3 مرات، بالتالي القيمة 3 ستوضع كنتيجة للماركز DYS643؛ وهكذا مع بقية الماركرات.

بعض الماركرات Y-STR تتغير قيمها بشكل سريع نوعاً ما من جيل إلى جيل، والتغير قد يكون إما زيادة في التكرار أو نقصاناً، وقيمها من الشائع أن تعود لمثل ما كانت مع تعداد الأجيال؛ خصوصاً الماركرات سريعة التغير؛ لنعود إلى عائلة أحمد كمثال افتراضي على ذلك:



صورة 3 : عائلة أحمد

الماركز DYS1234 تكون قيمته 4 لدى الجد (أحمد):

DYS1234 = 4 (TACATACATACATACA)

وليد بن أحمد ربما يحدث له تغيير في زيادة التكرار، بالتالي تصبح القيمة 5 للماركر 5 في DYS1234 بحيث:

DYS1234 = 5 (TACATACATACATACATACA)

لاحظ أنه حدث له تغيير إضافي.

فهد بن وليد بن أحمد قد يحدث له تغيير لنفس الماركر من حيث نقصان الماركر وعودته إلى قيمته الطبيعية 4 التي كانت عند الجد أحمد، بالتالي نتيجته تكون:

DYS1234 = 4(TACATACATACATACA)

بالإضافة لذلك، يوجد ماركرات بطيئة التغيير، وإن تغيرت فستشكل بصمة خاصة لأجيال كثيرة من أحفاد الجد الذي حصل له التغيير بذلك الماركر؛ لنفترض أن الجد (وليد) حصل له تغيير في الماركر 643 في DYS643 فأصبحت قيمتها 10، بينما أخيه وأبناء عمومته ووالده لهم القيمة 9، وبما أن الماركر بطيء التغيير فلن تتغير النتيجة لأبناء وأحفاد أحفاد الجد وليد، وهذا ما يسمى بـ **Ancestral Haplotype**، وهي بصمة جينية للجد وليد.

وفي حال اشتراك الجد (وليد) مع إخوانه وأبناء عمومته من عشيرته بنفس القيم لماركرات أخرى تميزهم عن أبناء عمومته البعيدين الذين يشتركون معهم في أجداد أعلى وأبعد، فهذا ما يعرف في الأبحاث العلمية باللغة الإنجليزية بـ **Modal Haplotype** أو **Ancestral Signature** وهو وجود بصمة جينية لعشيرة وليد تميزهم عن البقية.

مثال على قراءة نتائج الماركرات وتفسيرها:

Marker	DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385	DYS426	DYS388	DYS439	DYS389I	DYS392	DYS389II
Value	12	23	14	11	14-16	11	17	11	13	11	30

جدول 2: مثال على 12 ماركر

هذه الأرقام تعني أن مناطق في الكروموسوم الذكري يوجد بها تكرار مرادف قصير، ونلاحظ مثلاً في الجدول بالأعلى أن الماركر DYS426 قيمته 11 ، وذلك بسبب أن التسلسل "GTT" تكرر 11 مرة عند الفحص، بالطريقة التالية:

...TGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGAC..

بما أن GTT متكرر 11 مرة فقيمه هي 11 ، وربما شخص آخر سيفحص هذا الماركر وتكون قيمته 7 وذلك لأن القراءة كانت على النحو التالي:

...TGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGAC..

مختبرات FamilyTreeDNA توفر فحص لـ 12 ماركر، 25 ماركر، 37 ماركر، 67 ماركر، و 111 ماركر، وكذلك مختبرات YSEQ في ألمانيا وغيرها الكثير من الشركات الأخرى¹.

فحص 67 ماركر يعطي أفضل نتائج للمقارنة مع النتائج الأخرى، الترقية إلى 111 ماركر (أو فحص 111 كاملة مباشرة) يعطي أقرب وأدق مقارنة.

¹ سنتطرق لأبرز أسماء شركات الفحص لاحقاً

٢,٢ تحليل التحورات Y-SNP:

SNP هو اختصار لـ Single nucleotide polymorphisms ، وهو تغير صغير يطرأ على الحمض النووي في الكروموسوم الذكري Y. هناك 3 أنواع من SNPs ، التغير الذي يطرأ قد يكون تغير مضاف مثل:

ATGCTGATCGC → ATGCTGATAGATCGC

أو تغير بالحذف، مثل:

ATGCTGATAGATCGC → ATGCTGATCGC

أو تحور بالتعويض، مثل:

ATGCAGATCGC → ATGCTGATCGC

وإن حدث أي من هذه التحورات SNPs فهو نادراً جداً جداً أن يعود إلى ما كان عليه، على سبيل المثال إن وقع تحور في الجد ، فالابن والحفيد وحفيد الحفيد جميعهم سيحملون نفس التحور؛ لذلك التحورات تتصف بالثبات وتعتبر نتيجتها قطعية ونهائية²،³ على عكس نتائج الماركرات Y-STR التي على الرغم من أنها مفيدة في تحديد القرابة إلا أن بعض الماركرات قد تتغير وتسبب لبساً بحيث تجعل ابن العم الذي يلتقي بالجد الـ 10 أقرب من ابن العم القريب الذي يلتقي بالجد الـ 6 مثلاً.

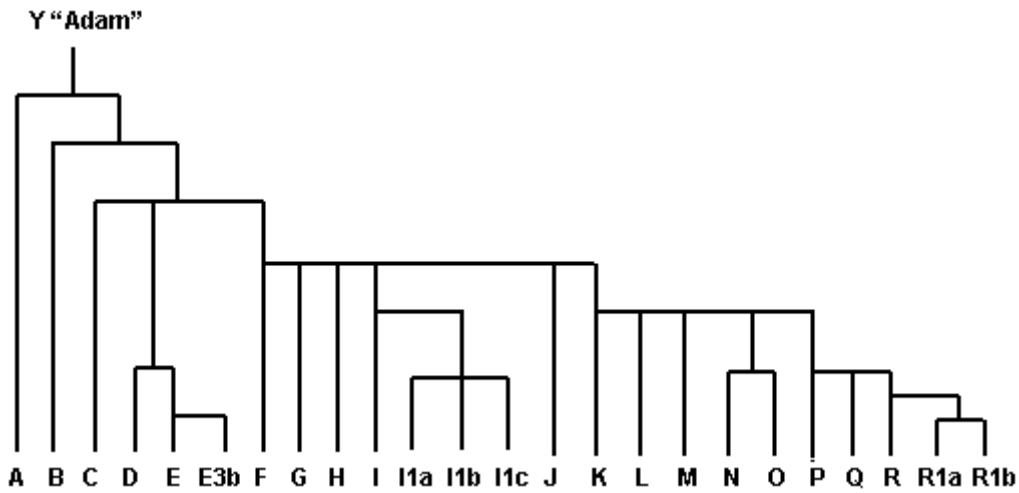
فحص التحورات والماركرات مكملان لبعضهما عند دراسة التقارب بين عينات محددة.

² راجع الصفحة 10 للمقالة العلمية في Journal of Genetic Genealogy عام 2009 بعنوان: DNA Genealogy, mutation rates, Klyosov and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method للكاتب

³ راجع الصفحة 15 من بحث اشترك به 23 باحثاً من عدة دول ، نشر في PLoS سنة 2015 بعنوان: Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y-chromosome and reveals migrations of Iranic speakers

الماركرات تساعد على التنبؤ بالسلالة الجينية بنسبة عالية جداً ولكن فحص التحور هو الفيصل؛ فحص التحورات يؤكد الانتماء للسلالة Haplogroup بشكل قطعي، وكذلك يؤكد الانتماء للفرع subclade من السلالة الجينية.

هذه الرسمه المبسطه توضح السلالات الجينية العامه التي أعمارها تقدر بآلاف السنين ويجمعها سلف مشترك واحد (آدم):

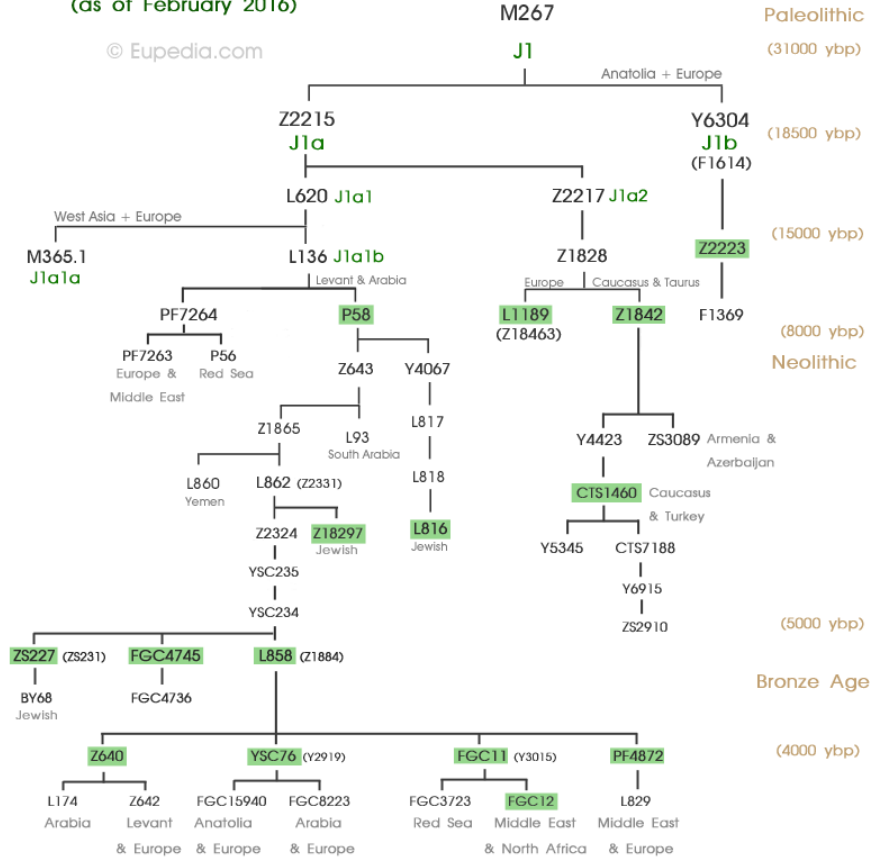


صورة 4 : رسمه عامه مبسطه للسلالات الجينية

لكل سلالة تحوراتها وتفرعاتها، فمثلاً السلالة J تفرع منها J1 و J2 ولكل واحده منهم تفرعات إضافية⁴. وهنا مثال على السلالة J1 وتحوراتها وفروعها الرئيسية:

⁴ لرؤية نسخة محدثة لمشجرة السلالات الجينية وعلاقتها ببعض فروع مشجرة International Society of Genetic Genealogy على الرابط: http://isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html ، أو راجع مشجرة YFull على الرابط: <https://yfull.com/tree>.

