

Landesbibliothek Oldenburg

Digitalisierung von Drucken

Genealogie per DNA-Analyse zur Absicherung eines familienkundlich
erforschten Stammbaumes. Von Friedrich Wragge

Genealogie per DNA-Analyse zur Absicherung eines familienkundlich erforschten Stammbaumes

von Friedrich Wragge

Einführung in die Genealogie per DNA-Analyse mittels Y-STR –Signaturen

Wenn nachstehend von „DNA-Analyse“ gesprochen wird, so ist immer die „Analyse der Y-chromosomalen DNA“ zu verstehen. Weitere Hinweise sind unter Abkürzungen zu finden.

Die Zusammenstellung der männlichen Stammlinien aufgrund von familienkundlichen Unterlagen nach Einsicht von Kirchenbüchern wird auf Stammtafeln bzw. Stammbäumen dargestellt. Dies ist erst einmal eine familienkundliche Hypothese, insbesondere für die Zeit vor der Kirchenbuchführung.

Die Genealogie per DNA- Analyse mittels Y –STR- Signaturen lässt eine Bewertung der Sicherheit für diese Zusammenstellung zu, da alle männlichen Personen in einer Stammlinie die gleichen Y- Chromosomen haben müssen. Die DNA-Analyse beurteilt nur die Y-STR- Signaturen der Y- Chromosomen. Es müssen mindestens zwei Probanden bereit sein, der DNA-Analyse des Y – Chromosomens zuzustimmen, um die Stammlinien von einem Probanden zum Urvater und von einem anderen Probanden zu eben diesem Urvater zu überprüfen. Anzustreben ist es, dass mindestens ein Vertreter der einzelnen Stammlinien einer DNA- Analyse zustimmt.

Unser Erbgut

Die gesamte Erbinformation des Menschen ist in einem Molekül festgeschrieben, das sich im Zellkern jeder Zelle in den Chromosomen befindet: der Desoxyribonukleinsäure, abgekürzt (engl.) DNA, die zu zwei Sätzen von 23 Chromosomen aufgewickelt und gepackt ist.(Abb. 1) 22 dieser Chromosomenpaare sind von der Gestalt her gleich, je eines von Mutter und Vater. Das 23igste Paar, die Geschlechtschromosomen, unterscheidet sich erheblich: Das weibliche X-Chromosom ist deutlich größer als das männliche Y-Chromosom. Ihre Kombination bei

