Das Online-Tool „Exploring Family Trees“

Eine kurze Einführung

Vortrag im Rahmen der „ROLAND-Werkstatt“ am 22.05.2020 um 18 Uhr (online)

Heiko Hungerige
Postfach 10 11 43
D-44711 Bochum

☎ (0174) 390 45 65

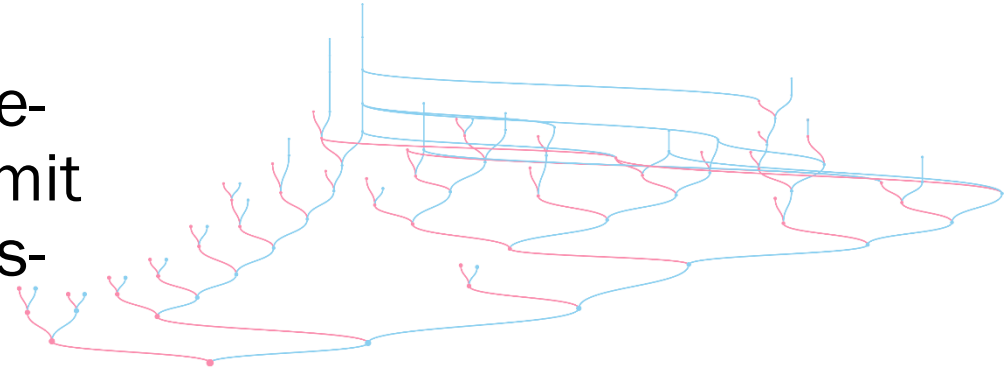
FamilieHungerige@public-files.de

Genealogische Visitenkarte:
http://wiki-de.genealogy.net/Benutzer:Heiko

Messenger: Telegram; Threema

Roland zu Dortmund
Genealogisch-heraldische Arbeitsgemeinschaft e.V.

Exploring Family Trees im Überblick



- Kostenloses Online-Analyse-Tool für GEDCOM-Dateien mit interaktiven Visualisierungs-möglichkeiten
- Entwickelt von Bradford F. Lyon, Ph. D. (Mathematiker und Spezialist für Datenvisualisierung)
- Insbesondere für Ahnentafeln mit Mehrfachahnen (MFA) (Ahnenverlust; Ahnengleichheit; Implex; „pedigree collapse“)
  - Analyse von Verwandtenehen; theoretische DNA-Anteile
- Nach Angaben des Entwicklers werden GEDCOM-Dateien nur im Arbeitsspeicher des Computers geladen, nicht dauerhaft gespeichert
- http://learnforeverlearn.com/ancestors

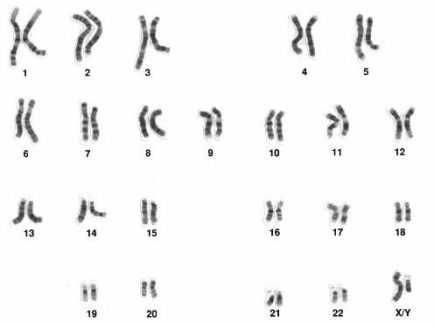
Analysiert werden können …

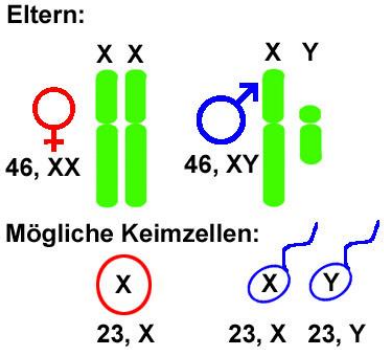
- Beispiel-GEDCOMs
  - Vorfahren von Prinz Harry
  - Vorfahren von Prinz Charles
  - Nachfahren von Königin Victoria
  - Vorfahren von Kleopatra VII.
  - Vorfahren von Karl II. von Spanien
  - Vorfahren von Winston Churchill
  - Gemeinsame Vorfahren aller US-Präsidenten
  - Nachfahren von Gerontius Tuk (Großvater von Bilbo Beutlin)
- Eigene GEDCOM-Dateien

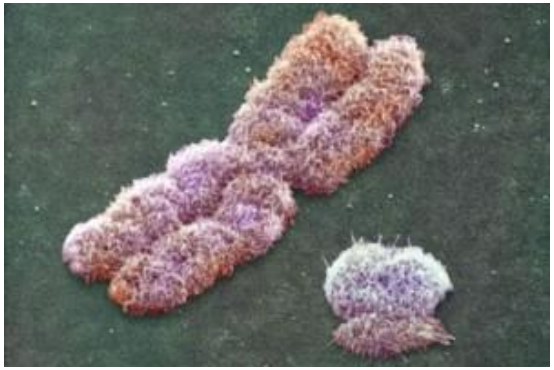
… und zwar u.a. hinsichtlich:

- Verwandtschaftsbeziehung von Personen untereinander
- Häufigkeit eines Mehrfachahnen
  - insgesamt
  - pro Generation
- Verwandtenehen
- Durchschnittl. Anteil der von Vorfahren geerbten DNA (*autosomal*)
- Durchschnittl. Anteil der von Vorfahren geerbten DNA (*X-chromosomal*)
- u.v.m.

Kleiner Exkurs:
Erbgang der Geschlechtschromosomen







Generation k

Stammlinie
Erbgang: Y-Chromosom
(männl. Proband)

statistisch möglicher
Erbgangsbereich: X_1-Chromosom
(weibl. Proband)

Wahrscheinlichster
Erbgang des
X-Chromosoms

statistisch möglicher
Erbgangsbereich: X_2-Chromosom
(weibl Prob.) und X -Chromosom (männl. Prob.)

Erbgang
mtDNA

Proband
(männl. oder weibl.)

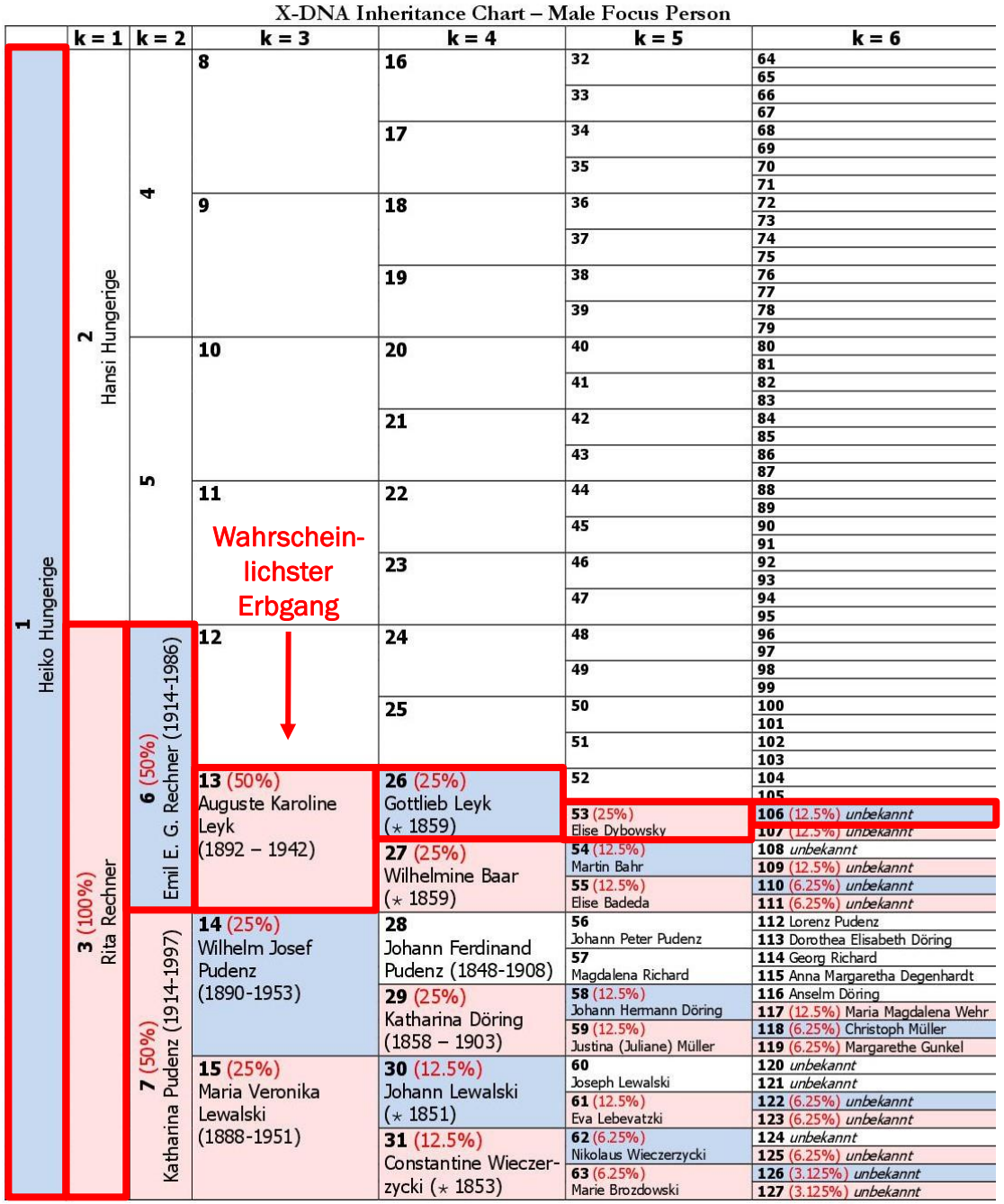
AN_y: 1 – 2 – 4 – 8 – 16 – 32 – 64 – 128 – 256 ...

AN_X: 1 – 3 – 6 – 13 – 26 – 53 – 106 – 212 – 425 ...

AN_{mtDNA}: 1 – 3 – 7 – 15 – 31 – 63 – 127 – 255 – 511 ...

aus: Richter (1979)

Mögl. Erbgänge „meines“ X-Chromosoms



Der besondere Erbgang des X-Chromosoms wurde erstmals von Arndt Richter (1979) (München) beschrieben und unabhängig davon 2005 von Luke A. D. Hutchison „wiederentdeckt“.

In der Folge wurden dann sog. „X-DNA Inheritance Charts“ online gestellt, u. a. von Blaine Bettinger (2009), Debbie Parker Wayne (2013), Sue Griffith (2013) und Jim Turner.