Phylogenetic tree of Haplogroup J1
(as of February 2016)



صورة 5 : مشجرة عامة للسلالة J1 وفروعها وتحوراتها وأماكن انتشارها الرئيسية⁵

من الصورة بالأعلى نلاحظ أن السلالة J1 تحورها الرئيسي هو M267، فإن كانت أول 12 نتيجة للماركرات تعطي احتمالية قرابة مع آخرين من أبناء السلالة J1، فأفضل وسيلة للتأكد من الانتماء للسلالة J1 من عدمها هو فحص التحور M267، فإن كانت النتيجة موجبة فالانتماء للسلالة J1 أمر مؤكد وقطعي؛ نلاحظ كذلك أن J1a هو فرع من السلالة J1، ولتحديد إن كان الشخص ينتمي إلى J1a من عدمه فعليه فحص التحور Z2215 للتأكد، فإن ظهرت النتيجة موجبة فهو ينتمي له، وإن ظهرت سالبة فعلى الأرجح أنه ينتمي إلى J1b، أي سيظهر موجباً لـ Y6304، ولنفتراض أنه ظهر سالباً، فهو قد يمثل فرعاً ثالثاً جديد، وبإمكانه خدمة سلالته من ناحية إيجاد تحورات فرعه الجديد من خلال فحص Next generation sequencing للكروموسوم Y من خلال أنظمة Illumina HiSeq، وهذه الفحوصات

⁵ مقتبسة من http://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_J1_Y-DNA.shtml

متوفرة تجارياً باسم Big Y من شركة FamilyTreeDNA أو Y Elite من شركة FGC، والأخير يغطي الكروموسوم الذكري أكثر من Big Y ولذلك يعطي نتائج أفضل؛ ويوجد أكثر من آلية لتحديد اعمار التحوارات⁶، ⁷.

⁶ توصل الدكتور Ian McDonald في تحقيق بعنوان "U106 explored: its relationships, geography and history" الى أن عمر كل تحور مكتشف بالـ Big Y يقدر بـ 130 عام تقريباً، أي أن الـ Big Y يكتشف تحوراً لكل 4-5 أجيال تقريباً.

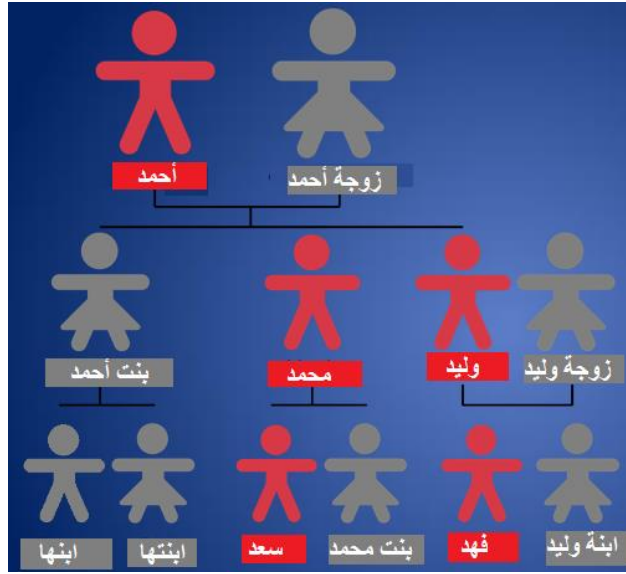
⁷ وهناك آلية أخرى لتحديد أعمار التحوارات منشورة في The Russian Journal of Genetic Genealogy شهر 11 سنة 2015 بعنوان: Defining a New Rate Constant for Y-Chromosome SNPs based on Full Sequencing Data

٣- مقارنة النتائج، مثال واقعي، تحديد السلالة الجينية، مفهوم

البصمة الجينية، والمسافة الجينية

٣,١ مقارنة النتائج:

لنفترض أن أفراد عائلة أحمد الذكور قاموا جميعاً بفحص 12 ماركر على سبيل المثال (علاقتهم موضحة بالصورة 6).



صورة 6 : عائلة أحمد ومقارنة نتائجهم

Marker	DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385	DYS426	DYS388	DYS439	DYS389I	DYS392	DYS389II
أحمد	12	23	14	11	14-16	11	17	11	13	11	30
وليد	12	23	14	11	14-16	12	17	11	13	11	30
محمد	12	23	14	11	14-16	11	17	11	14	11	30
سعد	12	23	14	11	14-16	11	17	11	13	11	30
فهد	12	23	14	11	14-16	12	17	11	13	11	30

ماذا تلاحظ؟ أليس محمد يتطابق مع والده أحمد بكافة الماركرات عدا الماركر DYS392 فيوجد اختلاف به بقيمة واحده إضافية 14 بدلاً من 13 ؟ فهذا يعني اختلاف بمسافة جينية واحدة (Genetic Distance = مسافة جينية)

نلاحظ كذلك أن سعد عادت القيمة له للقيمة الطبيعية لنفس الماركر 13 ، فلم يورثها من والده محمد وهذا لا يعني أن سعد هو ابن لـ أحمد جينياً أو أقرب له، بل هذا يعني أن والده محمد حدثت له طفرة جينية ، ثم حدثت لابنه سعد أيضا طفرة جينية تراجعية من 14 إلى 13 تشابه قيمة جده فالماركر هذا قد يكون من الماركرات سريعة التغير لذا فالاختلاف بهذه الحالة لا اعتبار له ويعتبر البعد بين سعد و والده محمد هو بعد وهمي، وكذلك القرب بين سعد و جده أحمد هو قرب وهمي.

نلاحظ كذلك أن فهد، ووليد لديهم القيمة 12 للماركر DYS426 ، وهذه تتوافق مع الموروث حيث أن فهد هو ابن وليد ، والقيمة لوليد للماركر DYS426 تغيرت من 11 إلى 12 ، وورثها ابنه فهد، ولنفترض أن هذا الماركر يعد من أحد الماركرات بطيئة التغير وبالتالي قد يتوارثها أحفاد وليد لابنه فهد إلى أجيال كثيرة. هنا يجب أن نشدد على أن الماركرات ليست ثابتة وقيمتها قد تتغير بشكل عشوائي من أجيال إلى أجيال، فربما أحد أحفاد سعد سيحدث له التغير من 11 إلى 12 للماركر DYS462 ، وهذا قد يحدث لبس عند قراءة النتيجة ، لذا فإن دراسة التقارب بين العينات يكون أكثر موثوقية حينما تتوفر في البصمة الماركرية عدة عوامل منها:

- عدد القيم الماركرية المميزة

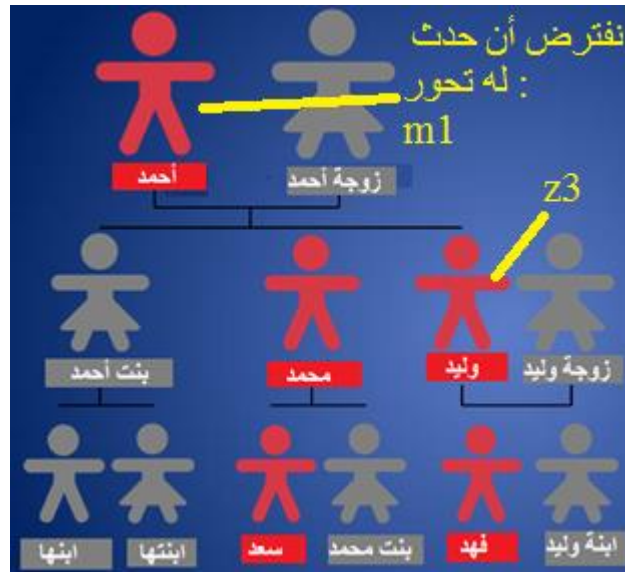
- التغير في قيم بطيئة التطير

فإذا توفرت عدة قيم مميزة مع كون بعض هذه القيم بطيئة التطير فإن المقاربة تكون أكثر موثوقية.

ولذلك فالوسيلة الوحيدة للقطع بمسألة تحديد القرابة هو الاعتماد على فحص التحورات SNPs، وبلا شك ففحص التحورات لا يعني إهمال قراءة الماركرات فكلاهما مكملان لبعضهما كما ذكرنا سابقاً.

لنعود الآن إلى دراسة القرابة من خلال التحورات Y-SNPs التي إن حدثت في شخص معين فإنه يورثها لأحفاده وأحفاد أحفاده ومن الصعب جداً أن ينعكس التحور من ناحية نظرية، على عكس الماركرات Y-STR التي قد تتبدل قيمتها وليست ثابتة؛ كما ذكرنا سابقاً فالتقنية المعمول بها في فحوصات Big Y و FGC Y Elite بإمكانها كشف التحورات، ولا يشترط أن يحدث تحور في كل جيل أو لكل شخص، فحدوثها عشوائي، ولكن إن حدث فجميع أحفاد الرجل الذي حدث به التحور سيحملونه وهكذا.

لننظر للمثال:



صورة 7: عائلة أحمد وتحورات أحمد

يتضح من الصورة أن أحمد فرضاً حدث له تحور SNP لنسمة m1، فإن جميع ذريته الذكور سواء من ابنه وليد أو محمد جميعهم ستظهر نتيجتهم موجبة للتحور m1، بينما إخوان وأبناء عم أحمد، وبما فيهم والد أحمد، نتيجتهم هي سالبة للتحور m1.

