

Min mormors far funnen?

– ett exempel på DNA-inringning av ”okänd fader”

Av Anders Klarbring

Min mormor Ruth var född den 27 september 1905 i Silleruds socken i Värmland. I födelseboken finns beteckningen ”o ä” (oäkta) ovanför namnet och på platsen där fadern ska anges läser man ”Fader: icke uppgifven”. Säkerligen nickar de flesta släktforskare igenkännande inför situationen (på samma uppslag i födelseboken finns inte mindre än två ytterligare ”o ä” noterade). Ibland kan man ha tur och på annat sätt än genom födelseboken komma fram till vem som är fadern. Ibland, och kanske i synnerhet vid denna tidpunkt i historien, då ju åtal för hor inte är aktuellt, kan det visa sig omöjligt att i källorna hitta en ledtråd. I fallet med min mormor Ruth har jag inte haft någon framgång med skriftliga källor. Hoppet att i barnavårdsnämndens handlingar hitta en uppgift gick om intet då jag av kommunarkivarien fick reda på att den aktuella volymen var fuktskadad, förmodligen icke-läsbar, och kunde inte hanteras.

Ruths mor var Hilma Johannesdotter Hök, född i Sillerud 1883. Hon gifter sig 1907 med Anders Storm och Ruth får en styvfar som alltigenom tycks ha behandlat Ruth på samma sätt som sina yngre biologiska barn. Emellertid fanns, enligt släkthistorien, en skillnad i utseende mellan Ruth och hennes halvsyskon: Ruth var brunögd och hade mörkare hår och hy. Dessa bruna ögon finns också hos min mor och mig och bör, enligt biologins lagar, vara ett arv



Ruth Storm vid 19 års ålder. Foto i författarens ägo.

från den okända fadern. Detta var den enda – mycket tunna – ledtråd till Ruths okände far som släkthistorien angav. Inte helt oväntad har de mörkare anlagen också givit upphov till gissningar om vallonblod.

Mestadels av ren nyfikenhet på tekniken som sådan, och inte med tanken att lösa något ”fader okänd”-problem, sände jag våren 2013 in ett DNA test till det amerikanska företaget Family Tree DNA (FTDNA), som specialiserar sig på DNA-tester i släktforskningsyfte. Sådana tester kan delas in i tre huvudtyper: Y-DNA, mtDNA och autosomalt DNA.¹ De två förstnämnda ger möjlighet att följa det raka fädernet respektive det raka mödernet mycket långt bakåt i tiden. Ett autosomalt DNA-test däremot mäter hur stor mängd DNA två individer har gemensamt. Grundprincipen är enkel, är man nära släkt delar man större del DNA än om man är långväga släkt. Uppskattningen kan förfinas genom att man studerar på vilket sätt DNA delas. Det är t ex troligare att två individer är nära släkt om de delar några få större sammanhängande DNA-segment än om samma totala mängd ges av många små segment. FTDNA använder en företagshemlig och gissningsvis inte alltför lättillgänglig algoritm, för att från två individers gemensamma DNA beräkna ett troligt intervall för släktskap. Fortsättningsvis behandlar denna artikel endast resultat från sådana autosomala DNA-tester.

När ett test är färdiganalyserat hos FTDNA läggs resultatet in en databas och jämförs med alla tidigare tester som gjorts. En lista med troliga släktingar blir resultatet. De flesta av dessa, vanligtvis flera hundra, är relativt långväga släktingar som det ofta inte är möjligt att via kyrkböcker hitta det exakta släktskapet med. Men i mitt fall fanns en träff i listan som stack ut: en person med ett norskt klingande mansnamn som jag uppskattades vara släkt med i intervallet tremänning till fyrmänning, men som definitivt inte fanns i min papperssläktforskning. När jag tog kontakt via e-mail visade det sig mycket riktigt vara en norsk medborgare, boende i Oslo och född 1936. Jag kommer fortsättningsvis att kalla denne norrmän för testperson N. Det visade sig nu att den enda svenska ana som fanns i N:s antavla var en farmor med ursprung i Sillerud, vilket naturligtvis gjorde att jag omedelbart fick mormors far i tankarna. Farmodern bar släktnamnet Skogsberg och jag började kartlägga henne och hennes släkt. Det visade sig att hon fått en son i Sillerud innan hon flyttat till

¹ En introduktion till genetisk genealogi ges i Magnus Bäckmark: Genvägar för genealogen – DNA-jämförelse som verktyg i släktforskningen, Släkt och Hävd 2012:2, sid. 34 ff.



