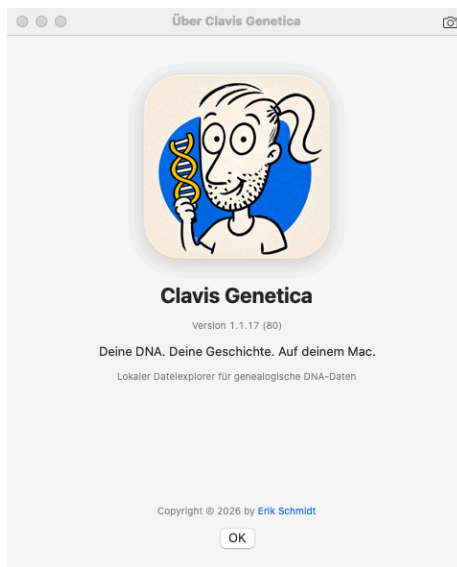


Clavis Genetica

Handbuch

Deine DNA. Deine Geschichte. Auf deinem Mac.



Programmversion 1.1.17

Stand: 10. Oktober 2026

Copyright © 2026 Erik Schmidt

Inhaltsverzeichnis

1	Einführung	4
1.1	Wozu Clavis Genetica da ist	4
1.2	Grundsätze	4
1.3	Voraussetzungen und Installation	4
1.4	Updates	5
2	Erste Schritte	6
2.1	Der Datenordner	6
2.2	Die Beispielfamilie	7
2.3	Das Hauptfenster	8
2.4	Sprache wechseln	9
2.5	Die Einführung	10
2.6	Bildschirmfotos aus dem Programm	10
3	Dateien ansehen	11
3.1	Herkunft & Ersteller	11
3.2	Chip-Rohdaten (autosomal)	11
3.3	Datei laden: Zusammenfassung, Chromosomen-Übersicht und Daten	14
3.4	Einfach erklärt und Was kann ich als Nächstes tun?	16
3.5	Lokale Datei und Prüfsumme	17
3.6	VCF-Dateien	17
3.7	BED-Dateien	18
3.8	BAM-Dateien und Reads	18
3.9	FASTA-Dateien	19
3.10	Y-STR-Werte	19
3.11	Match- und Segmentlisten	20
4	Herkunft und Haplogruppen	21
4.1	Mütterliche Haplogruppe (mtDNA)	21
4.2	Väterliche Haplogruppe (Y-DNA)	22
4.3	Zweitmeinung von FamilyTreeDNA	23
4.4	Alte DNA auf deiner Linie	24

5	Y-DNA und Big Y	25
5.1	Big-Y-Datensatz prüfen	25
5.2	Y-Match-Liste	27
5.3	Die STR-Uhr	28
6	Dateien vergleichen	29
6.1	Zwei Dateien vergleichen	29
6.2	Mehrpersonenvergleich und Triangulation	36
6.3	Elternseiten trennen (Phasing)	37
7	Match-Listen und Segmente	39
7.1	Die Match-Liste	39
7.2	Die Segmentliste und der Namensabgleich	42
7.3	Überlappende Segmente	43
8	Familie und Stammbaum	49
8.1	Personen	49
8.2	Stammbaum laden und verknüpfen	51
8.3	Stammbaum ↔ DNA	51
8.4	Stammbaum auswerten	52
8.5	Die Chromosomen-Karte	53
8.6	Der Familienbericht	56
9	Forschungswerkzeuge	57
9.1	Das Forschungsprotokoll	57
9.2	Matches von Hand	58
9.3	Geteilte cM nachschlagen	59
9.4	Marker in allen Dateien suchen	60
10	Daten, Datenschutz und Einstellungen	62
10.1	Referenzdaten	62
10.2	Datenschutz & Sicherheit	63
10.3	Für Upload umwandeln	65
10.4	Medizinische Daten	66
10.5	Einstellungen	66
11	Hilfe im Programm	68

A	Menüs und Tastenkürzel	70
B	Unterstützte Dateien	71
C	Wenn etwas nicht klappt	72

Einführung

1.1 Wozu Clavis Genetica da ist

Wer einen DNA-Test für die Ahnenforschung gemacht hat, kann beim Anbieter meist die „Rohdaten“ herunterladen: Dateien mit kryptischen Namen und Hunderttausenden Zeilen. Clavis Genetica öffnet diese Dateien, erkennt, von welchem Anbieter und zu welcher Person sie stammen, und erklärt in verständlicher Sprache, was darin steht, wozu sie gut sind und wo ihre Grenzen liegen.

Darüber hinaus wertet das Programm die Daten aus: Es bestimmt Haplogruppen, vergleicht Dateien von Verwandten, prüft Big-Y-Datensätze, arbeitet mit Match-Listen und Segmenten, findet Gruppen von Matches, die an derselben Stelle liegen, malt eine Chromosomen-Karte und verbindet all das mit dem eigenen Stammbaum.

1.2 Grundsätze

- **Alles bleibt auf dem Mac.** Clavis lädt keine DNA-Daten hoch. Das Programm geht nur ins Internet, um nach Updates zu suchen und um öffentliche Referenzdaten zu laden, wenn du das ausdrücklich anforderst (Kapitel 10.1).
- **Clavis verändert keine DNA-Datei.** Eigene Angaben (Notizen, Personen, Stammbaum, Karten) speichert das Programm getrennt in seinem eigenen Ordner. Einzige Ausnahme: In die oberste Ebene des Datenordners legt Clavis die kleine Datei `clavis-project.json`, an der es den Ordner wiedererkennt (Abschnitt 2.1).
- **Hinweise statt Behauptungen.** Wo das Programm etwas erkennt oder schätzt, nennt es die Grundlage und die Sicherheit. Verwandtschaftsschätzungen, Gruppen und Zeitangaben sind Wahrscheinlichkeitsaussagen, keine Beweise.

1.3 Voraussetzungen und Installation

Clavis Genetica läuft auf macOS ab Version 14 (Sonoma). Das Programm wird als DMG-Datei ausgeliefert: DMG öffnen, Clavis Genetica in den Ordner Programme ziehen, starten. Im DMG liegt neben dem Programm dieses Handbuch als PDF in den vier Programm-sprachen: Handbuch (Deutsch).pdf, Manual (English).pdf, Manuel (Français).pdf und Handleiding (Nederlands).pdf.

Das Programm spricht Deutsch, Englisch, Französisch und Niederländisch. Beim ersten Start übernimmt es die Systemsprache, wenn sie eine dieser vier ist, sonst Englisch. Umgestellt wird jederzeit über die Flaggen oben rechts in der Symbolleiste (Abschnitt 2.4).

1.4 Updates

Bei jedem Start sucht Clavis einmal still nach einer neuen Version. Gibt es eine, öffnet sich das Fenster **Nach Updates suchen**. Von Hand prüfst du über Clavis Genetica › Nach Updates suchen (⌘⇧U) oder in den Einstellungen.

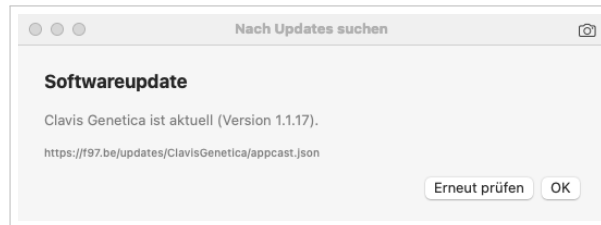


Abbildung 1.1: Das Fenster **Nach Updates suchen**, wenn das Programm aktuell ist.

Ist ein Update verfügbar, zeigt das Fenster die Versionshinweise und die Knöpfe **Später** und **Laden, installieren und neu starten**. Der Download wird vor der Installation geprüft: Er muss vom Update-Server kommen, Prüfsumme, Signatur, Bundle-Kennung, Version und Entwickler-Kennung müssen stimmen. Erst dann ersetzt ein Hilfsprogramm die App und startet sie neu. Schlägt etwas fehl, bleibt die alte Version erhalten.

Liegt der Update-Server in deinem lokalen Netz, fragt macOS nach dem Zugriff auf das lokale Netzwerk. Falls die Prüfung scheitert: Systemeinstellungen › Datenschutz & Sicherheit › Lokales Netzwerk und dort **Clavis Genetica** einschalten.

Erste Schritte

2.1 Der Datenordner

Clavis arbeitet mit einem **Datenordner**, in dem deine DNA-Dateien liegen. Die **erste Unterordner-Ebene ist die Person**: Alles, was in data/erik/... liegt, gehört zu „erik“. Tiefere Ordner dienen nur der Ordnung. Empfohlen ist:

```
data/
  erik/
    atDNA/      Chip-Rohdaten (MyHeritage, FTDNA, AncestryDNA, 23andMe ...)
    Y-DNA/      Big Y: CSV-Exporte, variants.vcf, regions.bed, .bam + .bai
    mtDNA/      FASTA
  horst/
    atDNA/
```

2.1.1 Ordner öffnen

Einen Ordner wählst du über

- den Knopf **Öffnen** in der Symbolleiste,
- Ablage › Datei oder Ordner öffnen... () ,
- **Datenordner wählen** im leeren Startbild oder in den Einstellungen,
- oder indem du einen Ordner ins Fenster ziehst (es erscheint „Ordner oder DNA-Dateien hier ablegen“).

Ein Ordner wird zum neuen Datenordner. Einzelne Dateien werden der Liste hinzugefügt; als Person gilt dann der Name des Ordners, in dem sie liegen. Der Datenordner wird gemerkt, auch wenn du ihn später verschiebst oder umbenennst. **Neu einlesen** () liest ihn erneut ein.

Liegt der gewählte Ordner eine Ebene zu hoch (eine einzige „Person“, die selbst mehrere Personenordner enthält), fragt Clavis nach: „Der Ordner liegt vermutlich eine Ebene zu hoch“, mit den Knöpfen zum Öffnen des richtigen Ordners und **So lassen**.

2.1.2 Was eingelesen wird

Clavis liest Dateien mit den Endungen .csv, .tsv, .txt, .vcf, .bed, .bam, .bai, .fasta, .fa, .fas und .fna, eine gVCF auch mit der Endung .gvcf. Vergleichen lässt sich eine gVCF allerdings nur mit der Endung .vcf (etwa probe.g.vcf). Beim Einlesen schaut es nur in die ersten 64 KB jeder Datei (bei BAM nur in den Kopf). Den eigentlichen Inhalt liest es erst, wenn du in der Detailansicht **Datei laden** klickst. So bleibt auch ein Ordner mit großen BAM-Dateien schnell.

ZIP- und GZ-Archive werden automatisch einmal in einen privaten Zwischenspeicher entpackt; ihre Dateien erscheinen als „Archiv.zip > Datei.csv“. Archive über 1 GB werden nicht automatisch entpackt, über 20 GB entpackt wird abgebrochen. Ließ sich ein Archiv nicht entpacken, steht es als ein Eintrag mit Erklärung in der Liste.

Stammbäume (.ged, .gramps) erscheinen nicht in der Dateiliste; sie werden im Fenster **Personen** geladen (Kapitel 8). Liegt genau eine GEDCOM-Datei in der obersten Ebene eines Datenordners, für den noch kein Stammbaum geladen ist, übernimmt Clavis sie automatisch.

Die eigene Arbeit gehört zum Datenordner

Personenprofile, Stammbaum, Notizen und Gruppen zu Matches, Namenszuordnungen, Chromosomen-Karten und das Forschungsprotokoll gehören zu dem Datenordner, in dem du sie angelegt hast. Wechselst du den Ordner, legt Clavis sie zur Seite und setzt die des neuen Ordners ein. Kehrst du zurück, ist alles wieder da. Lässt sich der neue Ordner nicht öffnen (etwa weil sein gespeicherter Arbeitsstand beschädigt ist), meldet Clavis, dass er nicht geöffnet werden konnte, und nennt den Grund; der bisherige Datenordner bleibt dann mit deiner Arbeit geöffnet, und es wird nichts verändert.

Damit Clavis einen Ordner wiedererkennt, legt es in seine oberste Ebene die Datei `clavis-project.json` (eine Kennung, der Ordnername, der Pfad und die Programmversion; keine DNA-Daten). Sie erscheint nicht in der Dateiliste. Bitte nicht löschen: Mit ihr findet Clavis deine Arbeit auch, wenn du den Ordner umbenennst oder verschiebst. Kopierst du den Ordner im Finder, erhält die Kopie beim ersten Öffnen eine eigene Kennung und eine Kopie des bisherigen Arbeitsstands; danach sind beide unabhängig. Ist der Ordner schreibgeschützt, merkt sich Clavis die Zuordnung nur intern.

Kann Clavis eine Änderung an Personen, Forschungsprotokoll, Matches von Hand oder Notizen zu Matches nicht speichern (etwa weil das Laufwerk voll ist), steht im Fenster in Orange „Deine Änderungen konnten nicht gespeichert werden: ...“ mit dem Grund und dem Knopf **Erneut speichern**.

Sichere deine eigene Arbeit regelmäßig mit **Eigene Arbeit sichern** (Abschnitt 10.2), vor allem vor einem Programm-Update.

Die Versionen 1.1.13 bis 1.1.16 haben die Arbeit zu einem Datenordner, den du vor dem ersten Wechsel benutzt hattest, beim Zurückkehren unter Umständen nicht mehr geladen; verloren war sie nicht. Ab Version 1.1.17 holt Clavis diese Arbeit beim Start oder beim Wechsel zu dem Ordner einmal von selbst zurück: Es ergänzt nur, was im jetzigen Stand fehlt, und überschreibt nichts. Die alte Ablage bleibt als Sicherheitskopie im Programmordner liegen.

2.2 Die Beispielfamilie

Zum Ausprobieren ohne eigene Daten legt Clavis eine **frei erfundene Familie** an. Den Knopf **Beispielfamilie anlegen** findest du im leeren Startbild und in den Einstellungen unter **Datenordner**. Clavis fragt, wo der Ordner „Clavis-Beispielfamilie“ angelegt werden soll, legt ihn an (ein vorhandener wird nie überschrieben) und bietet an, ihn sofort zu öffnen: **Beispielfamilie öffnen**.

Die Beispielfamilie enthält

- für **Anna Beispiel** (geboren 1988) eine Match-Liste mit 42 Matches und eine Segmentliste mit 134 Segmenten im Format von FamilyTreeDNA,

- für ihren Vater **Paul Beispiel** eine Match-Liste mit 26 Matches und 109 Segmenten,
- einen Stammbaum **Beispielfamilie.ged** mit 32 Personen, der beim Öffnen gleich geladen wird,
- eine Datei **LIESMICH.txt** mit Hinweisen, was es zu entdecken gibt: Verwandte der Vaterseite stehen auch in Pauls Liste, auf den Chromosomen 7 und 11 überlappen sich mehrere Matches, auf Chromosom 15 liegt eine Häufung, und „Rike Entwurf“ steht nicht im Stammbaum – wohin gehört sie? Die Datei ist keine DNA-Datei; Clavis führt sie nicht in der Dateiliste.

Die Beispielfamilie enthält keine Rohdaten; Haplogruppen und Rohdatenvergleiche lassen sich mit ihr nicht zeigen. Bei niederländischer Programmsprache heißt der Ordner „Clavis-Voorbeeldfamilie“ und die Personen tragen flämische Namen. Zurück zu deinen eigenen Daten kommst du über **Datenordner wählen**; deine eigene Arbeit bleibt dabei unberührt.

Fast alle Bilder zu Match-Listen, Segmenten, Gruppen und Stammbaum in diesem Handbuch zeigen die Beispielfamilie.

2.3 Das Hauptfenster

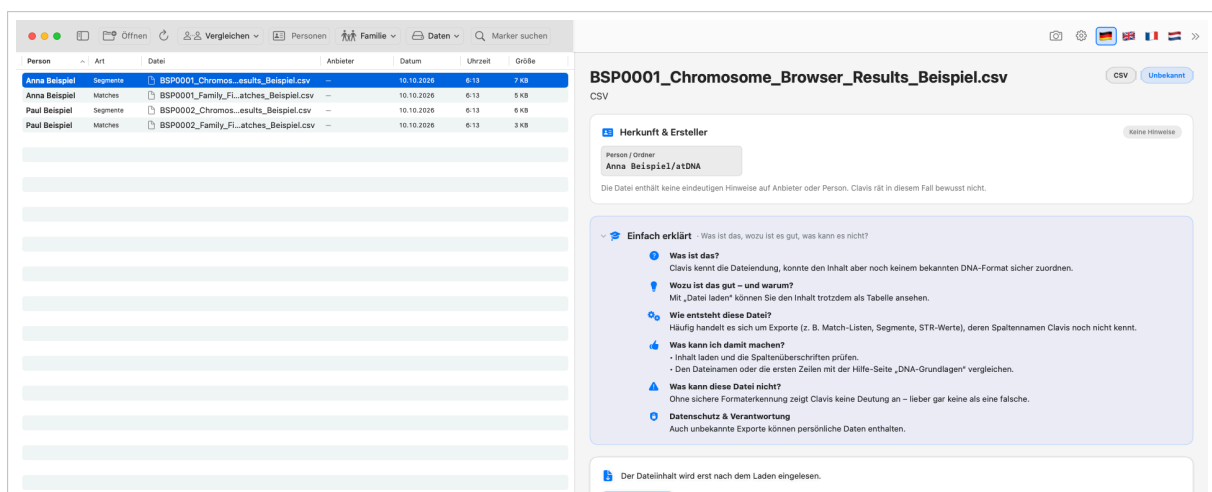


Abbildung 2.1: Das Hauptfenster mit der Beispielfamilie: links die Dateiliste, rechts die Detailansicht der gewählten Datei.

Das Hauptfenster hat zwei Spalten: links die **Dateiliste**, rechts die **Detailansicht** der gewählten Datei (Kapitel 3).

2.3.1 Die Dateiliste

Die Spalten lassen sich mit einem Klick auf den Kopf sortieren (ein zweiter Klick kehrt die Richtung um); voreingestellt ist nach Person, dann nach Datei.

Person	Name des Personenordners (erste Ebene).
Art	Kurzcode der Datei: atDNA, mtDNA, Big Y, Y-STR, Y-SNP, Y-DNA, BED, Seq., Segmente, Matches. Der Tooltip nennt die Datenart.
Datei	Farbiges Symbol je Datenart (blau autosomal, rosa mtDNA, orange Y, lila BED, türkis Sequenz) und Dateiname. Ein oranges Doppel-Dokument warnt vor einem vermutlichen Duplikat (gleicher Name und gleiche Größe in einem anderen Ordner).
Anbieter	Erkannter Anbieter (FamilyTreeDNA als „FTDNA“); der Tooltip nennt Produkt und Kit.
Datum, Uhrzeit, Größe	Änderungsdatum und Größe der Datei.

Unter der Liste stehen „Lokal verarbeitet“, der Hinweis „Die Dateien verlassen diesen Mac nicht.“, der Pfad des Datenordners und der Knopf **Clavis Genetica beenden**.

2.3.2 Die Symbolleiste

Von links nach rechts:

Öffnen	Datenordner oder einzelne Dateien öffnen.
Neu einlesen	den Datenordner erneut einlesen (Kreisfeil).
Vergleichen	Menü mit Gewählte Datei mit einer zweiten vergleichen , Mehrpersonenvergleich , Überlappende Segmente und Geteilte cM nachschlagen (Kapitel 6).
Personen	das Fenster Personen (Kapitel 8).
Familie	Menü mit Stammbaum auswerten , Chromosomen-Karte , Elternseiten trennen (Phasing) , Forschungsprotokoll und Matches von Hand .
Daten	Menü mit Für Upload umwandeln , Familienbericht (PDF) , Referenzdaten , Datenschutz & Sicherheit und, falls freigeschaltet, Medizinische Varianten .
Marker suchen	die Suche in allen Dateien.