الآن وليد بشكل تلقائي سيكون موجباً للتحور m1، وكذلك محمد، وأحفادهم.

وليد كذلك وقع به تحور هو Z3، فابنه فهد سيحمله وسيتوارثه أحفاده، بينما محمد وابنه سعد نتيجتهم ستكون سالبة للتحور Z3.

بالتالي لنفرض أن أي شخص بعد مئات السنين يعلم أنه من ذريه أحمد ، ولكن لا يعلم هل هو من فرع وليد أو محمد، فإن فحص Z3 وظهرت نتيجته موجبه فهو إذاً من ذرية وليد ، وتلقائياً سيكون موجباً للتحور m1 دون الحاجة أن يفحصه ، فنتيجة فحصه الإيجابية هي مجرد تحصيل حاصل.

ولدراسة القرابة بشكل عام بين الفاحصين للماركرات لاحظ الجدول 3 التالي:

التفسير	عدد الماركرات					
	111	67	37	25	12	
التطابق الكلي يعني أن قرابتكم جداً قريبة. وقليل من الناس يصلون لهذه المرحلة من التطابق (أي أن المسافة الجينية تكون صفر)	0	0	0	لا ينطبق (لا ينظر له لتحديد هذا النوع من العلاقة)	لا ينطبق (لا ينظر له لتحديد هذا النوع من العلاقة)	قريب جداً للغاية
قليل من الأشخاص يصلون لهذه المرحلة من التطابق. وهي تعني أنه قريب جداً.	1-2	1-2	1	لا ينطبق (لا ينظر له لتحديد هذا النوع من العلاقة)	لا ينطبق (لا ينظر له لتحديد هذا النوع من العلاقة)	قريب جداً
إذا كنت فاحص 12 ماركر أو 25 ماركر فقط ويوجد تطابق بهذه الدرجة ، فيفضل أن تقوم بالترقية لتحسين دقة القرابة	3-5	3-4	2-3	0-1	0	قريب
بدون الحاجة لمزيد من الأدلة لا يوجد علاقة بالأجداد القريبة (من الجيل الأول إلى السادس) لكن يحتمل وجود إلتقاء بجد قبل الجيل 15. إذا كان الموروث بينكم متطابق، ففحص شخص آخر يحمل ذات الموروث سيثبت أو ينفي هذه العلاقة.	6-7	5-6	4	2	1	احتمال يوجد قرابة
إحتمالية وجود علاقة بجد مشترك ما بين الجيل الأول إلى 15 ضئيلة جداً. إذا كان الموروث متطابق، ففحص شخص آخر يحمل ذات الموروث سيثبت أو ينفي هذه العلاقة. ومراجعة التاريخ الأسري للشخصين ينصح به.	8-10	7	5	3	2	احتمال ضئيل بوجود قرابة
بشكل قطعي لا يوجد بينكم علاقة بين الجيل 1 إلى 15.	>10	>7	6	4	3	لا يوجد قرابة

جدول 3 : تفسير القرابة المحتملة بناءً على تطابق الماركرات والمسافات الجينية

نلاحظ أن 12 ماركر، و 25 ليست بتلك الفائدة لتحديد القرابة، على عكس 67 و 111 ماركر التي تستطيع الإشارة بشكل عالي في حال وجود صلة قريبة أو لا، بالتالي فإن احتمالية قرابة 12 ماركر و 25 ماركر الموضحة بالجدول 3 ليست بتلك الأهمية أيضاً، ولكن في حال وجود تطابق فينصح بالترقية لماركرات أعلى (67 أو 111) للتحقق من القرابة.

لننظر لتصنيف : قريب ، نلاحظ أن في حالة وجود 0 مسافة جينية في 12 ماركر (أي تطابق تام 12 ماركر من أصل 12 ماركر) ، فإنه يفضل أن يقوم كلا الطرفين بالترقية إلى 67 ماركر لرؤية إن كانت هذه القرابة حقيقية أم لا، ولنفترض أنه تمت الترقية إلى 67 ماركر ويوجد اختلاف 3 مسافات جينية (أي 64 ماركر متطابق بين المفحوصين)، فقرابتهم محتملة بدرجة أكبر ، وخاصة إن كان هناك بصمة جامعة. بلا شك أن الجداول الموضحة أعلاه ما هي إلا أمثله تقريبية عن فهم العلاقة بين المتطابقين للفاحصين لـ 67 ماركر و 111 ماركر خصوصاً، وقد نوقشت آلية لتحديد العلاقة بشكل أدق من خلال دراسة منشورة ركزت على معدل التطفير للماركرات أبرزها:

- دراسة بعنوان:

Mutation rate constants in DNA genealogy

منشورة في المجلة العلمية *Advances in Anthropology* سنة 2011

للكتاب Rozhanskii و Klyosov

- دراسة أخرى بعنوان:

The Effective Mutation Rate at Y Chromosome Short Tandem Repeats, with
Application to Human Population-Divergence Time

منشورة في المجلة العلمية *The American Journal of Human Genetics* سنة 2004

شارك فيها جملة من الباحثين وهم:

Zhivotovsky, L.A., Underhill, P.A., Cinnioglu, C., Kayser, M., Morar, B.,

Kivisild, T., Scozzari, R., Cruciani, F., Destro-Bisol, G., Spedini, G. and
Chambers, G.K.

٣,٢ مثال واقعي:

لنقارن نتائج الماركرات Y-STR الـ 111 لعينات مفحوصة من أبناء قبيلة مطير الموجبة للتحور FGC1703، وهنا سنقارن نتيجة للموازين من ذوي عون من بني عبد الله مع نتائج من واصل من بريه ونتائج للصعران من أولاد علي من بريه ونتيجة للمسعد من الحمادين من بريه:

ID	DYSS3933	DYSS3900	DYSS3911	DYSS3911	DYSS3855	DYSS4266	DYSS3888	DYSS4339	DYSS3892	DYSS3892	DYSS4588	DYSS4599	DYSS4555	DYSS4554	DYSS4447	DYSS4448	DYSS4449	DYSS4644	DYSS4600	Y-GATA-H4	YCAI	DYSS4566	DYSS6077	DYSS5766	DYSS5770	CDY	DYSS4442	DYSS4438	DYSS5331	DYSS5778	DYF395S1	DYSS5990	DYSS5937	DYSS6411	DYSS6412	DYF406S1	DYSS6511	DYSS4255	DYSS4133	DYSS5577		
1 الميزاني المطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	27	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	18	18	31-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
2 العبيوي المطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	20-22	14	14	18	18	32-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	22-22	11
3 النبحاتي 1 المطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	18	17	32-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
4 النبحاتي 2 المطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	14-17-17-17	10	10	22-22	14	15	18	18	32-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
5 النبحاتي 3 امطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	9-9	11	11	26	14	20	25	14-14-17-17	10	10	22-22	14	14	19	18	34-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
6 الوسمي 1 المطيري	12	24	14	11	13-19	11	17	11	13	11	29	18	9-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	13	17	18	32-35	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
7 الوسمي 2 المطيري	12	24	14	11	13-19	11	18	11	13	11	30	19	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	17	18	32-35	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
8 العفاسي المطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	19	18	32-35	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	20-22	11
9 الشثيلي الصعيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	13	18	18	32-34	11	10	11	8	15-16	8	10	10	8	10	9	12	21-22	11
10 العبداني الصعيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	18	19	33-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-21	11
11 السعدوني الصعيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	19	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	18	18	32-33	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-22	11
12 الشعلاني الصعيري	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	19	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	18	18	33-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-22	11
13 المسعد الحميداني	12	23	14	11	13-19	11	17	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-16	10	10	22-22	14	14	17	18	31-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	11
14 البصاصة	12	23	14	11	13-19	11	19	11	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	25	12-14-16-17	10	10	21-23	14	14	18	19	32-34	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-22	11
15 الهاملي المطيري	12	23	14	11	13-19	11	17	10	13	11	30	18	8-9	11	11	26	14	20	26	12-14-16-17	10	10	22-22	14	14	18	18	32-35	11	10	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	20-21	11

صورة 8: 111 ماركرات لنتائج من مطير

ماذا تلاحظ في الصورة 8 ؟

نتائج الصعران (الشثيلي السطر 9، العبداني السطر 10، السعدوني السطر 11، الشعلاني السطر 12، البصاصة السطر 14) جميع نتائجهم تتميز بالقيمة 10 للماركر DYF406S1، كما هو محدد باللون

الأحمر، وهذه بصمة جينية لجد الصعران من أولاد علي من بريه تميزهم عن سائر النتائج الأخرى وتسمى بـ **Ancestral Haplotype** أو **Ancestral Signature**، أي بصمة جينية للجد الجامع.

كذلك نلاحظ أن نتيجة المسعد من الحمادين من أولاد علي من بريه (السطر 13) قيمتها 11 مثل بقية النتائج الأخرى.

ونلاحظ أيضاً، أن المسعد يشترك مع الميزاني في القيمة 31-34 للماركر CDY، فهل هذا يعني أنها بصمة جينية لجد يجمعهم قبل بقية النتائج؟ الإجابة بالطبع لا، فكما ذكرنا سابقاً أن Y-STR تتغير بشكل سريع إما بقيمة إضافية أو بقيمة ناقصة، وليست ثابتة دوماً (علماً بوجود ماركرات معدل تطورها أو تغيرها بطيء كما تطرقت الدراسات له سابقاً).