Hilma Storm, född Johannesdotter Hök. Foto i författarens ägo.

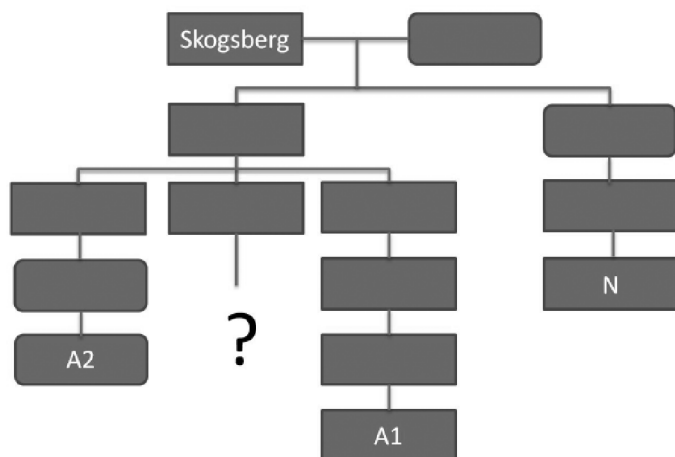
Kristiania (nuvarande Oslo) på 1890-talet. Sonen fanns kvar i Sillerud med omnejd och var i rätt ålder för att kunna vara far till Ruth, så en kandidat fanns, men han var uppenbart inte den enda möjliga fadern.

I samband med undersökningen av Skogsbergssläkten hittade jag på släktforskarwebbplatsen Ancestry (www.ancestry.com) ett släktträd innehållande denna släkt och i och med detta ett namn på en Skogsbergssläkting med släktforskarintresse. Kanske kunde jag drista mig att fråga denne person om att göra ett DNA-test? Sagt och gjort, kontakt togs och test genomfördes. Jag fick således ytterligare en testperson – kallad A1 i den fortsatta redovisningen – att jämföra DNA med. Resultatet var slående: jag angavs vara släkt med A1 i intervallet kusin till fyrmänning. Vid det här laget hade också min mor, min moster och min (halv)bror gjort DNA-tester, och alla pekade åt samma håll: vi var alla relativt nära släkt med A1. Detta gjorde att fokus skiftades från den tidigare tänkte möjliga fadern till en brödragrupp innehållande A1:s farfars far. Om någon av dessa bröder var den okände fadern skulle testresultaten överensstämma med släktskapet.

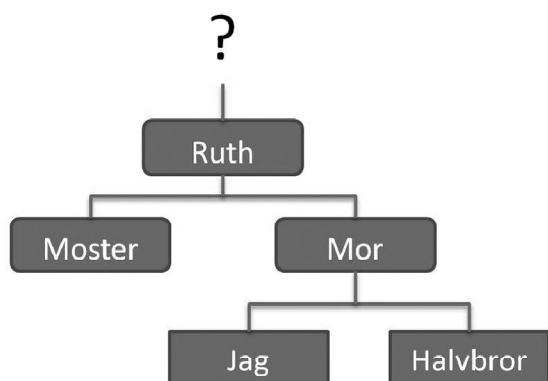
De nya testresultaten medförde att jag genomförde ytterligare traditionell släktforskning kring den aktuella brödragruppen. Det rör sig om sex bröder. Av dessa kunde en definitivt avföras som möjlig fader: han befinner sig i USA vid aktuell tidpunkt. Ytterligare två befinner sig också långt från Sillerud: en i Norge och en i Lungsund i östra Värmland (A1:s farfars far), och därmed är de inte troliga, om än teoretiskt möjliga, kandidater. Ytterligare en är lite väl ung vid tillfället, och heller inte trolig. Kvarstår två kandidater. Båda dessa kommer att emigrera till USA och i synnerhet en av dem är misstänkt: han utreser från Göteborg 16 juni 1905, dvs drygt tre månader innan Ruth föds. Den sista brodern reser till USA först 13 april 1906.