Arbeitsblätter dazu auf der TNG-Homepage des ROLAND:

https://tng.rolandgen.de/documents/Hungerige%20%282019%29%2C%20X%20Inheritance%20Chart%20Male%20and%20Female%20colored%20Template.pdf

X-DNA Inheritance Chart – Female Focus Person

	k = 1	k = 2	k = 3	k = 4	k = 5	k = 6
1	2 (50%)	4	8	16	32	64
						65
					33	66
						67
				17	34	68
						69
					35	70
						71
			9	18	36	72
						73
					37	74
						75
				19	38	76
						77
					39	78
						79
		5 (50%)	10 (25%)	20	40	80
						81
					41	82
						83
				21 (25%)	42 (12.5%)	84
						85 (12.5%)
					43 (12.5%)	86 (6.25%)
						87 (6.25%)
			11 (25%)	22 (12.5%)	44	88
						89
					45 (12.5%)	90 (6.25%)
						91 (6.25%)
				23 (12.5%)	46 (6.25%)	92
						93 (6.25%)
					47 (6.25%)	94 (3.125%)
						95 (3.125%)
	3 (50%)	6 (25%)	12	24	48	96
						97
					49	98
						99
				25	50	100
						101
					51	102
						103
			13 (25%)	26 (12.5%)	52	104
						105
					53 (12.5%)	106 (6.25%)
						107 (6.25%)
				27 (12.5%)	54 (6.25%)	108
						109 (6.25%)
					55 (6.25%)	110 (3.125%)
						111 (3.125%)
		7 (25%)	14 (12.5%)	28	56	112
						113
					57	114
						115
				29 (12.5%)	58 (6.25%)	116
						117 (6.25%)
					59 (6.25%)	118 (3.125%)
						119 (3.125%)
			15 (12.5%)	30 (6.25%)	60	120
						121
					61 (6.25%)	122 (3.125%)
						123 (3.125%)
				31 (6.25%)	62 (3.125%)	124
						125 (3.125%)
					63 (3.125%)	126 (1.563%)
						127 (1.563%)

Each ancestor whose box is colored may have contributed X-DNA segments to the female focus person. Potentially contributing male ancestors are colored in blue and female ancestors in pink. Approximate percentage of X-DNA passed to the next generations is shown in (parentheses). Ahnentafel numbers are shown on the left. The numbering of the ancestor generations begins only with the parent generation (k = 1), the starting person does not receive a generation number (k = „0").

All possible inheritance lines of the X chromosomes were first published by Arndt Richter, Munich, in 1979: „Genetically preferred Ancestral Lines in Sexual Beings" (http://www.genetalogie.de/artikel/html/ar_afs79/eng_afs79.htm)

Attribution-NonCommercial-ShareAlike, CC BY-NC-SA – Heiko Hungerige, Version Date: 2018-10-09. Modified from charts created by Sue Griffith (http://www.genealogyjunkie.net/downloads.html) and Debbie Parker Wayne (http://debsdelvings.blogspot.com/2013/10/x-dna-inheritance-charts.html), based on Fan charts created by Blaine Bettinger, JD, PhD (http://www.thegeneticgenealogist.com/2009/01/12/more-x-chromosome-charts/).

X-DNA Inheritance Chart – Male Focus Person

	k = 1	k = 2	k = 3	k = 4	k = 5	k = 6
1	2	4	8	16	32	64
						65
					33	66
						67
				17	34	68
						69
					35	70
						71
			9	18	36	72
						73
					37	74
						75
				19	38	76
						77
					39	78
						79
		5	10	20	40	80
						81
					41	82
						83
				21	42	84
						85
					43	86
						87
			11	22	44	88
						89
					45	90
						91
				23	46	92
						93
					47	94
						95
	3 (100%)	6 (50%)	12	24	48	96
						97
					49	98
						99
				25	50	100
						101
					51	102
						103
			13 (50%)	26 (25%)	52	104
						105
					53 (25%)	106 (12.5%)
						107 (12.5%)
				27 (25%)	54 (12.5%)	108
						109 (12.5%)
					55 (12.5%)	110 (6.25%)
						111 (6.25%)
		7 (50%)	14 (25%)	28	56	112
						113
					57	114
						115
				29 (25%)	58 (12.5%)	116
						117 (12.5%)
					59 (12.5%)	118 (6.25%)
						119 (6.25%)
			15 (25%)	30 (12.5%)	60	120
						121
					61 (12.5%)	122 (6.25%)
						123 (6.25%)
				31 (12.5%)	62 (6.25%)	124
						125 (6.25%)
					63 (6.25%)	126 (3.125%)
						127 (3.125%)

Each ancestor whose box is colored may have contributed X-DNA segments to the male focus person. Potentially contributing male ancestors are colored in blue and female ancestors in pink. Approximate percentage of X-DNA passed to the next generations is shown in (parentheses). Ahnentafel numbers are shown on the left. The numbering of the ancestor generations begins only with the parent generation (k = 1), the starting person does not receive a generation number (k = „0").

All possible inheritance lines of the X chromosomes were first published by Arndt Richter, Munich, in 1979: „Genetically preferred Ancestral Lines in Sexual Beings" (http://www.genetalogie.de/artikel/html/ar_afs79/eng_afs79.htm)

Attribution-NonCommercial-ShareAlike, CC BY-NC-SA – Heiko Hungerige, Version Date: 2018-10-09. Modified from charts created by Sue Griffith (http://www.genealogyjunkie.net/downloads.html) and Debbie Parker Wayne (http://debsdelvings.blogspot.com/2013/10/x-dna-inheritance-charts.html), based on Fan charts created by Blaine Bettinger, JD, PhD (http://www.thegeneticgenealogist.com/2009/01/12/more-x-chromosome-charts/).

Weiter geht‘s gleich online …

- http://learnforeverlearn.com/ancestors
- … mit der Ahnentafel meiner Großmutter Katharina Pudenz (1914 – 1997) als Beispiel
- Online als pdf ist diese Präsentation auf der TNG-Homepage des „Roland zu Dortmund“ zu finden: https://tng.rolandgen.de/documents/ROLAND-Vortrag%2022-05-2020%20Hungerige%20EFZ.pdf
- Dort auch alle Literaturangaben unter: https://tng.rolandgen.de/documents/Literaturliste%20Genealogie%20GESAMT.pdf
- Doch zunächst noch eine kurze Erklärung, wie die Angaben in EFT zu lesen sind …

Katharina Pudenz, verh. Rechner
1943 in Breslau

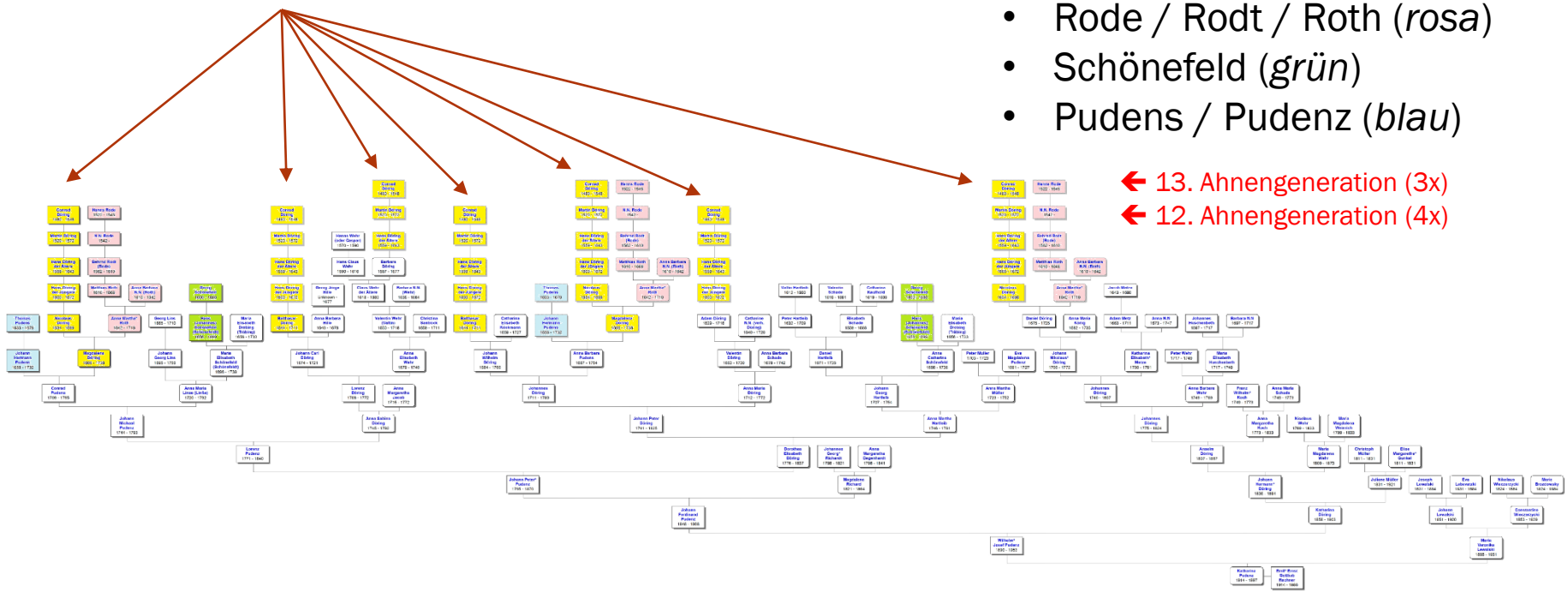
Die Ahnentafel in „üblicher“ Darstellung

Zum Beispiel:

7x Conrad Döring (* um 1480)

Mehrfachahnen in den Linien

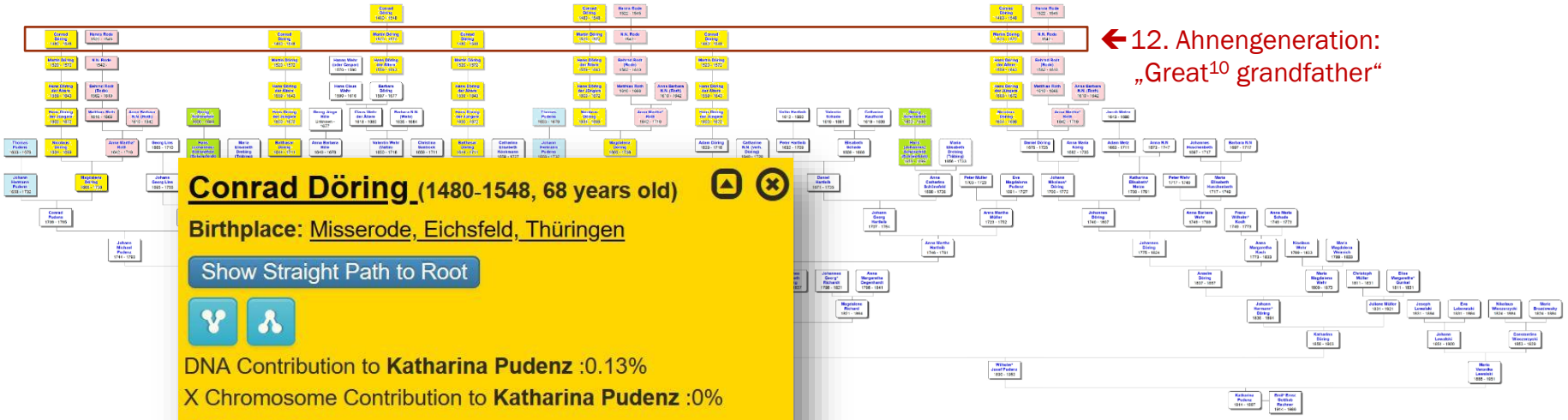
- Döring (*gelb*)
- Rode / Rodt / Roth (*rosa*)
- Schönefeld (*grün*)
- Pudens / Pudenz (*blau*)



- Die „übliche“ Darstellung von Ahnentafeln mit Mehrfachahnen führt zu „Ahnenschläuchen“
- Ahnenimplex (Ahnengleichheit)

Wie sind die Angaben in EFT zu lesen?

