

Pełny czas mutacji STR

w podręcznej i praktycznej tabeli PCM.

Full Times of Mutations STR

in the practical table FTM

(ulepszono / improved / 30.09.2012 - stp.)

Obliczanie pełnego czasu mutacji (PCM) Calculation of full-time of mutations (FTM) 67-markerowy haplotyp STR		
GD from MRCA	Czas widocznych mutacji i jego wykładniczy mnożnik, uzyskany z podstawy 1,06713 ^(1...66)	Years from MRCA Czas od MRCA około lat:
A	B	C
1	111 x 1,00	111
2	222 x 1,07	238
3	333 x 1,14	380
4	444 x 1,22	542
5	555 x 1,30	722
6	666 x 1,38	919
7	777 x 1,48	1 150
8	888 x 1,58	1 403
9	999 x 1,68	1 678
10	1 110 x 1,79	1 987
11	1 221 x 1,92	2 344
12	1 332 x 2,04	2 717
13	1 443 x 2,18	3 146
14	1 554 x 2,33	3 621
15	1 665 x 2,48	4 129
16	1 776 x 2,65	4 606
17	1 887 x 2,83	5 340
18	1 998 x 3,02	6 034
19	2 109 x 3,22	6 791
20	2 220 x 3,44	7 637
21	2 331 x 3,67	8 555
22	2 442 x 3,91	9 548
23	2 553 x 4,18	10 672
24	2 664 x 4,46	11 881
25	2 775 x 4,76	13 209
26	2 886 x 5,07	14 632
27	2 997 x 5,42	16 244
28	3 108 x 5,78	17 964
29	3 219 x 6,17	19 861
30	3 330 x 6,58	21 911
31	3 441 x 7,02	24 156
32	3 552 x 7,49	26 604
33	3 663 x 8,00	29 304

- ciąg dalszy / continuation -		
GD from MRCA	Czas widocznych mutacji i jego wykładniczy mnożnik, uzyskany z podstawy 1,06713 ^(1...66)	Years from MRCA Czas od MRCA około lat:
A	B	C
34	3 774 x 8,53	32 192
35	3 885 x 9,11	35 392
36	3 996 x 9,72	38 841
37	4 107 x 10,37	42 590
38	4 218 x 11,07	46 693
39	4 329 x 11,81	51 125
40	4 440 x 12,60	55 944
41	4 551 x 13,45	61 211
42	4 662 x 14,35	66 900
43	4 773 x 15,32	73 122
44	4 884 x 16,34	79 805
45	4 995 x 17,44	87 113
46	5 106 x 18,61	95 023
47	5 217 x 19,86	103 610
48	5 328 x 21,19	112 900
49	5 439 x 22,62	123 030
50	5 550 x 24,14	133 977
51	5 661 x 25,76	145 827
52	5 772 x 27,48	158 615
53	5 883 x 29,33	172 548
54	5 994 x 31,30	187 612
55	6 105 x 33,40	203 907
56	6 216 x 35,64	221 538
57	6 327 x 38,03	240 616
58	6 438 x 40,59	261 318
59	6 549 x 43,31	283 637
60	6 660 x 46,22	307 825
61	6 771 x 49,32	333 946
62	6 882 x 52,63	362 200
63	6 993 x 56,17	392 797
64	7 104 x 59,94	425 814
65	7 215 x 63,96	461 471
66	7 326 x 68,25	500 000
67	-	-

Uwaga. Obliczanie czasu wymaga umiejętności ustalania liczby mutacji i genetycznego dystansu do najbliższego wspólnego przodka – MRCA

Attention. Time calculation requires counting skills mutations and genetic distance to the recent common ancestor - MRCA)

- Powyższą tabelę PCM dla 67 markerowego haplotypu można także stosować
- dla mutacji w haplocyplie 25 markerowym, mnożąc je przez **2,65**
 - dla mutacji w haplocyplie 37 markerowym, mnożąc je przez **1,50**
 - dla mutacji w haplocyplie 111 markerowym, dzieląc je przez **1,75**

Uwaga

Środkowa kolumna (B) tej tabeli służy tylko uzasadnieniu wyniku.

Zasady powstania podręcznej i praktycznej tabeli pełnego czasu mutacji (PCM)

Tabela PCM powstała na podstawie następujących czynników

1. Podstawą obliczeń w tabeli jest statystycznie domiemaną obecność jednej mutacji w najbardziej wolno mutującym markerze, **DYS425 = 500000 lat**, a tym samym i w pozostałych markerach tego haplotypu.