Ganz rechts: die Kamera (**Bildschirmfoto des Fensters**), das Zahnrad (**Einstellungen**) und vier Flaggen für die Sprache.

2.4 Sprache wechseln

Ein Klick auf eine der vier Flaggen (Deutsch, Englisch, Französisch, Niederländisch) oben rechts stellt die Sprache sofort um; die aktive Flagge ist umrandet. Die Wahl wird gemerkt. Alternativ: Einstellungen > Sprache. Die Menüs und Knöpfe, die macOS selbst beisteuert (etwa **Dienste**, **Ausblenden** und **Beenden** im Programmmenü, die Menüs **Bearbeiten** und **Fenster** oder **Seitenleiste ausblenden**), folgen der gewählten Sprache erst nach dem nächsten Start von Clavis.

2.5 Die Einführung

Beim ersten Start öffnet sich die Einführung (Fenster **Einführung anzeigen**) mit sechs Schritten: Willkommen, Ordner wählen, Datei auswählen, Verstehen, Vergleichen & entdecken, „Deine Daten bleiben bei dir“. Du blätterst mit **Weiter** und **Zurück** oder brichst mit **Überspringen** ab. Später findest du sie unter Hilfe › Einführung anzeigen oder in den Einstellungen.

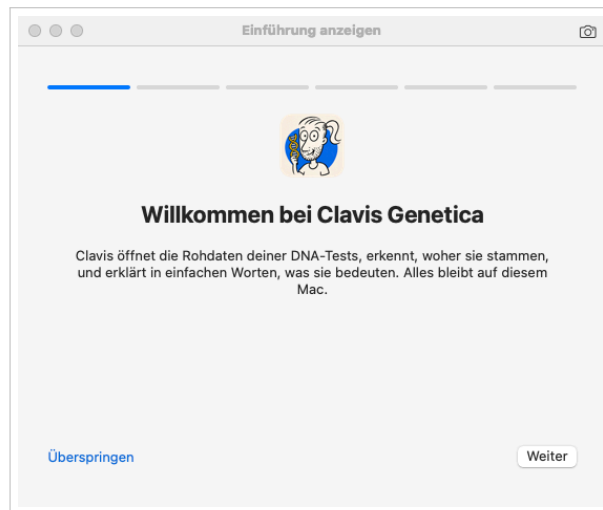


Abbildung 2.2: Der erste Schritt der Einführung.

2.6 Bildschirmfotos aus dem Programm

Jedes Fenster von Clavis hat rechts in der Titelleiste ein **Kamera-Symbol**. Ein Klick speichert ein Bild genau dieses Fensters als PNG auf dem Schreibtisch, mit Titelleiste, ohne Schatten und ohne Mauszeiger, auf Retina-Bildschirmen in doppelter Auflösung. Der Name lautet „Clavis-<Fenstertitel>-<Datum>-<Uhrzeit>.png“; der Finder zeigt die Datei danach an. Über Daten › Bildschirmfoto des Fensters () wird das vorderste Fenster fotografiert, samt einem geöffneten Blatt (etwa einem Qualitätsbericht). Aufgeklappte Menüs und Einblendungen sind auf dem Bild nicht zu sehen.

Dateien ansehen

Wählst du links eine Datei, zeigt die Detailansicht rechts alles, was Clavis über sie weiß. Oben stehen Dateiname, Format und Art, bei vergleichbaren Dateien der Knopf **Vergleichen** Darunter folgen Karten, deren Auswahl von der Dateart abhängt.

3.1 Herkunft & Ersteller

Diese Karte erscheint bei jeder Datei. Sie nennt, soweit erkennbar, **Person / Ordner, Anbieter / Labor, Test / Produkt, Kit-Nummer, Getestete Person (laut Datei), Proben-/Sequenzier-ID, Erstellt / exportiert, Referenzgenom** und **Programme / Pipeline**.

Rechts oben steht, wie sicher die Erkennung ist: **Sicherheit: hoch** (eindeutige Kennung im Dateikopf oder typisches Dateinamen-Schema), **mittel** (typisches Format) oder **niedrig** (Indiz aus der Umgebung). Aufgeklappt zeigt **Woran wurde das erkannt?** jede Fundstelle einzeln, etwa den Dateinamen, die Kopfzeile, typische Spalten oder Marker. Findet Clavis keine eindeutigen Hinweise, rät es bewusst nicht.

Erkannt werden unter anderem MyHeritage, FamilyTreeDNA (Family Finder, Big Y, Y-STR, SNP-Ergebnisse, mtDNA), AncestryDNA, 23andMe und Living DNA, das Referenzgenom (GRCh37, GRCh38, T2T) sowie Auswertungsprogramme wie DRAGEN, GATK, Sentieon und DeepVariant. Unter **Gehört zusammen mit** verlinkt die Karte Dateien desselben Kits oder derselben Probe, etwa BAM und BAI.

Die Erkennung beruht nur auf Dateiname und Dateikopf. Dateinamen können umbenannt worden sein – die Angaben sind Hinweise, keine Beweise.

3.2 Chip-Rohdaten (autosomal)

Chip-Rohdaten von MyHeritage, FamilyTreeDNA (Family Finder), AncestryDNA, 23andMe und Living DNA enthalten einige Hunderttausend Messstellen (Marker) mit dem Genotyp der Person. Für sie zeigt Clavis drei Auswertungen, ohne dass die Datei vorher geladen werden muss.

MyHeritage_raw_dna_data.csv Vergleichen ... CSV Autosomal

CSV · MyHeritage DNA (autosomal)

Herkunft & Ersteller Sicherheit: hoch

Person / Ordner erik/atDNA	Anbieter / Labor MyHeritage	Test / Produkt MyHeritage DNA (autosomal)	Erstellt / exportiert 2018-12-30 10:42:21
--------------------------------------	---------------------------------------	---	---

Referenzgenom
GRCh37 (hg19)

Woran wurde das erkannt?

Dateiname	MyHeritage_raw_dna_data.csv
Kopfzeile der Datei	# MyHeritage DNA raw data.

Die Erkennung beruht nur auf Dateiname und Dateikopf. Datennamen können umbenannt worden sein – die Angaben sind Hinweise, keine Beweise.

Haplogruppen aus den Chip-Daten

In der Datei: 0 Y-Marker, 0 mtDNA-Marker.

Mütterliche Haplogruppe (mtDNA)

Zu wenige mtDNA-Marker für eine Einordnung (mindestens 100 nötig).

Väterliche Haplogruppe (Y-DNA)

Keine lesbaren Y-Marker – die Datei stammt von einer Frau oder der Anbieter exportiert kein Y.

Viele Chip-Tests messen nebenbei einige hundert Stellen der mtDNA und des Y-Chromosoms. Daraus ergibt sich eine grobe Einordnung – meist nur der Hauptast. Für einen genauen Endast braucht es einen mtDNA-Volltest bzw. Big Y.

Herkunftsschätzung (Kontinente)

Europa	89 %
Amerika (gemischt)	7 %
Südasiens	4 %
Ostasien	< 1 %
Afrika	< 1 %

Aus 218.779 Markern geschätzt (Modell wie ADMIXTURE „supervised“).

Grob, nur auf Kontinentenebene: Wie gut passt dein Erbgut zu einer Mischung aus den fünf Gruppen von 1000 Genomes? Europäer erscheinen fast ganz „europäisch“, „Amerika“ ist selbst eine Mischung. Keine Ländergenauigkeit wie bei Testfirmen – deren Referenzgruppen sind viel feiner.

Abbildung 3.1: Chip-Rohdaten: Herkunft & Ersteller, Haplogruppen aus den Chip-Daten und die Herkunftsschätzung.

3.2.1 Haplogruppen aus den Chip-Daten

Viele Chips messen nebenbei einige hundert Stellen der mtDNA und des Y-Chromosoms. Clavis nennt, wie viele Y- und mtDNA-Marker die Datei enthält, und ordnet sie, wenn genug da sind, grob in den Stammbaum ein – meist nur bis zum Hauptast.

- **mtDNA** braucht mindestens 100 lesbare Positionen.
- **Y-DNA** braucht die Y-SNP-Positionen von YBrowse (unter **Referenzdaten** ladbar, 3,8 MB) und eine Datei in GRCh37. Ein Ergebnis gibt es nur, wenn mindestens drei abgeleitete SNPs auf einem Weg liegen. Viele Chips (etwa AncestryDNA) messen kaum benannte Y-SNPs.

Für einen genauen Endast braucht es einen mtDNA-Volltest oder Big Y (Kapitel 4 und 5).

3.2.2 Herkunftsschätzung (Kontinente)

Ein Klick auf **Schätzen** berechnet, wie gut die Daten zu einer Mischung aus fünf Gruppen von 1000 Genomes passen: Afrika, Amerika (gemischt), Ostasien, Europa und Südasien. Dafür braucht es die **Allelfrequenzen aus 1000 Genomes** (unter **Referenzdaten**, 1,46 GB Download) und eine Datei in GRCh37. Gerechnet wird mit bis zu 200.000 Markern nach dem Modell von ADMIXTURE „supervised“.

Die Schätzung ist grob und gilt nur auf Kontinentebene. Europäer erscheinen fast ganz „europäisch“; „Amerika“ ist selbst eine Mischung. Eine Ländergenauigkeit wie bei den Testfirmen gibt es nicht – deren Referenzgruppen sind viel feiner.

3.2.3 Sind die Eltern verwandt? (homozygote Abschnitte)

Erbt man an einer Stelle von Vater und Mutter dasselbe Stück eines gemeinsamen Vorfahren, sind dort alle Marker homozygot. Lange homozygote Abschnitte zeigen deshalb an, dass die Eltern miteinander verwandt sind: je länger und zahlreicher, desto näher.

Ein Klick auf **Abschnitte suchen** durchsucht die Chromosomen 1 bis 22. Mit **Abschnitte ab** wählst du die Mindestlänge (5, 7 oder 10 cM). Clavis zeigt die Zahl der Abschnitte, ihre Summe und den längsten, eine Grafik der 22 Chromosomen und eine Tabelle mit Lage, cM und Zahl der Marker. Aufgeklappt nennt **Zum Vergleich: erwartete Summe bei Kindern verwandter Eltern** Richtwerte von Geschwistern bis zu Cousins 3. Grades.

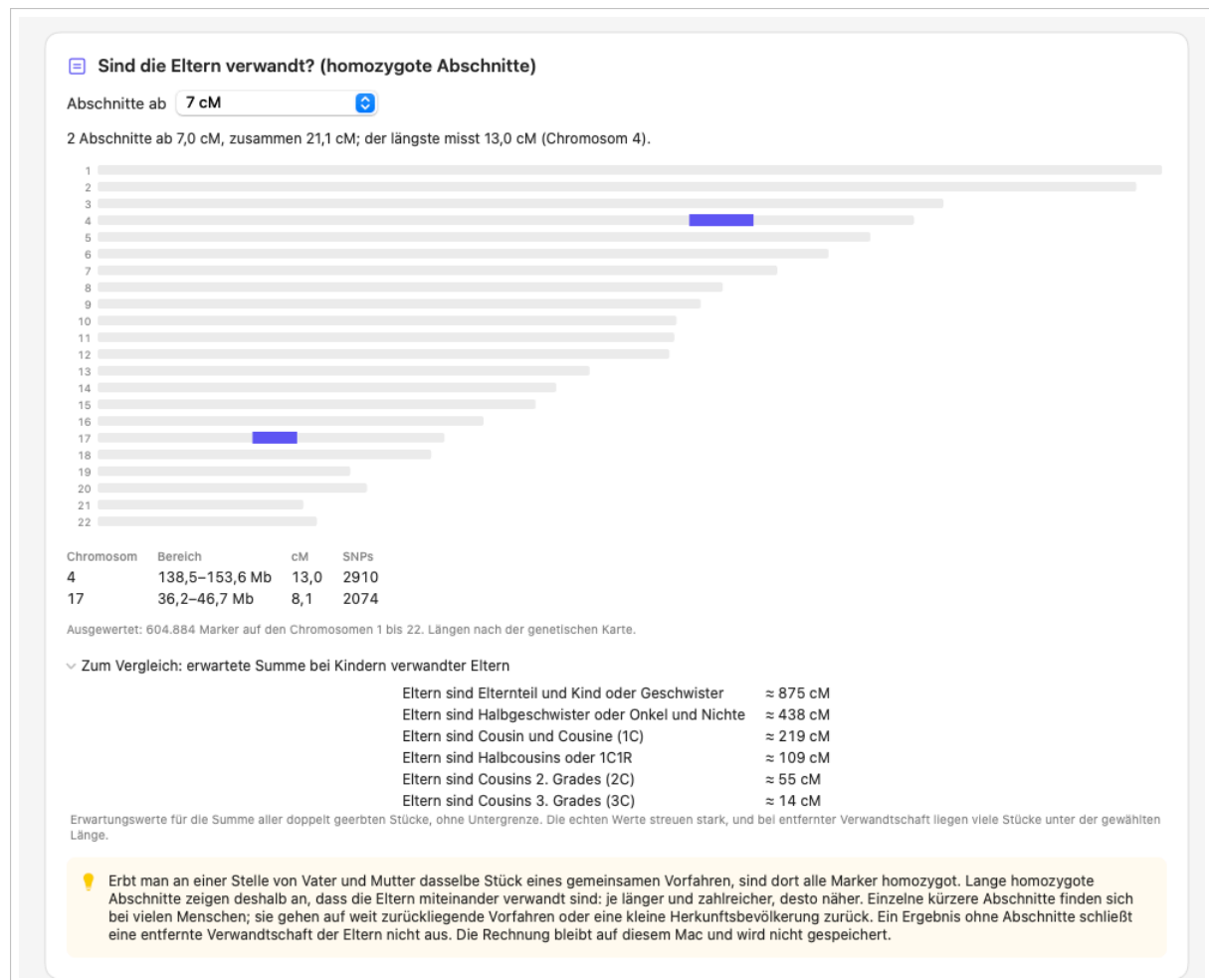


Abbildung 3.2: Homozygote Abschnitte: Chromosomenbild, Tabelle und Vergleichswerte.

- Ein Abschnitt braucht mindestens 300 Marker und 50 Marker je Megabase; Lücken über 2 Mb beenden ihn. Ein einzelner heterozygoter Marker inmitten eines Abschnitts gilt als Lesefehler.
- Mit geladener **genetischer Karte** (Referenzdaten) sind die cM genau, sonst geschätzt.
- Die Funktion braucht Chip-Rohdaten mit mindestens 50.000 Markern; eine VCF nennt nur abweichende Stellen und eignet sich nicht.

Einzelne kürzere Abschnitte finden sich bei vielen Menschen; sie gehen auf weit zurückliegende Vorfahren oder eine kleine Herkunftsbevölkerung zurück. Ein Ergebnis ohne Abschnitte schließt eine entfernte Verwandtschaft der Eltern nicht aus. Die Rechnung bleibt auf diesem Mac und wird nicht gespeichert.

3.3 Datei laden: Zusammenfassung, Chromosomen-Übersicht und Daten

Der eigentliche Inhalt einer Datei wird erst gelesen, wenn du **Datei laden** klickst. Während des Ladens steht dort **Datei wird geladen ...** mit einem Fortschrittsbalken und dem Knopf **Abbrechen**. Schlägt das Laden fehl, erscheint ein Kasten mit der Ursache, etwa „Datei nicht gefunden“, „Datei ist leer“ oder „Ungültiges Dateiformat: ...“, und dem Knopf **Erneut versuchen**. Nach

dem Laden erscheinen:

Zusammenfassung

Format, Zahl der Einträge, fehlende Werte (No-Calls), Referenzgenom; darunter die Verteilung auf die Chromosomen als anklickbare Filter und gegebenenfalls Warnungen, etwa „Einige Zeilen haben Chromosom 0“ (interne Kontrollmarker des Chips, keine Fehler). **Technische Details aus der Datei** zeigt alle Angaben aus dem Dateikopf.

Chromosomen-Übersicht

Jede Zeile ist ein Chromosom, maßstäblich. Je dunkler ein Abschnitt, desto mehr Messstellen liegen dort; rote Stellen haben viele fehlende Werte. Bei BED-Dateien zeigt sie den abgedeckten Bereich.

Daten-Viewer

Die Einträge als Tabelle mit Suche und Seiten zu 100 Zeilen. Ein Klick auf eine Zeile zeigt ihre Einzelheiten: Referenz und Variante, bei VCF die Messwerte der Probe (FORMAT) und technischen Werte (INFO) mit Erklärung beim Darüberfahren, die Position im anderen Referenzgenom (wenn die Liftover-Daten geladen sind) und die **Originale Quellzeile mit Zeile kopieren**.

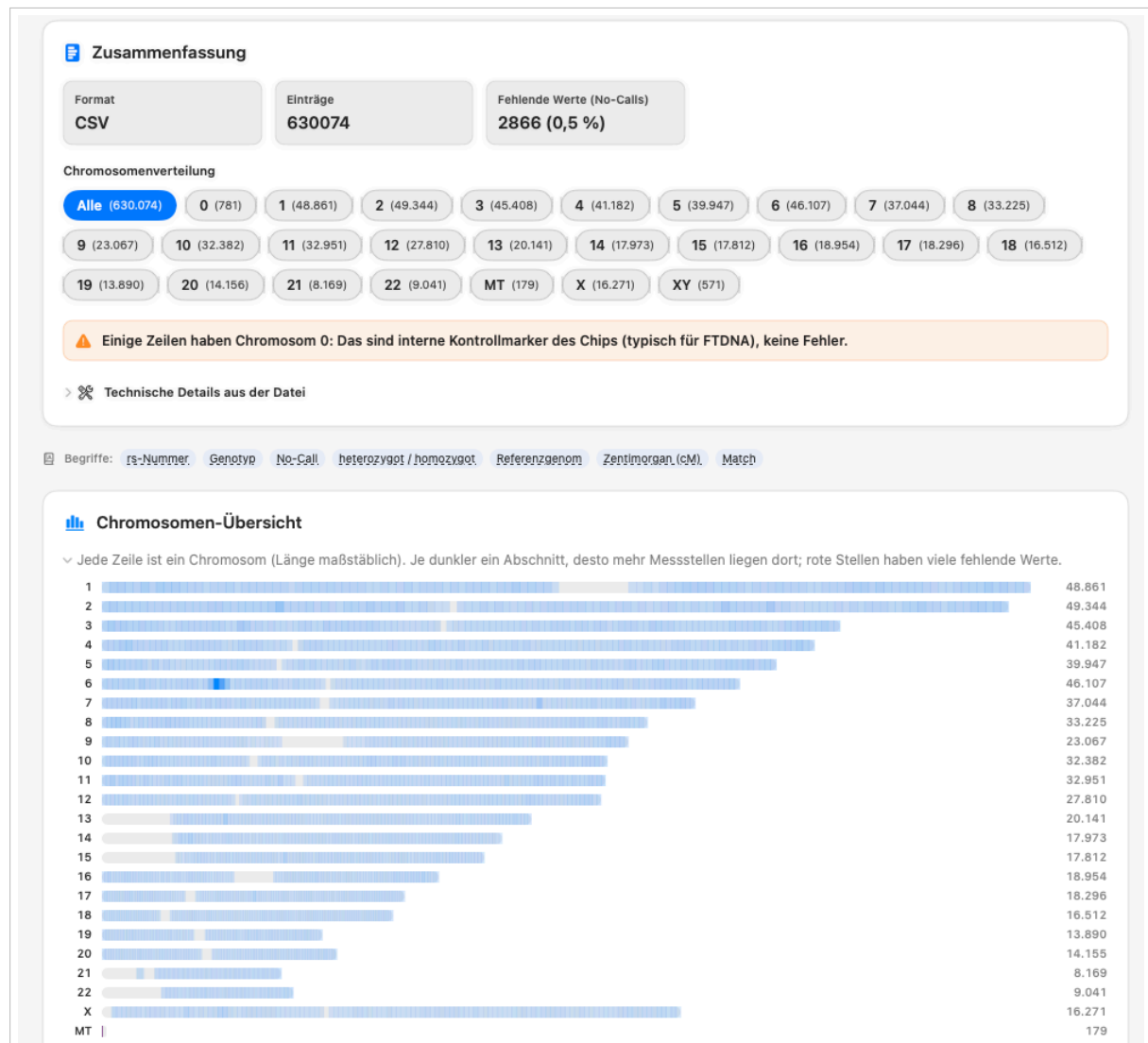


Abbildung 3.3: Zusammenfassung und Chromosomen-Übersicht einer geladenen Chip-Datei.