- In der 12. Generation gibt es theor. $2^{12-1} = 2^{11} = 2.048$ Ahnen (**„Expected“**)
- Davon sind nur 10 bekannt (**„Found“**):
  4x Conrad Döring, 1x Hanns Rode, 3x Martin Döring, 2x N.N. Rode = 10
  3 zuviel 0 zuviel 2 zuviel 1 zuviel = 6
- also 6 „Duplikate“ (**„Duplicates“**)
- und es „fehlen“ 2.048 – 10 = 2.038 Ahnen (**„Missing“**)



Conrad Döring (1480-1548, 68 years old)

Birthplace: Misserode, Eichsfeld, Thüringen

Show Straight Path to Root

DNA Contribution to **Katharina Pudenz** :0.13%

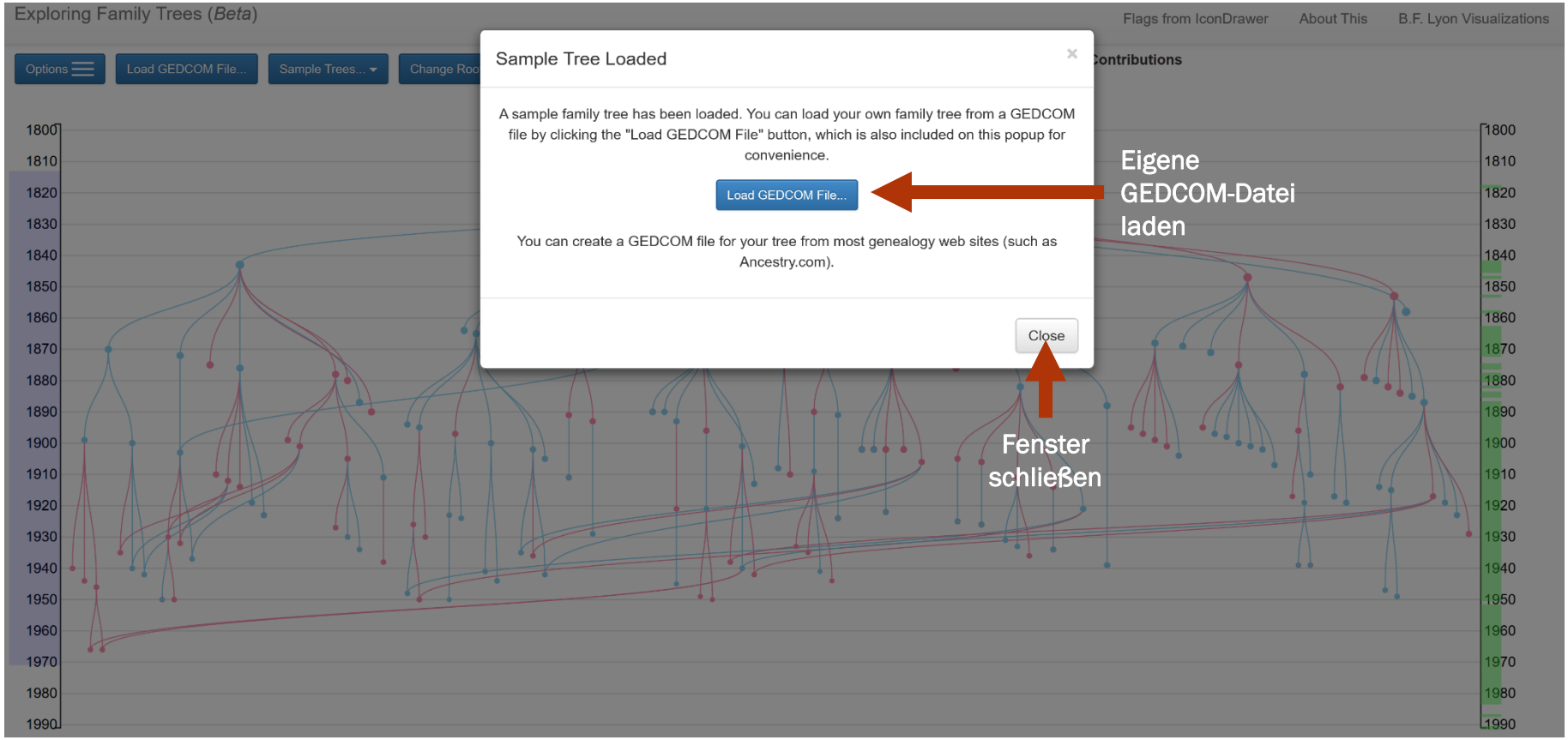
X Chromosome Contribution to **Katharina Pudenz** :0%

Relationship to Root Person	Expected	Found	Duplicates	Missing
Great^{10} grandfather (4 times)	2,048	10	6	2,038
Great^{11} grandfather (3 times)	4,096	5	3	4,091

"Expected" value is without regard to pedigree collapse

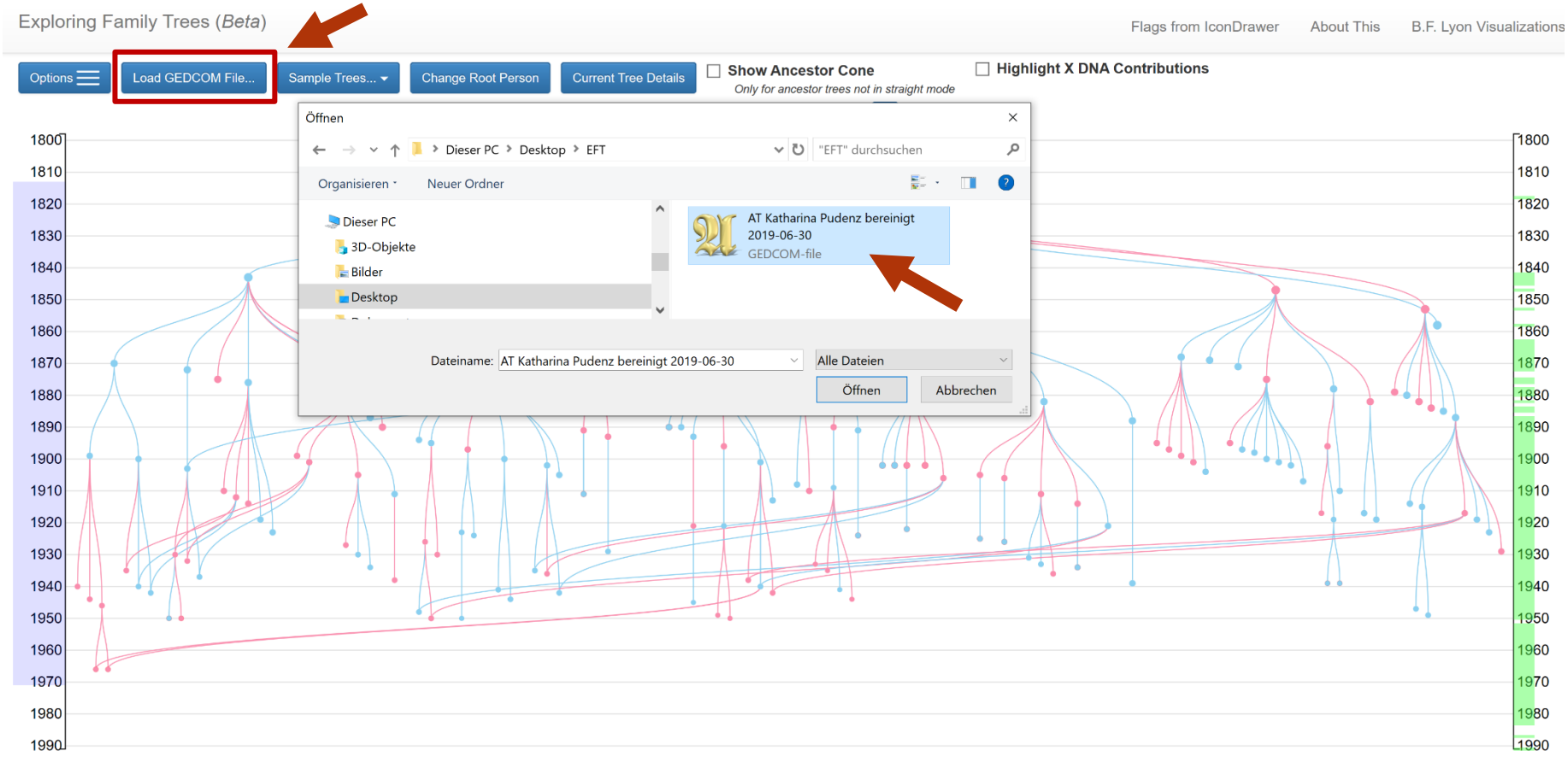
Erster Aufruf der Website von EFT

- Ein Beispiel-Stammbaum wurde geladen. Sie können Ihren eigenen Stammbaum aus einer GEDCOM-Datei laden, indem Sie auf die Schaltfläche **„Load GEDCOM File …“** („GEDCOM-Datei laden“) klicken, die der Einfachheit halber auch in diesem Popup enthalten ist.
- Sie können auf den meisten Genealogie-Websites (z. B. Ancestry.com) eine GEDCOM-Datei für Ihren Stammbaum erstellen.



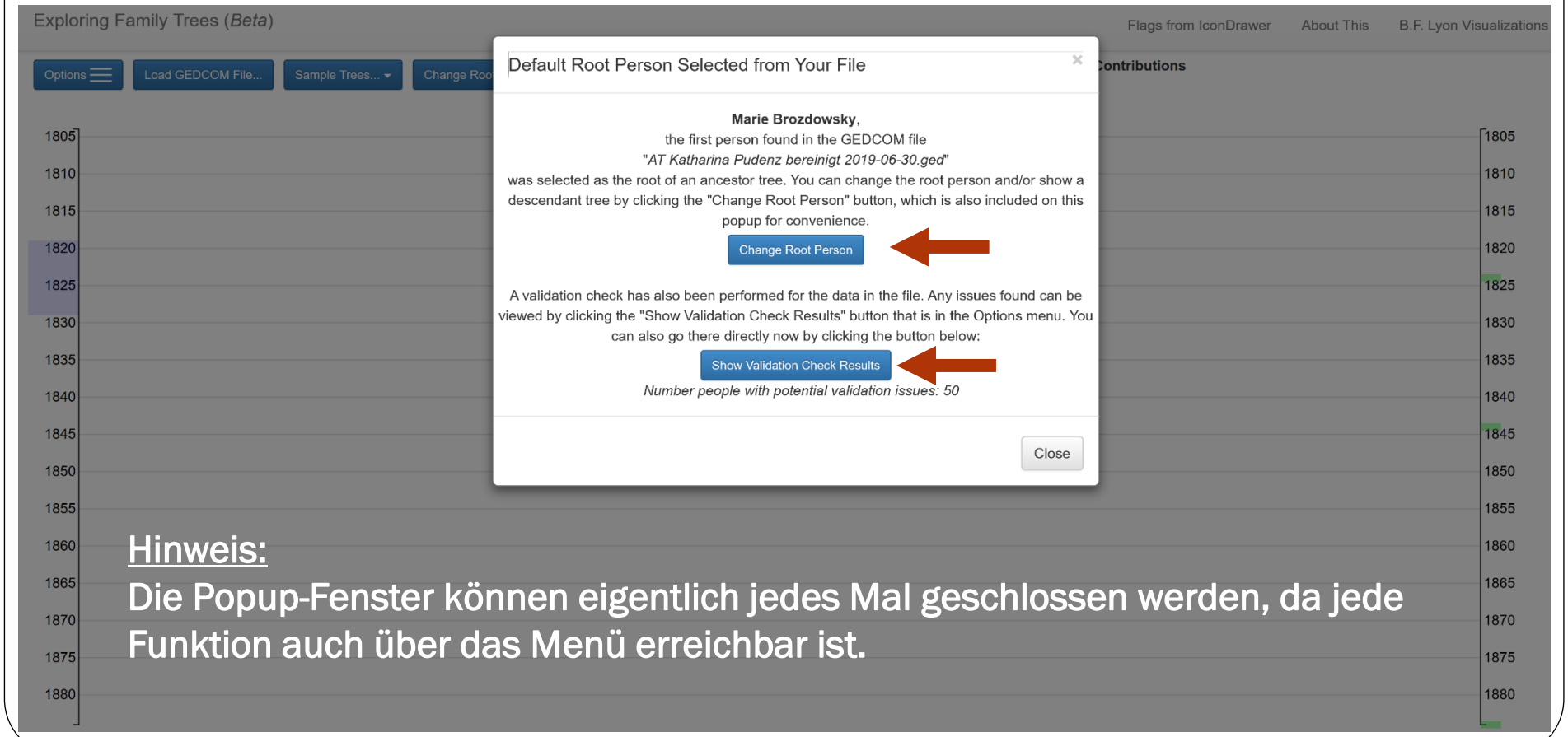
Laden einer eigenen GEDCOM-Datei (1)