(The basis of calculation in the table is statistically determined the presence of one mutation in the most slow mutating marker, **DYS425 = 500,000 years**, and thus, and other markers of this haplotype).

2. Ciąg wykładniczy (geometryczny) mutacji widocznych jest oparty na fakcie, że w haplocyplie, wraz z kurczeniem się 67/1 do 1/67 miejsc jeszcze niezmutowanych, odwrotnie wzrasta od 1/67 do 67/1 ilość miejsc na mutacje powtórne, czyli statystycznie niewidoczne (na miejsce mutacji widocznych powstają niewidoczne).

Według opublikowanych zwłaszcza przez FTDNA (J.Chandlera) i A. Klosowa tabel mutacji w parach ojciec-syn, do mutacji STR w najbardziej powolnym markerze **DYS425** w 66 markerowym haplocyplie (po zrezygnowaniu z jeszcze bardziej powolnego **DYS472**) dochodzi statystycznie co **500.000** lat. Tymczasem, biorąc pod uwagę obliczone z tabeli J. Chandlera i A. Klosowa tempo mutacji w haplocyplie: jedna mutacja na około **111** lat, do statystycznego czasu zaistnienia tej mutacji **DYS425**, a tym samym i całego zestawu 66 mutacji widocznych, powstaje około **4505** mutacji.

Tak więc w czasie 66 mutacji widocznych, dochodzi także, w markerach już zmutowanych, do bardzo licznych mutacji powtórnych, czyli **4439** statystycznie niewidocznych, odpowiednio opóźniających czas owych mutacji widocznych, w sumie około **68,25** razy. Mutacje widoczne spowalniają się, gdyż w ich miejsce powstają wtedy mutacje powtórne, czyli statystycznie niewidoczne.

To spowolnianie tempa mutacji widocznych, spowodowane kurczeniem się dla nich miejsc dotąd niezmutowanych oraz nierównością tempa mutacji w poszczególnych markerach od jeden do około kilkadziesiąt lub kilkaset, trzeba dla celów obliczeniowych wyrazić ciągiem wykładniczym. Dlatego, aby otrzymać pełny czas mutacji (PCM) dla każdej liczby mutacji w tym 67 minus 1 markerowym haplocyplie, należy znaleźć iloraz ciągu wykładniczego, tj. "a" w funkcji wykładniczej $a^{x(1...65)}$. Tym ilorazem **a** jest uwidoczniiona na tabeli PCM liczba **1,06713**.

Uwaga

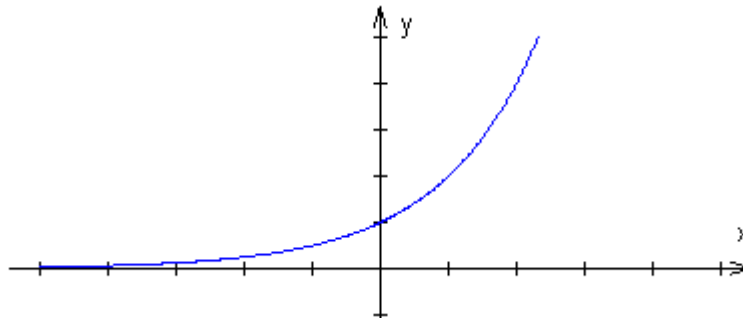
Powyższa zasada obliczania pełnego czasu mutacji (PCM), uwzględniająca pełny zestaw mutacji widocznych i niewidocznych (powtórnych) -

- a) nie wymaga osobnych tablic na tzw. mutacje zwrotne (zob. w tablicach A.Klosowa);
- b) nie wymaga stosowania dla czasów "ewolucyjnych" (np. powyżej 10000 lat) dodatkowej tabeli 22-markerowego haplotypu z wybranych markerów powolnych (zob. tablica Klosowa);
- c) nie wymaga wreszcie tzw. ewolucyjnego "współczynnika Żywotowskyego" (0,000069 mutacji na marker na pokolenie), który przy zastosowaniu go do czasów bliskich, genealogicznych, zawyżając rezultat niekiedy aż trzykrotnie, wywołuje wśród genealogów i genetyków tak wiele sprzeciwu i krytyki.