Daten-Viewer 630.074 Datensätze

Suchen ... 1 / 6.301

Variante	Chromosom	Position	Genotyp	Qualität (QUAL)	Filter
2010-08-Y-1221	0	0	AA	—	—
2010-08-Y-1364	0	0	GG	—	—
2010-08-Y-1995	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-2045	0	0	CC	—	—
2010-08-Y-3042	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-3189	0	0	AA	—	—
2010-08-Y-3314	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-3348	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-3576	0	0	TT	—	—

2010-08-Y-2045 CC

Chr 0 : 0

Originale Quellzeile Zeile kopieren

2010-08-Y-2045, 0, 0, CC

Abbildung 3.4: Der Daten-Viewer mit einer gewählten Zeile und ihrer Originalzeile.

Unter den Daten erklärt **Ausführliche Erklärung** die Spalten der Dateiart (bei Chip-Daten: RSID, Chromosom und Position, Genotyp, No-Calls). Clavis hält höchstens drei geladene Dateien im Speicher; fällt eine heraus, erscheint wieder **Datei laden**. Die gerade gewählte Datei und Datei 1 eines Vergleichs fallen nie heraus.

3.4 Einfach erklärt und Was kann ich als Nächstes tun?

Einfach erklärt beantwortet für jede Dateiart sechs Fragen: Was ist das? Wozu ist das gut – und warum? Wie entsteht diese Datei? Was kann ich damit machen? Was kann diese Datei nicht? Datenschutz & Verantwortung. Ob die Karte beim Öffnen aufgeklappt ist, stellst du in den Einstellungen ein. Klappst du sie in einer Datei zu oder auf, gilt das nur für diese Ansicht; die Einstellung bleibt, wie sie ist.

▼  **Einfach erklärt** · Was ist das, wozu ist es gut, was kann es nicht?

 **Was ist das?**
Diese Datei ist das Ergebnis eines DNA-Chip-Tests (Genotypisierung), wie ihn z. B. MyHeritage, FamilyTreeDNA (Family Finder), AncestryDNA oder 23andMe anbieten. Aus Ihrer Speichel- oder Wangenabstrich-Probe wurden an rund 600.000–700.000 ausgewählten Stellen des Erbguts die „Buchstaben“ (Basen A, C, G, T) gemessen. Jede Zeile ist eine solche Messstelle: Kennung (rs-Nummer), Chromosom, Position und Ihr Ergebnis, z. B. „AG“ – ein Buchstabe von der Mutter, einer vom Vater.

 **Wozu ist das gut – und warum?**
Autosomale DNA (Chromosomen 1–22) erben Sie je zur Hälfte von Mutter und Vater – und damit ein Stück von allen Vorfahrenlinien, nicht nur von der rein väterlichen oder mütterlichen. Deshalb ist sie das wichtigste Werkzeug, um Verwandte über alle Linien zu finden (sicher bis etwa Cousins 3. Grades, mit Glück weiter) und um Herkunftsschätzungen zu berechnen. Je weiter eine Verwandtschaft zurückliegt, desto weniger gemeinsame DNA bleibt übrig.

 **Wie entsteht diese Datei?**
Das Labor liest den Chip aus und ordnet jedes Messsignal einer Position im menschlichen Referenzgenom zu (meist GRCh37). Die Rohdatendatei laden Sie anschließend selbst aus Ihrem Kundenkonto herunter. Die Kopfzeilen (beginnend mit #) nennen – falls vorhanden – Anbieter, Erstellungsdatum und Referenz. Clavis nutzt genau diese Spuren, um den Ersteller zu erkennen.

 **Was kann ich damit machen?**

- Die Datei bei anderen Anbietern oder Diensten hochladen (z. B. MyHeritage, FamilyTreeDNA, GEDmatch), um dort weitere Verwandte zu finden – das kostet meist nichts.
- Zwei Personen vergleichen (z. B. „erik“ und „horst“), um eine vermutete Verwandtschaft zu prüfen.
- Einzelne Marker nachschlagen oder die Qualität prüfen (Anteil fehlender Werte).
- Die Datei als Sicherung aufbewahren – Anbieter können Konten schließen.

 **Was kann diese Datei nicht?**
Die Datei ist keine vollständige DNA-Sequenz: Gemessen wurden nur etwa 0,02 % aller Positionen. Sie enthält weder eine fertige Herkunftsangabe („30 % Skandinavier“) noch eine Verwandtenliste – beides berechnet erst der Anbieter. Gesundheitsaussagen daraus sind unzuverlässig: Chip-Daten haben eine Fehlerrate und sind nicht für medizinische Zwecke geprüft. Zeilen mit „–“ sind Messlücken, keine Ergebnisse.

 **Datenschutz & Verantwortung**
DNA verrät immer auch etwas über Ihre Eltern, Geschwister, Kinder und Cousins. Laden Sie Rohdaten nur dort hoch, wo Sie den Nutzungsbedingungen vertrauen, und nur mit Einverständnis der getesteten Person. Clavis verarbeitet alles ausschließlich auf diesem Mac – nichts wird hochgeladen.

Abbildung 3.5: „Einfach erklärt“ aufgeklappt.

Was kann ich als Nächstes tun? gibt nummerierte Vorschläge je Dateart und bietet passende Knöpfe: **Vergleichen ...**, **Familienbericht (PDF)** und bei autosomalen Chip-Rohdaten **Für Upload umwandeln**.

3.5 Lokale Datei und Prüfsumme

Ganz unten zeigt **Lokale Datei** Pfad, Größe und Datum mit dem Knopf **Im Finder zeigen** sowie die **SHA-256-Prüfsumme** der ganzen Datei zum Kopieren (bis 50 MB automatisch, darüber auf Knopfdruck). Die Prüfsumme ist ein „Fingerabdruck“: Stimmt sie bei einer Kopie überein, ist die Kopie unverändert und vollständig – ideal, um Sicherungen zu prüfen.

3.6 VCF-Dateien

Eine VCF (Variant Call Format) listet die Stellen, an denen sich die Probe von der Referenz unterscheidet, mit Genotyp, Qualität und Filter. Clavis liest die erste Probenspalte. Im Daten-Viewer zeigt die Detailansicht einer Zeile zusätzlich **Messwerte der Probe (FORMAT)** und **Technische Werte (INFO)**. Die ausführliche Erklärung beschreibt REF und ALT, Genotyp (0/1, 1/1), QUAL (Phred 20 = 99 %, 30 = 99,9 %), FILTER, INFO und FORMAT (AD, DP, GQ). Eine Y-VCF gehört zum Big-Y-Datensatz (Kapitel 5).

Enthält die Datei mehrere Proben, liest Clavis nur die erste; die Zusammenfassung zeigt dann den Hinweis „Die VCF-Datei enthält mehrere Proben. Clavis zeigt nur eine davon – welche, steht unter „Technische Details aus der Datei“, und **Technische Details aus der Datei** nennt unter

„Ausgewählte Probe“ und „Verfügbare Proben“ die gelesene und alle vorhandenen Proben. Eine Auswahl der Probe gibt es nicht.

Eine gVCF enthält zusätzlich **Referenzblöcke**: Abschnitte, in denen die Probe gemessen wurde und der Referenz entspricht (Zeilen mit END= und ALT <NON_REF> oder <*>). Der Daten-Viewer zeigt sie als „Chromosom:Start-Ende“ mit dem Genotyp „0/0 (Ref-Block: *n* bp)“. Phasierte Genotypen (mit |) tragen den Zusatz „[phased]“, etwa „0|1 (A|G [phased])“.

Autosomal vergleichen lässt sich eine Genom-VCF sinnvoll als gVCF oder gegen Chip-Rohdaten. Verglichen werden nur Stellen, die in beiden Dateien gemessen sind; eine reine Varianten-VCF nennt aber nur die Abweichungen von der Referenz. Zwei solche Dateien teilen deshalb meist zu wenige Stellen (Abschnitt 6.1.2).

3.7 BED-Dateien

Eine BED-Datei beschreibt Regionen, etwa die zuverlässig gelesenen Bereiche eines Big-Y-Tests. Die Koordinaten sind 0-basiert und halb-offen [Start, Ende). Die Chromosomen-Übersicht zeigt den abgedeckten Anteil; der Daten-Viewer listet Chromosom, Start, Ende, Länge, Name und Strang. Eine BED enthält noch keine genetischen Ergebnisse.

3.8 BAM-Dateien und Reads

Eine BAM-Datei enthält die Rohlesungen (Reads) einer Sequenzierung, die BAI-Datei den Index dazu. Clavis liest den SAM-Kopf und, mit Index, die Zahl der Reads je Contig. Nach **Datei laden** zeigt der Abschnitt **BAM-Header und Referenzkontigs** die Contigs mit Länge und gemappten Reads, die Programme der Auswertung und den vollständigen Header.

BAM-Header und Referenzkontigs ✓ BAI-Index gefunden

Die BAM-Datei wurde lokal verifiziert und der SAM-Header extrahiert. Volles Read-Level-Streaming (CIGAR, Alignments) ist für diese Stufe nicht aktiviert; keine Schein-Analyse vorgetäuscht.

Reads an Position ansehen

Referenzkontigs

Contig / Chromosom	Länge (bp)	Gemappte Reads
chrY	57.227.415	7.734.492
chrM	16.569	0
chr1	248.956.422	0
chr2	242.193.529	0
chr3	198.295.559	0
chr4	190.214.555	0
chr5	181.538.259	0
chr6	170.805.979	0

Programme & Pipelines

```
samtools v1.5 · samtools reheader /tmp/GRC183810426/0426-ebba33d9-c458-4c3a-8c70-4f4debe8569c_header_stripped.sam /tmp/GRC1838...
```

[Vollständiger SAM-Headertext](#)

Abbildung 3.6: BAM-Datei: BAM-Header und Referenzkontigs mit dem Feld „Reads an Position ansehen“.

Mit Index steht dort **Reads an Position ansehen**: Chromosom (voreingestellt chrY) und Position

eingeben, **Reads** klicken. Es öffnet sich ein Fenster mit der Lesetiefe, der Verteilung der Basen (vorwärts und rückwärts gelesen) und einem Ausschnitt der Reads von ± 30 Basen, die gesuchte Spalte gelb markiert. Reads mit geringer Mapping-Qualität, Basen mit geringer Basenqualität, Duplikate und überlappende Mates werden nicht gezählt. Eine echte Variante zeigt in fast allen Reads beider Richtungen dieselbe Base.

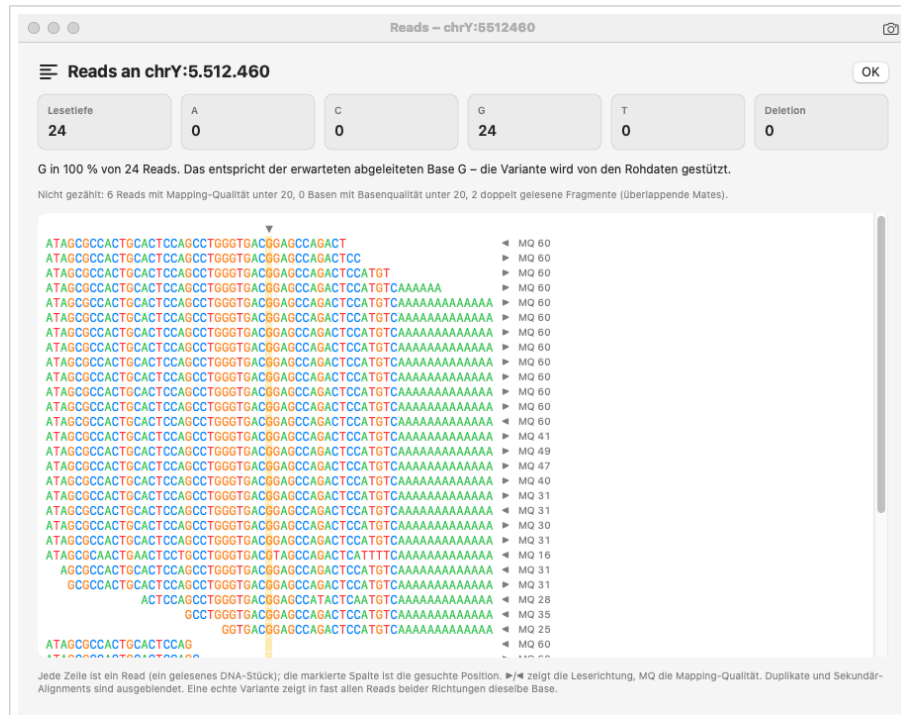


Abbildung 3.7: Das Fenster „Reads an ...“ an einer privaten Variante: alle Reads zeigen die erwartete Base.

Die BAM ist die einzige Datei, aus der sich später neue Auswertungen erstellen lassen. Bitte dauerhaft sichern.

3.9 FASTA-Dateien

FASTA-Dateien enthalten Basensequenzen, meist die vollständige mtDNA. Für mtDNA bestimmt Clavis die mütterliche Haplogruppe (Kapitel 4). Nach **Datei laden** zeigt die **Sequenzansicht** Länge, GC-Anteil und unbekannte Basen (N) sowie die Sequenz seitenweise (1.200 Basen je Seite, 60 je Zeile). Das Feld **Basensequenz / Motiv suchen ...** springt bei einer Zahl zu dieser Position und findet bei Buchstaben das erste Vorkommen eines Motivs. Angezeigt werden die ersten 100.000 Basen je Sequenz.

3.10 Y-STR-Werte

Bei einer Y-STR-Datei (etwa Y-37, Y-111 oder Big Y-700) zeigt die Karte **Y-STR-Werte** das Panel, die Zahl der Marker und ein Raster aller Marker mit ihren Werten für die erste Person der Datei. Mit **Vergleichen** berechnet Clavis die genetische Distanz zu einem anderen Mann (Abschnitt 6.1.4).

Y-STR-Werte

Big Y-700 (797 STR) 797 Marker · 1 Person(en) in der Datei

DYS393 12	DYS390 22	DYS19 14	DYS391 10	DYS385 13-18	DYS426 11	DYS388 15
DYS439 12	DYS389I 13	DYS392 11	DYS389II 32	DYS458 16	DYS459 8-9	DYS455 11
DYS454 11	DYS447 25	DYS437 14	DYS448 20	DYS449 27	DYS464 12-14-16-17	DYS460 10
Y-GATA-H4 10	YCAII 22-22	DYS456 16	DYS607 14	DYS576 15	DYS570 17	CDY 32-35
DYS442 12	DYS438 11	DYS531 11	DYS578 9	DYF395S1 15-16	DYS590 8	DYS537 11
DYS641 10	DYS472 8	DYF406S1 11	DYS511 9	DYS425 12	DYS413 21-23	DYS557 18
DYS594 10	DYS436 12	DYS490 12	DYS534 14	DYS450 8	DYS444 14	DYS481 25
DYS520 22	DYS446 13	DYS617 12	DYS568 11	DYS487 14	DYS572 11	DYS640 12
DYS492 12	DYS565 11	DYS710 37	DYS485 15	DYS632 8	DYS495 15	DYS540 12
DYS714 25	DYS716 27	DYS717 20	DYS505 12	DYS556 12	DYS549 12	DYS589 11
DYS522 13	DYS494 9	DYS533 12	DYS636 11	DYS575 10	DYS638 10	DYS462 10

Abbildung 3.8: Die Karte „Y-STR-Werte“ eines Big Y-700.

3.11 Match- und Segmentlisten

Match-Listen und Segmentlisten von FamilyTreeDNA erkennt Clavis an ihren Spalten und zeigt sie in eigenen Ansichten; sie sind in Kapitel 7 beschrieben. Y-DNA-Match-Listen stehen in Kapitel 5.

Herkunft und Haplogruppen

Eine **Haplogruppe** ist ein Ast im Stammbaum der Menschheit. Die mütterliche Haplogruppe folgt der mtDNA (von der Mutter an alle Kinder), die väterliche dem Y-Chromosom (vom Vater an den Sohn). Eine Haplogruppe ist keine Herkunftsangabe im Sinne einer Nationalität und keine medizinische Aussage.

4.1 Mütterliche Haplogruppe (mtDNA)

Bei einer mtDNA-FASTA-Datei bestimmt Clavis die Haplogruppe sofort, ohne Laden. Die Sequenz wird an der Referenz rCRS ausgerichtet und mit PhyloTree Build 17 (5.435 Äste) nach dem Verfahren von HaploGrep bewertet; alles dafür ist im Programm enthalten.

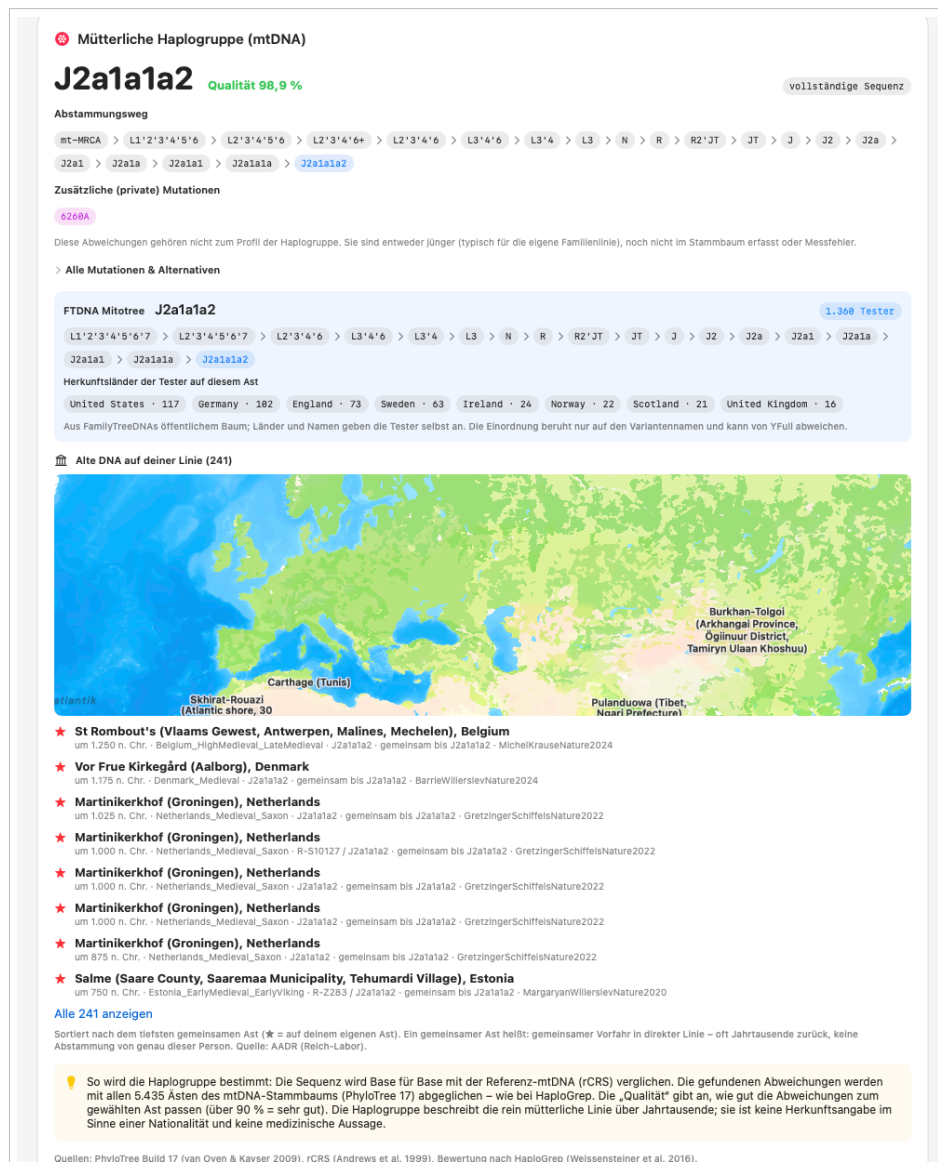


Abbildung 4.1: Mütterliche Haplogruppe mit Abstammungsweg, Zweitmeinung aus dem FTDNA-Mitotree und alter DNA auf der eigenen Linie.