- Über **„Load GEDCOM File …“** („GEDCOM-Datei laden“) kann jederzeit eine GEDCOM-Datei vom eigenen PC / Laptop geladen werden.
- Die Datei wird nur in den Arbeitsspeicher des PCs geladen und nicht über das Internet weitergegeben oder gespeichert.



Laden einer eigenen GEDCOM-Datei (2)

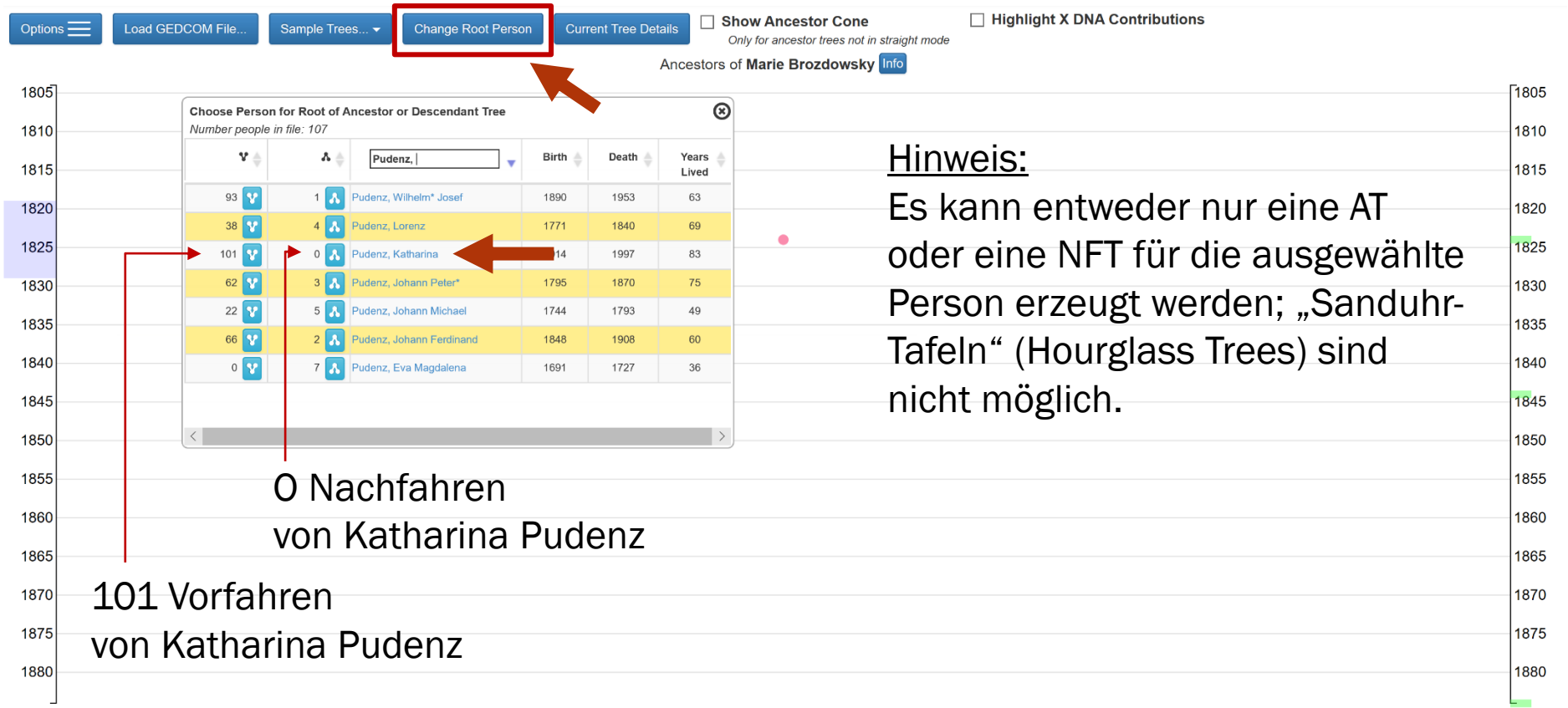
- Als Ausgangspunkt der Ahnentafel (**„Root Person“**) wird von EFT die Person gewählt, die als erste (nach Alphabet) in der GEDCOM-Datei zu finden ist, in diesem Fall *Marie Brozdowsky*.
- Da der Ausgangspunkt der AT aber *Katharina Pudenz* sein soll, muss dies über **„Change Root Person“** („Ausgangsperson ändern“) geändert werden.



<u>Hinweis:</u>
Die Popup-Fenster können eigentlich jedes Mal geschlossen werden, da jede Funktion auch über das Menü erreichbar ist.

Laden einer eigenen GEDCOM-Datei (3)

- Über **„Change Root Person“** kann die Ausgangsperson (Proband) für eine Ahnen- oder Nachfahrentafel (AT/NFT) ausgewählt werden.
- Für die Beispiel-Person *Katharina Pudenz* werden 101 Vorfahren und 0 Nachfahren angegeben.
- Ein Klick auf die hellblauen Icons erzeugt entweder eine AT oder eine NFT (in diesem Beispiel wenig sinnvoll) für die ausgewählte Person.

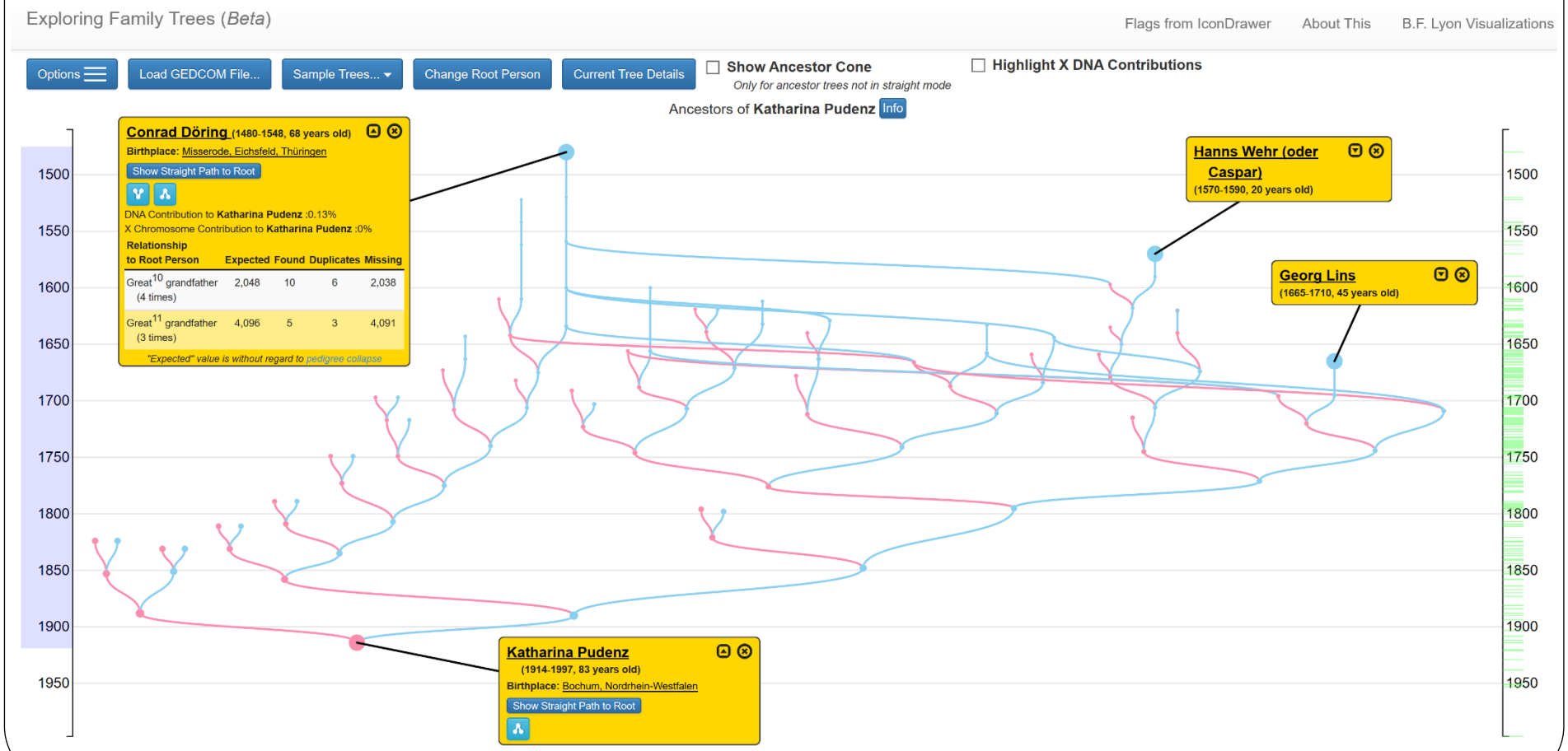


<u>Hinweis:</u>

Es kann entweder nur eine AT oder eine NFT für die ausgewählte Person erzeugt werden; „Sanduhr-Tafeln“ (Hourglass Trees) sind nicht möglich.