I detta läge började jag känna att det med stor sannolikhet var en av Skogsbergsbröderna som var Ruths far, och i synnerhet den bror som strax före födseln flyr fältet var ju misstänkt. Men jag kände ändå att inte alla andra möjliga scenarior var eliminerade. Det var därför intressant att jag på webbplatsen Geni.com kunde identifiera ett flertal ättlingar till den broder som redan 1904 befinner sig i USA. Troligen var flera av dessa släktforskningsintresserade och kunde kanske tänka sig ett DNA-test? En person med närmare släktskap än A1 – som fortsättningsvis kallas A2 – visade sig vara intresserad. Vad som var extra intressant med A2 var att, om det antagna släktskapet var riktigt, skulle leden från mig, min mor, min moster och min bror till A2 inte innehålla två män i rad. Detta innebär att delar av X-kromosomen kan ärvas vidare i hela kedjan, och vid ett test hos FTDNA ges en extra indikation om så är fallet. Förekomsten av en sådan X-DNA-match ger vid handen att en mängd annars möjliga släktkopplingar kan elimineras.

I det följande sammanfattar jag de DNA-tester som beskrivits ovan i tre tabeller. Jag presenterar också två släktträd. I Tabell 2 samlas resultat som hänför sig till släktträdet i Figur 2 och som berör mig och mina närmast testade släktingar. För varje par av testpersoner anges i samtliga tre tabeller fyra rader i aktuell ruta. I den övre raden finns den totala mängden delad DNA i en enhet som heter centimorgan och förkortas cM. På nästa rad finns längden på det största delade DNA-segmentet, också angiven i enheten cM. På rad tre finns släktangivelsen från FTDNA, vilken består av ett intervall och ett föreslaget precist släktskap. FTDNA anger intervallet i de engelska begreppen förste-, andre-, tredje-kusin, och så vidare. Jag har valt att översätta detta till det svenska begreppet männing (förkortat med ett m i tabellerna) och då utsträcka betydelsen utöver de kända begreppen tremänning och fyrmänning så att syskon blir 1-männingar och kusiner 2-männingar. Det finns då också halva steg,



Figur 1: Schematiskt släkträd över testpersoners förhållande enligt traditionell släktforskning. Frågetecknet indikerar var släkträdet i Figur 2 med största sannolikhet ska länkas in i detta träd.



Figur 2: Släktsamband mellan mina testade nära släktingar. Frågetecknet ska med stor sannolikhet länkas till frågetecknet i Figur 1.

	N	A1	A2
N		Totalt: 115 cM Längsta: 38 cM FTDNA: 3-5 m (4 m) Faktiskt: 4 m	Totalt: 126 cM Längsta: 19 cM FTDNA: 3-5 m (4 m) Faktiskt: 3 ½ m
A1	Totalt: 115 cM Längsta: 38 cM FTDNA: 3-5 m (4 m) Faktiskt: 4 m		Totalt: 298 cM Längsta: 61 cM FTDNA: 2-4 m (3 m) Faktiskt: 3 ½ m
A2	Totalt: 126 cM Längsta: 19 cM FTDNA: 3-5 m (4 m) Faktiskt: 3 ½ m	Totalt: 298 cM Längsta: 61 cM FTDNA: 2-4 m (3 m) Faktiskt: 3 ½ m	

Tabell 1: Inbördes testresultat för de tre testpersonerna i Skogsbergssläkten. På översta raden i varje ruta ges totala mängden delat DNA. På andra raden anges storleken av det största delade DNA-segmentet. På tredje raden anges det av FTDNA föreslagna släktskapet. Detta består av ett intervall och, inom parantes, ett exakt förslag för släktskap, såvida inte intervallet består av ett enda värde, då endast detta värde anges. Slutligen, finns på sista raden det faktiska kända släktskapet. Förkortningen cM betyder centimorgan och är en enhet för DNA-mängd. Förkortningen m betyder manning.

