

Robert L. Dorit, Hiroshi Akashi und Walter Gilbert berichten in
Absence of Polymorphism at the ZFY Locus on the Human Y
Chromosome, *Science* 268, 1183–1185 (1995)

Ergebnisse einer genetischen Studie:

- Weltweite¹ Stichprobe von 38 Männern (*homo sapiens*)
- Ein 729 Basenpaare langes, nicht-kodierendes Stück des Y-Chromosoms (das 3. Intron des ZFY-Gens) wurde für jede Stichprobe sequenziert
- Es wurden keinerlei Mutationen gefunden: Alle 38 Stichproben identisch

¹Loc. cit., S. 1184: "Human DNA samples were obtained from male volunteers who donated hair follicle samples or from cell lines provided by L. L. Cavalli-Sforza and K. K. Kidd. Geographic origins were determined by interview. Whenever possible, geographic origins of parents and grandparents were also ascertained. The samples are grouped by continent of origin, and the number of individuals is given in parentheses. Africa: Nigeria* (1), Ivory Coast (1), Tanzania (1), Southern Africa (2), Algeria (1), Central African Republic* (2), African American (2); Americas: Mexico (2), Guatemala (1), Peru* (1), Argentina (1), Native American (2); Asia: China* (2), Korea (1), Japan* (2), Taiwan (2), Indonesia (1), India (1); Europe/Middle East: Ireland* (1), Belgium (1), Italy* (1), Spain (1), Russia* (2), Poland* (1), Saudi Arabia* (1), Turkey (1); South Pacific: Melanesia (1), New Guinea* (1), Australia* (1). (*) Indicates samples where the 3'-most zinc-finger exon was also sequenced."

R.L. Dorit, H. Akashi und W. Gilbert, *Science* 268:

- 38 Y-Chromosomen aus weltweiter Stichprobe, jeweils 729 Bp langes Stück des ZFY-Gens sequenziert, keine Mutationen in der Stichprobe sichtbar
- Inter-spezies-Vergleich mit Schimpanse, Gorilla, Orang-Utan (und Pavian als "outgroup") zeigt, dass am betrachteten Locus Mutationen vorkommen können
- Molekulare Uhr-Annahme und auf Fossilien beruhende Annahmen über die Zeit seit der Aufspaltung von der Vorfahren von Mensch und Schimpanse bzw. Orang-Utan ergeben geschätzte Rate von (fixierten) Mutationen

$1,35 \times 10^{-3}$ Mutationen pro Basenpaar pro Million Jahre

Was können wir angesichts dieser Beobachtungen über die Zeit bis zum jüngsten gemeinsamen Vorfahren der gezogenen 38 Y-Chromosomen (und damit implizit auch über den jgV aller heute lebenden Männer) sagen?

Sei t_{jgV} die Zeit (in Jahren) bis zum jüngsten gemeinsamen Vorfahren der 38 gezogenen Männer.

Wir verwenden den Koaleszenten als Modell der Genealogie.

1. A-priori-Verteilung Ohne Berücksichtigung der Beobachtungen würden wir annehmen, dass

$$T_{\text{jgV}} \stackrel{d}{=} S_{38} + S_{37} + \dots + S_2$$

wo T_{jgV} die Zeit (in Koaleszenten-Zeiteinheiten) bis zum jüngsten gemeinsamen Vorfahren, die S_k unabhängig mit $S_k \sim \text{Exp}\left(\binom{k}{2}\right)$

$$1 \text{ Koaleszenten-Zeiteinheit} \hat{=} N_{\text{eff}} \times g \text{ Jahre}$$

mit $N_{\text{eff}} \dots$ effektive Populationsgröße (für Männer),

$g \dots$ Generationslänge (in Jahren)

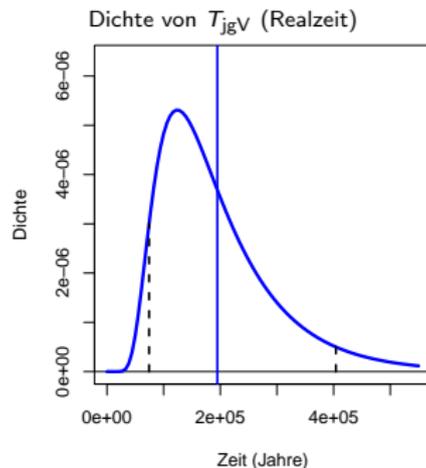
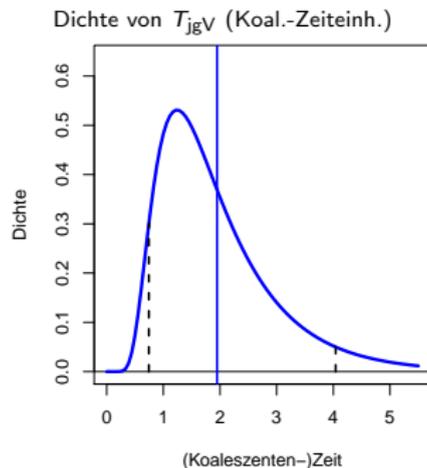
$$1. \text{ A-priori-Verteilung: } \mathcal{L}(T_{\text{jgV}}) = \sum_{k=2}^{38} \frac{1}{k} \text{Exp}\left(\frac{k}{2}\right)$$