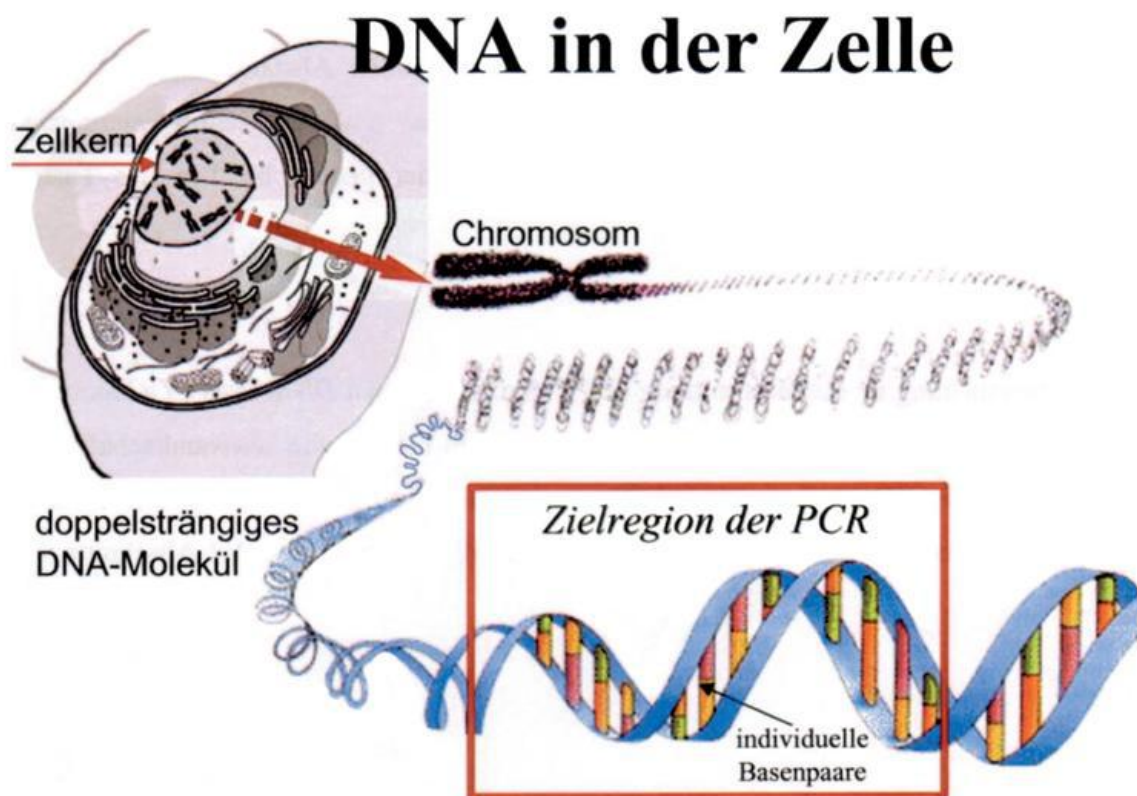


Abb. 1: DNA-Molekül mit Zielregion

der Befruchtung legt das Geschlecht fest: Frauen haben zwei X-Chromosomen, Männer je eines vom Typ X und Y, so dass Y-Chromosomen nur vom Vater ererbt werden können. Im Gegensatz zu den anderen 22 gleichgestaltigen Chromosomenpaaren findet zwischen den beiden X- und Y-Geschlechtschromosomen aufgrund ihrer unterschiedlichen Gestalt auch kein Austausch (Rekombination) statt, der zu einer Veränderung von Abstammungslinien führen würde. Alle 23 Chromosomen des Menschen beinhalten zusammengenommen etwa 3 Milliarden Basenpaare, davon das Y-Chromosom allein 30 Millionen Basenpaare.

Die DNA besteht aus nur vier Grundbausteinen, den Basen: Adenin, Cytosin, Guanin und Thymin, abgekürzt A – C – G – T. Die Y-chromosomale DNA kommt mit einem kurzen, sich jeweils tandemartig wiederholenden Sequenzmotiv vor, das auch, *repeat* genannt wird. Diese Sequenzmotive sind zwischen 2 und 5 Basenpaaren kurz. Entsprechend werden die auf dem Y-Chromosom lokalisierten Wiederholungsabschnitte auch, *Y-STR* genannt (für engl. Y-Chromosomen Short Tandem Repeats). Verschiedene Varianten (Polymorphismen) einer chromosomalen Stelle (Genort, Locus) werden Allele genannt. Die Allele werden jeweils der Größe nach durchnummeriert. Für den Genort, *DYS 19* (= DNA Y-Chromosomen Segment) bedeutet Allel 15 eine fünfzehnfache Wiederholung der repetitiven

(4er-) DNA Sequenz (TAGA), wobei z.B. für diesen Genort 10-19 Wiederholungen bekannt sind (also Allele 10-19) (siehe Abb. 2). Durch das Zusammenstellen der Allele von mehreren variablen Genorten (auch Marker, DYS) einer Person erhält man deren Genotyp (genauer: Haplotyp = auf einem Chromosom linear angeordnete Allelkombination).

Warum Y-chromosomale DNA?

Y-chromosomale DNA erfüllt zwei wichtige Kriterien, die zur Rekonstruktion von Abstammungslinien erforderlich sind, nämlich unveränderte Vererbung einerseits und hohe Variabilität andererseits:

Erstens wird das Y-chromosomale Erbgut unverändert von Vätern an ihre Söhne in exakter Kopie weitergegeben. Gleichzeitig ist die Veränderung der Y-chromosomalen DNA durch zufällig auftretende Kopierfehler (Mutationen) ausreichend gering.

Zweitens zeigt das Y-chromosomale Erbgut, bedingt durch die lange Zeitspanne, seit sich die Menschheit vor etwa 150.000 Jahren in Afrika entwickelte, ausreichend viele Variationen, so dass sich mit den heutigen Sequenzunterschieden Abstammungslinien bestimmen lassen. Variationen entstehen durch hohe Mutationsraten. Für die DNA-Genealogie geeignete Mutationsraten dürfen also weder zu klein (wegen der Variabilität) noch zu groß sein (wegen konstanter Abstammungslinien).

Mutationen und das Y-Chromosom

Nach einer Studie von 2001 ergibt sich eine Rate von einer Abweichung in etwa 350 Generationen je Genort. Bei Einbeziehung von 9 Genorten und einer Spanne bis zum letzten gemeinsamen Urahn ergibt sich für eine unverzweigte Linie eine Mutationsrate von insgesamt einer Allelverschiebung in 19 Generationen entsprechend 385 Jahren.

Mund-Schleimhautabstrich und die eingesetzten Labortechniken

Mund-Schleimhautabstrich

Der Mund-Schleimhautabstrich ist simpel, schnell und sicher. Der Organisator des Tests teilt dem gentechnischen Labor (z. B. GEN by GEN) die Adresse des Probanden mit. Daraufhin schickt GEN by GEN 2 Proberöhrchen und 2 Tupfer (Wattestäbchen aus Baumwolle) und die Benutzeranleitung an den Probanden. Wichtige Anweisungen in dieser Anleitung sind u.a.: Proberöhrchen einwandfrei beschriften; Tupfer nur am hinteren Ende berühren und nur von der Person selbst;

Abstrich morgens nach dem Zähneputzen; Tupfer 20 bis 30 Sekunden innen an der Wange streichen, danach in die „Spucke“ dippen (an den Zähnen und unter der Zunge); Tupfer 1 Stunde trocknen lassen; je 1 Tupfer in eine der beiden Proberöhrchen stecken. Entscheidend ist es, dass alle Anweisungen genauesten eingehalten werden. Bei einem der Wragge Probanden musste die Speichelentnahme wiederholt werden.