	Jag	Mor	Halvbror	Moster
Jag		Totalt: 3384 cM Längsta: 267 cM FTDNA: Förälder/Barn Faktiskt: Mor	Totalt: 1615 cM Längsta: 104 cM FTDNA: 1 ½ m Faktiskt: 1 ½ m	Totalt: 1645 cM Längsta: 122 cM FTDNA: 1 ½ m Faktiskt: 1 ½ m
Mor	Totalt: 3384 cM Längsta: 267 cM FTDNA: Förälder/Barn Faktiskt: Son		Totalt: 3384 cM Längsta: 267 cM FTDNA: Förälder/Barn Faktiskt: Son	Totalt: 2346 cM Längsta: 161 cM FTDNA: 1-1 ½ m (1 m) Faktiskt: 1 m
Halvbror	Totalt: 1615 cM Längsta: 104 cM FTDNA: 1 ½ m Faktiskt: 1 ½ m	Totalt: 3384 cM Längsta: 267 cM FTDNA: Förälder/Barn Faktiskt: Mor		Totalt: 1494 cM Längsta: 161 cM FTDNA: 1 ½ m Faktiskt: 1 ½ m
Moster	Totalt: 1645 cM Längsta: 122 cM FTDNA: 1 ½ m Faktiskt: 1 ½ m	Totalt: 2346 cM Längsta: 161 cM FTDNA: 1-1 ½ m (1 m) Faktiskt: 1 m	Totalt: 1494 cM Längsta: 161 cM FTDNA: 1 ½ m Faktiskt: 1 ½ m	

Tabell 2: Inbördes testresultat för de personer som visas i släkträdet i Figur 2. Innehållet i rutorna följer samma mönster som i Tabell 1.

	Jag	Mor	Halvbror	Moster
N	Totalt: 134 cM Längsta: 20 cM FTDNA: 3-4 m (3 m) Förlag: 4 m	Totalt: 185 cM Längsta: 50 cM FTDNA: 3-4 m (3 m) Förlag: 3 ½ m	Totalt: 125 cM Längsta: 50 cM FTDNA: 3-5 m (4 m) Förlag: 4 m	Totalt: 166 cM Längsta: 50 cM F: 3-4 m (3 m) Förlag: 3 ½ m
A1	Totalt: 266 cM Längsta: 60 cM FTDNA: 2-4 m (3 m) Förlag: 4 m	Totalt: 326 cM Längsta: 60 cM FTDNA: 2-4 m (3 m) Förlag: 3 ½ m	Totalt: 132 cM Längsta: 40 cM FTDNA: 3-4 m (3 m) Förlag: 4 m	Totalt: 300 cM Längsta: 55 cM FTDNA: 2-4 m (3 m) Förlag: 3 ½ m
A2	Totalt: 238 cM Längsta: 61 cM FTDNA: 3-4 m (3 m) X-träff Förlag: 3 ½ m	Totalt: 280 cM Längsta: 66 cM FTDNA: 2-4 m (3 m) X-träff Förlag: 3 m	Totalt: 194 cM Längsta: 50 cM FTDNA: 3-4 m (3 m) Förlag: 3 ½ m	Totalt: 196 cM Längsta: 49 cM FTDNA: 3-4 m (3 m) X-träff Förlag: 3 m

Tabell 3: Testresultat mellan testpersoner i Figur 1 och testpersoner i Figur 2. På fjärde raden i varje ruta anges de släktförhållanden som blir följden av att sätta samman frågetecknen i de två figurerna. Det har också noterats var X-DNA-träffar har hittats.

t ex blir halvsyskon 1 ½ -männingar. Det föreslagna släktskap som finns inom parantes på rad tre skall betraktas just som ett förslag och kan kanske ses som den statistiska tyngdpunkten på intervallet. Vid nära släktskap sammanfaller intervall och sådant föreslaget släktskap och endast ett värde anges då. Slutligen, på den fjärde raden i rutan anger jag det faktiska släktförhållandet när detta är känt.

I Tabell 1 anges inbördes DNA-resultat för de tre Skogsbergssläktingarna N, A1 och A2. Deras inbördes plats i släktrådet framgår av Figur 1.

I Tabell 3 finns slutligen de resultat som kopplar testpersonerna i Figur 2 med de i Figur 1. Rad fyra i varje ruta är nu utbytt mot de släktförhållanden som blir resultatet om de två frågetecknen i Figur 1 och Figur 2 kopplas samman. Man kan se att i alla rutor hamnar det föreslagna släktförhållandet inom det av FTDNA föreslagna intervallet. Vad som också visar sig vara av stor vikt är att X-DNA-matchningar hittas mellan testperson A2 och mig, min mor och min moster, vilket också stämmer överens med det föreslagna släktförhållandet. Att någon sådan match inte har hittats mellan A2 och min bror får ses som ett utslag av ett välkänt fenomen: funnen X-DNA-matchning visar att släktskapet måste följa en linje som inte innehåller två män i rad. Utebliven sådan matchning har inget bevisvärde då mängden DNA kan ha tunnats ut av slumpfaktorn.