الصورة التالية بها تكملة لبقية الماركرات:

ID	DY S531	DY S578	DY F39551	DY S590	DY S537	DY S641	DY S472	DY F40651	DY S511	DY S425	DY S413	DY S57	DY S436	DY S490	DY S534	DY S440	DY S444	DY S481	DY S520	DY S446	DY S617	DY S568	DY S487	DY S572	DY S640	DY S492	DY S565	DY S710	DY S485	DY S495	DY S495	DY S540	DY S514	DY S716	DY S717	DY S505	DY S556	DY S549	DY S589	DY S522	DY S494	DY S533	DY S536			
1 الميزاني المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	13	12	11	13	12	12	11	33	15	8	15	11	26	27	20	13	12	12	11	13	9	13	11	13	11	
2 العيوي المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	22-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	14	12	11	13	11	12	12	11	34	15	8	16	11	26	26	20	13	12	13	11	12	9	12	11	12	11
3 الديحاني 1 المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	15	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
4 الديحاني 2 المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	14	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	25	26	20	13	12	13	11	12	9	12	11	12	11	
5 الديحاني 3 مطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	16	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
6 الوسمي 1 المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	14	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	26	26	20	14	12	14	11	12	9	12	11	12	11	
7 الوسمي 2 المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	15	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	26	26	20	13	12	14	11	13	9	12	11	13	11	
8 العفاسي المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	20-22	18	10	12	12	15	8	13	26	21	14	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
9 الثنتلي الصعيري	11	8	15-16	8	10	10	8	10	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	27	21	14	12	11	13	12	12	11	33	15	8	15	11	26	26	20	13	13	13	11	13	9	12	11	13	11	
10 العبداني الصعيري	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-21	18	10	12	12	15	8	12	27	21	14	12	11	13	12	12	11	32	15	8	15	11	25	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
11 المسعدوني الصعيري	11	8	15-16	8	11	11	8	10	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	27	21	14	12	11	13	12	12	11	33	15	8	15	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
12 الشعلاني الصعيري	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	27	21	14	12	11	13	12	12	11	32	15	8	15	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
13 المسعد الحميداني	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	26	21	14	12	11	13	11	12	12	11	33	15	8	15	11	27	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11
14 البصايصة	11	8	15-16	8	11	10	8	10	9	12	21-22	18	10	12	12	15	8	12	27	21	14	12	11	13	12	12	11	32	15	8	15	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	
15 الهاملي المطيري	11	8	15-16	8	11	10	8	11	9	12	20-21	18	10	12	12	15	8	12	26	21	14	12	11	13	12	12	11	33	15	8	16	11	26	26	20	13	12	13	11	13	9	12	11	13	11	

صورة 9 : تكملة للنتائج

ماذا تلاحظ في الصورة 9؟

نتائج واصل (الهاملي السطر 15 ، العبيوي السطر 2 ، الديحاني السطر 3، الديحاني السطر 4،
الديحاني السطر 5، الوسمي السطر 6، الوسمي السطر 7) جميعهم لديهم القيمة 16 للماركر
DYS495، وهذه القيمة ليست موجودة عند بقية أبناء قبيلة مطير الموجبين للتحور FGC1703.

نلاحظ هنا مقارنة عن المسافات الجينية (الماركرات المختلفة من أصل 111 ماركر عند المقارنة بين
النتائج):

Genetic Distance		الديحاني السطر 4	الديحاني السطر 3	الديحاني السطر 2	الديحاني السطر 5	الديحاني السطر 6	الديحاني السطر 7	الديحاني السطر 8	الديحاني السطر 9	الديحاني السطر 10	الديحاني السطر 11	الديحاني السطر 12	الديحاني السطر 13	الديحاني السطر 14	الديحاني السطر 15	
ID		الديحاني السطر 4	الديحاني السطر 3	الديحاني السطر 2	الديحاني السطر 5	الديحاني السطر 6	الديحاني السطر 7	الديحاني السطر 8	الديحاني السطر 9	الديحاني السطر 10	الديحاني السطر 11	الديحاني السطر 12	الديحاني السطر 13	الديحاني السطر 14	الديحاني السطر 15	
1	الميزاني المطيري	111	13	11	12	12	16	12	12	13	14	12	12	11	15	10
2	العبيوي المطيري	13	111	9	9	11	14	13	10	14	15	13	13	12	14	10
3	الديحاني 1 المطيري	11	9	111	10	9	15	10	10	13	12	12	11	13	14	9
4	الديحاني 2 المطيري	12	9	10	111	9	12	12	10	12	13	12	13	12	15	9
5	الديحاني 3 امطيري	12	11	9	9	111	14	12	10	15	16	14	14	13	17	11
6	الوسمي 1 المطيري	16	14	15	12	14	111	9	12	16	20	16	18	16	20	12
7	الوسمي 2 المطيري	12	13	10	12	12	9	111	9	15	17	11	13	13	16	9
8	العقاسي المطيري	12	10	10	10	10	12	9	111	13	15	11	13	12	15	6
9	الشتيلي الصعيري	13	14	13	12	15	16	15	13	111	10	7	8	14	10	12
10	العبداني الصعيري	14	15	12	13	16	20	17	15	10	111	8	4	14	8	13
11	السعدوني الصعيري	12	13	12	12	14	16	11	11	7	8	111	4	13	9	10
12	التهلاني الصعيري	12	13	11	13	14	18	13	13	8	4	4	111	13	8	12
13	المسعد الحميداني	11	12	13	12	13	16	13	12	14	14	13	13	111	16	12
14	البصايسة	15	14	14	15	17	20	16	15	10	8	9	8	16	111	14
15	الهاملي المطيري	10	10	9	9	11	12	9	6	12	13	10	12	12	14	111

صورة 10 : المسافة الجينية بين النتائج المطيرية

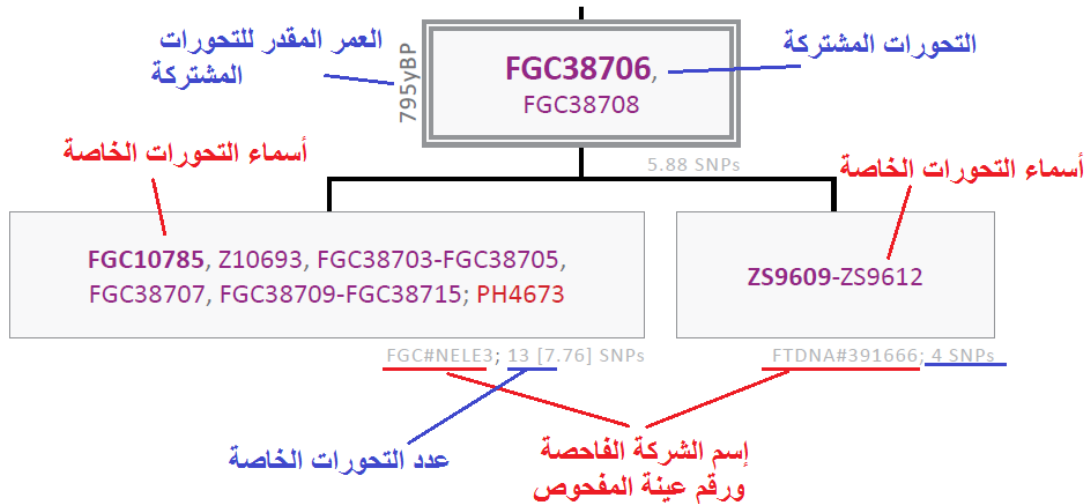
وقد حددنا بالأحمر في الصورة 10 أن نتيجة المسعد الحميداني الأقرب له ماركراً هو الميزاني بفارق
11 مسافة جينية، مقابل 13 مسافة مع الشتيلي والعبداني من الصعران ، و 14 مسافة مع السعدوني

والشعلاني من الصعران، و 16 مسافة من البصيص؛ لاحظ أن البصيص يبعد عن الميزاني بـ 15 مسافة جينية.

التساؤل هو:

- هل نتيجة المسعد أقرب للميزاني من البقية؟ لاسيما بأن المتوارث هو أن الحمادين والصعران من أولاد علي هم الأقرب لبعض عن غيرهم.
- هل نتائج الأفاذ الواصلية أقرب إلى الصعران من أولاد علي من بريه عن الحمادين من أولاد علي؟

للإجابة على هذا التساؤل: نلجأ إلى التحورات، وبحمد الله تم عمل فحص Big Y من شركة FamilyTreeDNA لإكتشاف التحورات لعينة المسعد، والميزاني، وأحد الدياحين، وكذلك البصيص وأحد الوساما أجروا فحص Y Elite من شركة FGC وقد أسفرت الفحوصات عن اكتشاف تحورين يجمعان المسعد و البصيص قبل الوسمي والميزاني، والتحوران تمت تسميتهم بـ FGC38703 و FGC38708 ، وقد تم إدراجها بمشجرة السلالة J1 من إعداد Victar Mas :



صورة 11 : مثال على التحورات المشتركة (البصيص عينة فل جينوم NELE3 والمسعد عينة بيق

واي 391666)

المشجرة بعنوان : *J1 PHYLOGENETIC TREE* على الرابط:

<http://genogenea.com/J-M267/tree>

وكذلك تم إدراج النتيجة في YFull⁸ على الرابط:

[/https://yfull.com/tree/j1](https://yfull.com/tree/j1)

الميزاني سالب للتحورين (FGC38706 و FGC38708) ، وله تحورات مشتركة مع ذوي عون من بني عبد الله ولا يسعنا عرض ذلك كاملاً في هذه الورقة فقد تم التطرق للنتائج لمطير وهي موجودة في

موقع سلالات قبيلة مطير الجينية على الرابط MutirDNA.com

لذلك نستطيع أن نقول:

- ليس كل من هو موجب للتحور SNP الذي يرمز بـ FGC1703 ولديه 10 = DYF406S1 أنه من الصعران من أولاد علي من بريه ، وكذلك ليس كل صعيري موجب للـ FGC1703 يجب أن يحمل قيمة 10 لـ DYF406S1
- اللجوء إلى التحورات بدلاً من الماركرات هو الفيصل في تحديد العلاقة (إن وجدت)، وهذا ما وجدناه في حالة المسعد والبصيص
- لن نحتاج إلى فحص كافة الصعران هذين التحورين FGC38706 أو FGC38708، فقربهم الماركري + البصمة التي جمعتهم DYF406S1 بالإضافة للموروث جميعها كافية والفحص لن يكون سوى تحصيل حاصل.