DNA Extraktion

Zunächst muss die DNA zugänglich gemacht werden. Dazu werden die mit dem Wattestäbchen abgenommenen Schleimhautzellen in Wasser abgelöst. Durch Zugabe eines Enzyms und Aufkochen wird die Membran von der Zelle aufgelöst und die DNA freigelegt. Die freigelegte DNA bindet an einer glasähnlichen Silikatoberfläche. Die gereinigte DNA wird von der Silikatmatrix abgelöst und eignet sich nun für die weitere Analyse.

DNA Vervielfältigung mit dem Verfahren PCR

Um die variable Y-STR-Region analysieren zu können, muss dieser Bereich in ausreichender Menge vervielfältigt werden. Dazu verwendet man ein Verfahren namens PCR (engl. für Polymerase Ketten Reaktion). Nach komplizierten Vorgängen liegen am Ende 4 Milliarden Kopien des zu untersuchenden DNA-Abschnittes vor. Damit wurde die PCR zu einer vollautomatischen Vervielfältigungstechnik für jede Art von DNA. Selbst DNA-Spuren (einzelne Haare, Gewebe aus Mumien) sind jetzt einer Analyse zugänglich.

Fragmentlängenanalyse und Auswertung

Nun kann die Sequenz der variablen Y-STR-Region ermittelt werden. Es reicht aus, deren exakte Länge zu bestimmen. Das Sortieren nach Größe und Detektieren der Farbstoffe erledigt eine Genotypisierungsmaschine vollautomatisch. Die Informationen werden automatisch auf einem Computer abgespeichert. Mit Hilfe spezieller Computerprogramme wird dieses Messergebnis mit einem parallel gemessenem (internen) Längenstandard verglichen und so in Fragmentlänge übersetzt, angegeben in Basenpaaren (bp). Diese Fragmentlängen geben die Anzahl der wiederholten STR -Einheiten (repeats) wieder.

Voraussetzungen für die Untersuchungen per DNA-Analyse

Die Probanden sollten erst in der 3. Generation verwandt sein (Urgroßeltern). Die Probanden sollten nicht so nah gewählt werden, dass sich daraus die direkte Vaterschaft, z. B. zum Sohn ablesen lässt, denn dann hätten wir die Aussage wie beim Vaterschaftstest.

Die Entnahme des genetischen Probematerials (Speichel) muss nach festgelegten Prozeduren erfolgen.

Die Untersuchung darf nur in einem genetischen Labor erfolgen.

Es ist ein Abschlußbericht über das Ergebnis zu erstellen, aus dem unmittelbar die direkte Verwandtschaft oder das Gegenteil hervorgeht.

Behandlung bei einer nicht vorliegenden genetischen Verwandtschaft

Ein problematisches Ergebnis kann (und wird irgendwann) sein, dass ein sicher geglaubtes (soziales) Mitglied der Familie genetisch nicht dazu gehört. Zu entscheiden, wie man mit derlei Ergebnissen umgeht und ob man die Klarheit haben möchte oder nicht, obliegt jedem potentiellen Teilnehmer (Proband) selbst, wozu er natürlich entsprechend informiert sein muss. Diese Situation ist dann gegeben, wenn ein Vorfahre adoptiert worden ist oder der Ehemann oder Partner des Vorfahren nicht der leibliche Vater ist. Es kann natürlich auch sein, dass die Stammlinien familienkundlich aufgrund unzureichender Recherchen falsch zusammengestellt wurden. -Wragges werden natürlich unabhängig vom Ergebnis in der Chronik und in den Stammtafeln und Stammlisten weiter geführt.

Vorgetragene Bedenken gegen die Genealogie per DNA-Analyse

Es wird immer wieder die Auffassung vertreten, dass Untersuchungen für genealogische Zwecke in Form von DNA-Analysen mittels Y-STR-Signaturen nicht gewünscht werden, da sie für andere Zwecke missbraucht werden könnten.

Herr Dr. Tobias Schmidt hatte in einem Schreiben bereits grundsätzlich zu den Bedenken Stellung genommen. „Es ist darauf hinzuweisen, dass diese zu wissenschaftlichen Zwecken geführte Datenbank keine personenbezogenen Informationen offen legt, so dass etwaige Treffer nicht ausfindig gemacht werden können.“

Im Einzelnen gibt Dr. Schmidt nachstehende Begründungen.

Die Analyse der Y-STR-Signaturen ist eine so eingeschränkte Untersuchung am Erbgut, dass Übereinstimmungen prinzipbedingt keinen Individualnachweis erlauben, da ja eine ganze patrilineare Verwandtschaft (Stammlinie) die gleichen STR-Signaturen zeigt. Die Übereinstimmungen bedeuten auch keine familiäre Verwandtschaft. Um eine Idee davon zu bekommen, wie häufig oder selten STR-Signaturen sind, hat man inzwischen begonnen, derartige wissenschaftliche Datenbanken aufzulegen, gegen die die Ergebnisse der genealogischen DNA-Analyse abgeglichen werden können www.yhrd.org.

Man stellt dabei fest, dass die Verteilung (Häufigkeit) der denkbaren Allelkombinationen (Haplotypen) einer Normalverteilung (Gaussche Glockenkurve)

entspricht und nicht etwa einer Gleichverteilung. Es gibt also häufige Haplotypen, die sich (auch) Menschen teilen, die in keiner Weise genealogisch miteinander verwandt sind.