Bevisar då dessa DNA-tester att de två frågetecknen måste matchas? Nja, det är naturligtvis så att det inte omedelbart kan uteslutas att andra kopplingar av de två släktrådsdelarna också skulle ge släktskap inom de av FTDNA föreslagna intervallen. Som ett första steg mot att begränsa möjligheten av sådana andra scenarior bör alla testade personers antavlor vara så långt möjligt kända. Detta har i det aktuella fallet underlättats av att samtliga testpersoner, N, A1 och A2, varit släktforskare i en eller annan form och endast kompletterande arbeten har behövs från min sida. Utgående från dessa kända antavlor ser man att det är först runt tio generationer bort som gemensamma anor hittas och det kan uteslutas att dessa påverkar DNA-testerna i avgörande grad. Mera besvärande kan vara släktskap via ytterligare okända fäder, och ett speciellt frågetecken blir det då kring det faktum att Ruths mor Hilma också har en okänd far, troligen från Sillerud eller den närliggande socknen Silbodal, men här spelar X-DNA-träffarna en avgörande betydelse. Hilma är ju som angivits ovan född 1883 vilket medför att om släktskapet till Skogsbergssläkten i Figur 1 föreligger genom denne andre okände far så hittas han på samma generationsnivå som anfadern Skogsberg i Figur 1, och därmed blir X-DNA-matchning inte möjlig. På liknande sätt förhåller det sig med den son till N:s farmoder som i ett tidigt skede var en tänkbar kandidat: kedjan fram till A2 kommer vid en sådan sammankoppling att innehålla två män i rad och detta scenario kan därför uteslutas.

Finns det ytterligare andra möjliga scenarior än det föreslagna, som ger släktskap inom de av FTDNA angivna intervallen? Ja faktiskt är det så att om A1:s farfars far är den okände fadern, och inte en av hans bröder, kommer Tabell 3 att modifieras så att samtliga föreslagna släktskap på rad 2 i Tabell 3 kommer att höjas upp ett steg (4-männing blir 3-männing, etc), vilket fortfarande ger värden som täcks in av intervallen. Emellertid befinner sig ju denne farfars far, som angavs ovan, i Lungsund vid aktuellt tillfälle, och han är dessutom gift sedan 1896, så jag väljer nog att räkna bort denna möjlighet.



*Frans Skogsberg, en av bröderna (A2:s morfar).
Foto i släktingars ägo.*

Vad gäller sättet som jag använt FTDNA:s mätvärden för att koppla samman de två frågetecknen i Figuren 1 och 2, förtjänar det att poängteras att det är intervallen för släktskap i kombination med X-DNA-matchningar som gör kopplingen sannolik. Mätvärden, uttryckta i cM, är bara av indirekt intresse och skulle i princip ha kunnat utelämnas i tabellerna. Jag har emellertid bedömt att den läsare som vill göra jämförelser med egna DNA-genealogiska utredningar har glädje av att ha tillgång till dessa värden. Jag anar t ex att det finns en kvalitetskillnad mellan matchningar som ger upphov till samma släktskapsintervall men som skiljer i mängden delat DNA.

Slutresultatet av utredningen blir nu att jag i min antavla fortsättningsvis kommer att skriva NN Skogsberg – med kända föräldrar – som varande Ruths far. För mera personligt bruk tror jag mig nog också ha funnit ett förnamn. Det innehas av den av sex bröder som tre månader före Ruths födelse utvandrar till Norra Amerika. Vad vet jag då i nuläget om denne sannolike fader? Ja inte mycket. Jag har inte lyckats följa honom i det nya landet och han bör vara död 1919 då han inte nämns i sin mors bouppteckning. Men att bruna ögon finns i slakten har jag faktiskt blivit upplyst om av mina nyfunna släktingar! Det där med vallonblod å andra sidan var nog inte sant, om inte en spiksmed kan räknas som vallon.



ANDERS KLARBRING, f. 1957, professor i mekanik vid Linköpings universitet. Släktforskar med fokus på norra Dalsland och Värmland, och känner starkt för Åmåls historia. Epostadress: anders.klarbring@liu.se.