Die Karte zeigt

- die Haplogruppe mit der **Qualität** (über 90 % sehr gut) und ob die Sequenz vollständig ist,
- den **Abstammungsweg** von der Wurzel bis zur Haplogruppe,
- **Zusätzliche (private) Mutationen** – jünger, noch nicht im Baum oder Messfehler – und **Erwartet, aber nicht gefunden**,
- aufgeklappt **Alle Mutationen & Alternativen**: alle Abweichungen zur rCRS und die nächstbesten Haplogruppen.

4.2 Väterliche Haplogruppe (Y-DNA)

Bei einer Big-Y-Datei „Named Variants“ oder den SNP-Ergebnissen von FamilyTreeDNA sucht Clavis den tiefsten Ast, auf dessen Weg die meisten abgeleiteten SNPs liegen. Ohne Download

nutzt es einen eingebauten Grundbaum mit etwa 95 großen Ästen. Für den genauen Endast lädst du in derselben Karte den öffentlichen YFull-Baum (YFull-Baum laden (≈ 15 MB) oder Datei importieren ...); dabei werden keine DNA-Daten gesendet. Mit YFull-Baum nennt die Karte zusätzlich, wann der Ast entstand und wann der letzte gemeinsame Vorfahr aller heutigen Träger lebte.

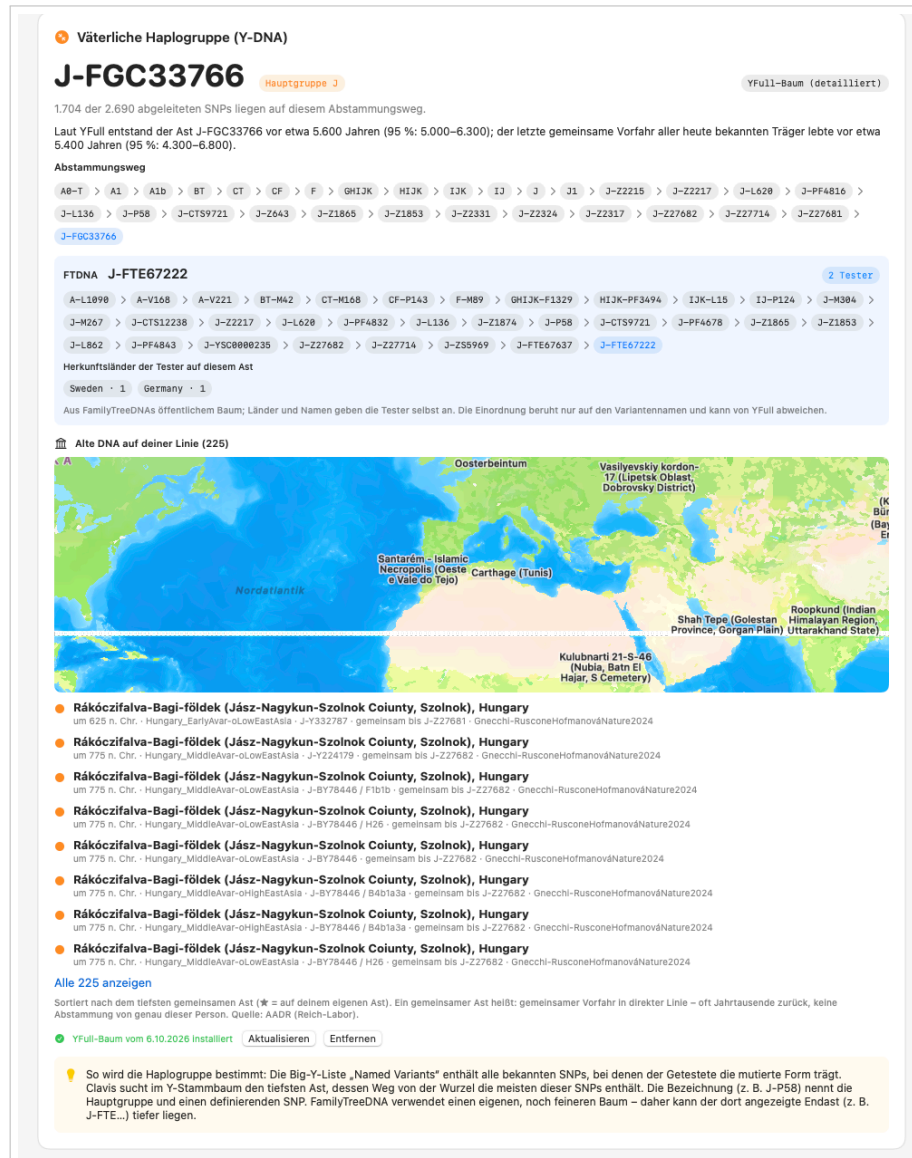


Abbildung 4.2: Väterliche Haplogruppe aus einer Big-Y-Datei, mit YFull-Baum, FTDNA-Zweitmeinung und alter DNA.

4.3 Zweitmeinung von FamilyTreeDNA

Sind unter **Referenzdaten** die **FamilyTreeDNA-Stammbäume** geladen (Y-Baum und mtDNA-Baum „Mitotree“), erscheint in den Haplogruppen-Karten ein blauer Kasten: der Ast nach FamilyTreeDNA mit Pfad, Zahl der Tester, den Herkunftsländern der Tester auf diesem Ast und bei Y den häufigen Nachnamen. Länder und Namen geben die Tester selbst an. FamilyTreeDNA nutzt einen eigenen, feineren Baum; der Endast kann dort tiefer liegen als bei YFull.

4.4 Alte DNA auf deiner Linie

Ist der Datensatz **AADR** (Allen Ancient DNA Resource, Reich-Labor) unter **Referenzdaten** geladen, zeigen die Haplogruppen-Karten **Alte DNA auf deiner Linie**: veröffentlichte Proben aus Ausgrabungen, die einen Ast mit dir teilen, auf einer Karte (rot: dein eigener Ast, orange: gemeinsamer übergeordneter Ast) und als Liste mit Fundort, Zeit, Gruppe und Publikation. Ein gemeinsamer Ast bedeutet einen gemeinsamen Vorfahren in direkter Linie, oft Jahrtausende zurück – keine Abstammung von genau dieser Person.

Y-DNA und Big Y

5.1 Big-Y-Datensatz prüfen

Ein Big-Y-Test besteht aus mehreren Dateien, die einzeln wenig sagen: CSV-Listen (Named Variants, Private Variants, Matches), die VCF mit den Varianten, die BED mit den zuverlässig gelesenen Bereichen und die BAM mit den Reads. Die Karte **Big-Y-Datensatz prüfen** erscheint bei jeder Y-Datei einer Person und fasst die Dateien desselben Kits zusammen. Oben zeigt sie, welche Bestandteile gefunden wurden (grüner Haken) und welche fehlen.

Datensatz jetzt prüfen prüft jede private und jede benannte Variante: Liegt sie im BED-Bereich? Steht sie in der VCF als abgeleitet mit PASS? Wie viele Reads stützen sie? Das Ergebnis lautet:

bestätigt	im BED-Bereich, in der VCF abgeleitet, PASS, Lesetiefe mindestens 10
schwach belegt	in der VCF, aber geringe Lesetiefe, kein PASS oder andere Base
außerhalb BED	nicht im zuverlässig gelesenen Bereich – mit Vorsicht behandeln
nicht in VCF	kein Eintrag an dieser Position (andere Auswertungsversion?)
widersprüchlich	die VCF zeigt die ursprüngliche Base
nicht prüfbar	im Datensatz fehlt die VCF

5.1.1 Ansicht „Zahlen“

Die Ansicht **Zahlen** zeigt Kennzahlen: **Zuverlässig gelesen (BED)** (bei Big Y-700 typisch 14–16 Mb), **Regionen**, **VCF: PASS / gesamt**, **Abgeleitete Calls (PASS)**, **Heterozygote Calls** (bei einem Mann sollten sie selten sein), **Typische Lesetiefe** (ab etwa 10× gut) und **Reads auf chrY (BAI)**. Darunter folgen die Haplogruppe, die Haplogruppen der Matches und Tabellen der privaten und der nicht eindeutig bestätigten benannten Varianten mit Position, Änderung, BED, Genotyp, Lesetiefe, Qualität, Filter und Bewertung. Liegt eine BAM vor, öffnet **Reads** je Zeile das Reads-Fenster an genau dieser Stelle (Abbildung 3.7).

Big-Y-Datensatz prüfen

Kit B12345

Named Variants
Private Variants
Matches
SNP-Ergebnisse
Y-STR
VCF
BED
BAM
BAI

Erklärung **Zahlen**

Zuverlässig gelesen (BED)	Regionen	VCF: PASS / gesamt	Abgeleitete Calls (PASS)	Heterozygote Calls
14,92 Mb	14.474	200.974 / 238.908	1.624	2.549
Typische Lesetiefe	Reads auf chrY (BAI)			
34x	7.734.492 (100 %)			

Väterliche Haplogruppe (Y-DNA)

J-FGC33766 Hauptgruppe J YFull-Baum (detailliert)

1.704 der 2.690 abgeleiteten SNPs liegen auf diesem Abstammungsweg.

Laut YFull entstand der Ast J-FGC33766 vor etwa 5.600 Jahren (95 %: 5.000–6.300); der letzte gemeinsame Vorfahr aller heute bekannten Träger lebte vor etwa 5.400 Jahren (95 %: 4.300–6.800).

Abstammungsweg

A0-T > A1 > A1b > BT > CT > CF > F > GHIJK > HIJK > IJK > IJ > J > J1 > J-Z2215 > J-Z2217 > J-L620 > J-PF4816 >
 J-L136 > J-P58 > J-CTS9721 > J-Z643 > J-Z1865 > J-Z1853 > J-Z2331 > J-Z2324 > J-Z2317 > J-Z27682 > J-Z27714 > J-Z27681 >
J-FGC33766

1 Match(es) in der Match-Liste - Haplogruppen: J-FTE67222 (1)

Private Varianten (1)

bestätigt: 1

Variante	Position	Änderung	BED	GT	DP	QUAL	FILTER	Bewertung
—	5.512.460	A>G	✓	1/1	27	986	PASS	bestätigt Reads

Tip: Mit „Reads“ siehst du die Rohlesungen aus der BAM an genau dieser Position.

Benannte Varianten: 2.690 (davon 1.722 im FTDNA-Baum)

bestätigt: 906
schwach belegt: 47
nicht in VCF: 1257
widersprüchlich: 480

> 1.784 nicht eindeutig bestätigte anzeigen

Abbildung 5.1: Big-Y-Datensatz prüfen, Ansicht „Zahlen“.

5.1.2 Ansicht „Erklärung“

Die Ansicht **Erklärung** beantwortet in Alltagssprache: *Wo stehst du im Stammbaum? Wie gut ist dein Test gelesen? Welche Varianten hast nur du? Was bedeutet dein Match? Wie alt kann die Verbindung sein?* Jeder Abschnitt hat aufklappbar **Woher weiß das Programm das?!** Trägst du im Feld **Geburtsjahr** dein Geburtsjahr ein, rechnet die Altersschätzung in Kalenderjahre um. Grundlage ist die Mutationsrate nach YFull, umgerechnet auf die Fläche deiner BED-Datei, mit einem 95-%-Bereich.

Big-Y-Datensatz prüfen

Kit B12345

Named Variants Private Variants Matches SNP-Ergebnisse Y-STR VCF BED BAM BAI

Erklärung Zahlen Geburtsjahr

Wo stehst du im Stammbaum?

Deine Vaterlinie gehört zum Zweig J-FGC33766. Ein Zweig ist eine Gruppe von Männern, die dieselben Veränderungen auf dem Y-Chromosom tragen und deshalb einen gemeinsamen Vorfahren in der reinen Vaterlinie haben.

Dein Test hat 2.690 bekannte (benannte) Varianten gefunden. 1.722 davon haben einen festen Platz im Stammbaum; die übrigen 968 sind bekannt, markieren aber bisher keine Verzweigung.

Der Zweig sagt nichts über Familiennamen, Orte oder Jahreszahlen. Er sagt nur, mit wem du die Vaterlinie teilst.

> Woher weiß das Programm das?

Wie gut ist dein Test gelesen?

Der Test hat 14,9 Millionen Stellen des Y-Chromosoms verlässlich gelesen. Das Y-Chromosom hat rund 57 Millionen Stellen; ein großer Teil besteht aus Wiederholungen, die sich mit kurzen Lesestücken nicht eindeutig lesen lassen. Das ist für einen Big Y üblich.

Eine typische Stelle wurde 34-mal gelesen. Ab etwa zehn Lesungen gilt ein Ergebnis als solide.

> Woher weiß das Programm das?

Welche Varianten hast nur du?

Dein Test nennt eine private Variante. Private Varianten sind Veränderungen, die bisher bei keinem anderen Getesteten gefunden wurden. Es sind die Veränderungen deiner eigenen Linie seit dem letzten gemeinsamen Vorfahren mit deinem nächsten Match.

Position	Änderung	Lesungen	Einschätzung
5512460	A→G	26 von 26	gut belegt

Gut belegt: 1. Mit Vorsicht zu lesen: 0.

> Woher weiß das Programm das?

Abbildung 5.2: Big-Y-Datensatz prüfen, Ansicht „Erklärung“ (Ausschnitt).

Der Abschnitt „Was bedeutet dein Match?“ nennt den nächsten Match mit Namen. Ob der Match an deinen Stellen wirklich die ursprüngliche Base trägt, lässt sich nur mit seinen Dateien entscheiden.

5.1.3 PDF-Bericht

PDF-Bericht ... speichert „Clavis-BigY-<Kit>.pdf“ mit Haplogruppe, Erklärung, Kennzahlen und Variantentabellen. Namen der Matches stehen nur darin, wenn **Namen der Matches im PDF nennen** angehakt ist.

5.2 Y-Match-Liste

Eine Y-DNA-Match-Liste von FamilyTreeDNA (Dateiname mit „match“) zeigt Clavis nach **Datei laden** als **Match-Liste** mit den Spalten Name, Haplogruppe, Y-37, Y-67, Y-111, abweichende SNPs und ältester Vorfahr, mit Filter, Sortierung und einer Übersicht der Haplogruppen. Wählst du einen Match, zeigt die Detailansicht

- eine **SNP-Zeitschätzung**: aus der Zahl der abweichenden bekannten SNPs das Alter des gemeinsamen Vorfahren mit 95-%-Bereich (genauer, wenn die BED-Datei im selben Ordner liegt; sonst mit 83 Jahren je SNP),
- eine **STR-Zeitschätzung** aus der genetischen Distanz,
- mit YFull-Baum den gemeinsamen Ast und dessen Alter,
- ein Feld **Meine Notizen**, das sofort lokal gespeichert wird.

Unbenannte private Varianten fehlen in der Zählung des Anbieters; das Alter fällt deshalb eher zu niedrig aus.

5.3 Die STR-Uhr

Für Y-STR-Vergleiche schätzt Clavis aus der genetischen Distanz, vor wie vielen Generationen der gemeinsame Vorfahr der Vaterlinie am ehesten lebte (mittlere Rate 0,003 je Marker und Generation, 31 Jahre je Generation, ab 12 Markern). Die Schätzung ist sehr grob; Rückmutationen sind möglich, und eine Distanz von 0 schließt alte Vorfahren nicht aus. Genauer wird es mit Big Y.

Dateien vergleichen

6.1 Zwei Dateien vergleichen

So vergleichst du zwei Dateien:

1. Die erste Datei in der Liste wählen.
2. **Vergleichen ...** in der Detailansicht klicken, oder Vergleichen › Gewählte Datei mit einer zweiten vergleichen ().
3. Die Datei wird „Datei 1“. In der Liste sind jetzt nur noch Dateien wählbar, die sich sinnvoll damit vergleichen lassen; alle anderen sind ausgegraut.
4. Die zweite Datei anklicken. Der Vergleich startet sofort.

Vergleich beenden kehrt zur normalen Ansicht zurück.

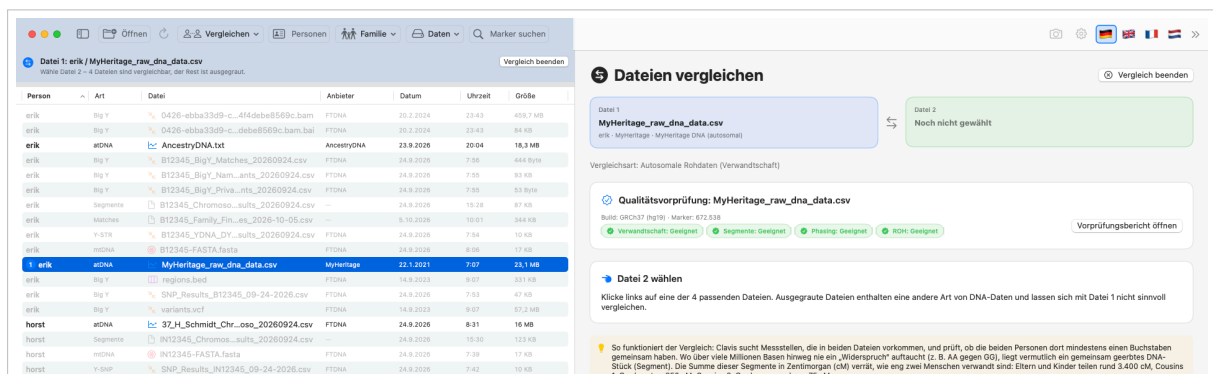


Abbildung 6.1: Vergleichsmodus: Datei 1 ist gewählt, nur passende Dateien sind anklickbar; rechts die Karte „Qualitätsvorprüfung“.