Derlei Datenbanken lassen sich nach Haplotypen (von Jederman mit Internetzugang) durchsuchen. Etwaige Treffer können aber nicht bestimmten Personen zugeordnet werden, sind also anonym. (Alles andere wäre ja auch nicht zumutbar. Man stellt ja aus guten Gründen auch den Ausweis der Bürger nicht ins Netz.). Die Daten stammen ausschließlich aus Populationsdaten, welche im Rahmen wissenschaftlicher Universitäts-Projekte erhoben wurden, so dass wir unsere Daten nicht einmal anonymisiert weitergeben könnten, wenn wir wollten. Selbstverständlich unterliegen sie ohnehin unserer uneingeschränkten Vertraulichkeit.

Gerade in den USA geht man mit den so genannten biometrischen Daten erheblich unbefangener um, die Zahl der DNA-Labors ist bei weitem größer, eine Vielzahl von Familienforschungsprojekten wurde von den Forschern ins Netz gestellt, mit Angabe der Haplotypen, in der Hoffnung, dass sich bislang unbekannte Familienmitglieder finden.

Mit polizeilichen Datenbanken hat all dies gar nichts zu tun. Zum einen bestimmen die polizeilichen Behörden völlig andere Daten (Marker), wie sie beim Vaterschaftstest untersucht werden. Danach wird ein weltweit einmaliger genetischer Fingerabdruck erhoben, der nur auf diese Person (oder genetisch identische eineiige Zwillinge) zutrifft.

Selbstverständlich sind Vorbehalte überzeugend nur durch Aufklärung und Information auszuräumen, nicht durch Überredung.

Diese Ausführungen wurden von Herrn Friedrich Wragge, Sophienstr. 11a, 21465 nach Angaben von Herrn Tobias Schmidt zusammengestellt. Dr. Tobias Schmidt, Dipl. Biol. GEN by GEN, Alte Dorfstr. 18, 37124 Göttingen-Rosdorf Tel: 05502 / 910 93 83 Fax 01212 / 520 972 540, tschmidt@genbygen.de, www.genbygen.de

DNA-Analysen für die Familien Zierdt und Trüper und Vorentscheidung

Der Verfasser dieses Beitrages hatte erstmals Kenntnis erhalten über das Thema „Genealogie per DNA-Analyse“ durch den Artikel „Die Spur der Ahnen“ in der Ausgabe 9/2004 des Reportage-Magazins GEO des Gruner + Jahr Verlagshaus, Hamburg. In diesem Artikel werden die Untersuchungen des Holger Zierdt für die Zierdt-Familien dargestellt. Hiernach wurden 35 Probanden untersucht, wobei die genetische Familienzugehörigkeit bei 25 (71%) bestätigt und bei 10 (29) ausgeschlossen ist. Herr Holger Zierdt hielt einen Vortrag vor der Genealogischen Gesellschaft Hamburg mit diesem Thema am 18. Mai 2006. Inzwischen ist ein Artikel „Familienforschung und Molekulargenetik- Analyse Y-chromosomaler DNA

zur Rekonstruktion eines Familienstammbaumes“ erschienen. Herr Holger Zierdt ist der versierteste Fachmann auf diesem Gebiet in Deutschland.

Herr Prof. Hans G. Trüper hat für die Trüper-Familien eine gleiche Untersuchung gestartet. Er ist wie der Verfasser Mitglied in der Oldenburgischen Gesellschaft für Familienkunde. Sein Ergebnis war bei einer Untersuchung von 10 Probanden: bei 8 (80 %) bestätigt, bei 2 (20 %) ausgeschlossen. Dankenswerterweise hat Herr Prof. Trüper auf zehn gezielte Fragen eindeutige Antworten gegeben, die den Verfasser sicher machten, dass die DNA-Analysen auch bei den Wragges durchzuführen seien und kein zu großes finanzielles Risiko darstellen würden.

Die Ergebnisse bei den Familien Zierdt und Trüper überzeugten zudem den Verfasser dieses Beitrages nach der jahrzehntelangen Wragge- Forschung davon, dass eine entsprechende Untersuchung für Wragge-Familien erfolgreich sein würde.

Alte Stammlinien und DNA-Analysen von Namensträgern Wragge

Die Resultate der familiengeschichtlichen Forschungen, festgelegt als Hypothese in den Stammtafeln, können nur gentechnisch einwandfrei durch DNA –Analysen für die früheste Zeit und für Lücken in den Stammlinien belegt werden. Eine Hypothese ist eine widerspruchsfreie Aussage, deren Geltung nur vermutet ist, wobei sie durch Erfahrungen begründet ist. Dieser gentechnische Nachweis ist für männliche Namensträger Wragge deshalb so wichtig, weil die Kirchenbücher von Hude, dem Kirchort der ersten Wragges vor 1800 verbrannt sind. Es konnten die Stammlinien der Wragges der Stammtafeln I und II bestätigt werden. Nach dem Familientreffen Wragge 2006 konnten zusätzlich auch die Stammlinien des Blattes III mit 60 Wragges durch die DNA-Analyse des Carsten Wragge zusammengeführt werden, die bei Gerdt Wragge, geb. um 1565, zusammenlaufen. Ein Vater/Sohn-Verhältnis von Albrecht und Gerdt Wragge wird vorausgesetzt.