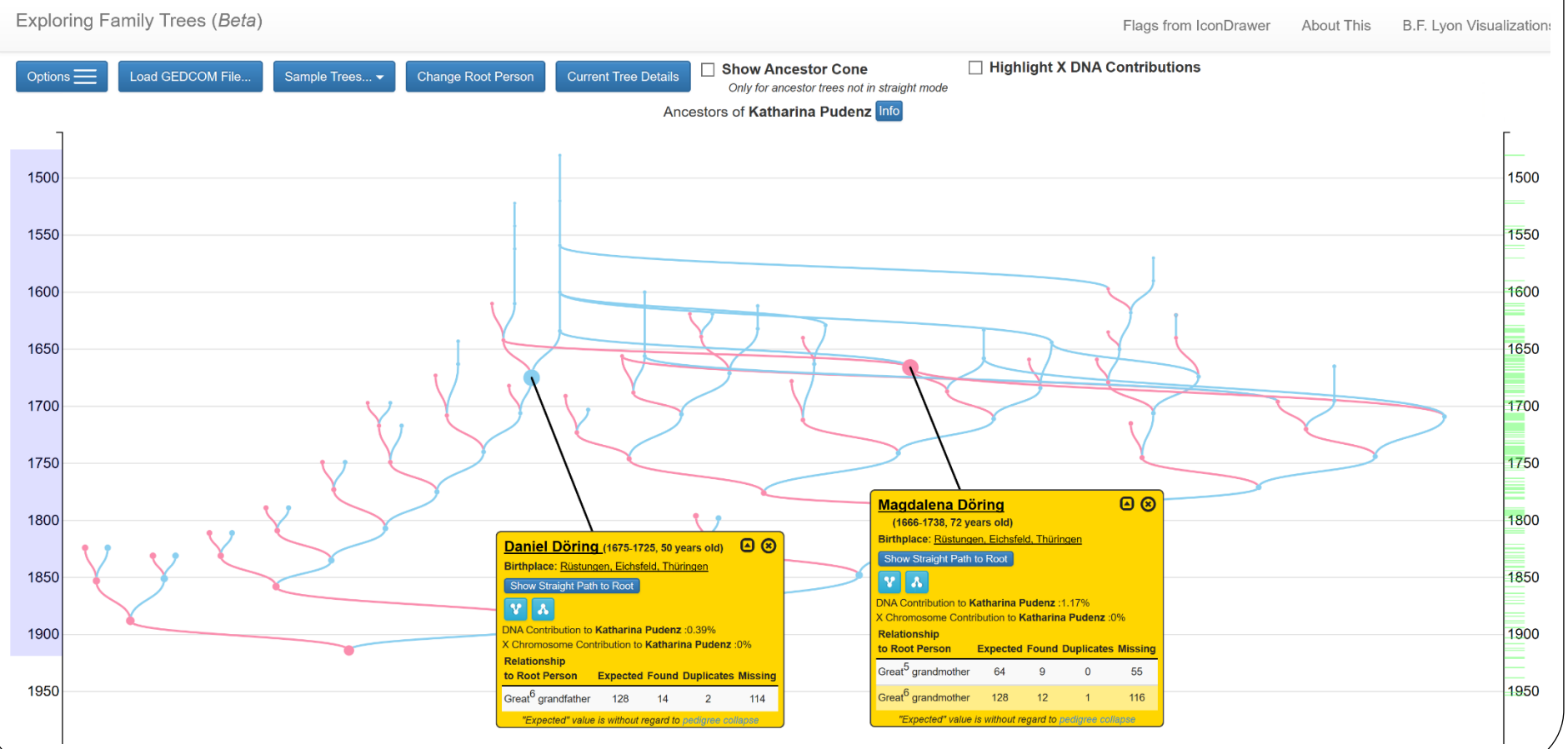
Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (1)

- Fährt man mit dem Mauszeiger über die einzelnen Personen-Punkte, lassen sich Angaben zu der betreffenden Person anzeigen (s.o.).
- Diese Info-Kästen können „ausgeklappt“ bzw. „eingeklappt“ werden und lassen sich auch „anpinnen“.

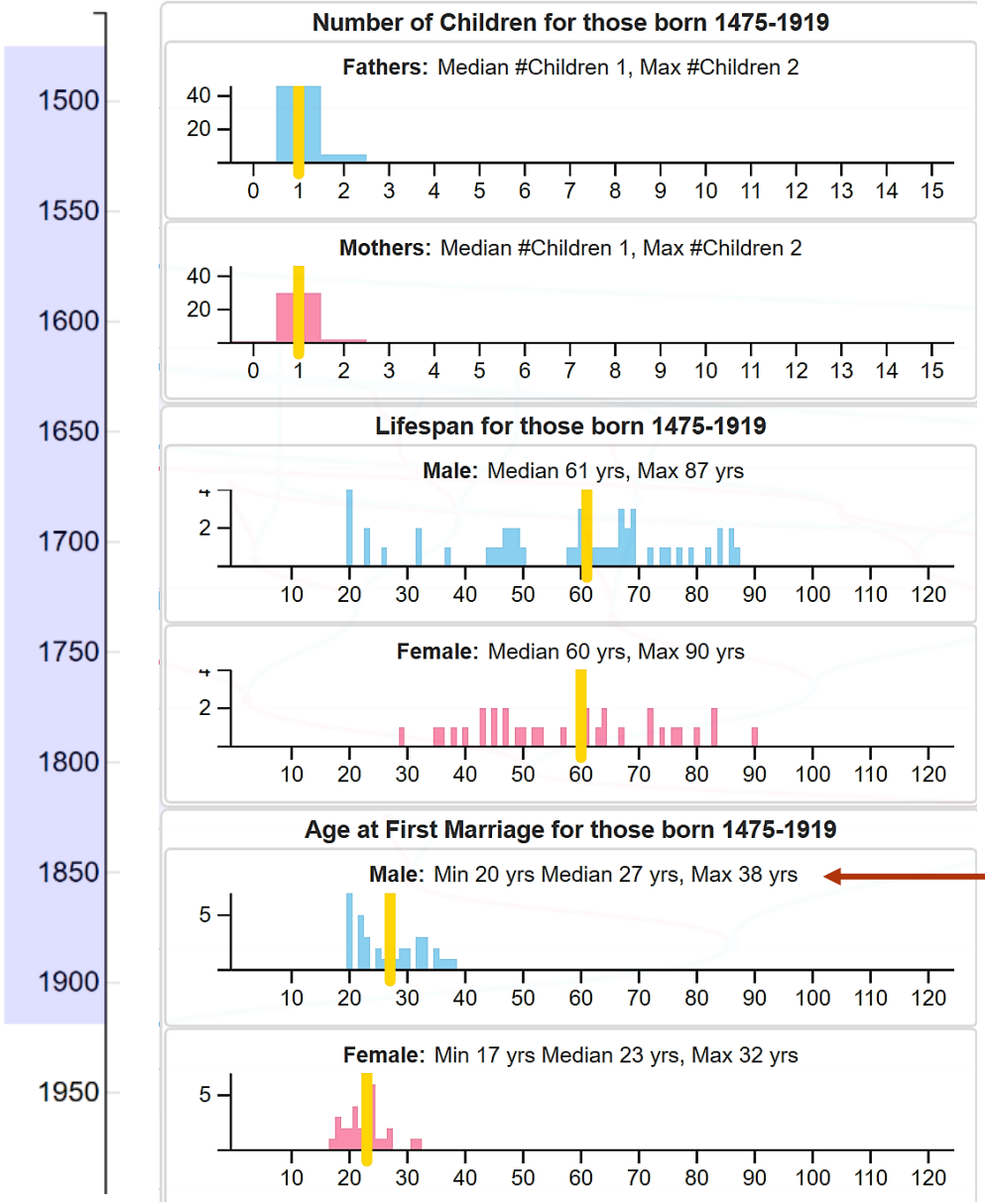


Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (2)

- „Querverbindungen“ in der AT zeigen immer „Ahnengeschwister“ an, also Geschwister, deren Nachfahren später wieder untereinander geheiratet haben („Verwandtenehen“).
- Ahnengeschwister (hier: Daniel und Magdalena Döring) in einer AT sind also stets Auslöser für einen *Ahnenimplex*, da sie dieselben Eltern haben.



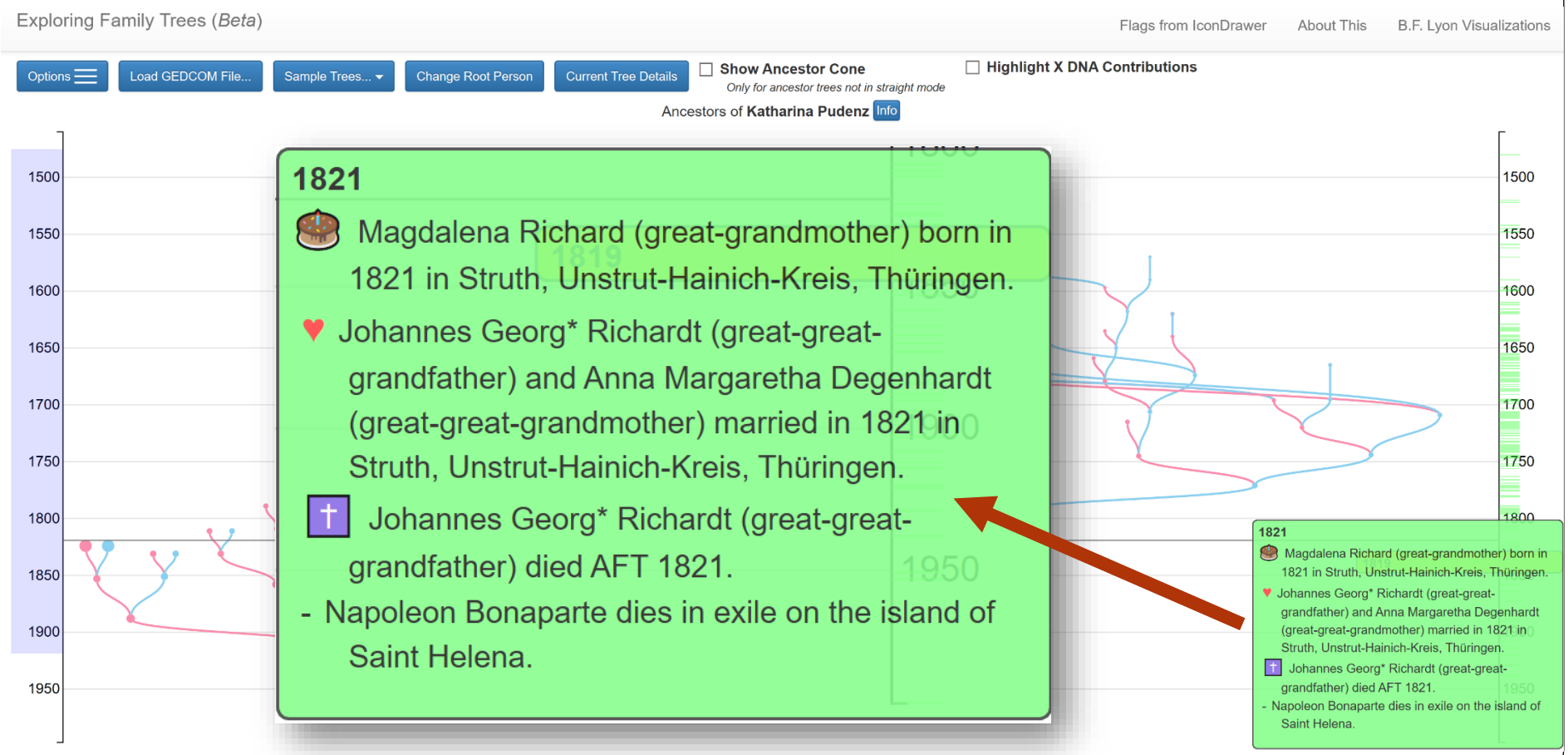
Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (3)



- Fährt man mit dem Mauszeiger über die Zeitleiste am <u>linken</u> Rand, werden statistische Informationen zu den Personen aus der gesamten GEDCOM angezeigt, und zwar:
  - Anzahl der Kinder (getrennt für Väter und Mütter)
  - Lebensspanne (getrennt nach m/w)
  - Alter bei der 1. Heirat (getrennt nach m/w)
- <u>Hinweis:</u> Angegeben wird nicht der *Mittelwert*, sondern der *Median*, also der Wert, der die Personen in zwei gleich große Hälften teilt. (Ein Median von 27 Jahren zum Zeitpunkt der 1. Heirat bei den Männern bedeutet, dass 50% der Männer bei ihrer 1. Heirat jünger als 27 Jahre waren und 50% 27 Jahre oder älter.)