Równocześnie tablica PCM stwarza możliwość obliczania czasu najstarszych haplogrup i populacji, praktycznie od początku współczesnego człowieka.

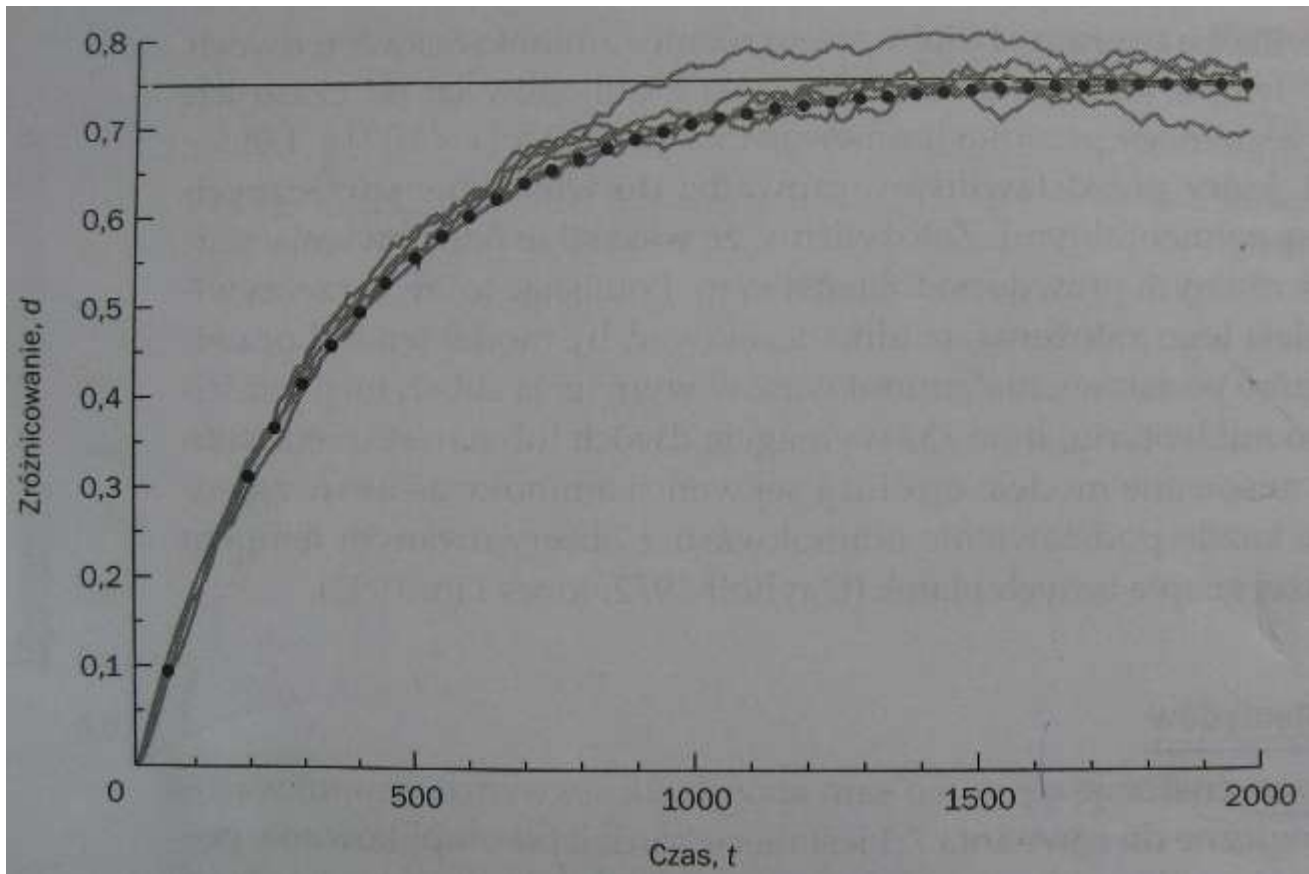
Krzywa wykładnicza czasu mutacji widocznych

The exponential curve of time visible mutations



Wzrasta ogólna liczba mutacji i ich czas **Y**
ale zarazem spowolnia się i zatrzymuje przyrost mutacji widocznych **X**

Analogia w krzywej wykładniczej czasu widocznych SNP w/g modelu Jukes-Cantora



(Źródło wykresu: Podręcznik genetyki)

Model Jukes-Cantora (1969). Model J-C ilustruje fakt, że wraz ze wzrostem czasu **t** i ogólnej liczby mutacji ogranicza się, a w końcu całkowicie zatrzymuje się wzrost mutacji widocznych na rzecz niewidocznych, czyli widoczne zróżnicowanie **d** w badanym odcinku Y-DNA (NRY). Dalszemu wzrostowi czasu nie odpowiada już żaden przyrost liczby mutacji widocznych.