Die Speichelproben werden nur auf das männliche Y-Chromosomen untersucht und nicht auf die volle Bandbreite des Gens, wobei die DNA-Analysen nur zur Überprüfung der Stammlinien von zwei lebenden Personen über einen Urahn, z. B. Gerdt Wragge, geb. 1565, herangezogen werden.

Es ist nicht auszuschließen, dass ein Ergebnis mit abweichenden Allelen an den 9 Genorten des Y-Chromosoms bei den DNA-Analysen herauskommen kann. Sind mehr als 2 Abweichungen gegeben, ist **keine** Verwandtschaft in der männlichen Stammlinie vorhanden, d. h. sie ist unterbrochen.

Die Gründe sind

- Es sind zwei Stammlinien, die zufällig den gleichen Namen führen und auch in den Ursprüngen nicht zusammenführen,
- Die Adoption eines Wragges (z. B. der Bürgermeister Friedrich Wragge von Wüstring)
- Es gibt ein außereheliches Kind in der Familie.

Daher werden unter Berücksichtigung des letzten Punktes nur Wragge- Namensträger gewählt, die über die Urgroßeltern verwandt sind. Die Wragges, die DNA-Analysen haben machen lassen, sind fairer Weise auf diese Sachverhalte vom Verfasser hingewiesen worden. Die bisherigen Erfahrungen zeigen bei gut erforschten Stammlinien, dass bei 80 % der untersuchten Personen eine direkte Verwandtschaft vorliegt.

Durchführung der DNA-Analysen, Ergebnisse

Die ersten DNA-Analysen für Wragge-Familien wurden für den Verfasser, Friedrich Wragge, Reinbek und Heinz Wragge, Wolfsburg durchgeführt. Der Proband Friedrich Wragge ist in einer der Stammlinien der Stammtafel I und Heinz Wragge in einer der Stammlinien der Stammtafel II angesiedelt. Über zwei Söhne Gerd und Harmen, des Vaters Gerd, geb. um 1565, laufen die Stammlinien zusammen. Insgesamt sind 21 Personen in den beiden Stammlinien, einschließlich der Probanden, vorhanden.

Das Ergebnis war durchschlagend, denn alle Allele an allen 9 Genorten waren absolut identisch. Damit liegt eine direkte Verwandtschaft der beiden Probanden in der männlichen Stammlinie vor und auch bei allen 21 Personen der Stammlinien. Dies gilt natürlich erstmals nur für diese beiden Stammlinien im Grundsatz. Trotzdem kann eindeutig festgestellt werden, dass alle Wragges der Stammtafeln I und II von Gerdt Wragge, geboren um 1765, und damit auch von Albrecht Wragge abstammen. Gerdt Wragge war der einzige Sohn des Albrecht Wragge, und erbte nach dem Jüngstenrecht den Hof. Albrecht Wragge ist für das Jahr 1573 urkundlich erwähnt.

Alle Analysen der y-chromosomalen DNA wurden von Dr. Tobias Schmidt, Dipl. Biol. GEN by GEN, Alte Dorfstr. 18, 37124 Göttingen-Rosdorf durchgeführt.

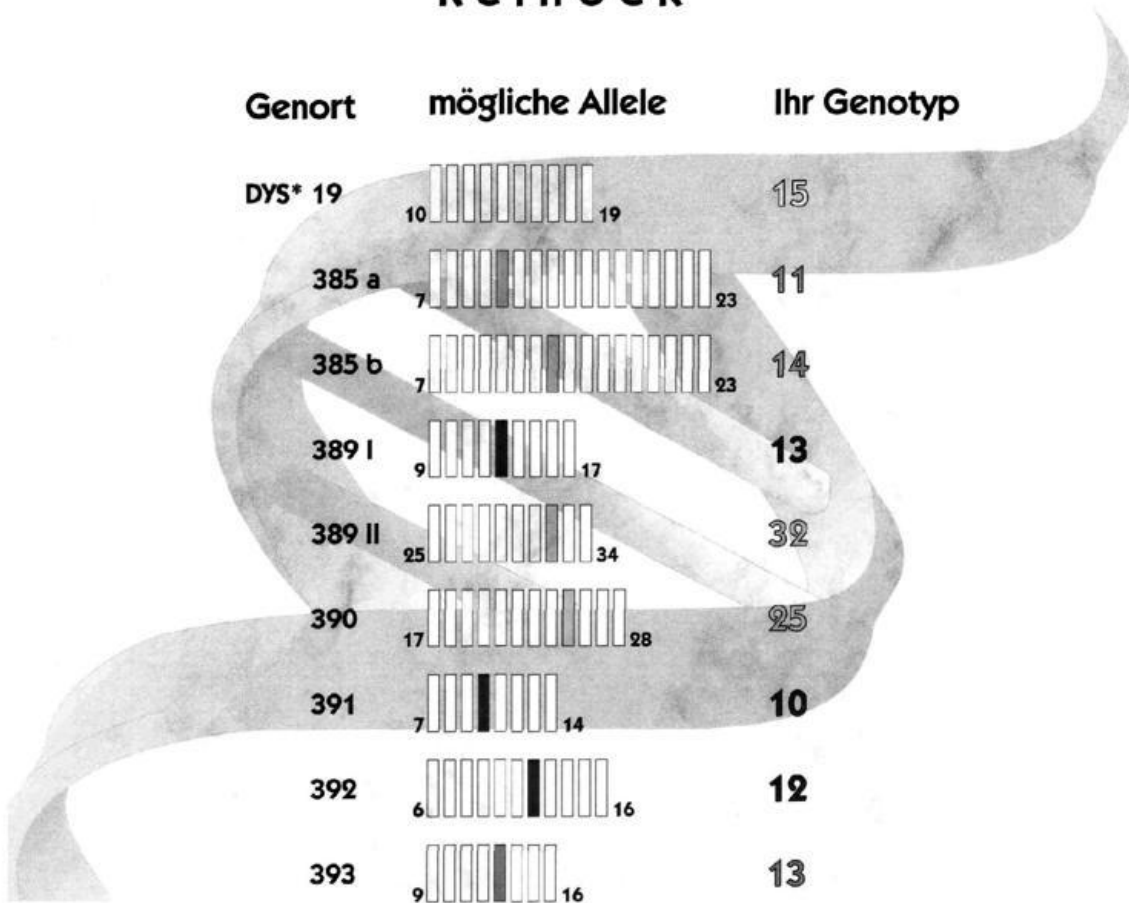
Inzwischen liegen DNA-Analysen von 7 Namensträgern Wragge vor.