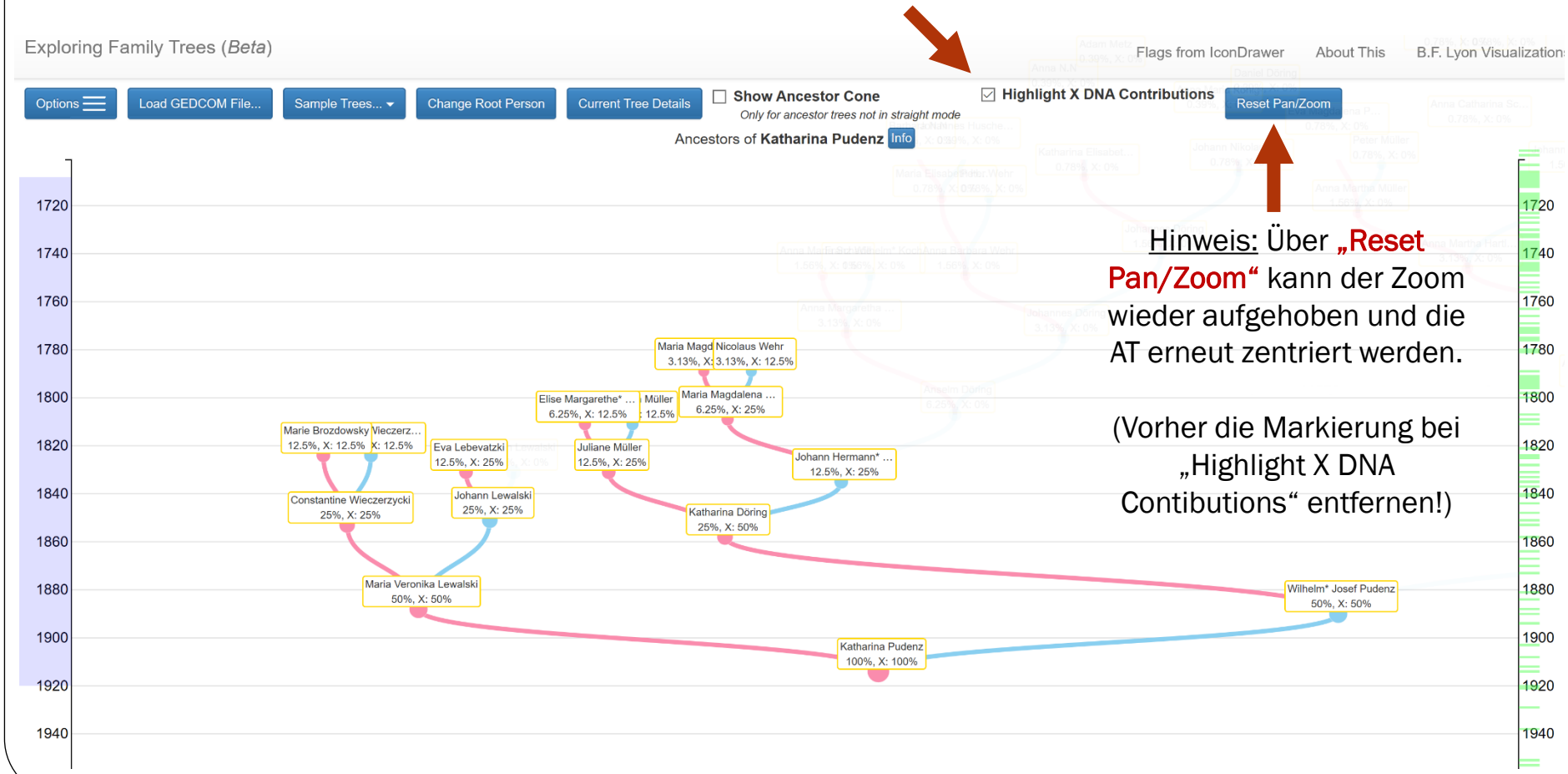
Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (4)

- Fährt man mit dem Mauszeiger über die Zeitleiste am <u>rechten</u> Rand, werden historische Informationen angezeigt, und zwar:
  - aus der GEDCOM (Geburt, Heirat, Tod von Personen)
  - aus der Weltgeschichte (z.B. Napoleon stirbt auf St. Helena)



Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (5)

- Über **„Highlight X DNA Contributions“** kann der X-chromosomale Erbgang angezeigt werden.
- Die (Teil-)AT kann mit der Maus verschoben und mit dem Mausrad vergrößert/verkleinert werden.

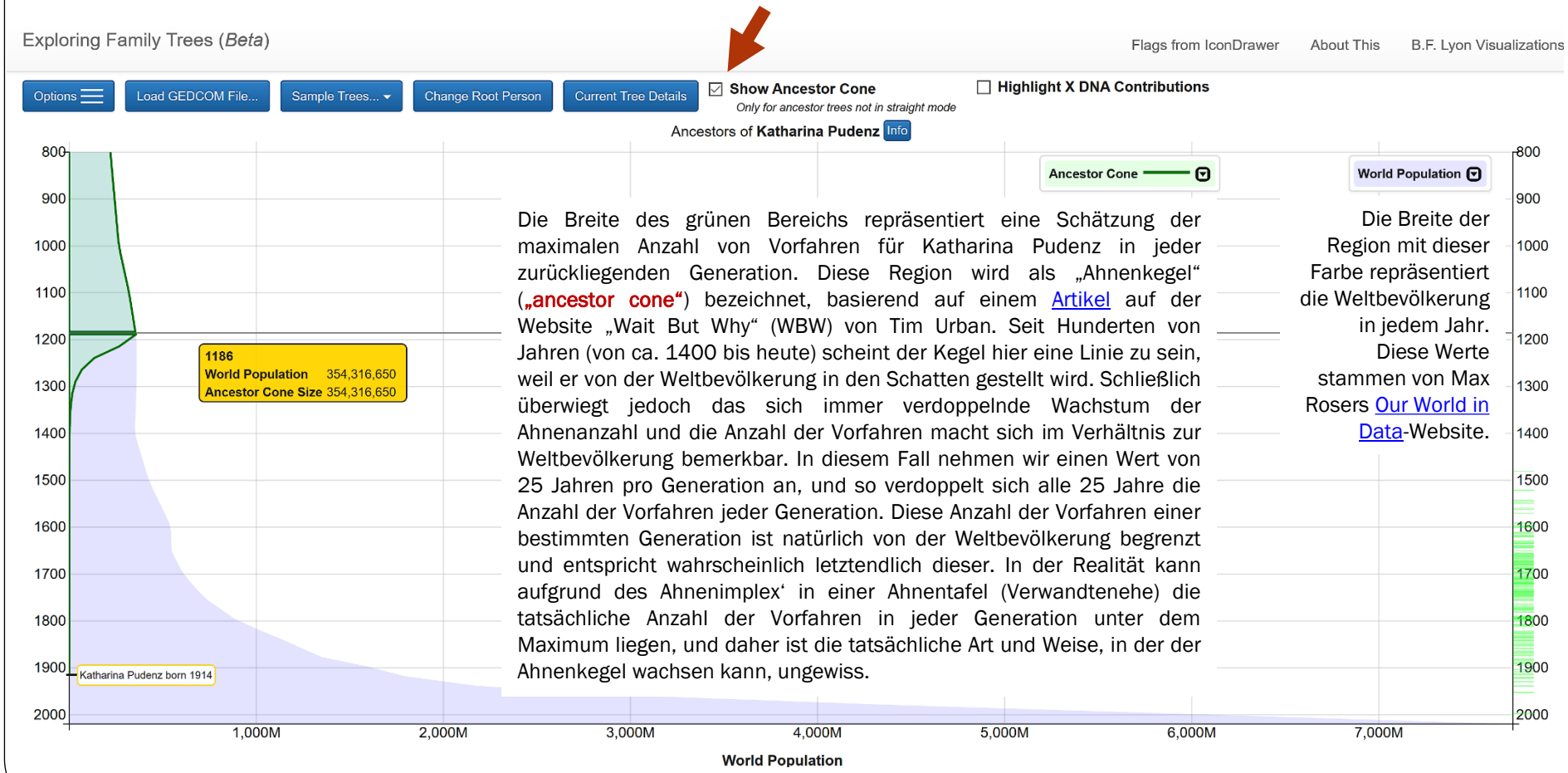


Hinweis: Über **„Reset Pan/Zoom“** kann der Zoom wieder aufgehoben und die AT erneut zentriert werden.

(Vorher die Markierung bei „Highlight X DNA Contibutions“ entfernen!)

Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (6)

- Über **„Show Ancestor Cone“** kann ein sog. „Ahnenkegel“ angezeigt werden.
- <u>Beispiel:</u> Im Jahr 1186 entsprach die Anzahl der *theoretisch zu erwartenden* Ahnen von Katharina Pudenz genau der vermutlichen Weltbevölkerung: 354.316.650. (Ahnenimplex ist hier nicht berücksichtigt!)