$$\mathbb{E}[T_{\text{jgV}}] = \sum_{k=2}^{38} \frac{2}{k(k-1)} = 2\left(1 - \frac{1}{38}\right) = \frac{37}{19} \doteq 1,947,$$

5%-Quantil von T_{jgV} : $q_{0,05} \doteq 0,744$, 95%-Quantil: $q_{0,95} \doteq 4,041$.

Mit Annahmen $N_{\text{eff}} = 5.000$, $g = 20\text{a}$ übersetzt sich dies zu

MW $\doteq 195.000\text{a}$, $q_{0,05} \doteq 74.000\text{a}$, $q_{0,95} \doteq 404.000\text{a}$



Wir verwenden den Koaleszenten als Modell der Genealogie.

2. A-posteriori-Verteilung $S_k \dots$ Länge des Zeitintervalls (in Koaleszenten-Zeiteinheiten) währenddessen k Linien in der Genealogie, $M_k \dots$ Anzahl Mutationen, die während dieses Intervalls in der Genealogie auftreten

Gegeben $S_k = t$ ist M_k Poisson-verteilt mit Parameter $tk\frac{\theta}{2}$, d.h.

$$\mathbb{P}(M_k = m | S_k = t) = \exp\left(-tk\frac{\theta}{2}\right) \frac{\left(tk\frac{\theta}{2}\right)^m}{m!}$$

wobei

$$\theta = 2N_{\text{eff}} \times g \times \mu$$

mit N_{eff} effektive Populationsgröße, g Generationslänge (in Jahren), μ Mutationsrate der betrachteten Region im Genom (pro Jahr)

(und gegeben S_2, \dots, S_n sind M_2, \dots, M_n unabhängig)

Frage: Wie ist $S_{38} + \dots + S_2$ verteilt, gegeben dass $M_{38} + \dots + M_2 = 0$?

2. A-posteriori-Verteilung: $S_k \sim \text{Exp}\left(\binom{k}{2}\right)$, $\mathcal{L}(M_k | S_k = t) = \text{Poi}(tk\theta/2)$, dann ist

$$\mathbb{P}(M_k = m) = \frac{k-1}{k-1+\theta} \left(\frac{\theta}{k-1+\theta} \right)^m, \quad m \in \mathbb{N}_0$$

d.h. $\mathcal{L}(M_k) = \text{Geom}\left(\frac{k-1}{k-1+\theta}\right)$ und

$$\mathcal{L}(S_k | M_k = 0) = \text{Exp}\left(\frac{k(k-1+\theta)}{2}\right)$$

($\theta = 2N_{\text{eff}} \times g \times \mu$).

Bedingt auf $M_2 = \dots = M_{38} = 0$ sind S_2, \dots, S_{38} (weiterhin) unabhängig.

Demnach: Verteilung der Zeit bis zum jüngsten gemeinsamen Vorfahren (in Koaleszenten-Zeiteinheiten), bedingt auf $M := M_2 + \dots + M_{38} = 0$ ist

$$T_{\text{jgV}} | \{M=0\} \stackrel{d}{=} S'_{38} + S'_{37} + \dots + S'_2$$

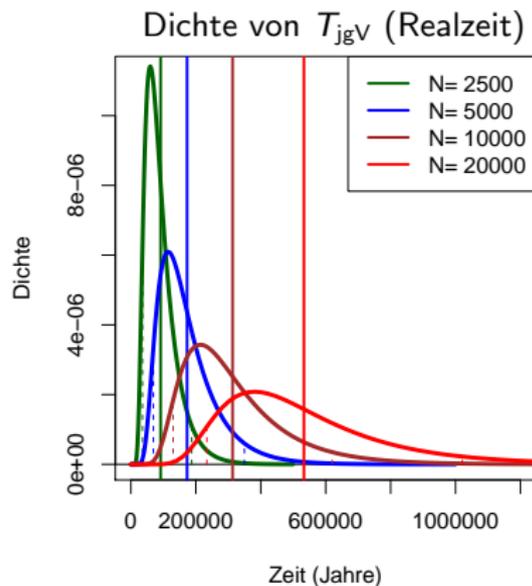
mit S'_k u.a., $S'_k \sim \text{Exp}\left(\frac{k(k-1+\theta)}{2}\right)$.