Name	Vorname	Geburts-jahr	Ort /PLZ	Abweichende Marker	Herkunft
Wragge	Friedrich	1936	Reinbek	Referenz	Wraggenhaus Wüstring/ Wraggenort
Wragge	Heinz	1945	Wolfsburg	0	
Wragge	John	1937	La Crescenta, Ca,USA	0	
Wragge	Carsten	1960	Bad Zwischenahn	0	
Wragge	Günter	1961	Wolfsburg	0	
Wragge	Helmut	1951	Meschede	0	
Wragge	Friedel	1930	Bremen	4	Wragge-Stelle, Aschen

Y-STR-Signatur



Friedrich Wragge Reinbek



*DYS = DNA Y-Chromosomen Segment
 Allele = mögliche Varianten eines Genortes
 STR = Short Tandem Repeat (wiederholte DNA-Einheit)

Abb. 2: Y-STR-Signatur (Haplotyp) des Friedrich Wragge

DNA-Analysen für die Namensträger Wragge und Schlussfolgerungen

Durch die Analysen der 6 Namensträger Wragge sind die Hauptstammlinien des Albrecht Wragge mit über 465 Namensträger Wragge abgesichert. Die 6 Namensträger sind in der männlichen Stammlinie direkt miteinander verwandt. Die

Analyse der chromosomalen DNA der Wragges hat folgenden Haplotyp (Allelmuster) ergeben

DYS 19-15 / DYS 385 a-11 / DYS 385 b-14 / DYS 389 I-13 / DYS 389 II-32 / DYS 390-25 / DYS 391-10 / DYS 392-12 / DYS 393-13.

(DYS und die erste Zahl kennzeichnen den Genort; die zweite Zahl ist die Nummer des gefundenen Allel, wobei die Nummer gleich der Anzahl der Wiederholungen ist).

Abb. 2 gibt die Y-STR- Signatur des Haplotyps des Friedrich Wragge wieder, der für alle weiteren fünf Wragges gleich ist.

Die Aschener Linie ist gentechnisch eine andere Wragge- Stammlinie, was sich durch eine DNA-Analyse des Friedel Wragge aus Bremen ergab. Da dieser Bauernhof nach Auffassung des Verfassers noch älter ist als das Wraggenhaus in Lintel, müsste ein Zusammenhang zwischen diesen beiden Stellen bestehen.

Ich möchte den sechs Wragges besonders danken, dass sie durch diese Forschungsergebnisse eine sichere Beurteilung ermöglicht haben.

Grundsätzliche Beurteilung der Durchführung der DNA-Analysen

Die von Dr. Tobias Schmidt an 9 Genorten durchgeführten Analysen der y-chromosomalen DNA sind auch bei den Zierdt- und Trüper- Familien durchgeführt worden. Herr Prof. Rolf Horstmann, Leiter der Abteilung für molekulare Medizin am Bernhard – Nocht – Institut, Hamburg und Mitglied im deutschen Nationalen Genomforschungsnetz (NGFN) hat in einem telefonischen Gespräch am 13. September 2007 die Analyse an 9 Genorten für ausreichend erachtet und damit nach der Wahrscheinlichkeit als sichere Beurteilung angesehen.