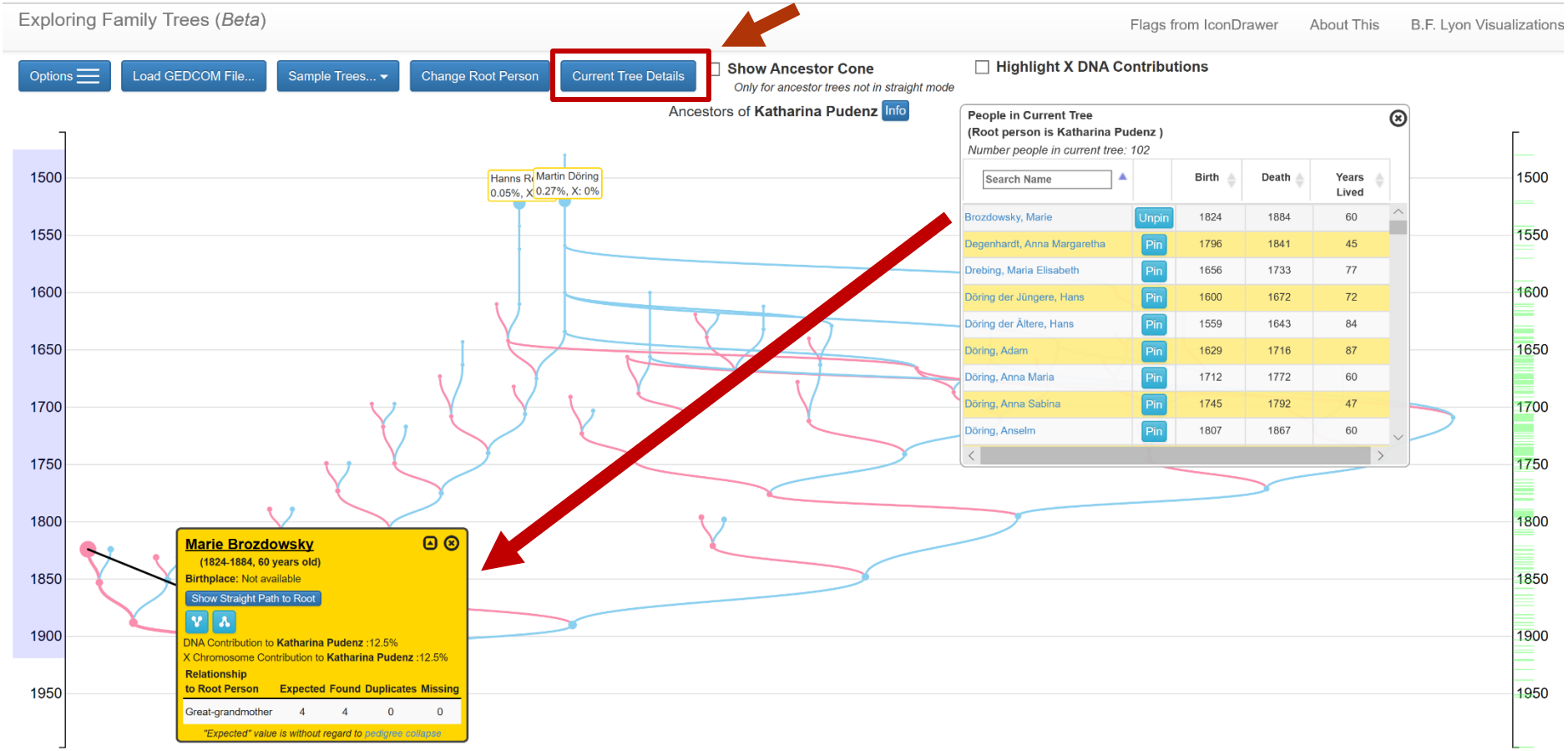


Die Breite des grünen Bereichs repräsentiert eine Schätzung der maximalen Anzahl von Vorfahren für Katharina Pudenz in jeder zurückliegenden Generation. Diese Region wird als „Ahnenkegel“ (**„ancestor cone“**) bezeichnet, basierend auf einem Artikel auf der Website „Wait But Why“ (WBW) von Tim Urban. Seit Hunderten von Jahren (von ca. 1400 bis heute) scheint der Kegel hier eine Linie zu sein, weil er von der Weltbevölkerung in den Schatten gestellt wird. Schließlich überwiegt jedoch das sich immer verdoppelnde Wachstum der Ahnenanzahl und die Anzahl der Vorfahren macht sich im Verhältnis zur Weltbevölkerung bemerkbar. In diesem Fall nehmen wir einen Wert von 25 Jahren pro Generation an, und so verdoppelt sich alle 25 Jahre die Anzahl der Vorfahren jeder Generation. Diese Anzahl der Vorfahren einer bestimmten Generation ist natürlich von der Weltbevölkerung begrenzt und entspricht wahrscheinlich letztendlich dieser. In der Realität kann aufgrund des Ahnenimplex‘ in einer Ahnentafel (Verwandtenehe) die tatsächliche Anzahl der Vorfahren in jeder Generation unter dem Maximum liegen, und daher ist die tatsächliche Art und Weise, in der der Ahnenkegel wachsen kann, ungewiss.

Die Breite der Region mit dieser Farbe repräsentiert die Weltbevölkerung in jedem Jahr. Diese Werte stammen von Max Rosers Our World in Data-Website.

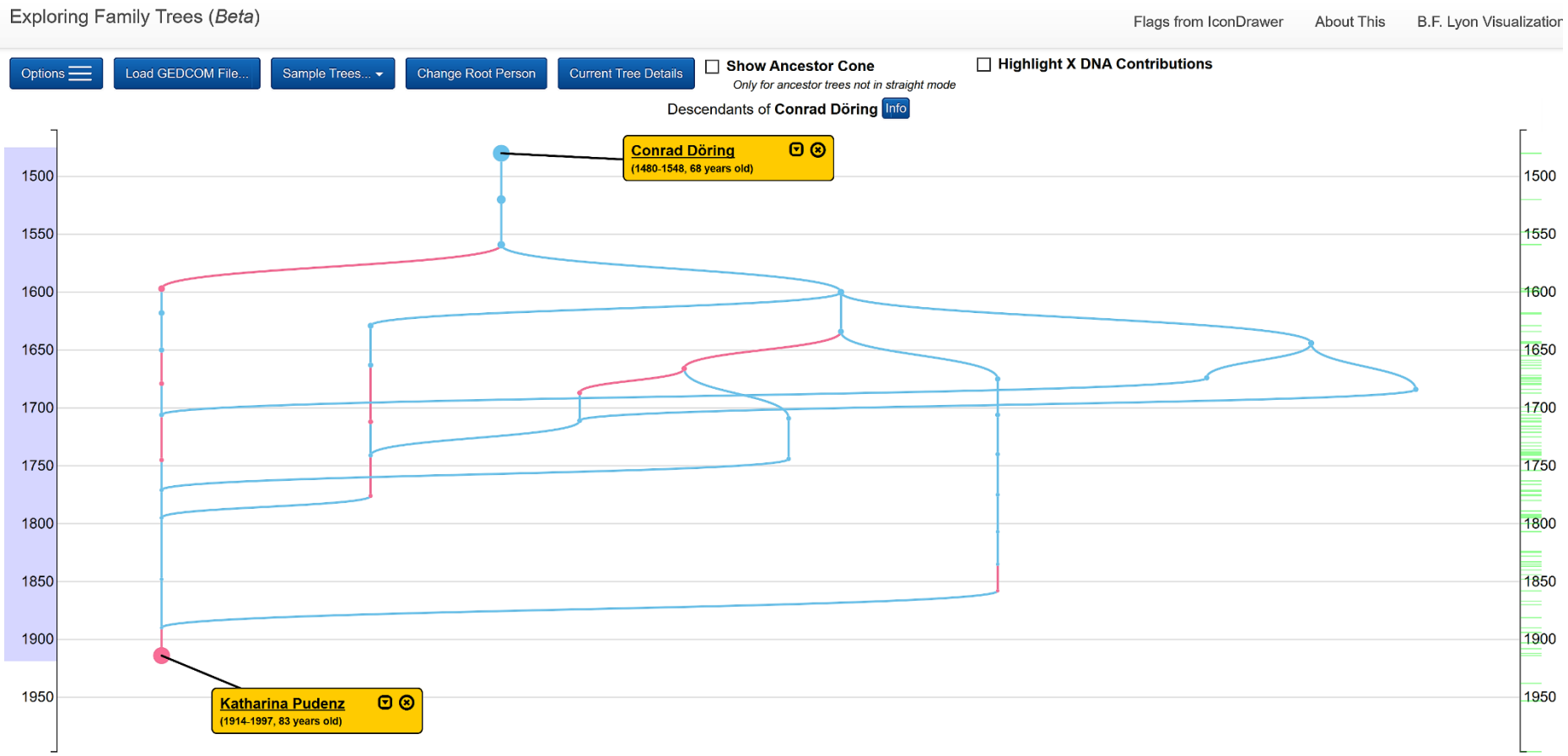
Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (7)

- Über **„Current Tree Details“** kann jede Person in der GEDCOM-Datei gesucht und in der AT lokalisiert werden.
- Die Info-Box zu der gesuchten Person lässt sich auch „anpinnen“.

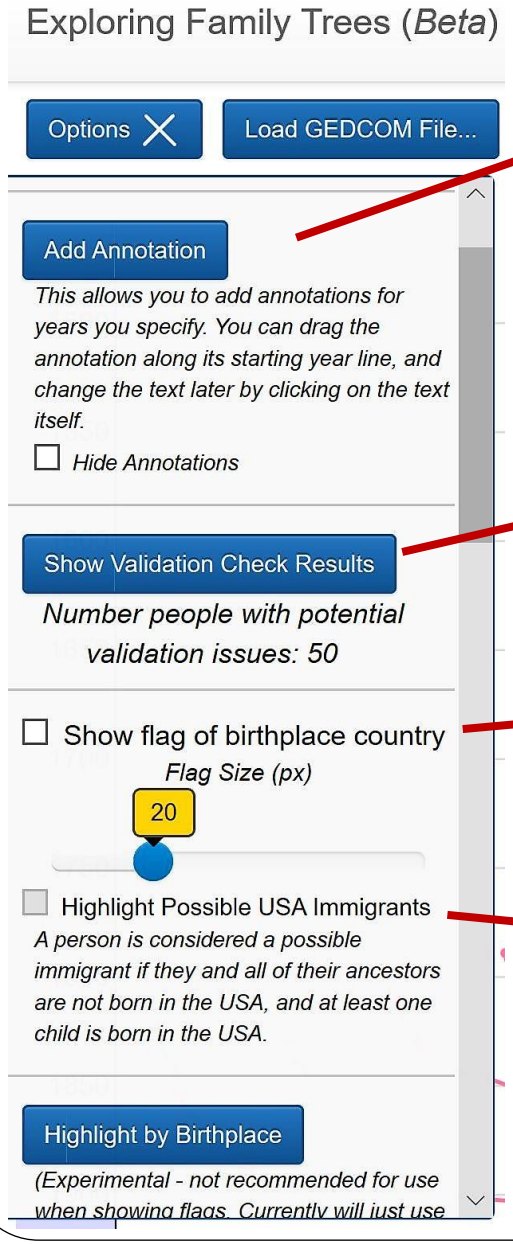


Analyse der eigenen GEDCOM-Datei (8)

- Wählt man einen Spitzenahn aus der AT aus (z.B. Conrad Döring), kann man sich alle Nachfahren in einer NFT anzeigen lassen.
- Man erhält ein sog. „Deszentorium“, also alle Nachfahrenlinien, die von einem Mehrfachahnen (Conrad Döring) zum Probanden (Katharina Pudenz) führen.