Vergleichbar sind:

Autosomale Rohdaten	Chip-Dateien untereinander, dazu Genom-VCFs, am besten als gVCF (Verwandtschaft)
Y-DNA-Varianten	Big-Y-CSV, SNP-Ergebnisse und Y-VCF
Y-STR-Werte	zwei Y-STR-Dateien, auch eine Projektabelle als Datei 2
Y-Match-Listen	zwei Y-Match-Listen (neu, weg, gemeinsam)
mtDNA	zwei mtDNA-FASTA-Dateien
BED-Regionen	zwei BED-Dateien (Abdeckung und Überlappung)

6.1.1 Qualitätsvorprüfung

Sobald Datei 1 gewählt ist, steht unter den Kästen **Datei 1** und **Datei 2** die Karte **Qualitätsvorprüfung**: mit dem Namen der Datei – bei jeder Vergleichsart, auch während und nach dem Vergleich. Sie nennt das Referenzgenom (**Build**) und die Zahl der Marker und zeigt in farbigen Kennzeichen, wofür sich die Datei eignet: bei Chip-Rohdaten, VCF und BAM für **Verwandtschaft**, **Segmente**, **Phasing** und **ROH** (homozygote Abschnitte), bei Y-, mtDNA-, BED- und Listen-Dateien für **Verwandtschaft**, **Segmente**, **ClinVar** und **Haplogruppe**. Die Vorprüfung ist nur eine Anzeige; sie verhindert keinen Vergleich.



Abbildung 6.2: Die Karte „Qualitätsvorprüfung“ für eine geladene Chip-Datei: alle vier Bereiche geeignet.

Geeignet (grün)	Die Daten reichen für diesen Bereich.
Eingeschränkt (orange)	Nutzbar, aber mit Abstrichen; die Gründe nennt der Bericht.
Nicht auswertbar (rot)	Zu wenige oder zu unsichere Daten für diesen Bereich.
Nicht anwendbar (grau)	Der Bereich passt nicht zur Dateiarart.

Für Chip-Rohdaten, VCF und BAM gilt: Unter 5.000 Markern oder mit mehr als 20 % fehlenden Werten (No-Calls) ist eine Datei **Nicht auswertbar**, unter 200.000 Markern, mit mehr als 5 % No-Calls oder mit unbestätigtem Referenzgenom **Eingeschränkt**. **ClinVar** ist ab 5.000 Markern geeignet, **Haplogruppe** nur bei Y- und mtDNA-Dateien. **ROH** ist außerdem **Eingeschränkt**, wenn zwischen zwei Markern eines Chromosoms mehr als 15 Mb ohne Messung liegen (**Messlücke**). Bereiche, in denen kein Chip messen kann, zählen dabei nicht mit: die Zentromere, große Heterochromatin-Blöcke und die kurzen Arme der Chromosomen 13, 14, 15, 21 und 22. Für Y-, mtDNA- und BED-Dateien gelten die Regeln zu Markerzahl, No-Calls und Lücken nicht; sie enthalten von Natur aus wenige Einträge.

Die Vorprüfung rechnet mit den Werten der geladenen Datei: Markerzahl, No-Call-Rate und (bei Chip-Rohdaten und VCF) Messlücke. Sind Chip-Rohdaten, eine VCF oder eine BAM als Datei 1 noch nicht geladen, steht in der Karte „Lade die Datei, damit Clavis ihre Qualität prüfen kann.“ mit dem Knopf **Datei laden**; danach erscheint die Bewertung.

Vorprüfungsbericht öffnen zeigt das Blatt **Qualitätsbericht**: Dateiname, Art und Referenzgenom, ein Gesamturteil, die Kennzahlen **Gesamtmarker**, **Verwertbare Marker**, **No-Call-Rate** und **Messlücke (max)**, darunter **Eignung je Analysebereich** mit Gründen und Empfehlungen für jeden Bereich und, falls vorhanden, **Qualitätsbefunde & Risiken**. **Bericht als Markdown kopieren** legt den Bericht als Text in die Zwischenablage (in der Programmsprache, mit der **Schwellenwert-Version**); **Fertig** schließt das Blatt. Mit  (**Bildschirmfoto des Fensters**) lässt sich das Fenster samt Blatt als Bild sichern.

Qualitätsbericht

✓ Qualitätsbericht: MyHeritage_raw_dna_data.csv

MyHeritage_raw_dna_data.csv Geelignet

Typ: Autosomal · Build: GRCh37 (hg19)

Gesamtmarker 702.540	Verwertbare Marker 672.538	No-Call-Rate 4,27 %
--------------------------------	--------------------------------------	-------------------------------

Messlücke (max)
1,1 Mb

Bericht als Markdown kopieren Schwellenwert-Version: v1.0

Eignung je Analysebereich

- Verwandtschaftsvergleich (Autosomal)** Geelignet
• Gute Markerdichte und niedrige No-Call-Rate
- IBD-Segmentanalyse & cM** Geelignet
• Gute Markerdichte und niedrige No-Call-Rate
- Eltern-Kind-Phasing** Geelignet
• Gute Markerdichte und niedrige No-Call-Rate
- Runs of Homozygosity (ROH)** Geelignet
• Gute Markerdichte und niedrige No-Call-Rate
- Medizinische Varianten (ClinVar)** Geelignet
• Ausreichend Marker vorhanden
- Haplogruppen-Klassifikation** Nicht anwendbar
• Kein Y- oder mtDNA-Datensatz

Fertig

Abbildung 6.3: Der Qualitätsbericht einer Chip-Datei, geöffnet mit „Vorprüfungsbericht öffnen“.

6.1.2 Autosomaler Vergleich

Clavis sucht halb-identische Segmente (mindestens 7 cM und 200 SNPs), voll identische Bereiche und Gegensätze und schätzt daraus die Verwandtschaft.

Dateien vergleichen

Exportieren PDF-Bericht ... Vergleich beenden

Datel 1: **MyHeritage_raw_dna_data.csv**
erik · MyHeritage · MyHeritage DNA (autosomal)

Datel 2: **37_H_Schmidt_Chrom_Autoso_20260924.csv**
horst · FamilyTreeDNA (FTDNA) · Family Finder (autosomal)

Vergleichsart: Autosomale Rohdaten (Verwandschaft)

Qualitätsvorprüfung: MyHeritage_raw_dna_data.csv
Build: GRCh37 (hg19) · Marker: 672.538
Verwandschaft: Geegnet Segmente: Geegnet Phasing: Geegnet ROH: Geegnet
Vorprüfungsbericht öffnen

Qualitätsbericht & Analyse-Eignung
Gemeinsame Marker: 203.377 · Lücke (max): 1,5 Mb
Verwandschaft: Geegnet Segmente: Geegnet Triangulation: Geegnet Phasing: Geegnet
Bericht öffnen

Ergebnis

Eltern ↔ Kind

Die Personen teilen auf praktisch allen Chromosomen durchgehend eine Kopie, es gibt fast keine Gegensätze (AA↔GG) und kaum voll identische Bereiche. Genau dieses Muster entsteht zwischen Elternteil und Kind: Jedes Kind erbt von jedem Elternteil genau eine vollständige Kopie.

Geteilte DNA 3.518 cM	Anteil des Vergleichbaren 99,6 %	Segmente 41	Größtes Segment 150,8 cM	Voll identisch (FIR) 0 cM
Gemeinsame Messstellen 203.377	Identische Genotypen 66,68 %	Gegensätze (AA↔GG) 24		

cM nach der genetischen Karte (HapMap II, GRCh37).

Abbildung 6.4: Autosomaler Vergleich zweier Personen: Qualitätsvorprüfung, Qualitätsbericht & Analyse-Eignung und das Ergebnis „Eltern ↔ Kind“.

Qualitätsbericht & Analyse-Eignung

steht über dem Ergebnis und bewertet das Dateipaar: **Gemeinsame Marker**, die größte Lücke zwischen zwei gemeinsamen Markern (**Lücke (max)**) und die Eignung für **Verwandschaft**, **Segmente**, **Triangulation** und **Phasing**, darunter bis zu zwei Befunde (siehe unten).

Ergebnis

die Verwandtschaftsschätzung mit Erklärung und die Kennzahlen **Geteilte DNA**, **Anteil des Vergleichbaren**, **Segmente**, **Größtes Segment**, **Voll identisch (FIR)** (bei Vollgeschwistern rund 25 %, bei Eltern und Kind fast null), **Gemeinsame Messstellen**, **Identische Genotypen** und **Gegensätze (AA↔GG)** (bei Eltern und Kind bis auf Messfehler null).

X-Chromosom

geteilte X-cM, Segmente, das Geschlecht laut Daten und welche Erbwege möglich sind. Manche Anbieter exportieren das X-Chromosom nicht.

Chromosomen-Übersicht

blau: geteilt (eine Kopie), grün: voll identisch (beide Kopien).

Gemeinsame Segmente

Tabelle mit Chromosom, Start, Ende, SNPs und cM; mit geladenen Allelfrequenzen die Spalte **Seltene Allele**, mit Chromosomenbanden die Spalte **Banden** (ein Warndreieck markiert Segmente am Zentromer).

Die Verwandtschaftsklassen reichen von „Dieselbe Person (oder eineiige Zwillinge)“ über „Eltern ↔ Kind“, „Vollgeschwister“ und Verwandtschaft 2. und 3. Grades bis zu „Cousin 3. Grades (oder ähnlich)“ und „Entfernte Verwandtschaft möglich“. Verwenden die Dateien verschiedene Referenzgenome, rechnet Clavis mit den Liftover-Daten um oder gleicht über die Markernamen ab. Mit geladener genetischer Karte sind die cM genauer; unter dem Ergebnis steht, welche Methode verwendet wurde.

Die Werte können um einige Prozent von MyHeritage, FamilyTreeDNA oder GEDmatch abweichen. Die Verwandtschaftsangabe ist eine Wahrscheinlichkeitsaussage nach dem Shared cM Project, kein Beweis.

Qualität des Dateipaars. Für **Segmente**, **Triangulation** und **Phasing** gilt: Unter 5.000 gemeinsamen Markern ist das Paar **Nicht auswertbar**; unter 100.000 gemeinsamen Markern, bei unbestätigtem Referenzgenom oder bei einer Lücke von mehr als 15 Mb **Eingeschränkt**. Für **Verwandtschaft** gelten dieselben Grenzen ohne die Lückenregel. Wie bei der einzelnen Datei zählen Zentromere, Heterochromatin und die kurzen Arme der akrozentrischen Chromosomen nicht zur Lücke. Bei unbestätigtem Referenzgenom empfiehlt der Bericht, das Referenzgenom (GRCh37 oder GRCh38) beim Anbieter nachzusehen; im Mehrpersonenvergleich lässt es sich für jede Datei wählen.

Bericht öffnen zeigt das Blatt **Qualitätsbericht Dateivergleich**: die beiden Dateinamen und ihre Referenzgenome mit dem Urteil **Kompatibel** oder **Inkompatibel**, die Kennzahlen **Gemeinsame Marker**, den Anteil jeder Datei, **Identische Genotypen (IBS 2)**, **Gegensätze (IBS 0)** (entgegengesetzte homozygote Genotypen) und **Gemeinsame Lücke (max)**, darunter die Eignung je Bereich und, falls vorhanden, die **Befunde & Einschränkungen**. Ein Befund trägt seinen Schweregrad als **Hinweis**, **Warnung** oder **Kritisch**.

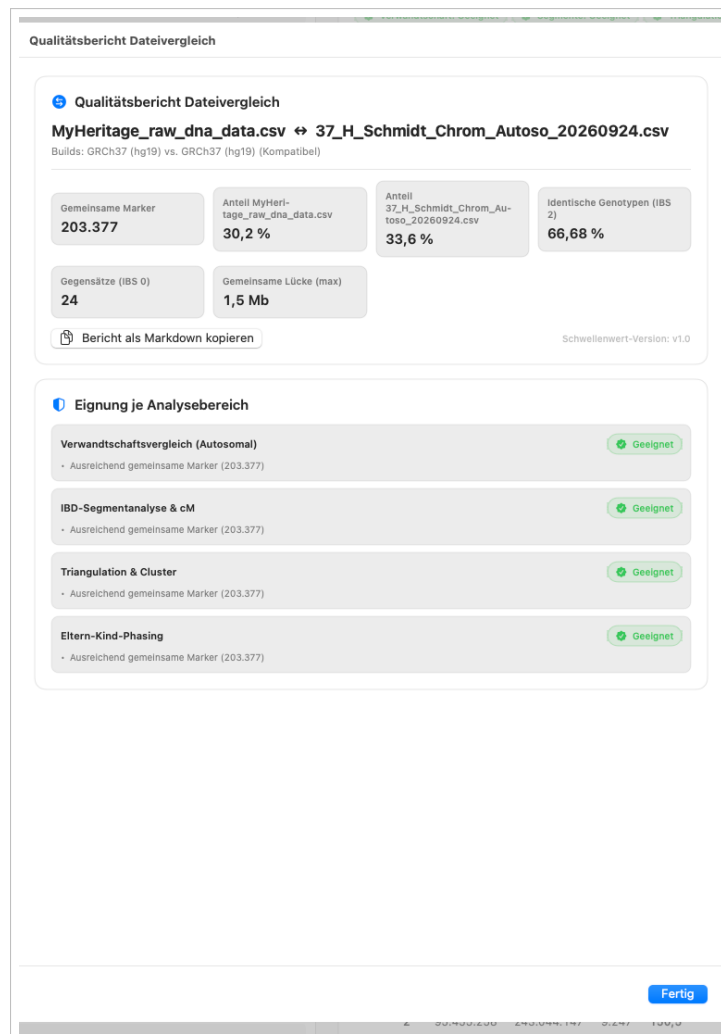


Abbildung 6.5: Das Blatt „Qualitätsbericht Dateivergleich“, geöffnet mit „Bericht öffnen“.

VCF-Dateien. Aus einer VCF zählen nur Stellen mit FILTER „PASS“ oder „.“ und, soweit die Datei die Werte enthält, QUAL ab 20, Lesetiefe (DP) ab 5 und Genotyp-Qualität (GQ) ab 15. Zeilen mit mehrbasigen oder symbolischen Allelen werden übersprungen. Verglichen werden nur Stellen, die in beiden Dateien gemessen sind; eine gVCF steuert dazu ihre Referenzblöcke bei. Zwei reine Varianten-VCFs teilen deshalb meist zu wenige Stellen, und das Ergebnis lautet „Zu wenige gemeinsame Messstellen“. Unter dem Ergebnis sagt ein Hinweis, worauf der Vergleich beruht: bei zwei Varianten-VCFs nur auf den Stellen, die in beiden Dateien stehen (ein grober Anhaltspunkt), bei einer gVCF auf ihren Referenzblöcken, und wenn nur wenige Stellen an derselben Position lagen, auf dem Abgleich über die Markernamen (rs-Nummern).

6.1.3 mtDNA-Vergleich

Beide Haplogruppen, die **Genetische Distanz** (ohne Hotspots und Insertionen, nur in Bereichen, die beide Sequenzen abdecken), die gemeinsamen Mutationen und die Mutationen, die nur in einer Datei vorkommen. Distanz 0 bedeutet eine identische mütterliche Linie, 1–2 „sehr ähnlich“.

Dateien vergleichen

Exportieren PDF-Bericht ... Vergleich beenden

Datei 1
B12345-FASTA.fasta
 erik · FamilyTreeDNA (FTDNA) · mtFull Sequence (HVR1 + HVR2 + Coding Region)

Datei 2
IN12345-FASTA.fasta
 horst · FamilyTreeDNA (FTDNA) · mtFull Sequence (HVR1 + HVR2 + Coding Region)

Vergleichsart: mtDNA-Sequenzen (mütterliche Linie)

Qualitätsvorprüfung: B12345-FASTA.fasta

Buid: Unbekannter Buid · Marker: 0

Verwandtschaft: Nicht anwendbar Segmente: Nicht anwendbar ClinVar: Nicht anwendbar **Haplogruppe: Geeignet** Vorprüfungsbericht öffnen

Ergebnis

Datei 1 **Datei 2**
J2a1a1a2 **W5a1a1a**

Genetische Distanz: **55** Gemeinsame Mutationen: **13**

Mehrere Unterschiede: kein gemeinsamer Vorfahr in mütterlicher Linie in genealogischer Zeit.

Nur in Datei 1

150T 152C 215G 295T 310.1T 319C 489C 513A 1850C 3447G 4216C 6260A 7476T 7789A 10398G 10499G 11251G 11377A
 12612G 13708A 13722G 14133G 15257A 15452A 16069T 16126C 16145A 16231C 16261T

Nur in Datei 2

60.1T 139C 189G 194T 204C 207A 309.1C 709A 1243C 3505G 4363C 5046A 5460A 6065T 6528T 8251A 8994A 9275G
 10097G 10410C 11674T 11947G 12414C 12705T 15775G 15884C 16223T 16292T 16362C 16519C

Beide Sequenzen werden am Referenzgenom (rCRS) ausgerichtet und ihre Abweichungen verglichen. Die „genetische Distanz“ ist die Zahl der Unterschiede. 0 bedeutet: identische mütterliche Linie – ein gemeinsamer Vorfahr in weiblicher Linie kann aber trotzdem viele Jahrhunderte zurückliegen, weil sich mtDNA sehr langsam verändert.

Abbildung 6.6: mtDNA-Vergleich zweier Sequenzen.

6.1.4 Y-DNA-Vergleiche

- **Y-Varianten:** gemeinsame Varianten, Varianten nur in einer Datei und die Haplogruppen beider Seiten. Zwei SNP-Namenslisten werden über die SNP-Namen abgeglichen; „nur in ...“ zählt dann nur ausdrücklich negativ getestete SNPs.
- **Y-STR:** Der erste Mann aus Datei 1 wird mit allen Männern in Datei 2 verglichen (höchstens 50, nach Distanz sortiert). Je Mann: **Genetische Distanz**, **Verglichene Marker**, die Abweichungen als „Marker: A → B“ und die STR-Uhr. Gezählt wird nach den Regeln von FamilyTreeDNA (DYS389II ohne 389I; mehrkopierte Marker nach dem Infinite-Alleles-Modell).
- **Y-Match-Listen:** Matches neu in Datei 2, nicht mehr in Datei 2 und in beiden Listen.

6.1.5 Exportieren und PDF

Liegt ein Ergebnis vor, speichert **Exportieren** die Vergleichsergebnisse und die Segmente (bzw. Einzelergebnisse) als CSV oder TSV: UTF-8, englische Spaltennamen, Dezimalpunkt, Koordinaten 1-basiert; Zellen, die mit = + - @ beginnen, werden gegen Formeln geschützt. **PDF-Bericht ...** erzeugt „Clavis-Vergleich.pdf“ mit Dateien, Ergebnis, Kennzahlen und Segmenttabelle.

Beim autosomalen Vergleich enthalten beide zusätzlich die Qualitätsbewertung: Die CSV-Datei hat die Zeilen `quality_thresholds_version`, `max_shared_gap_bp` und `suitability_...` für die vier Bereiche (Werte `suitable`, `limited`, `unsuitable`, `notApplicable`). Das PDF hat einen Abschnitt „Qualitätsbericht & Analyse-Eignung“ mit Bereich, Status und Begründung sowie einen Abschnitt zu Methoden und Reproduzierbarkeit: eine Analyse-ID (bei jedem Bericht neu), einen Reproduzierbarkeits-Hash (bei unveränderten Dateien gleich), das Verfahren, den Zeitpunkt und für jede Eingabedatei Größe, Referenzgenom und SHA-256-Prüfsumme, mit genetischer Karte auch die verwendeten Referenzdaten. Für die Prüfsummen liest Clavis beide Dateien vollständig; bei großen Genom-VCFs dauert der PDF-Bericht deshalb etwas. Auch diese Abschnitte stehen in der Programmsprache.