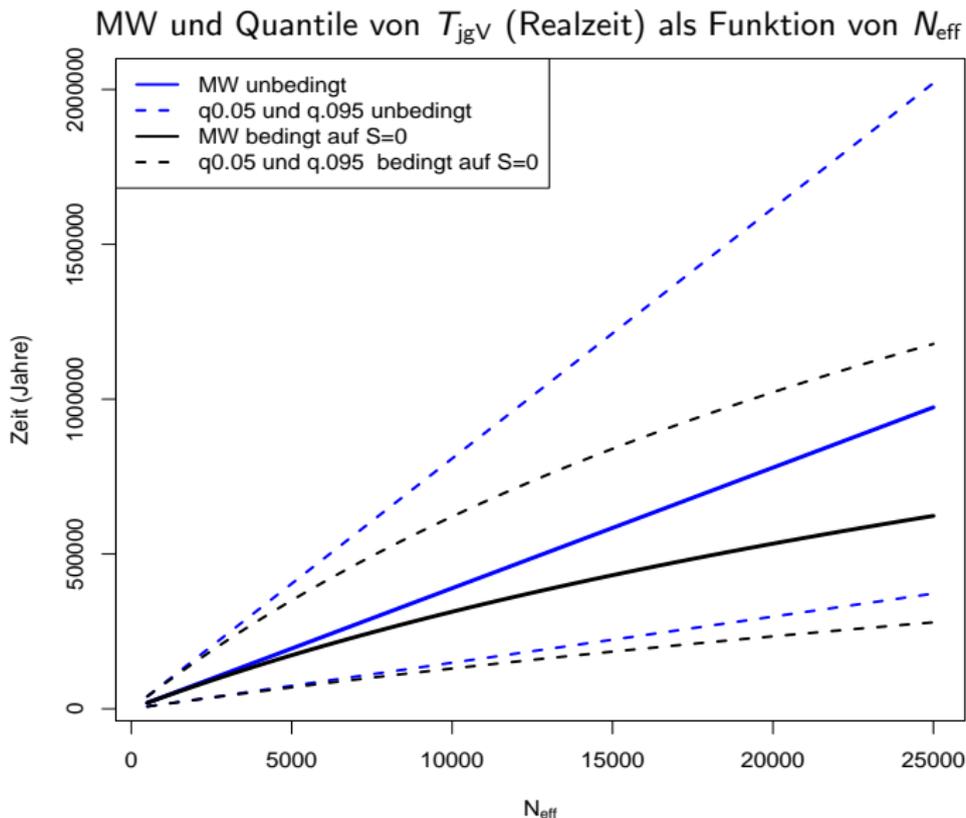
2. A-posteriori-Verteilung: $\mathcal{L}(T_{\text{jgV}}|M=0) = \sum_{k=2}^{38} \text{Exp}\left(\frac{k(k-1+\theta)}{2}\right)$ mit

$$\theta = 2N_{\text{eff}} \times g \times \mu.$$

Wir fixieren $g = 20\text{a}$, $\mu = 729 \times 1,35 \cdot 10^{-9}\text{a}^{-1} \doteq 0,98 \cdot 10^{-6}\text{a}^{-1}$ (aus Dorit et al (1995), diese Werte waren auch in der Literatur unstrittig), so hängt die bedingte Verteilung von T_{jgV} (und nicht nur ihre „Übersetzung in Realzeit“) vom Parameter N_{eff} ab.

| N_{eff} | EW | $q_{0,05}$ | $q_{0,95}$ |
|------------------|---------|------------|------------|
| 2.500 | 91.519 | 35.851 | 187.369 |
| 5.000 | 173.007 | 69.263 | 349.909 |
| 10.000 | 313.234 | 130.095 | 620.279 |
| 20.000 | 532.785 | 233.853 | 1.020.819 |





Insbesondere: Die Verteilung von T_{jgV} hängt in nicht-linearer Weise von N_{eff} ab.

Literatur

- Robert L. Dorit, Hiroshi Akashi und Walter Gilbert, Absence of Polymorphism at the ZFY Locus on the Human Y Chromosome, *Science* 268, 1183–1185 (1995)
- Diskussionsbeiträge (“technical comments”) dazu in *Science* 272, 1356–1362 (1996) von
 - ▶ Y.-X. Fu, W.-H. Li
 - ▶ P. Donnelly, S. Tavaré, D.J. Balding, R.C. Griffiths
 - ▶ G. Weiss, A. von Haeseler
 - ▶ J. Rogers, P.B. Samollow, A.G. Comuzzie
- Kapitel 8.1 in J. Wakeley, *Coalescent Theory: An Introduction*, Roberts & Company, 2008