⁸ YFull هي شركة متخصصة فقط لتحليل ملفات الخام BAM أو FASTQ التي يمكن الحصول عليها من فحوصات Next Generation Sequencing (مثل التي تقدمها شركة فاميلي تري باسم Big Y أو شركة الفل جينوم باسم Y Elite)

هنا مثال على لوحة التحكم لأحد الصعران الذي فحص 111 ماركر من شركة FamilyTreeDNA:

حددنا أن يظهر هنا المتطابقين في 111 ماركر فقط

Show Matches For: The Entire Database Markers: 111 Distance: All Matches Per Page: 25 **J السلالة الجينية M267 التحور للسلالة**

Last Name Starts With: (Optional) New Since: Run Report

111 MARKERS - 6 MATCHES

Genetic Distance	Name	Most Distant Ancestor	Y-DNA Haplogroup	Terminal SNP	Match Date
4	Al-Abdany Al-Su'airy Al-Mutairi (MutirDNA)	'Awlad Ali of Buraih from Mutair tribe	J-M267	فحص التحور	12/10/2015
6	Mr. Meshary Al-Sha'lany Al-Su'airy Al-Mutiri (MutirDNA)	'Awlad Ali of Buraih from Mutair	J-M267	لذلك تغير مسمى سلالته	12/15/2015
7	Al-Sa'dooni Al-Mutairi (MutirDNA)	Al-Sa'raan ('Awlad Ali) of Buraih	J-M267		3/16/2015
9	Faisal Al Hamli Al Mutairi	Al Mutairi	J-FGC1703	FGC1703	11/30/2014
10	المسافة الجينية		J-M267		12/6/2015
10	Al-Shutaily Al-Su'airy Al-Mutairi (MutirDNA)	Al-Su'raan ('Awlad Ali) of Buraih (Mutair)	J-M267		7/27/2015

ماذا تلاحظ ؟

نلاحظ أن الكل سلالته J-M267 عدا الهاملي المطيري سلالته J-FGC1703 ، والسبب هو أن الهاملي المطيري تم فحصه للتحور FGC1703 وظهرت نتيجته مؤكده لذلك تم تغيير مسمى سلالته من J-M267 إلى J-FGC1703، وتغيير مسمى السلالة لا يعني تغيير النتيجة بل فقط يعني أنه مؤكد.

الجميع سلالته J-FGC1703 ولكن فحصهم لـ FGC1703 لا فائدة منه سوى التأكيد على أمر مفروغ منه.

نلاحظ كذلك أنه ظهر المتطابقون بالترتيب (الأقل مسافة جينية إلى الأكثر) ، ونلاحظ وجود الهاملي المطيري بين الصعران ، فهل هذا يعني أنه من الصعران جينياً ؟ الإجابة هي:

- نلجأ لقراءة الماركرات ومقارنتها ، وسنلاحظ ان الهاملي تجمع به بصمة مع أفخاذ واصل من بريه ، وكذلك ليس له بصمة الصعران ، بالتالي فهذا القرب الماركري يعد وهمي ، فبعض الماركرات سريعة التغير وتشابهه مع ماركرات لصعيري لا يعني أنه صعيري.
- علاوة على ذلك ، البصمة للماركرات لا تعد امراً ثابتاً ، فهنا يتم اللجوء للتحورات فهي قطعية وثابتة ، ونتيجة الهاملي سالبة للتحوير الجامع للصعران مع الحمادين، بالتالي فهذا القرب وهمي.

٣,٣ السلالة الجينية وتحديدها:

بما أن هناك ماركرات بطيئة التغير وماركرات سريعة التغير، فبالإمكان التنبؤ بالسلالة الجينية من خلال الإعتدال على بعض نتائج ماركرات بطيئة التغير الموجودة في أول 12 ماركز، فهناك أدوات كثيرة لتخمين أو التنبؤ بالسلالة الجينية، أبرزها:

- Nevgen (<http://www.nevgen.org>)
- Haplogroup predictor من إعداد Whit Athey:
- (<http://www.hprg.com/hapest5>)
- Haplogroup Predictor من إعداد Jim Cullen:
- (<http://members.bex.net/jtcullen515/haplotest.htm>)

مثال على إدخال أول 12 ماركر في الأدوات المذكورة بالأعلى :

الماركرات المدخلة:

393	390	19	391	385a	385b	426	388
12	23	14	11	12	19	11	17
439	389 1	392	389 2	458	459a	459b	455
11	13	11	29	0	0	0	0

Results Table

Haplo-group	Fitness score	Probability (%)
E1a	1	0.0
E1b1a	2	0.0
E1b1b	3	0.0
G1	2	0.0
G2a	2	0.0
G2b	1	0.0
I1	2	0.0
I2a	4	0.0
I2b	1	0.0
J1	27	99.9
J2a	16	0.1
J2b	8	0.0
L	5	0.0
N	1	0.0
O	2	0.0
Q	2	0.0
R1a	1	0.0
R1b	1	0.0
R2	3	0.0
T	3	0.0

نسبة الإنتساب إلى J1 هي 99.9% بناءً على الماركرات المدخلة

بلا شك أن فحص التحور للسلالة J1 (وهنا نقصد بالتحور M267⁹) هو الذي يحدد من الانتساب إلى J1 عن عدمه، فالتحورات كما ذكرنا ثابتة على عكس الماركرات التي حتى وإن كانت بطيئة التغير فقد تتغير بشكل عشوائي.

⁹ التحور M267 ليس الوحيد الذي يحدد الإنتماء للسلالة J1 من عدمه، بل هناك تحورات أخرى مثل L255 و PF4645 و غيرها التي تعتبر تحورات بديلة و مماثلة لـ M267 وتؤدي لنفس الغرض.

٤- الكتب والأبحاث والدراسات العلمية التي تطرقت لعلم الأنساب

الجينية

سيتم سرد مجموعة من الدراسات والأبحاث العلمية المنشورة في المجالات العلمية المحكمة التي تطرقت لعلم الأنساب الجينية، وسنتطوع لترجمتها بتصرف وتقريب المعاني على قدر المستطاع لأبرز ما جاء فيها.

٤,١ الدراسة الأولى:

دراسة للعالم Anatole Klyosov عام 2009 بعنوان :

DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method

منشورة في:

Journal of Genetic Genealogy

أبرز ما جاء فيها:

أصول الناس من ناحية العلم الوراثي تشمل ارتباطهم بفرع (ينتسبون له) أو قبيلة محددة منحدره من شخص ما له بصمة وراثية Y-STR Haplotype، وبإمكان تخمين الزمن الفاصل بين هذا الشخص وأحفاده الحاليين. هذه المعلومات التي يتم الحصول عليها من الجينات في حالة أنها تم دعمها بأدلة تاريخية -حتى وإن كانت محل جدل- من قبل مؤرخ أو أديب أو عالم آثار أو ما شابههم، فهذا يعتبر نجاح.

أساسيات ومبادئ علم الأنساب للـ DNA:

أولاً

شظايا الحمض النووي (Haplotypes) المقصودة بدراستي لا علاقة لها بالجينات Genes. تقنياً، نعم يمكن لبعضها أن يكون مرتبطاً بشظايا الجينات، ولكن المرتبط بهذا لا علاقة له بدراستي.

ثانياً |

نسخ الكروموسوم الذكري Y من الأب إلى الإبن ينتج طفرات (تحورات) من نوعين: الأول SNP وهو بالحذف او الاضافة، والثاني STR وهو بالزيادة أو النقصان. STR هو الماركر، ومجموعة الماركرات تسمى بـ Haplotype.

ثالثاً |

جميع الناس (وهنا أقصد الذكور) لهم جد جامع، الذي يقدر زمنه من خلال تخمينات مختلفة أنه عاش قبل 50 إلى 90 ألف سنة؛ هذا الزمن مطلوب لتفسير اختلاف الـ Haplotypes (نتائج الماركرات) الذي بين المفحوصين الذكور.

رابعاً |

الـ Haplotypes (الماركرات) قد تتكون عملياً بأي طول ماركري؛ عادة أقصر Haplotype معتبر في علم الأنساب للـ DNA هو 6 ماركرات.

*وذكر بعدها كلام إضافي عن اعتماد الدراسات على أكثر من 6 ماركرات فبعضها 9 وآخر 10 ماركرات وثم 11 ومؤخراً 19 و 20، وذكر كذلك أن 12 ماركر كثيراً ما يعتمد في علم الأنساب للـ DNA، ولكن الدراسات التي اعتمدت 12 ماركر قليلة ولكن لعل أشهر Haplotype هو ما يسمى بـ Atlantic Modal Haplotype الموجود بالسلسلة R1b1b2 وفروعها وهي الماركرات التالية:

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-2

وبشكل عام ، أي Haplotype يتكون من 12 ماركر فمتوسط معدل الطفرة التي ستحدث اختلاف في أحد قيم الـ 12 ماركر هو مرة كل 1140 سنة، وفي 37 ماركر هو مره كل 280 سنة، وفي 67 ماركر مرة كل 170 سنه.

وهذه فكرة عامة عن النطاق الزمني في علم الأنساب للـ DNA، المزيد من الأمثلة ستكون بالفقرة القادمة.

خامساً |

على كل حال ، الأزمنة المذكورة بالنقطة السابقة هي عامة وتطبق كمعدل عام فقط على مجموعة من الـ Haplotypes، التي بعضها قد يكون أفراد من ينتمون إلى Haplotype واحد لديهم اختلافات كبيرة في تلك القائمة خصوصاً وأن حساب المعدل العام تعتبر عملية مباشرة. لا أحد يستطيع حساب حسبة دقيقة للجد الجامع بناءً على نتائج الماركرات، خصوصاً إن كانت عدد الماركرات قليلة، خصوصاً إن كان تغير واحد في الـ Haplotype المكون من 12 ماركر سيحدث تغير قدره 1140 سنة (بناءً على 68% من الثقة)، أو ربما بين 1725 سنة من الآن (بناءً على 95% من الثقة). حتى وإن حدث تغير في 4 تغيرات لـ 2 من الـ Haplotype المكون من 12 ماركر، فإن الجد الجامع سيكون (بناءً على 95% من الثقة) أن سيكون بين الآن إلى 4575 سنة، حتى وإن كان معدل التغير محدد بـ 5%. ولكن بالمقابل، هناك 1527 Haplotype مكون من 25 ماركر، جميعهم يمثلون قرابة 40 ألف قيمة، نسبة حدوث طفرة أو تغير للماركر الواحد هو 1.1% تزيد وتنقص لكل 3500 سنة من الجد الجامع.