6.2 Mehrpersonenvergleich und Triangulation

Vergleichen › Mehrpersonenvergleich () vergleicht 2 bis 12 Personen auf einmal, je Person eine autosomale Datei. Links wählst du die Dateien und je Datei die Genomversion (GRCh37 oder GRCh38; unbekannte müssen festgelegt werden). **Vergleichen und triangulieren** lädt jede Datei einmal, vergleicht alle Paare und prüft ab drei Personen alle Dreiergruppen.

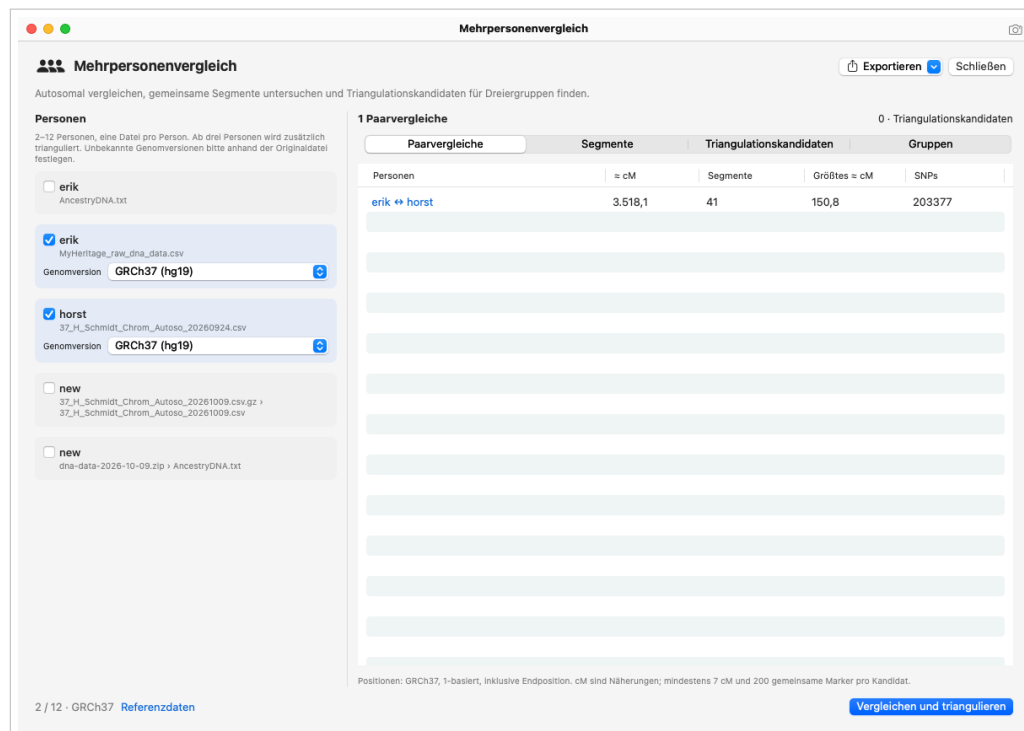


Abbildung 6.7: Mehrpersonenvergleich mit dem Reiter „Paarvergleiche“.

Paarvergleiche

Tabelle aller Paare mit cM, Segmenten, größtem Segment und SNPs.

Segmente

die vollständige Vergleichsansicht für ein gewähltes Paar, mit der Karte **Qualitätsbericht & Analyse-Eignung** (Abschnitt 6.1.2).

Triangulationskandidaten

Abschnitte, die alle drei Paarungen einer Dreiergruppe teilen und an denen an jedem

gemeinsam getesteten Marker ein Allel bei allen dreien vorkommt (mindestens 7 cM, 200 Marker, 20 Marker je Mb). Unphasierte Daten liefern Kandidaten, keinen Beweis.

Gruppen

Gruppen aus den eigenen Dateien: aus Sicht einer gewählten Person, mit einstellbarer Obergrenze („Verwandte bis“) und Verbindungsschwelle („Verbunden ab“), als farbige Matrix.

Exportieren speichert Paarergebnisse, Segmente und Triangulationskandidaten als CSV oder TSV. GRCh38-Dateien werden auf GRCh37 umgerechnet; dafür braucht es die Liftover-Datei. Ausgewertet werden die Chromosomen 1–22.

6.3 Elternseiten trennen (Phasing)

Ist ein Elternteil getestet, lässt sich bei vielen Markern bestimmen, welches Allel das Kind von welchem Elternteil hat. Familie > Elternseiten trennen (Phasing) öffnet das Fenster dafür: **Kind** und **Getesteter Elternteil** wählen, die weiteren Personen unter **Matches (weitere Personen)** ankreuzen, **Seiten bestimmen** klicken.



Abbildung 6.8: Das Fenster „Elternseiten trennen (Phasing)“ vor der Auswahl.

Clavis prüft zuerst, ob Kind und Elternteil wirklich ein Eltern-Kind-Paar sind. Das Ergebnis zeigt die cM zwischen beiden, die zugeordneten und nicht zuordenbaren Marker und die Rate der Mendel-Widersprüche (bei echten Paaren meist deutlich unter 0,5 %). Darunter steht ein Kennzeichen für die Eignung des Paares zum Phasing (**Geeignet**, **Eingeschränkt** oder **Nicht auswertbar**, nach den Regeln in Abschnitt 6.1.2); liegen die Widersprüche über 1 %, folgt in Orange **Erhöhte Fehlerrate** mit dem Wert; dann Dateien und die Zuordnung von Kind und Elternteil prüfen. Das Kennzeichen beruht auf den Referenzgenomen der beiden Dateien. Für jeden gewählten Match nennt eine Tabelle die cM auf der Seite des getesteten Elternteils, auf der anderen Seite und ungetrennt, dazu eine Grafik mit zwei Spuren.

Elternseiten trennen (Phasing)

Ist ein Elternteil getestet, lässt sich bei vielen Markern bestimmen, welches Allel das Kind von ihm und welches es vom anderen Elternteil hat. Jeder Match wird dann getrennt mit beiden Hälften verglichen – so zeigt sich, über welche Elternseite er verwandt ist, auch wenn der andere Elternteil nie getestet wurde.

Kind: **erik - MyHeritage_raw_dna_data.csv** | Kind ↔ Elternteil: **3.518 cM** | Zugeordnete Marker: **169.248** | Nicht zuzuordnen: **34.105** | Mendel-Widersprüche: **0,012 %**

Matches (weitere Personen)

☐ erik - AncestryDNA.txt ✔ Geignert

☐ new - 37_H_Schmidt_Chrom_Autosom_20261009.csv.gz > 37_H_Schmidt_Chrom_Autosom_20261009.csv

☐ new - dna-data-2026-10-09.zip > AncestryDNA.txt

Keine weiteren Personen gewählt – links Matches ankreuzen, um sie einer Elternseite zuzuordnen.

cM nach der genetischen Karte (HapMap II, GRCh37).

Grenzen: Wo Kind und Elternteil beide gemischtartig (heterozygot) mit denselben Allelen sind, bleibt die Seite offen. Ein Segment auf der Seite des getesteten Elternteils sollte der Match auch mit diesem Elternteil teilen – teste das mit einem normalen Vergleich.

[Seiten bestimmen](#)

Abbildung 6.9: Elternseiten trennen: Ergebnis für Kind und getesteten Vater, noch ohne gewählte Matches.

Vor **In Chromosomen-Karte übernehmen** gibst du an, ob der getestete Elternteil der väterliche oder der mütterliche ist (... ist der/die ...: **Väterlich** oder **Mütterlich**); dann landen die Segmente mit ihrer Seite in der Chromosomen-Karte des Kindes (Abschnitt 8.5). **Exportieren > Segmente** speichert die getrennten Segmente als CSV oder TSV. Wo Kind und Elternteil gleich heterozygot sind, bleibt die Seite offen.

Match-Listen und Segmente

Dieses Kapitel gilt für die Exporte von **FamilyTreeDNA Family Finder**: die Match-Liste und die Segmentliste aus dem Chromosomen-Browser. Für Anbieter, die keine Match-Liste mehr exportieren (MyHeritage, AncestryDNA), gibt es **Matches von Hand** (Abschnitt 9.2).

Dateinamen nicht ändern

Clavis verbindet Match-Liste, Segmentliste und die Listen von Verwandten über den Personenordner und den Dateinamen: Match-Listen enthalten „Family_Finder_Matches“, Segmentlisten „Chromosome_Browser“. Wer die Exporte umbenennt, verliert diese Verbindungen. Gibt es mehrere passende Dateien, nimmt Clavis die neueste (nach Änderungsdatum).

7.1 Die Match-Liste

Wählst du die Match-Liste einer Person und lädst sie, erscheint die Karte **Autosomale Match-Liste**.

Autosomale Match-Liste (42)

Über 200 cM: 5 · 40 bis 200 cM: 4 · 20 bis 40 cM: 12 · unter 20 cM: 21
 Nach Angabe des Anbieters väterlich: 18 · mütterlich: 3 · beide: 0 · nicht zugeordnet: 21
 Verglichen mit Paul Beispiel: 17 Matches stehen auch dort in der Liste, bei 17 davon findet sich ein Segment an derselben Stelle.
 Mit dem Stammbaum verknüpft: 1 Matches, davon 0 außerhalb der erwarteten Spanne.
 X-Matches: keine – FamilyTreeDNA meldet in dieser Liste bei keinem Match ein gemeinsames X-Segment.
 Segmente aus BSP0001_Chromosome_Browser_Results_Beiispiel.csv

Filtern (Name, Ort, Notiz ...) Sortieren **Geteilte cM** Seite **Alle Seiten**

Gruppe **Alle Gruppen** Überlappende Segmente

Vergleichen mit **Paul Beispiel** **alle Matches** Stammbaum **alle** Als CSV sichern

Name	Geteilte cM	Längstes...	Seite	Segmente	Vergleichsperson	Gruppe	Stammbaum
Paul Beispiel	3.373,0	265,6	väterlich	22	nicht in Liste		—
Mira Muster	870,0	68,1	mütterlich	24	nicht in Liste		—
Clara Probe	450,0	47,4	väterlich	15	15 von 15 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	Cousins 1. Gra
Jonas Beispiel	230,0	40,2	väterlich	9	9 von 9 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	—
Theo Vorlage	210,0	37,8	mütterlich	8	nicht in Liste		—
Ida Vorlage	180,0	34,6	mütterlich	7	nicht in Liste		—
Rike Entwurf	120,0	30,5	—	5	nicht in Liste		—
Henrik Probe	75,0	27,9	väterlich	3	3 von 3 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	—
Malte Beispiel	60,0	23,1	väterlich	3	3 von 3 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	—
Enno Fernver...	38,1	21,0	—	2	nicht in Liste		—
Thea Fernver...	37,3	20,1	—	2	nicht in Liste		—

Abbildung 7.1: Annas Match-Liste aus der Beispielfamilie, verglichen mit der Liste ihres Vaters.

7.1.1 Die Zusammenfassung

Über der Tabelle stehen

- die Verteilung nach geteilter DNA: über 200 cM, 40 bis 200 cM, 20 bis 40 cM, unter 20 cM,
- die Seiten nach Angabe des Anbieters (väterlich, mütterlich, beide, nicht zugeordnet),
- bei gewählter Vergleichsperson, wie viele Matches auch dort stehen und bei wie vielen ein Segment an derselben Stelle liegt,
- mit Stammbaum, wie viele Matches verknüpft sind und wie viele außerhalb der erwarteten Spanne liegen,
- die X-Matches (auch „keine“) und, mit Stammbaum, wie viele davon zur X-Vererbung passen,
- bei einer älteren Liste derselben Person, wie viele Matches neu und wie viele verschwunden sind,
- aus welcher Segmentliste die Segmente stammen – und in Orange, falls Namen der Segmentliste keinem Match zugeordnet sind.

7.1.2 Filtern und Sortieren

Suchfeld

filtert nach Name, Familiennamen des Matches, Schätzung des Anbieters und eigener Notiz.

Sortieren

nach geteilten cM, längstem Segment, Match-Datum oder Name (Anreden wie „Mrs.“ werden dabei übergangen).

Seite alle Seiten, väterlich, mütterlich, beide, nicht zugeordnet oder **nur X-Matches**.

Gruppe

nur Matches einer selbst vergebenen Gruppe.

Vergleichen mit

eine andere Person im Datenordner mit Segmentliste, dazu ein Filter: alle Matches, „stehen auch dort in der Liste“, „Segment an derselben Stelle“, „stehen dort nicht“.

Stammbaum

alle, verknüpft, nicht verknüpft, außerhalb der Spanne.

nur neue

nur Matches, die seit der älteren Liste hinzugekommen sind.

Ein Klick auf einen Spaltenkopf sortiert die Tabelle; Spaltenbreiten lassen sich ziehen. Die Spalten sind Name, Geteilte cM, Längstes Segment, Seite, Segmente, Vergleichsperson, Gruppe, Stammbaum, Schätzung des Anbieters und Match-Datum. **Als CSV sichern** speichert die gerade gezeigte Liste mit englischen Spaltenköpfen.

7.1.3 Ein Match im Detail

Ein Klick auf einen Match zeigt darunter seine Einzelheiten:

- Kennzahlen (geteilte cM, längstes Segment, Seite, Schätzung des Anbieters, X-Match, Haplogruppen),
- Mögliche Verwandtschaften nach dem Shared cM Project,
- Im Stammbaum (siehe unten),
- die Familiennamen aus dem Stammbaum des Matches,
- Gemeinsame Segmente mit Chromosom, Start, Ende, cM und SNPs; bei gewählter Vergleichsperson je Segment „wiedergefunden“ oder „nicht gefunden“,
- die Felder **Kontakt** und **Gruppe** (mit **Übernehmen**) und **Meine Notizen** (mit **Notiz sichern**).

Clara Probe

Name	Geteilte cM	Längstes...	Seite	Segmente	Vergleichsperson	Gruppe	Stammbaum
Paul Beispiel	3.373,0	265,6	väterlich	22	nicht in Liste		—
Mira Muster	870,0	68,1	mütterlich	24	nicht in Liste		—
Clara Probe	450,0	47,4	väterlich	15	15 von 15 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	Cousins 1. G
Jonas Beispiel	230,0	40,2	väterlich	9	9 von 9 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	—
Theo Vorlage	210,0	37,8	mütterlich	8	nicht in Liste		—
Ida Vorlage	180,0	34,6	mütterlich	7	nicht in Liste		—
Rike Entwurf	120,0	30,5	—	5	nicht in Liste		—
Henrik Probe	75,0	27,9	väterlich	3	3 von 3 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	—
Malte Beispiel	60,0	23,1	väterlich	3	3 von 3 Segmenten	Segmentgruppe 1 (väterlic...	—
Enno Fernver...	38,1	21,0	—	2	nicht in Liste		—
Thea Fernver...	37,3	20,1	—	2	nicht in Liste		—

Clara Probe

Geteilte cM: **450,0 cM**

Längstes Segment: **47,4 cM**

Seite: **väterlich**

Schätzung des Anbieters: **1st Cousin - 2nd Cousin**

mtDNA: **T2b**

Mögliche Verwandtschaften nach dem Shared cM Project

Halb- Cousins 1. Grades · Cousins 1. Grades, einmal versetzt · Cousins 2. Grades · Cousins 1. Grades, zweimal versetzt · 1x Groß-Onkel/-Tante · Cousins 1. Grades

Im Stammbaum

Clara Probe (1962-) [Verknüpfung lösen](#)

Nach dem Stammbaum: Cousins 1. Grades, einmal versetzt. Erwartet werden im Mittel 433 cM, beobachtet wurden 102 bis 980 cM. Gemessen sind 450 cM: Das passt zu dieser Verwandtschaft, beweist sie aber noch nicht, denn auch andere Verwandtschaften haben diese Spanne. Gemeinsame Vorfahren: Hermann Probe (1901–1968), Bertha Platzhalter (1905–1990). Seite nach dem Stammbaum: väterlich.

Familiennamen aus dem Stammbaum des Matches

Probe / Platzhalter

Gemeinsame Segmente (15)

Chromosom	Start	Ende	cM	SNPs	Paul Beispiel
2	150.169.001	185.495.545	36,5	8422	wiedergefunden
4	61.379.276	78.341.068	18,1	4171	wiedergefunden
6	91.481.901	106.937.127	17,0	3925	wiedergefunden
8	59.502.613	87.274.642	30,8	7110	wiedergefunden
9	53.387.352	94.114.760	45,9	10599	wiedergefunden
10	64.376.977	78.109.164	17,2	3970	wiedergefunden
10	93.802.542	130.222.245	45,5	10520	wiedergefunden
11	60.202.495	101.561.598	47,4	10953	wiedergefunden
13	12.252.817	30.310.574	19,7	4558	wiedergefunden
13	92.200.491	105.835.272	14,9	3452	wiedergefunden
16	6.335.235	25.961.286	28,4	6563	wiedergefunden
17	15.558.201	36.525.096	33,1	7647	wiedergefunden
18	59.162.124	73.686.277	21,9	5062	wiedergefunden
20	31.484.284	56.794.944	43,4	10034	wiedergefunden
21	14.597.561	37.932.158	30,1	6958	wiedergefunden

Drei Aussagen sind auseinanderzuhalten. Dass ein Match auch in der Liste der Vergleichsperson steht, heißt, dass er über sie verwandt sein kann. Dass sie mit ihm ein Segment an derselben Stelle teilt, spricht dafür, dass dein Segment von dieser Seite stammt. Wird ein Segment nicht gefunden, kann es von der anderen Seite kommen, falsch sein oder bei der Vergleichsperson nur unter der Schwelle der Anzeige liegen. Der Abgleich läuft über den Namen des Matches.

Kontakt [R. annerhrihan am 9.10.](#) [Antwort am 9.10.](#) [Übernehmen](#)

Abbildung 7.2: Der Match „Clara Probe“ im Detail, mit dem Stammbaum verknüpft.

Notizen, Kontakte und Gruppen werden nur lokal gespeichert, nicht in der DNA-Datei. Eine Notiz wird beim Klick auf **Notiz sichern** oder beim Wechsel zu einem anderen Match gesichert – nicht, wenn du das Fenster vorher schließt.

7.1.4 Matches mit dem Stammbaum verknüpfen

Ist ein Stammbaum geladen und die getestete Person im Fenster **Personen** mit ihrem Eintrag verknüpft (Kapitel 8), kannst du jeden Match einer Person im Stammbaum zuordnen: über einen Namensvorschlag (**Gleicher Name im Stammbaum**) oder über das Suchfeld **Person im Stammbaum suchen** Clavis berechnet dann die Verwandtschaft laut Stammbaum, die erwarteten cM mit Spanne, die gemeinsamen Vorfahren und die Seite, und bewertet, ob die gemessenen cM passen. Nennt der Anbieter eine andere Elternseite als der Stammbaum, warnt Clavis.

Bei **X-Matches** prüft Clavis zusätzlich, ob über die gemeinsamen Vorfahren überhaupt X-DNA zu euch beiden kommen kann – ein Mann erbt sein X nur von der Mutter. Das Urteil lautet „kann“, „kann nicht“ oder „unklar“ (wenn Geschlechtsangaben im Stammbaum fehlen). Ist ein X-Match nicht verknüpft, zeigt **X-Vorfahren zeigen**, welche Vorfahren auf deinen X-Linien liegen.

7.1.5 Vergleich mit der Liste eines Verwandten

Ist eine zweite Person getestet – idealerweise ein Elternteil –, zeigt **Vergleichen mit**, ob deine Matches auch in deren Liste stehen und ob ein Segment an derselben Stelle (mindestens 1 Mb Überlappung) wiedergefunden wird.

Drei Aussagen sind auseinanderzuhalten: Der Match steht auch in der Liste der Vergleichsperson. Die Vergleichsperson teilt mit ihm ein Segment an derselben Stelle. Erst daraus folgt, dass dein Segment von dieser Seite stammt. Der Abgleich läuft über den Namen des Matches.