Übertragung der DNA-Analysen auf die Stammlinien der Stammbäume

In der Stammtafel I (Abb, 3) sind die Ergebnisse der DNA-Analysen auf die Stammlinien übertragen worden. Die Darstellung der Stammtafeln II und III konnte in diesem Beitrag nicht aufgenommen werden. Es sind in der Stammtafel I die drei Probanden: Friedrich, Helmut und Günter Wragge eingetragen (dunkler Kreis). Ihre Stammlinien laufen bei Hinrich Wragge, geb. 1702 zusammen. Alle männlichen Namensträger Wragge in diesen Stammlinien sind direkt miteinander verwandt (hellgraue Kreise) und damit auch die drei Probanden. Sie sind aber auch über Gerd Wragge, geb. 1565 mit drei Probanden der Stammtafel II direkt verwandt.

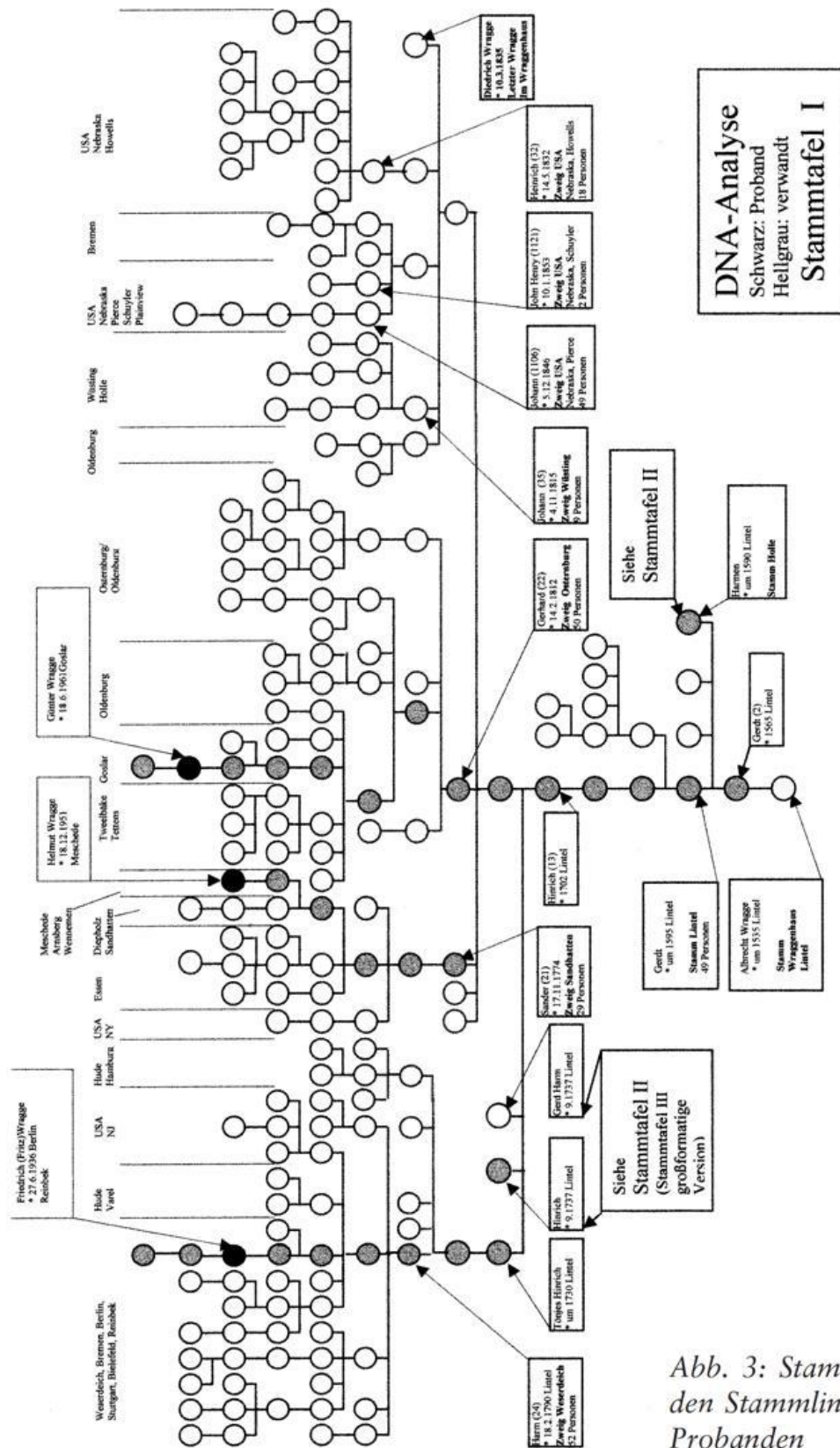


Abb. 3: Stammtafel I mit den Stammlinien und drei Probanden

In der Stammtafel II sind die drei Probanden Carsten, Heinz und John Wragge eingetragen. Die Stammlinien von Heinz und John laufen bei Hinrich (143), geb. 1762 zusammen, zu Carsten Wragge bei Gerdt (2), geb. 1565.

Aus den Stammtafeln ist zu ersehen, dass die Mehrzahl der Stammlinien, zumindest in den Zeiträumen, in denen die Daten in den Urkunden spärlich sind, eindeutig auf Albrecht Wragge hinführen. Damit ist nachgewiesen, dass eine direkte genetische Verwandtschaft bei allen aufgeführten Wragges wahrscheinlich ist, im landläufigen Sinne auch sicher ist. Alle sechs Probanden zeigten eine vollkommene Übereinstimmung an den 9 Genorten.