Dlatego nie ma sensu stosowanie liniowego liczenia czasu mutacji w haplocyfie i stałego współczynnika czasu mutacji dla każdej widocznej mutacji, co niektórzy genetycy niestety praktykują.

Tabela 21 powolnych markerów w haplocyfie 67 markerowym

Table 21 slow markers in 67-markers haplotype

(w 1. i 2. kolumnie wykorzystano markery i poprawki tempa ich mutacji od A. Klosowa)

Locus	mut./25 lat	mut./rok	czas 1 mut. w latach	ilość mutacji równoczesnych
DYS425	0,00005	0,0000020	500 000	1,00
DYS436	0,00006	0,0000024	416 667	1,12
DYS426	0,00009	0,0000036	277 778	1,80
DYS490	0,00013	0,0000050	200 000	2,50
DYS454	0,00016	0,0000064	156 250	3,20
DYS455	0,00016	0,0000064	156 250	3,20
DYS578	0,00017	0,0000068	147 059	3,40
DYS641	0,00017	0,0000068	147 059	3,40
DYS590	0,00017	0,0000068	147 059	3,40
DYS594	0,00020	0,0000080	125 000	4,00
DYS388	0,00022	0,0000088	113 636	4,40
DYS492	0,00023	0,0000092	108 696	4,60
DYS395Sb	0,00025	0,0000100	100 000	5,00
DYS450	0,00029	0,0000116	86 207	5,80
DYS617	0.00050	0,0000200	50 000	10,00
DYS531	0.00050	0,0000200	50 000	10,00
DYS640	0,00051	0,0000204	49 020	10,20
DYS392	0,00052	0,0000208	48 077	10,40
DYS568	0,00053	0,0000212	47 170	10,60
DYS395Sa	0,00053	0,0000212	47 170	10,60
DYS438	0.00055	0,0000220	45 454	11,00
Razem 120 mutacji na 500.000 lat, tj. 1 mut. na 4167 lat				

Uwaga. Obliczanie czasu wymaga umiejętności liczenia mutacji i genetycznego dystansu do najbliższego wspólnego przodka – MRCA.

Attention. Time calculation requires counting skills mutations and genetic distance to the nearest common ancestor – MRCA.

Tabela czasu mutacji STR w 21 powolnych markerach

w zakresie 67 markerowego haplotypu. Wykres wykładniczy.

Podstawą obliczeń w tabeli jest statystycznie określona obecność jednej mutacji w najbardziej wolno mutującym markerze, DYS425 = 500000 lat, a tym samym i w pozostałych markerach tego haplotypu.

Table of mutations time in 21 slow markers

in scope of 67-markers haplotype STR. Exponential graph.

The basis of calculation in the table is statistically determined the presence of one mutation in the most slow mutating marker, DYS425 = 500,000 years, and thus, and other markers of this haplotype.

Obliczanie pełnego czasu mutacji (PCM) Calculation of full-time of mutations (FTM) 21-markerowy haplotyp STR		
GD od MRCA GD from MRCA	Czas widocznych mutacji i jego wykładniczy mnożnik, uzyskany z podstawy 1,0910543 ^(1...20)	Lata od MRCA Years from MRCA
1	4167 x 1	4 167
2	8334 x 1,0911	9 093
3	12501 x 1,1904	14 881
4	16668 x 1,2988	21 648
5	20835 x 1,4171	29 525
6	25002 x 1,5461	38 656
7	29169 x 1,6869	49 205
8	33336 x 1,8405	61 355
9	37503 x 2,0080	75 306
10	41670 x 2,1909	91 295
11	45837 x 2,3904	109 569
12	50004 x 2,6080	130 410
13	54171 x 2,8455	154 144
14	58338 x 3,1046	181 116
15	62505 x 3,3873	211 723
16	66672 x 3,6957	246 400
17	70839 x 4,0322	285 637
18	75006 x 4,3993	329 974
19	79173 x 4,8000	380 030
20	83340 x 5,2370	436 452
21	87507 x 5,71383	500 000