*** وقد ذكر هنا أمثلة أخرى باستفاضة

سادساً |

المعدل المتوسط لحدوث طفرة للماركرات STR لكل Haplotype قد يخدم لحساب عمر الجد الجامع لكافة الـ Haplotypes ، إذ ما فرضنا أن كل تلك الـ Haplotypes ينحدرون من نفس الجد الجامع ومن نفس القبيلة أو الفرع الذي ورثوا منه هذا الـ Haplotype المميز. لكن يجب الانتباه أن بعض Haplotypes

قد تسبب تداخل مع أجداد لمجموعات أخرى من قبائل أخرى. وبما أن هذا المفهوم مهم جداً للأمر النظرية والتطبيقية المسلط الضوء عليها بهذه الدراسة، يجب أن نشدد على أن كافة هذه الـ Haplotypes تتحدر من جد ورت جملة من الـ Haplotypes المختلفة؛ الـ Haplotypes المختلفة أحياناً تعرف بالكليستر، أو المجموعة، أو القروب، أو الخط الجيني؛ كل خط جيني أو كليستر أو فرع للـ Haplotypes عادة ينتمي إلى نفس السلالة الجينية ويكون له محور يشملهم.

ملاحظة: هذه الدراسة كانت سنة 2009 قبل ثورة التحورات وهي حلت هذا الإشكال الذي كان يواجه البعض قبل عام 2013 حيث لم يكن هناك تقنية Big Y أو Y Elite التي تكتشف التحورات للأجداد القريبين التي تعزل المجموعات البشرية عن بعض بشكل أدق.

سابعاً \

أحد المقاييس الزمنية المتداول استخدامها في علم الأنساب للـ DNA هو (الجيل)، وفي دراستي هذه تعريفي للجيل هو أنه هناك 4 أجيال لكل 100 عام. (الجيل الجامع) لا يمكن تحديده بشكل دقيق بعدد السنوات لأنه متفاوت في الحياة الحقيقية ويعتمد على الأزمنة في الماضي، والعادات والتقاليد للأجيال بالسابق، وهناك عوامل أخرى أكثر. ولكن بشكل عام، (الجيل الجامع) للذكور عادة يحدث 3 مرات لكل 100 سنة في الفترة الأخيرة، ولكن قد يصل عدد الأجيال إلى 4 (وأحياناً أكثر) لكل 100 عام في الأزمنة التاريخية الماضية.

إضافة لذلك، أعمار الأجيال لبعض الخطوط الجينية قد يختلف. لذلك، الاعتماد على حاسبة موحدة لحساب عدد الأجيال في علم الأنساب للـ DNA لا يعتبر أمر مجدياً. في دراستي هذه، الجيل الواحد اعتبره مطابق تماماً لـ 25 سنة، وسوف يتم استبداله أثناء حساب معدل التطهير أو التغير للماركرات. مرة أخرى، البعض قد يجادل أن الجيل الواحد دائماً يكون أكثر من 25 عام، بل ويحدد أنه 33 إلى 35 سنة. ولكن، هذا لا يتوافق مع المفهوم المطروح هنا. المهم حقيقة في حساب الأعمار هو المعادلة (عدد الأجيال X معدل التطهير). لنفرض أن معدل التطهير هو 0,0020 لكل 25 سنة (كل جيل)، هو 0,0029 لكل 35 سنة (جيل)، أو

00080 لكل 100 سنة (جيل !). النتيجة النهائية كمدة السنين ستكون كما هي. الإختلاف في عدد السنوات لكل جيل فقط يتطلب إعادة حسبه لمعدل التطفير الثابت لبيانات المعايرة. عدد السنوات لكل جيل لا يعتبر مشكلة، في حال وجود البيانات.

ثامناً \

بعض الـ Haplotypes تكون عادة منتشرة في مناطق محددة؛ في الأزمنة القديمة، كان الناس يهاجرون مع قبائلهم. القبيلة هي مجموعة من الأشخاص الذين عادة يكون أقارب لبعضهم. أفراد عائلتهم الذكور عادة يكون الـ Haplotype (قيم الماركرات) لهم موحد أو متشابهة. في بعض الأحيان، أعداد القبيلة قد تتناقص، أو قد تنقلص حتى يكون هناك شخص واحد (قد يكون شخص نجا بأعجوبة من حدث ما). هذه القبيلة إن أستمرت، فإن فرداها المتبقي أو المجموعة للأفراد المتبقين سوف ينقلون تحوراتهم وطفراتهم في Haplotypes الخاص بهم لذريتهم. كثير من أبناء القبائل قد يخرج عن قبيلته طوعاً أو إجباراً كسجين ، أو أسير، أو هارب؛ ويكون خروجه عبر رحله ، أو معركة. المتبقين سيستمرون في إنشاء ربما قبيلة خاصة بهم في منطقة جديدة. بالتالي، فإن الخارطة الجينية ستتسع بدل أن تكون منحصرة على دائرة ضيقه من البشر، وسيحدث طفرات أخرى مبنثقة من الجد القديم الجامع للـ Haplotype الأساسي. الـ Haplotype الذي يتواجد بكثرة في منطقة محده يعتبر Modal Haplotype ، ولكن ليس بالضرورة أن يكون ممثل للجد الأساسي للـ Haplotype نفسه.

تاسعاً \

الأشخاص بإمكانهم أن ينتسبون لقبائلهم وأصولهم الأصلية ليس من خلال الجد الجامع للـ Haplotype، بل من خلال التحورات SNP، والـ SNP هي كذلك ستحدد انتماءهم للسلاسل الجينية. التحورات SNPs هذه بالذات دائمة وثابتة عملياً، فإن التحور عندما يحدث، فإنه يبقى. نظرياً، التحور قد يطرأ مرة أخرى ويغير الحالة السابقة. ولكن مع وجود التحورات المليونية في البشر، فإن حدوث هذا الأمر يعتبر أمراً ضئيلاً

جداً. هناك أكثر من 3 مليون تحور في الجينوم البشري¹⁰، ولكن خبراء الأنساب للـ DNA اعتمدوا فقط المئات منها.

الأمثلة تشمل: السلالة A و B من السلالات القديمة الأفريقية، و C الآسيوية وكذلك موجودة لدى بعض الأمريكيان المنحدرة أصولهم من آسيا، و السلالة J (الشرق أوسطيه) ومنها J1 التي يغلب عليها السامية من يهود وعرب... و J2... إلخ.

عاشراً |

من غير الضروري أن يكون هناك مئات أو ألوف من الـ Haplotypes المختلفة من أجل تحديد الجد الجامع لشعب كبير وحساب عمره.

(وهنا سرد أمثله كثيرة على ذلك، وعلى كل حال ذكرها ليس ضروري بسبب أن الدراسة قديمة وتعتمد على قيم الماركرات STR بشكل أساسي أكثر من التحورات SNP)

الحادي عشرة |

على عكس الأديان، اللغات، والعادات والتقاليد المفهومة والمستوعبة منذ قرون أو آلاف السنين من قبل أديان أخرى، وحضارات أخرى، وأشخاص آخرين؛ فإن السلالات الجينية وفروعها لا يمكن أن تهضم وتستوعب. فعلياً يمكن التخلص وإبادة كل هذا، وعلى الرغم من ذلك، فإن السلالات الجينية تبقى وتشير إلى الفروع المنقرضة. لذلك، السلالات الجينية قد تكون فعلياً لا قيمة لها لدى الأديان والتاريخيين وعلماء الآثار؛ لأنها لم تتفوق وتتجاوز استيعاب ما حصل في الآلاف السنة الماضية فحسب، بل أيضاً تعطي دلالات لحساب متى -وبعض الأحيان أين- عاش الأجداد.

¹⁰ هنا أشار إلى المصدر لعام 2007 وهو بعنوان A second generation human haplotype map of over 3.1 million SNPs متوفرة على الرابط: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17943122>

Convergence of Y Chromosome STR Haplotypes from Different SNP

.Haplogroups Compromises Accuracy of Haplogroup Prediction

رابط: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26233895>

نشرت في: *Journal of Genetics and Genomics*

للباحثين: Wang CC, Wang LX, Shrestha R, Wen S, Zhang M, Tong X, Jin L, Li

.H

أبرز ما جاء فيها:

الكرموسوم الوراثي Y للذكور يستخدم كثيراً في القضاء لتحديد الهوية، وفي علم الإنسان (الأنثروبولوجي) وجينات الشعوب لدراسة أصول وهجرات البشر، وكذلك في الأبحاث الطبية. هناك نوعان من أهم علامات الكروموسوم الذكري Y وهم: الماركرات Y-STR و التحورات Y-SNP. التحورات لها معدل تطفير ضئيل جداً يعادل 0.00000003 (لكل جيل)؛ بالتالي فإن التحورات SNP تم استخدامها لرسم مشجرة متينة للنسل يربط كافة الخطوط الجينية الذكورية Y من كافة شعوب العالم. هذه الخطوط الذكورية يتم تحديدها بواسطة التحورات SNP ، والخط الذكري يسمى سلالة جينية - هابلوغروب (Haplogroup). لذلك، كل سلالة جينية يجب أن يكون لها تحور يحدد الانتماء لها. مقارنة التحورات SNP بالمراكرات STR ، فإن المراكرات STR معدل تطفير بها يعادل 4 إلى 5 مرات أسرع من التحورات SNP. فحص المراكرات STR له فوائده من ناحية التكلفة والوقت مقارنة بـ SNP في تحديد الموقع الجيني . مجموعة قيم للمراكرات STR تسمى Haplotype ، وبسبب الاختلاف الشاسع بين معدل التطفير (التغير) بين التحور SNP

والماركر STR ، فإن المنتسبين لسلاسل جينية معينة وموجبين لتحورها SNP قد يكون لديهم Haplotypes مختلفة أي قيم ماركرات مختلفة على الرغم من انتسابهم لنفس السلالة الجينية.

الخلاصة :

فحص التحور SNP هو الوسيلة الوحيدة الآمنة لتحديد السلالات الجينية، وذلك بسبب أن الماركرات قد تكون نتائجها خادعة بسبب تغيرها السريع.