Abkürzungen und Begriffe

DNA	<u>D</u> esoxyribo <u>n</u> ucleic <u>a</u> cid
DNS	<u>D</u> esoxyribo <u>n</u> ucleic <u>S</u> äure
STR-Signatur	<u>S</u> hort <u>T</u> andem <u>R</u> epeats (STRs). Kurz tandemartiges Sequenzmotiv. Sie bestehen i. d. R. aus vier Basenpaaren („Buchstaben“) der DNA.
DNA-Analyse	Analyse der Y-chromosomalen DNA
Y-Haplotyp	Die STR-Signatur, die innerhalb einer männlichen Abstammungslinie vererbt wird, wird als „Y-Haplotyp“ bezeichnet.
DYS	<u>D</u> NA <u>Y</u> -Chromosomen <u>S</u> egment, Y-chromosomalen DNA-Typ Y-Genotypisierung
Allel	Wiederholung des gleichen STR-Motivs, z. B. 15 –fache Wiederholung (TAGA)= Allel 15
STR- Marker	Marker = Genort, z. B. DYS 19
PCR	Polymerase Ketten Reaktion (<u>P</u> olymerase <u>C</u> hain <u>R</u> eaction)
Basen	Adenin, Cytosin, Guanin, Thymisin, abgekürzt A-C-G-T
TAGA	Thymisin, Adenin, Guanin, Adenin (Basenpaar der Y-DNA-Sequenz)

Quellen

- Zierdt, Holger und Trumme, Torsten Familienforschung und Molekulargenetik- Analyse Y-chromosomaler DNA zur Rekonstruktion eines Familienstammbaumes, Genealogie, Deutsche Zeitschrift für Familienkunde, 2006, Heft 2, S. 97-113
- GEO, Das Reportage-Magazin Die Spur der Ahnen, Familien-Geschichte Ausgabe 09/2004 Seite 130, Beitrag Holger Zierdt, Gruner † Jahr Verlagshaus, Hamburg
- GEN by GEN Y-Genotypisierung, Erläuterung der verwendeten wissenschaftlichen Verfahren, GEN by GEN, Alte Dorfstr. 18, 37124 Göttingen-Rosdorf
- Wragge, Friedrich Chronik der Familien Wragge im Oldenburg Land und weltweit, Selbstverlag, November 2007, S. 335. Ein Belegexemplar ist im Besitz der OGF, Oldenburg.

Verzeichnis aller Bürger und Einwohner von Stadt und Amt Vechta 1680

von Ludger Kock

In dem Staatsarchiv Oldenburg unter der Signatur Best.111-1-Ab, Nr.114 ist das nachfolgende Verzeichnis aller Bürger und Einwohner des Amtes Vechta aus dem Jahre 1680 zu finden.

Entstanden ist dieses Einwohnerverzeichnis von 1680 zur Zeit des damaligen Landesfürsten, dem Bischof von Münster, Nicolaus Stenonis (besser bekannt unter Niels Stensen). Hierbei handelt es sich nicht um ein typisches Einwohnerverzeichnis, in der die einzelnen Seelen der Gemeinden aufgezählt sind – auch status animarum genannt-, sondern vielmehr um eine Auflistung der Hofstellen, sowie deren Zustand, deren Einstufung oder besser sozialen Rang, und deren Unterkunft sowie deren monatlich zu entrichtenden Steuer.

Es gibt von diesem Einwohnerverzeichnis 1680 zwei Bücher gleichen Inhalts. Eins mit einer schwer – oder besser – nicht immer klar lesbaren Handschrift, und eins mit einer besseren Handschrift, aber bei diesem sind etwa 30 Seiten mit einem schwarzen Flecken durchzogen, welche das Lesen nicht gerade erleichtert. Bei dem Zweiten handelt es sich um eine Abschrift des Ersten, da Rechenfehler alle mit übernommen und nicht verbessert wurden. Die Reihenfolge der Eintragungen auf den einzelnen Seiten ist mit wenigen Ausnahmen bei beiden Büchern gleich. Nur die Anordnung der Zusätze wie z.B. pauper, wüst, vacat oder andere ist öfters unterschiedlich placiert oder fehlen ganz. Sind Bemerkungen in einem Buch eingetragen und in dem anderen nicht, so sind sie hier alle mit übernommen, sodass keine Eintragung oder Bemerkung weggelassen wurde. (Diese wurden dann mit einem * gekennzeichnet und unten auf der Seite erläutert).

Ebenso ist die Schreibweise der einzelnen Vornamen und Nachnamen sehr unterschiedlich. Der eine schreibt Cordt der ander Cort, oder Gerdt und Gert oder Pohlman und Poelman usw. Bei den Nachnamen wurde die Version gewählt, die der heutigen schreibweise am nächsten kommt.

Die Spaltenüberschrift bei der Schatzung wurde vereinheitlicht, da bei vielen Seiten die Angaben Rt. ß und d fehlen oder Rt, sch oder pf enthalten.

Wenn aus dem Buchstaben u ein v zu lesen war so wurde dieses gleich umgeändert.