7.2 Die Segmentliste und der Namensabgleich

Die Segmentliste (Export des Chromosomen-Browsers) zeigt nach dem Laden die Verteilung der Segmente nach Größe (ab 15, 10 bis 15, 7 bis 10, unter 7 cM), den Kasten **Namensabgleich mit der Match-Liste**, Suche, Sortierung, den Filter **Segmente ab** und die Tabelle mit Name, Chromosom, Start, Ende, cM und SNPs.

Segmentliste (134)

Ab 15 cM: 108 · 10 bis 15 cM: 17 · 7 bis 10 cM: 9 · unter 7 cM: 0 · von 42 Matches

Namensabgleich mit der Match-Liste

42 Namen in der Segmentliste, davon 42 einem Match der Match-Liste zugeordnet.
Verglichen mit: BSP0001_Family_Finder_Matches_Beispiel.csv
☒ Alle Namen sind zugeordnet.

Filtern (Name, Ort, Notiz ...) Sortieren **Lage** Segmente ab — Überlappende Segmente

Name	Chromosom	Start	Ende	cM	SNPs
Paul Beispiel	1	746.266	248.429.320	265,6	61354
Fenja Fernverwandt	1	57.054.695	79.528.489	24,1	5568
Mira Muster	1	91.718.242	130.147.153	41,2	9516
Mira Muster	1	186.275.232	224.889.731	41,3	9543
Thea Fernverwandt	1	212.662.693	228.675.902	17,2	3965
Paul Beispiel	2	742.975	242.452.156	249,7	57670
Ida Vorlage	2	90.930.880	101.763.190	11,2	2581
Clara Probe	2	150.169.001	185.495.545	36,5	8422
Mira Muster	2	160.355.342	190.809.465	31,5	7277
Paul Beispiel	3	718.262	197.411.420	217,6	50256
Mira Muster	3	6.717.232	43.159.993	40,3	9305
Peer Fernverwandt	3	31.823.124	50.110.977	20,2	4665
Rieke Fernverwandt	3	46.240.590	60.817.403	16,2	3743
Quirin Fernverwandt	3	58.461.997	69.623.347	12,3	2851

⚠ Jede Zeile ist ein Segment, das du mit einem Match teilst. Als Arbeitsregel gilt: ab 15 cM mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit echt, 10 bis 15 cM wahrscheinlich echt, 7 bis 10 cM unsicher und nur zusammen mit weiteren Hinweisen brauchbar, darunter nicht verwenden. Das sind Faustregeln und keine festen Grenzen.

Abbildung 7.3: Annas Segmentliste mit dem Kasten „Namensabgleich mit der Match-Liste“.

Faustregel für die Größe: ab 15 cM sehr wahrscheinlich echt, 10–15 cM wahrscheinlich echt, 7–10 cM unsicher, darunter nicht verwenden.

7.2.1 Namensabgleich

Die Segmentliste von FamilyTreeDNA nennt nur den Namen des Matches. Clavis ordnet jeden Namen einem Match der Match-Liste derselben Person zu. Dabei werden Vor-, Mittel- und Nachname verwendet; Anreden („Mr.“, „Mrs.“), Titel und Zusätze stören nicht, und ein Komma im Namen gilt als Bindestrich, wie FamilyTreeDNA es in der Segmentliste schreibt.

Der Kasten nennt, wie viele Namen zugeordnet sind. Bleiben Namen übrig, listet ... **Namen ohne Eintrag in der Match-Liste – zuordnen** sie auf; über **Zuordnen** wählst du aus ähnlichen Matches den richtigen. Von Hand zugeordnete Namen stehen unter ... **Namen von Hand zugeordnet** und lassen sich mit **Aufheben** zurücknehmen. Namen, die mehreren Matches gehören (gleicher Name), nennt der Kasten gesondert; ihre Segmente lassen sich nicht trennen. Zuordnungen wirken sofort in der Match-Liste, im Vergleich und bei den überlappenden Segmenten.

7.3 Überlappende Segmente

Der Knopf **Überlappende Segmente** in Match-Liste oder Segmentliste öffnet ein Fenster mit zwei Teilen: **Stellen** und **Karte und Gruppen**.

7.3.1 Stellen

Clavis sucht Stellen, an denen sich die Segmente mehrerer Matches überlappen (gemeinsamer Bereich mindestens 1 Mb). Einstellbar sind **Segmente ab** (Vorgabe 12 cM), **Matches je Stelle mindestens** (Vorgabe 3), **Häufungen ausblenden** und **Eltern, Kinder und Geschwister mitzählen** (sonst bleiben Matches ab 2300 cM außen vor). Eine **Häufung** (ab 10 Matches) spricht eher für einen alten, weit verbreiteten Abschnitt.

Überlappende Segmente - Anna Beispiel

Stellen Karte und Gruppen

Segmente ab 12 cM Matches je Stelle mindestens 3 Häufungen ausblenden Eltern, Kinder und Geschwister mitzählen

12 Stellen, an denen sich die Segmente mehrerer Matches überlappen, davon 0 Häufungen. Ausgewertet: 93 Segmente.

Nicht mitgezählt: 1 Match(es) ab 2300 cM (Eltern, Kinder, Geschwister), weil sie fast überall DNA teilen.

Chromosom	Gemeinsamer Bereich	Matches	Längstes Segment	Seite
4	30,5 – 52,3 Mb	3	51,2 cM	väterlich: 2 · mütterlich: 1
7	117,8 – 121,7 Mb	6	68,1 cM	mütterlich: 3 · nicht zugeord...
8	77,1 – 87,3 Mb	3	30,8 cM	väterlich: 2 · nicht zugeordne...
11	54,3 – 58,7 Mb	3	30,0 cM	väterlich: 2 · mütterlich: 1
11	60,2 – 69,0 Mb	3	47,4 cM	väterlich: 2 · mütterlich: 1
11	68,3 – 71,0 Mb	3	47,4 cM	väterlich: 2 · mütterlich: 1
11	72,4 – 88,1 Mb	3	47,4 cM	väterlich: 3

Chromosom 7, 117,8 bis 121,7 Mb: 6 Matches

Name	cM	Start	Ende	Seite
Mira Muster	68,1	80.457.862	140.242.779	mütterlich
Theo Vorlage	37,8	95.200.347	128.446.296	mütterlich
Ida Vorlage	34,6	100.647.626	131.044.845	mütterlich
Rike Entwurf	24,1	104.110.138	125.358.823	—
Quirin Esmarwandt	22,1	117.827.220	138.020.042	—

Nächster Schritt: Beim Anbieter prüfen, ob diese Matches auch untereinander an dieser Stelle übereinstimmen. Erst dann ist es eine Triangulation, und auch sie nennt keinen Vorfahren.

Neues Prüfblatt

Diese Liste zeigt Kandidaten und keine Belege. Die Segmentliste sagt nur, dass du mit jedem dieser Matches an derselben Stelle ein Segment teilst. Sie sagt nicht, ob die Matches untereinander übereinstimmen, und zwei von ihnen können auf verschiedenen Kopien des Chromosoms liegen, einer väterlich und einer mütterlich. Die Seite stammt vom Anbieter. Kurze Segmente sind oft falsch, deshalb zählt die Liste erst ab der gewählten Länge.

Abbildung 7.4: Überlappende Segmente: die Stelle auf Chromosom 7 mit sechs Matches.

Ein Klick auf eine Stelle zeigt ihre Matches mit cM, Lage und Seite. Ordnet der Anbieter sie verschiedenen Seiten zu, sind es mindestens zwei getrennte Gruppen. **Neues Prüfblatt** legt im Forschungsprotokoll ein vorausgefülltes Segment-Prüfblatt an.

Die Liste zeigt Kandidaten, keine Belege. Zwei Matches an derselben Stelle können auf verschiedenen Kopien deines Chromosoms liegen, einer väterlich und einer mütterlich. Erst wenn sie auch untereinander an dieser Stelle übereinstimmen, ist es eine Triangulation.

7.3.2 Karte und Gruppen (Segmentgruppen)

Dieser Teil bildet aus den Segmentlisten **Gruppen von Matches, die an derselben Stelle auf derselben Kopie liegen** – eine Ergänzung zu den Clustern der Anbieter, aus deinen eigenen Daten. Entscheidend ist die **Seite** jedes Segments. Clavis bestimmt sie, die stärkste Quelle zuerst:

1. **Daten eines Elternteils:** Hast du unter **Vater** bzw. **Mutter** eine getestete Person mit Segmentliste gewählt und teilt sie mit dem Match ein Segment an derselben Stelle, liegt dein Segment auf ihrer Seite.
2. **Ausschluss:** Ist nur ein Elternteil getestet und fehlt ein Match ab 20 cM bei diesem ganz, gilt er als Match der anderen Seite.

3. **Anbieter:** die Seite, die FamilyTreeDNA aus verknüpften Verwandten angibt (**Seite des Anbieters verwenden**).

Zwei Matches werden verbunden, wenn sich ihre Segmente um mindestens 1 Mb überlappen, die Überlappung nicht in einer Häufung liegt und beide auf derselben Kopie liegen. **Auch Segmente ohne bekannte Seite verbinden** bildet auch ohne Elterndaten Gruppen, die dann aber zwei Linien vermischen können. **Segmente ab** (Vorgabe 10 cM) legt die Mindestgröße fest.

Die Ansicht **Karte** zeigt alle Chromosomen: grau, wie viele Matches an einer Stelle ein Segment mit dir teilen; orange die Häufungen; farbige Striche die Stellen der Gruppen. Ein Klick nennt die Zahl der Matches an dieser Stelle und hebt die Gruppe hervor.



Abbildung 7.5: Karte und Gruppen, Ansicht „Karte“, mit Paul als getestetem Vater.

Die Ansicht **Gruppen** listet jede Gruppe mit Farbe, Kopie (väterlich, mütterlich, unbekannt), Zahl der Matches und ihren Stellen. Ein Klick öffnet die Gruppe: ihre Mitglieder mit cM und Seite samt Herkunft der Seite, und – mit Stammbaum – wie viele Mitglieder verknüpft sind, welche gemeinsamen Vorfahren sie mit dir haben und über welche **gemeinsame Linie** das Stück der Gruppe gekommen wäre. Widersprechen sich Stammbaum und Segmentdaten, warnt Clavis.

The screenshot shows a web application window titled "Überlappende Segmente – Anna Beispiel". It has two tabs: "Stellen" and "Karte und Gruppen", with "Karte und Gruppen" selected. The interface displays three groups of matches:

- Gruppe 2 - mütterliche Kopie - 8 Matches**: Chr 1, 212,7–224,9 Mb (2) · Chr 7, 60,7–77,5 Mb (3) · Chr 7, 80,5–83,7 Mb (2) · Chr 7, 95,2–138,0 Mb (6) · Chr 12, 96,1–102,6 Mb (2) · Chr 15, 21,2–37,4 Mb (2) · Chr 17, 13,4–26,6 Mb (3) · Chr 18, 31,0–40,7 Mb (2) · Chr 19, 15,4–16,9 Mb (2) · Chr 20, 30,3–43,4 Mb (2)
- Gruppe 3 - väterliche Kopie - 3 Matches**: Chr 15, 20,8–29,0 Mb (3)
- Gruppe 1 - väterliche Kopie - 9 Matches**: (Detailed table below)

Name	cM gesamt	Seite
Clara Probe	450,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Jonas Beispiel	230,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Henrik Probe	75,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Malte Beispiel	60,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Sönke Fernverwandt	34,9 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Dörte Fernverwandt	28,1 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Lars Platzhalter	17,9 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Jost Fernverwandt	13,5 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Momme Fernverwandt	11,9 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)

Im Stammbaum: 1 von 9 Mitgliedern verknüpft, 1 davon mit einem Verwandtschaftsweg zu dir.
 Gemeinsame Vorfahren mit den Mitgliedern (Anzahl): Hermann Probe (1901–1968) & Bertha Platzhalter (1905–1990) (1)
 Für alle verknüpften Mitglieder führt der Weg über Hermann Probe (1901–1968) & Bertha Platzhalter (1905–1990) (3. Generation, väterlich). Von dort käme das Stück der Gruppe.

Buttons: In die Chromosomen-Karte eintragen, Als Gruppe in die Match-Liste übernehmen, Neues Prüfblatt, Für DNA Painter exportieren

Nächster Schritt: Beim Anbieter prüfen, ob diese Matches auch untereinander an dieser Stelle übereinstimmen. Erst dann ist es eine Triangulation, und auch sie nennt keinen Vorfahren.

Abbildung 7.6: Gruppe 1 im Detail: Mitglieder und die gemeinsame Linie laut Stammbaum.

Zu jeder Gruppe gibt es diese Knöpfe:

In die Chromosomen-Karte eintragen

trägt die Segmente der Gruppe in deine Chromosomen-Karte ein – mit gemeinsamer Linie unter diesem Vorfahrenpaar, sonst ohne Vorfahr mit der Seite der Gruppe.

Als Gruppe in die Match-Liste übernehmen

schreibt „Segmentgruppe n“ als Gruppe in die Match-Liste, aber nur bei Matches, die noch keine Gruppe haben.

Neues Prüfblatt

legt ein vorausgefülltes Prüfblatt im Forschungsprotokoll an.

Für DNA Painter exportieren

speichert die Segmente der Gruppe als CSV im eigenen Format von DNA Painter; **Alle Gruppen für DNA Painter exportieren** tut das für alle Gruppen.

Überlappende Segmente – Anna Beispiel

Stellen **Karte und Gruppen**

Gruppe 1 - väterliche Kopie - 9 Matches

Name	cM gesamt	Seite
Clara Probe	450,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Jonas Beispiel	230,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Henrik Probe	75,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Malte Beispiel	60,0 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Sönke Fernverwandt	34,9 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Dörte Fernverwandt	28,1 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Lars Platzhalter	17,9 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Jost Fernverwandt	13,5 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)
Momme Fernverwandt	11,9 cM	väterliche Kopie (Daten eines Elternteils)

Im Stammbaum: 1 von 9 Mitgliedern verknüpft, 1 davon mit einem Verwandtschaftsweg zu dir.
 Gemeinsame Vorfahren mit den Mitgliedern (Anzahl): Hermann Probe (1901–1968) & Bertha Platzhalter (1905–1990) (1)
 Für alle verknüpften Mitglieder führt der Weg über Hermann Probe (1901–1968) & Bertha Platzhalter (1905–1990) (3. Generation, väterlich). Von dort käme das Stück der Gruppe.

9 Matches als „Segmentgruppe 1 (väterliche Kopie)“ eingetragen; 0 hatten schon eine Gruppe und blieben unverändert.
 18 neue Segmente unter „Hermann Probe (1901–1968) & Bertha Platzhalter (1905–1990)“ in die Chromosomen-Karte eingetragen.

Nächster Schritt: Beim Anbieter prüfen, ob diese Matches auch untereinander an dieser Stelle übereinstimmen. Erst dann ist es eine Triangulation, und auch sie nennt keinen Vorfahren.

Wer mit wem an derselben Stelle liegt

	Clara Probe	Jonas Beispiel	Henrik Probe	Malte Beispiel	Sönke Fernverwandt	Dörte Fernverwandt	Lars Platzhalter	Jost Fernverwandt	Momme Fernverwandt
Clara Probe	■								
Jonas Beispiel	■	■							
Henrik Probe	■	■	■						
Malte Beispiel	■	■	■	■					
Sönke Fernverwandt	■	■	■	■	■				
Dörte Fernverwandt	■	■	■	■	■	■			
Lars Platzhalter	■	■	■	■	■	■	■		
Jost Fernverwandt	■	■	■	■	■	■	■	■	
Momme Fernverwandt	■	■	■	■	■	■	■	■	■

Abbildung 7.7: Die Knöpfe einer Gruppe und die Meldung nach dem Eintragen in die Chromosomen-Karte.

Unter den Gruppen zeigt die Matrix **Wer mit wem an derselben Stelle liegt**, welche Matches verbunden sind: farbig innerhalb einer Gruppe auf derselben Kopie, dunkelgrau dasselbe zwischen zwei Gruppen, hellgrau dieselbe Stelle bei unbekannter Seite. Ein Klick auf ein Feld nennt die Stelle. Über 250 Matches wird die Matrix im Fenster nicht gezeichnet.

Überlappende Segmente – Anna Beispiel

Stellen **Karte und Gruppen**

Wer mit wem an derselben Stelle liegt

	Clara Probe	Jonas Beispiel	Henrik Probe	Malte Beispiel	Sönke Fernverwandt	Dörte Fernverwandt	Lars Platzhalter	Jost Fernverwandt	Momme Fernverwandt	Mira Muster	Theo Vorlage	Ida Vorlage	Rike Entwurf	Enno Fernverwandt	Thea Fernverwandt	Quirin Fernverwandt	Bente Fernverwandt	Sven Sammelstelle	Die Sammelstelle	Runa Sammelstelle
Clara Probe	■																			
Jonas Beispiel	■	■																		
Henrik Probe	■	■	■																	
Malte Beispiel	■	■	■	■																
Sönke Fernverwandt	■	■	■	■	■															
Dörte Fernverwandt	■	■	■	■	■	■														
Lars Platzhalter	■	■	■	■	■	■	■													
Jost Fernverwandt	■	■	■	■	■	■	■	■												
Momme Fernverwandt	■	■	■	■	■	■	■	■	■											
Mira Muster										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Theo Vorlage										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Ida Vorlage										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Rike Entwurf										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Enno Fernverwandt										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Thea Fernverwandt										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Quirin Fernverwandt										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Bente Fernverwandt										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Sven Sammelstelle										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Die Sammelstelle										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Runa Sammelstelle										■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■

Farbig: Die Segmente beider Matches liegen an derselben Stelle auf derselben Kopie; die beiden teilen das Stück sehr wahrscheinlich auch untereinander. Dunkelgrau: dasselbe zwischen zwei Gruppen. Hellgrau: dieselbe Stelle, Seite unbekannt. Klicke auf ein Feld für die Stelle.

⚡ Eine Segmentliste sagt nur, dass du mit jedem Match ein Segment teilst, nicht, ob die Matches untereinander verwandt sind. Zwei Segmente an derselben Stelle können auf verschiedenen Kopien deines Chromosoms liegen, eines vom Vater, eines von der Mutter. Erst wenn bekannt ist, dass beide auf derselben Kopie liegen, teilen die zwei Matches das Stück sehr wahrscheinlich auch miteinander. Die Seite kommt am sichersten aus der Segmentliste eines getesteten Elternteils. Ist nur ein Elternteil getestet, gilt ein Match ab 20 cM, das diesem Elternteil ganz fehlt, als Match der anderen Seite. Häufungen bleiben außen vor, weil ein alter, weit verbreiteter Abschnitt dort alle verbinden würde. Die Gruppen sind Kandidaten. Den Beleg liefert erst die Triangulation und ein Stammbaum.

Abbildung 7.8: Die Matrix „Wer mit wem an derselben Stelle liegt“.

Als PDF sichern ... speichert die ganze Seite als PDF: Einstellungen, Zusammenfassung, Karte, jede Gruppe mit Mitgliedern, ihren Segmenten an den Stellen der Gruppe und den Stammbaum-Angaben, dazu die vollständige Matrix auf einer eigenen Seite (bis 500 Matches).

Die Gruppen sind Kandidaten. Den Beleg liefern erst die Triangulation und ein Stammbaum.

Familie und Stammbaum

8.1 Personen

Das Fenster **Personen** (Symbolleiste oder Familie > Personen, ) listet links alle Personenordner. Rechts stehen die Karten der gewählten Person.