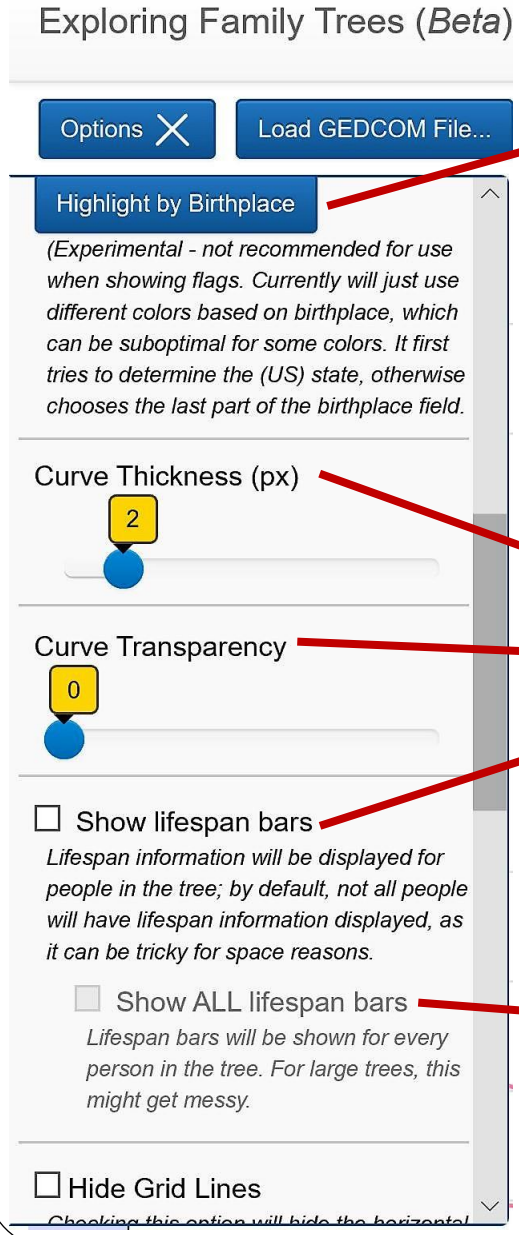


Weitere Funktionen unter „Options“ (1)



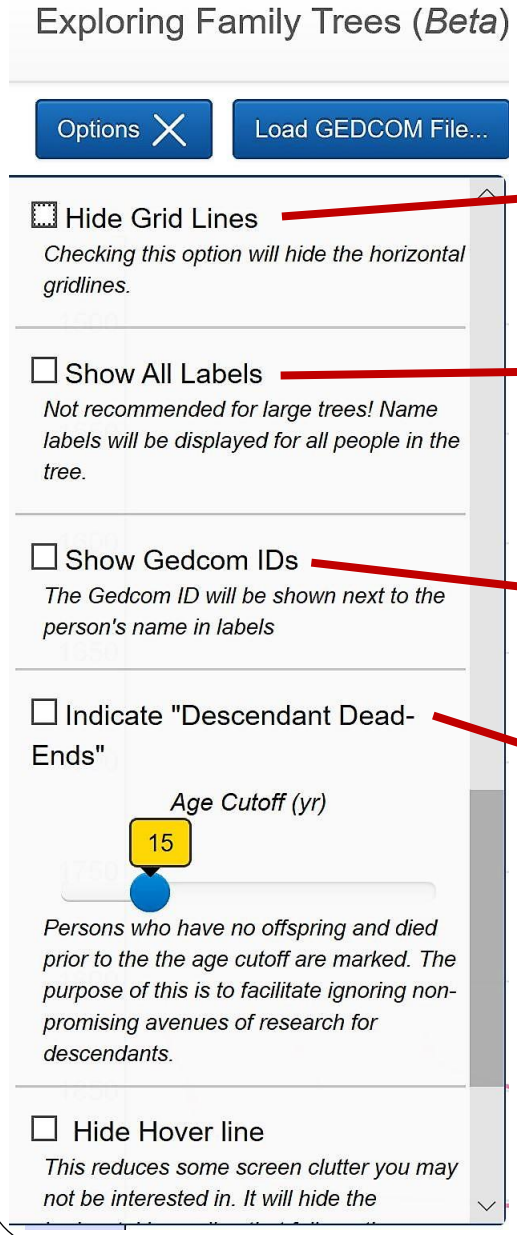
- Im Menü „Options“ stehen weitere Funktionen zur Verfügung:
  - **Add Annotation** (Anmerkungen hinzufügen):
    Auf diese Weise können Sie Anmerkungen für die von Ihnen angegebenen Jahre hinzufügen. Sie können die Anmerkung entlang der Startjahreslinie ziehen und den Text später ändern, indem Sie auf den Text selbst klicken.
    - Es können also z.B. Angaben gemacht werden wie: *1845-1849: Hungersnot durch Kartoffelfäule*
  - **Show Validation Check Results**
    (Ergebnisse der Validierungsprüfung anzeigen):
    Hier werden unplausible Datenangaben aus der GEDCOM angezeigt.
  - **Show flag of birthplace country**
    (Flagge des Geburtsortlandes anzeigen):
    - Funktioniert nicht für Deutschland
  - **Highlight Possible USA Immigrants**
    (Markieren Sie mögliche Einwanderer aus den USA):
    Eine Person wird als möglicher Einwanderer angesehen, wenn sie und alle ihre Vorfahren nicht in den USA geboren sind und mindestens ein Kind in den USA geboren ist.

Weitere Funktionen unter „Options“ (2)



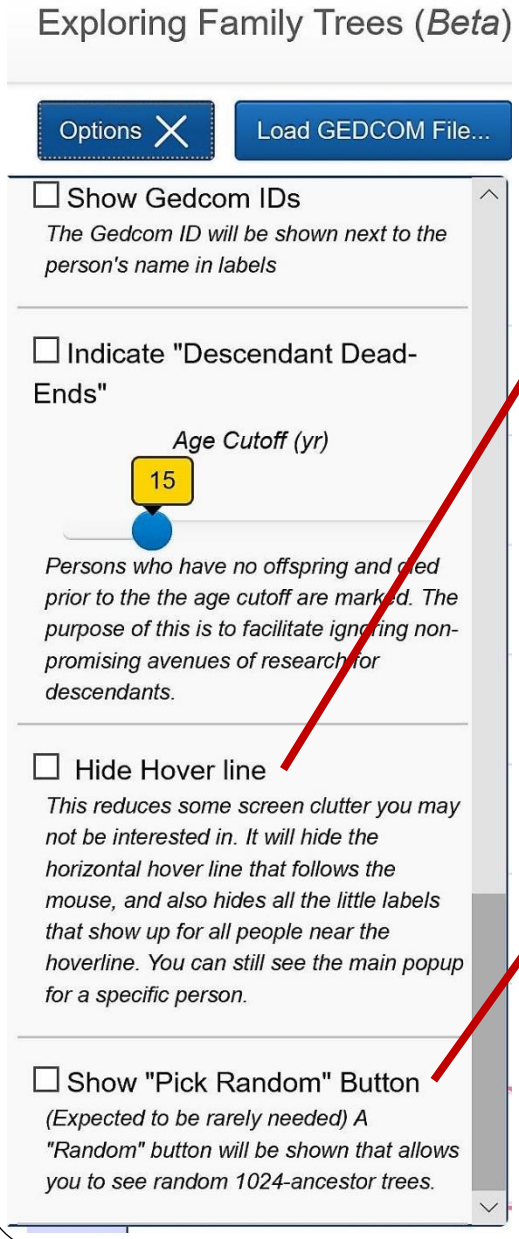
- Im Menü „Options“ stehen weitere Funktionen zur Verfügung:
  - **Highlight by Birthplace** (Geburtsorte hervorheben): Experimentell - wird nicht empfohlen, wenn auch Flaggen angezeigt werden. Derzeit werden nur unterschiedliche Farben basierend auf dem Geburtsort verwendet, die für einige Farben ungünstig sein können. Zunächst wird versucht, den (US-) Status zu bestimmen, andernfalls wird der letzte Teil des Geburtsortfelds ausgewählt.
    - Funktioniert auch für Deutschland, allerdings müssen die Ortsangaben in der GEDCOM korrekt sein (also nicht einmal „Eichsfeld“ und einmal „Thüringen“)
  - **Curve Thickness (px)** (Liniendicke)
  - **Curve Transparency** (Transparenz der Linien)
  - **Show lifespan bars** (Balken für die Lebensspanne anzeigen): Informationen zur Lebensdauer werden für Personen im Baum angezeigt. Standardmäßig werden nicht bei allen Personen Informationen zur Lebensdauer angezeigt, da dies aus Platzgründen schwierig sein kann.
  - **Show ALL lifespan bars** (ALLE Balken für die Lebensspanne anzeigen): Balken für die Lebensspanne werden für jede Person im Baum angezeigt. Bei großen Bäumen kann dies unübersichtlich werden.

Weitere Funktionen unter „Options“ (3)



- Im Menü „Options“ stehen weitere Funktionen zur Verfügung:
  - **Hide Grid Lines** (Gitterlinien ausblenden): Wenn Sie diese Option aktivieren, werden die horizontalen Gitterlinien ausgeblendet.
  - **Show All Labels** (Alle Beschriftungen anzeigen): Nicht empfohlen für große Bäume! Namensbezeichnungen werden für alle Personen im Baum angezeigt.
  - **Show Gedcom IDs** (Gedcom-IDs anzeigen): Die Gedcom-ID wird neben dem Namen der Person in kleinen Etiketten angezeigt.
  - **Indicate "Descendant Dead-Ends"** („Nachkommen-Sackgassen“ anzeigen): Personen, die keine Nachkommen haben und vor dem eingestellten Alters-Cutoff verstorben sind, sind markiert. Ziel ist es, das Ignorieren nicht vielversprechender Forschungswege für Nachkommen zu erleichtern.

Weitere Funktionen unter „Options“ (4)



- Im Menü „Options“ stehen weitere Funktionen zur Verfügung:
  - **Hide Hover line** („Schwebe-Linie“ ausblenden): Dies reduziert die Unordnung auf dem Bildschirm, an der Sie möglicherweise nicht interessiert sind. Dadurch werden die horizontale „Schwebelinie“ (die der Maus folgt) und alle kleinen Beschriftungen ausgeblendet, die für alle Personen in der Nähe der „Schwebelinie“ angezeigt werden. Sie können weiterhin das Haupt-Popup für eine bestimmte Person sehen.
  - **Show „Pick Random“ Button** (Die Schaltfläche „zufällig auswählen“ anzeigen):
    (Wird voraussichtlich selten benötigt.) Es wird eine Schaltfläche "Zufällig" angezeigt, mit der Sie zufällige Bäume mit 1024 Vorfahren sehen können.

Weitere Informationen zu EFT…

- … sind auf der Website „Family Tree Visualization“ von Brad F. Lyon zu finden (in Englisch):
  Features of a Web-Based Family Tree Visualization Tool:
  http://familytreeviz.blogspot.com/2015/09/features-of-family-tree-visualization.html#lifespans

- Kurze Tutorials sind auch auf YouTube verfügbar:
  Family Tree Visualization: Navigating the Currently Displayed Tree:
  https://www.youtube.com/watch?time_continue=35&v=7-9HNLJG2jQ&feature=emb_logo
  und
  Family Tree Visualization: Navigating the Currently Loaded GEDCOM File:
  https://www.youtube.com/watch?v=Su8WvOAnlAg&feature=emb_logo
  und
  Demonstrating "Show Straight Pedigree Path" in Family Tree Visualization:
  https://www.youtube.com/watch?v=xJTCZL1WSys