٣،٤ الدراسة الثالثة:

عنوانها : *Genetic studies of human diversity in East Asia*

الباحثين: Zhang, F., Su, B., Zhang, Y. P., & Jin, L.

نشرت في: *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B:*

Biological Sciences

سنة النشر : 2007

رابط: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2435565>

أبرز ما جاء فيها:

على عكس التحورات SNP، فالماركرات قيمها STR سريعة التغير ، ولذلك توفر معلومات أكثر عن التاريخ القريب مقارنة بالتحورات.

ملاحظة: هذه المعلومة صحيحة بذلك الوقت 2007، أما في عام 2016 وبعد ثورة التحورات من

NextGenSeq فهذا الكلام أصبح أقل دقة.

٤,٤ الدراسة الرابعة:

عنوانها: *Mutations at Y-STR loci: implications for paternity testing and forensic analysis*

الكاتب: Kayser, Manfred, and Antti Sajantila

نشرت في: *Forensic Science International* سنة 2001

هذه الدراسة ركزت على حساب معدل التطهير أو التغير للماركرات STR، وقد ذكرت أن التحورات SNP بلا شك معدل تطهيرها ضئيل جداً، وبإمكان دمج فحص التحورات مع فحص الماركرات.

٤,٥ الدراسة الخامسة:

عنوانها:

Recent Developments in Y-Short Tandem Repeat and Y-Single Nucleotide Polymorphism Analysis

الكاتب: Butler JM

الرابط:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26256727>

أبرز ما جاء فيها:

التحورات SNP عامل مهم في الكروموسوم الذكري، معدل التغير بها هو بطيء جداً مقارنة بالماركرات STR ، فالماركرات STR معدل التطهير بها لكل جيل هو 0.003 بينما التحورات معدل التغير بها هو 0.00000001.

فحوصات Y-STR و Y-SNP تستعمل لأغراض كثيرة للتعرف على هوية البشر من ضمنها: في القضاء، التحقيقات في البحث عن شخص مفقود، فحص الأبوة، وتساعد في حل أسئلة تاريخية، والبحث في مجال الأنساب.

٤, ٦ الدراسة السادسة:

الباحثين: Kwon, S. Y., Lee, H. Y., Lee, E. Y., Yang, W. I., & Shin, K. J.

عنوان الدراسة:

Confirmation of Y haplogroup tree topologies with newly suggested Y-SNPs for the C2, O2b and O3a subhaplogroups

نشرت في: *Forensic Science International: Genetics* سنة 2015

أبرز ما جاء فيها:

من فوائد الكروموسوم الذكري وجود طفرات في non-recombining regions من نوع Y-STR و Y-SNP، وكلاهما مفيدان في مجال القضاء والأنساب الجينية وغيرها.

التحورات Y-SNP مفيدة في مجال دراسة تاريخ هجرات البشر، وذلك بسبب بطء تغير القيم. نخلص بذلك أن التحورات SNPs بإمكانها رسم مشجرة للسلاسل الجينية (الهابلوغروب)، ومحتوياتها تساعد الباحثين لمعرفة الجد الأعلى "الموصوف بـ جيوغرافيو" من خلال السلاسل الجينية. علاوة على ذلك، التقنية الحديثة لمسح التحورات لها القدرة على اكتشاف تحورات تساعد كذلك في مجال القضاء.*

*هنا يشيرون لدراسة عن توسيع المشجرة الجينية بواسطة whole genome sequencing وهي منشوره بعنوان: Updating the Y-chromosomal phylogenetic tree for forensic applications based on whole genome SNPs للباحثين:

Van Geystelen, Anneleen, Ronny Decorte, and M. H. D. Larmuseau

رابطها: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23597787>

٧، ٤ الدراسة السابعة:

بعنوان: *What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution*

من إعداد الباحثين من جامعة ليستر Leicester البريطانية بقسم الجينات : Turi E. King and Mark A. Jobling

الرابط : <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19665817>

أبرز ما جاء فيها :

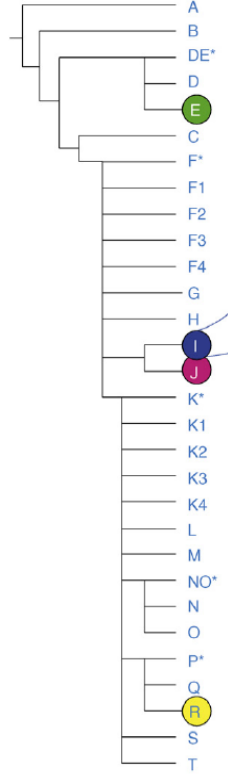
الـ DNA يصلنا من أجدادنا، كذلك أسماء عوائلنا ؛ الناس الذين يحملون اسم عائلة واحدة احتمالية حملهم لنفس الـ DNA تزداد. على الرغم من أن DNA يصلنا من الأب والأم، إلا أن هناك قطعة في الكروموسوم Y (تعرف بـ Non-recombining region) وهي تنقل فقط من أب إلى ابن؛ لذلك نحن نتوقع أن اسم العائلة مفترض أن يكون مرتبط بـ الكروموسوم Y ، يتوارث من جد مشترك ، ربما يكون مؤسس اسم العائلة الأصلي. وما يساعدنا في ذلك هو : الماركرات Y-STR والتحورات Y-SNP.

ولكن، الاعتقاد بوجود ارتباط بين الكروموسوم الذكري مع اسم العائلة يعتبر أمراً معقداً وله عدة عوامل مربكة. فبعض أسماء العوائل قد تحدث بشكل مستقل أكثر من مرة في مدن وبلدان مختلفة، وبالتالي فهذا سيظهر لنا وجود أكثر من سلالة ترتبط باسم عائلة واحدة. أحياناً كذلك، تبني الأطفال ، أو تغيير اسم العوائل، سوف يؤدي لنفس الأمر.

التحورات بإمكانها العمل للتفريق بين السلالات المرتبطة بإسم عائلة معينة.

التفريق من خلال SNP ، وهذه معدل تطفيرها هو ضئيل جداً يعادل تقريباً 0.00000001 لكل جيل، بينما الماركرات STR معدل تطفيرها العام هو: 0.001.

التحورات هي من تساعد على رسم السلالات الجينية، الموضحة بالصورة:



٨,٤ الدراسة الثامنة:

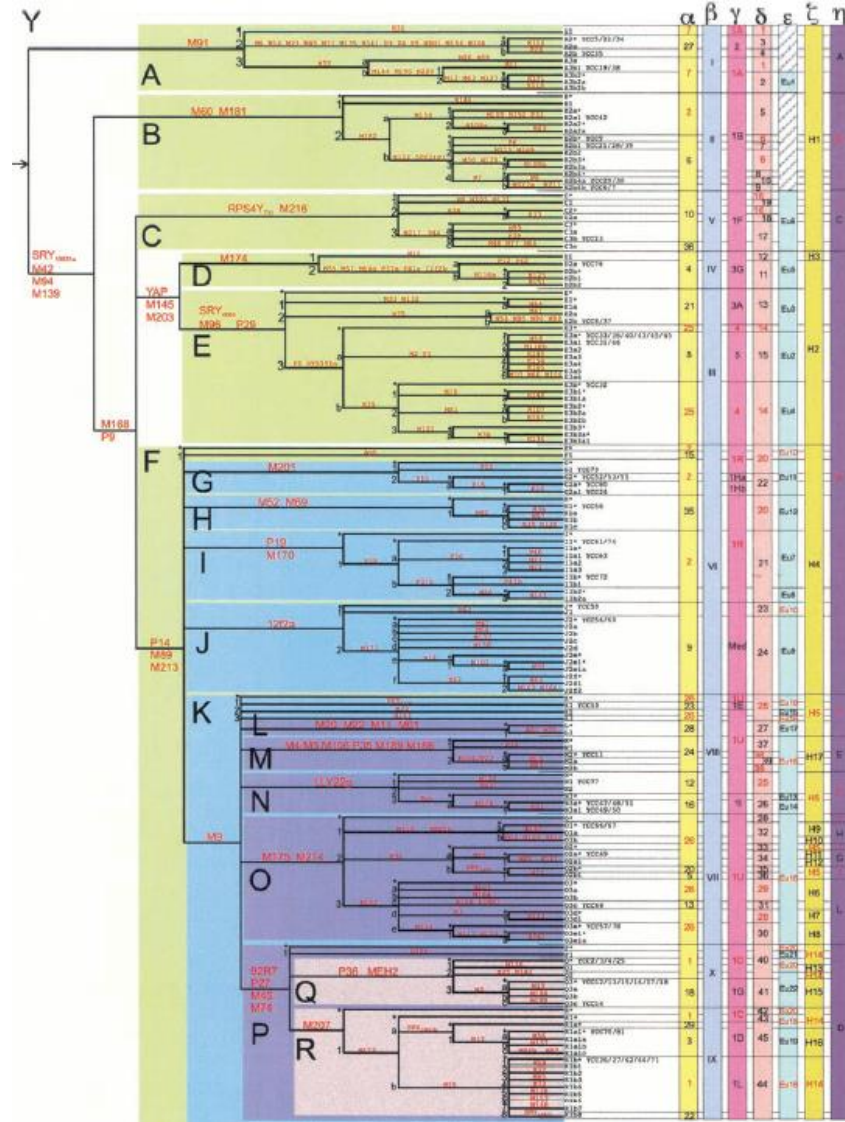
أشهر دراسة لهذا المجال وهي تعد أولى الدراسات لرسم مشجرة جينية مبنية على التحورات، وهي بعنوان:

A Nomenclature System for the Tree of Human Y-Chromosomal Binary Haplogroups

نشرت في: *Genome Research*

بقيادة مجموعة من الباحثين من جامعات عريقة مثل أكسفورد البريطانية وأريزونا الأمريكية وغيرها؛

ومن أبرز ما جاء فيها الرسة الجينية التالية:



٩، ٤ الدراسة التاسعة:

عنوانها:

New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree

متوفرة على الرابط: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2336805>

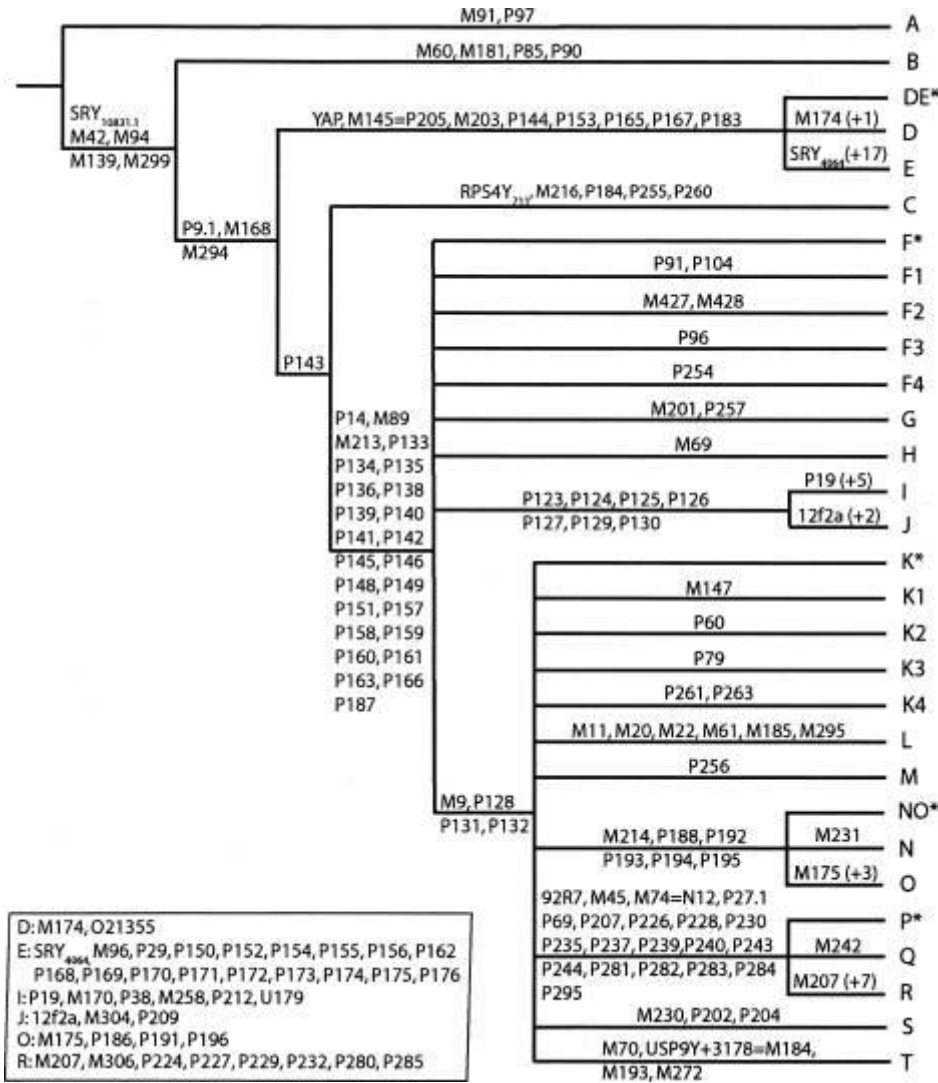
نشرت في: *Genome Research* ؛ سنة: 2008

Karafet TM, Mendez FL, Meilerman MB, Underhill PA, Zegura SL, Hammer

.MF

جهودهم بهذه الدراسة كانت مكملة للدراسة السابقة (الدراسة الثامنة) ؛ وقد ذكروا مزيداً من التحورات التي

تحدد السلالات الجينية العامة وأرفقوا المشجرة التالية:



*Founders, Drift, and Infidelity: The Relationship between Y Chromosome
Diversity and Patrilineal Surnames*

نشرت سنة 2009 في: *Molecular Biology and Evolution*

الباحثين: King TE, Jobling MA. Founders

أبرز ما جاء فيها:

أسماء العوائل التي تورث تأتي من طرف الأب؛ لذلك كثير من الرجال الذين يشتركون مع رجال آخرين بنفس إسم العائلة عادة يتوقع إشتراكهم كذلك في الـ Haplotypes بـ الكروموسوم Y بسبب أنها تورث كذلك من الأب الى الإبن. ولكن هذا الإرتباط قد يتأثر بالتحورات، الطفرات الجينية، تكرار إسم العائلة أصلاً، والتبني. الـ Haplotypes ستتغير مع مرور الزمن فقط بسبب أن الماركرات STR بعضها سريعة التغير؛ لذلك معرفة معدل التغير للماركرات يجب أن يوضع في الحسبان.

كذلك، وجود أكثر من شخص أسس نفس إسم العائلة في الشعب الواحد قد يؤثر على الخطوط الجينية لإسم العائلة الوحدة خصوصاً لأسماء العوائل التي تكتسب من خلال مهنة أو حرفة، أو الاسم الأول لشخص ما يصبح إسم العائلة لاحقاً.

التبني، وإكتساب إسم العائلة من الأحوال من جهة الأم ستساهم أيضاً لوجود إختلاف شاسع بين النتائج للـ Haplotypes.

* الدراسة هذه ركزت على فحص 17 ماركر لمجموع 1678 رجلاً من 40 إسم عائلة مختلفة؛ وقد ذكروا طريقتهم المتبعة لحساب عمر الجد الجامع للـ Haplotypes وكذلك حسب المعدل العام لتغير قيمة الماركر الواحد لكل جيل يعادل 0.0015.

* هذه الدراسة تعتمد بشكل تام على Haplotypes أي إستخدام قيم الماركرات STR بدلاً من التحورات SNP (وقد ذكروا أنهم سيلجئون للتحورات في دراسة قادمة).

٤,١١ كتاب:

هناك كتب كثيرة تطرقت لعلم الأنساب الجينية؛ أحدثها كتاب بعام 2016 بعنوان:

The Family Tree Guide to DNA Testing and Genetic Genealogy

للكاتب الدكتور : **Blaine T. Bettinger**

تطرق الكاتب الى أساسيات هذا العلم، وكذلك أشار الى أشهر المفاهيم المغلوطة عن هذا العلم، نذكر منها سوء الفهم الشائع عن اعتقاد البعض أنه بما أن والده وجدته متوفيان فلن يستفيد من الفحص، ويجب الكاتب عن هذا بما يلي:

القدرة في فحص والدك وجدك ليس لها قيمة، وليست ضرورية لإستخدام الـ DNA بنجاح؛ علم الأنساب الجينية يعتمد على إستخدام الـ DNA لمن هم موجودين اليوم من أجل فهم وكشف الغموض عن الأمس؛ الـ DNA الموجود بجسمك اليوم ، وهو الذي حصلت عليه من والدك وجدك، بإمكانك ان تستخدمه لغرض دراسة لنسب الجيني لأسرتك دون الحاجة لإختبار أقاربك؛ بالتالي، لا تياس في حالة أن ما تسعى إليه يتطلب أخذ عينة DNA من شخص آخر غيرك؛ ففي حالات كثيرة، الـ DNA لمن تبحث عنه قد يكون كذلك موجود في أشخاص يعيشون اليوم ، وهؤلاء الأشخاص بإمكانك ان تجدهم من خلال وسائل دراسة علم الأنساب التقليدية.

على سبيل المثال، الرجال يحملون الكروموسوم الذكري Y الذي أعطي لهم من آباؤهم الذين أستقبلوه من آباؤهم .. وهكذا ؛ بناءً على هذا، فلا تحتاج أن تحصل على عينة من جدك بما أنك تعتقد أن كروموسومك الذكري (أو كروموسوم قريبيك) يكون مماثل.

ولكن، الفحص سيكون صعب في حالة أنك تبحث عن دراسة الـ الكروموسوم Y لشخص ما من شجرة عائلتك لكن لا يلتقي معك في عامود نسب أجدادك الذكور (خال والدك أو خال جدك مثلاً) ؛ وللحصول على كروموسوم Y لذلك الشخص ، فيجب عليك أن تبحث عن أحد أحفاده الذكور أين هم الآن ، ويجب أن تجد أحداً منهم على قيد الحياة ومستعد للفحص.

٥- معلومات لابد منها

- قد يحدث في حالات نادرة حدوث نفس التحور لأكثر من شخص من سلالات مختلفة، وهذا الأمر على الرغم من ندرته إلا أنه لا يعني أن التحور الذي حصل لشخص من سلالة مختلفة أنه من السلالة للشخص الآخر ، بل الأمر يجب أن ينظر له كتحور جديد لأن كشف ذلك سهل من خلال النظر للتحورات العليا و السفلى الموجبة له ، وفي أحيان أخرى ينبغي أن يكون الجميع على علم بأن هذا التحور تحديداً قد يكون غير مستقر وسريع التطفير، لذلك يجب النظر لتحورات مماثله له بالموقع للمشجرة الجينية.
- ينبغي أن يعي الجميع بالفرق بين اختبارات Autosomal DNA الغير دقيقة دوماً في التحديد للقرابة (وهذا لا علاقه به للكروموسوم الذكري Y) ، لذلك لا علاقة لهذه الاختبارات مع Y-DNA Tests الذي تطرقنا له في هذا الموضوع.

٦- أبرز شركات فحص الـ DNA

- شركة FamilyTreeDNA هي الأبرز وتحتوي على قاعدة بيانات ضخمة من الفاحصين تجاوزت 700 ألف، وتقدم فحوصات للماركرات Y-STR والتحورات Y-SNP وكذلك فحص متقدم لكشف التحورات Big Y
- شركة FGC - Full Genomes Corporation ؛ وهي تقدم فحص لكشف التحورات يعد أفضل من Big Y المتوفر لدى FamilyTreeDNA.
- شركة YSEQ ؛ تقدم فحوصات للتحورات SNPs و الماركرات STRs.
- فحص Geno 2.0 مقدم من National Geographic ؛ وهذا الفحص يحتوي على شريحة بها قاعدة بيانات ضخمة من التحورات SNPs لتحديد سلالاتك الجينية.