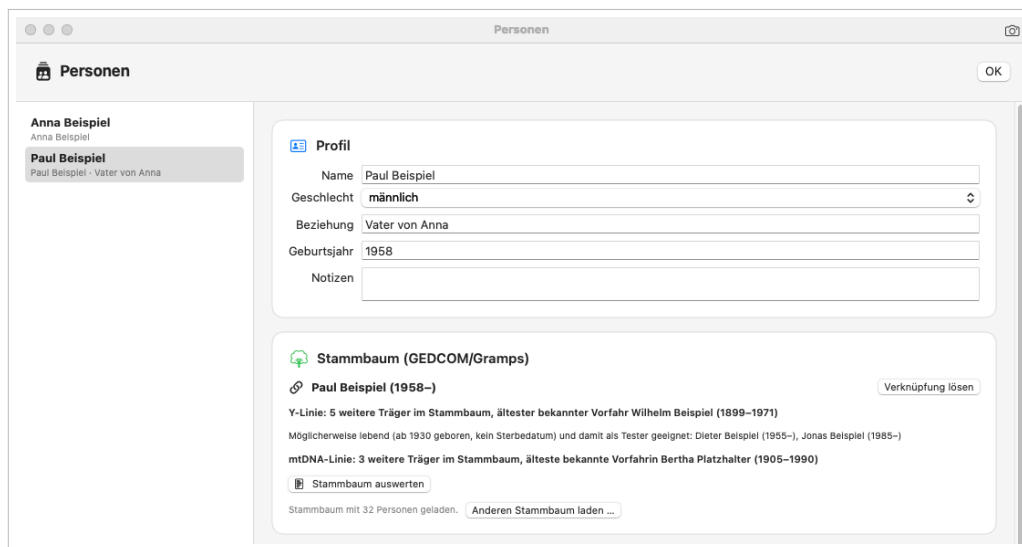


Abbildung 8.1: Das Fenster „Personen“ mit Paul Beispiel, verknüpft mit dem Stammbaum.

Profil Name, Geschlecht, Beziehung (z. B. „Vater von Anna“), Geburtsjahr und Notizen. Alles wird sofort gespeichert. Das Geschlecht steuert Testvorschläge und X-Auswertungen. Ist es offen und hat die Person eine Y-DNA- oder Y-STR-Datei, trägt Clavis **männlich** ein.

Stammbaum (GEDCOM/Gramps)

Stammbaum laden und die Person mit ihrem Eintrag verknüpfen (siehe unten).

Welche Familienlinien sind getestet?

ein kleiner Stammbaum über drei Generationen: Y (blau) folgt nur der Linie Vater → Vater des Vaters, mt (rosa) nur der reinen Mutterlinie, autosomale DNA (grüner Rahmen) erfasst alle Vorfahren, mit jeder Generation weniger. Siehe unten.

Wer sollte als Nächstes testen?

Vorschläge nach vorhandenen Tests und Geschlecht, etwa ein Y-Test für einen Mann der Vaterlinie oder einen Bruder der Mutter.

Stammbaum ↔ DNA

Abgleich zwischen Stammbaum und gemessener DNA (siehe unten).

Familienbericht (PDF)

siehe Abschnitt 8.6.

8.1.1 Welche Familienlinien sind getestet?

Das Schaubild zeigt die getestete Person, Vater und Mutter und die vier Großeltern (**Großvater (v)**, **Großmutter (v)**, **Großvater (m)**, **Großmutter (m)**; v = väterlich, m = mütterlich). Jeder Kasten trägt die Kennzeichen der Tests, die diese Linie abdecken: „Y“, „mt“ und „at“ (autosomal). Ein blaues Siegel markiert eine direkt getestete Person.

Enthält der Datenordner mehr als eine Person, steht über dem Schaubild ein Umschalter:

Nur eigene Tests

nur die Dateien der gewählten Person: ihr Y-Test deckt die Linie des Vaters und des Großvaters (v) ab, ihr mtDNA-Test die der Mutter und der Großmutter (m).

Kombinierte Familie

(Vorgabe) zusätzlich die Tests von Verwandten im selben Datenordner. Clavis erkennt Vater, Mutter und Großeltern unter den anderen Personen am Stammbaum (wenn beide Personen verknüpft sind), am Feld **Beziehung** im Profil, an der FamilyTreeDNA-Match-Liste der gewählten Person oder an einem Ordnernamen wie „vater“ oder „mutter“. Im Feld **Beziehung** des Verwandten genügt „Vater“; nennt es einen Namen („Vater von Anna“), muss es die gewählte Person sein. Steht bei der gewählten Person „Tochter von Paul“, gilt Paul als Vater, sofern in seinem Profil das Geschlecht angegeben ist (bei einem Mann genügt auch ein Y-Test). Die Wörter werden auch englisch, französisch und niederländisch verstanden (etwa „father“, „père“, „vader“). Aus der Match-Liste zählt die Spalte „Linked Relationship“ mit ihrer Richtung: „Father“ macht den Match zum Vater, „Son“ oder „Daughter“ nie zu einem Vorfahren. Eine Eltern-Kind-Spanne ohne Richtung reicht nur, wenn die Geburtsjahre nicht dagegen sprechen und das Geschlecht des Verwandten bekannt ist.

Ist der Vater erkannt, erhält sein Kasten das Siegel, seinen Namen und seine Tests. Sein mtDNA-Test deckt seine Mutter ab: Die **Großmutter (v)** bekommt „mt“ mit dem Zusatz „mt über“ und seinem Namen. Ohne erkannte Mutter trägt die **Großmutter (m)** „mt über“ mit dem Namen der getesteten Person, wenn diese selbst einen mtDNA-Test hat. Unter dem Schaubild steht für jeden erkannten Verwandten eine Zeile mit Name, Rolle, seinen Tests und welche Linie er abdeckt. Match-Listen zählen dabei nicht als Test: Hat ein erkannter Verwandter keine eigenen Tests im Ordner, lautet seine Zeile „keine eigenen DNA-Tests im Ordner (Match-Listen zählen nicht) – deckt noch keine Linie ab“. Die Wahl des Umschalters wird nicht gespeichert.

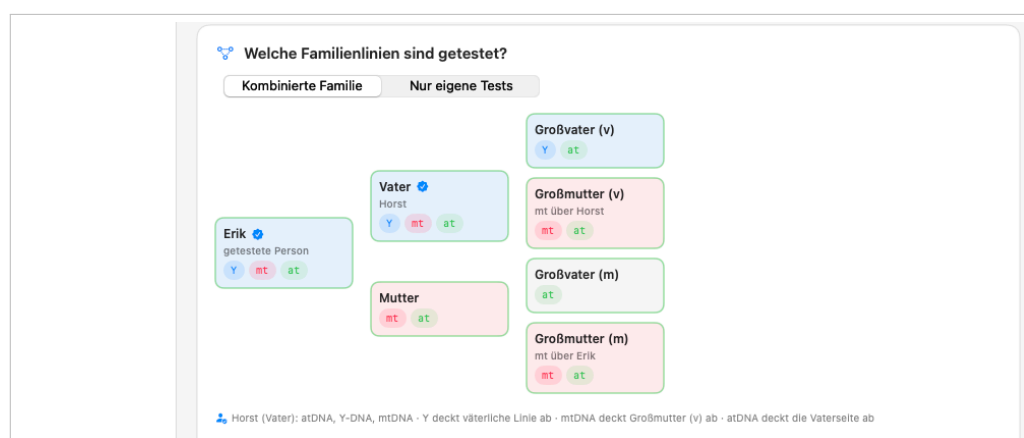


Abbildung 8.2: „Kombinierte Familie“: Der getestete Vater deckt mit seinem Y-Test die Vaterlinie und mit seinem mtDNA-Test die Linie seiner Mutter ab.

8.2 Stammbaum laden und verknüpfen

Stammbaum importieren (GEDCOM, Gramps) ... lädt einen Stammbaum im Format GEDCOM 5.5 oder Gramps-XML. Clavis liest Personen, Geschlecht, Geburts- und Sterbejahr und die Eltern-Kind-Beziehungen und legt eine private Kopie an; es gibt einen Stammbaum je Datenordner. **Anderen Stammbaum laden** ... ersetzt ihn.

Im Feld **Person im Stammbaum suchen** ... suchst du die Person und klickst den Treffer an. Leere Profelfelder (Name, Geschlecht, Geburtsjahr) werden aus dem Stammbaum übernommen. **Verknüpfung lösen** hebt die Verknüpfung auf. Danach nennt die Karte die weiteren Träger der Y-Linie (bei Männern) und der mtDNA-Linie mit dem ältesten bekannten Vorfahren und listet Verwandte, die möglicherweise noch leben (ab 1930 geboren, kein Sterbedatum) und damit als Tester in Frage kommen.

8.3 Stammbaum ↔ DNA

Sind mindestens zwei Personen verknüpft, vergleicht **Abgleichen** für jedes Paar die Verwandtschaft laut Stammbaum mit den gemessenen cM aus ihren autosomalen Rohdaten. Die Erwartungswerte stammen aus dem Shared cM Project 4.0. Das Urteil lautet „Passt zum Stammbaum.“, „Weniger als erwartet – Stammbaum prüfen.“ oder „Mehr als erwartet – engere oder doppelte Verwandtschaft?“. Ohne Rohdaten bleibt der gemessene Wert leer.

Personen

Anna Beispiel
 Anna Beispiel
Paul Beispiel
 Paul Beispiel - Vater von Anna

Geschlecht: **weiblich**

Beziehung: z. B. Vater von Erik

Geburtsjahr: 1988

Notizen:

Stammbaum (GEDCOM/Gramps)

Anna Beispiel (1988-)

Verknüpfung lösen

mtDNA-Linie: 5 weitere Träger im Stammbaum, älteste bekannte Vorfahrin Klara Notiz (1903-1988)

Möglicherweise lebend (ab 1930 geboren, kein Sterbedatum) und damit als Tester geeignet: Marta Muster (1960-), Jürgen Muster (1957-)

Stammbaum auswerten

Stammbaum mit 32 Personen geladen. Anderen Stammbaum laden ...

Welche Familienlinien sind getestet?

Kombinierte Familie Nur eigene Tests

Anna Beispiel (getestete Person)

Vater: Paul Beispiel

Mutter:

Großvater (v)

Großmutter (v)

Großvater (m)

Großmutter (m)

Paul Beispiel (Vater): keine eigenen DNA-Tests im Ordner (Match-Listen zählen nicht) – deckt noch keine Linie ab

Y (blau) folgt der Linie Vater → Vater des Vaters. mt (rosa) folgt der reinen Mutterlinie: Der mtDNA-Test des Vaters deckt dessen Mutter (Großmutter v) ab. Autosomale DNA (grüner Rahmen) erfasst alle Vorfahren.

Wer sollte als Nächstes testen?

- Ein autosomalen Test (z. B. MyHeritage, FTDNA Family Finder, AncestryDNA) machen – er findet Verwandte über alle Linien.
- Frauen haben kein Y-Chromosom: Den Vater, einen Bruder oder einen Onkel väterlicherseits für einen Y-Test gewinnen.
- Einen mtDNA-Test (mtFull Sequence) machen – er beschreibt die rein mütterliche Linie.
- Eltern oder Großeltern testen lassen, solange es möglich ist: Ihre DNA reicht eine Generation weiter zurück und hilft, Treffer der richtigen Familienseite zuzuordnen.

Stammbaum ↔ DNA

Vergleicht für alle verknüpften Personen die Verwandtschaft laut Stammbaum mit den gemessenen geteilten cM. Erwartungswerte: Shared cM Project 4.0 (Blaine Bettinger), gerundet. Ein Wert außerhalb des Bereichs deutet auf einen Fehler im Stammbaum oder eine unbekannte Abstammung hin – oder auf eine zweite Verwandtschaft.

Abgleichen

Anna Beispiel ↔ Paul Beispiel Eltern/Kind 3.485 cM (2.376–3.720) —

Familienbericht (PDF) Verständliche Zusammenfassung ohne Rohdaten – zum Weitergeben an die Familie.

Abbildung 8.3: Anna Beispiel mit „Stammbaum ↔ DNA“: Anna und Paul sind laut Stammbaum Eltern und Kind.

8.4 Stammbaum auswerten

Familie › Stammbaum auswerten () wertet den Stammbaum aus Sicht einer verknüpften Person aus, über 6 bis 12 Generationen:

- **Wie vollständig ist der Stammbaum?** – je Generation die möglichen und bekannten Vorfahren, der Anteil, verschiedene Personen, Ahnenschwund und wie viele X-Wege bekannt sind. Autosomale DNA reicht in der Praxis etwa fünf bis sieben Generationen zurück; dort lohnt es sich, Lücken zu schließen.
- **Ahnenschwund** – Vorfahren, die mehrfach vorkommen, mit ihren Ahnennummern.
- **Von wem das X-Chromosom stammen kann** – die bekannten Vorfahren bis zur 6. Generation, von denen X-DNA stammen kann. Ein Mann hat sein X nur von der Mutter.

Ist kein Stammbaum geladen oder keine Person verknüpft, erklärt ein Hinweis, was fehlt, und führt ins Fenster **Personen**.

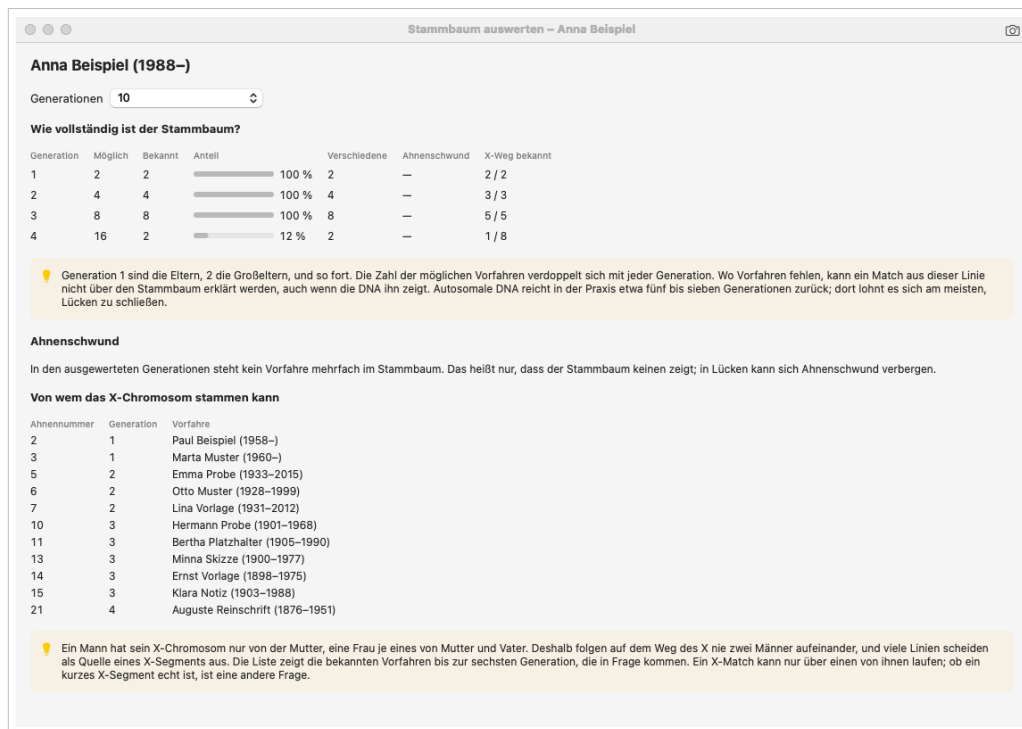


Abbildung 8.4: Stammbaum auswerten für Anna Beispiel.

8.5 Die Chromosomen-Karte

Jeder Mensch hat jedes Chromosom zweimal: eine Kopie vom Vater, eine von der Mutter. Die **Chromosomen-Karte** (Familie > Chromosomen-Karte, ) hält fest, welcher Abschnitt von welchem Vorfahren stammt – eine Karte je Person.

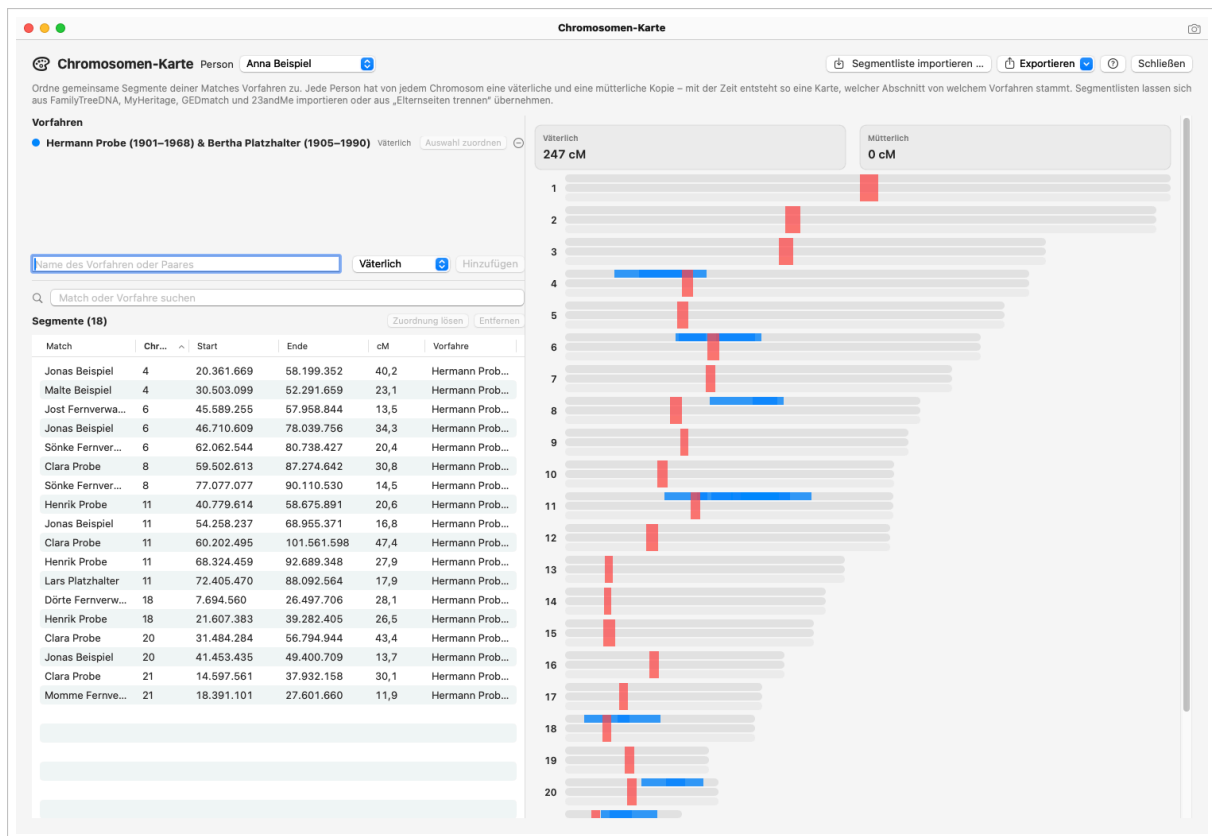


Abbildung 8.5: Annas Chromosomen-Karte mit den Segmenten der Gruppe 1 unter dem Vorfahrenpaar Hermann Probe & Bertha Platzhalter.

8.5.1 Aufbau

Links stehen die **Vorfahren** mit Farbe und Seite und darunter die Tabelle der **Segmente** (Match, Chromosom, Start, Ende, cM, Vorfahre). Rechts zeigt die Karte die Chromosomen 1–22 und X mit drei Spuren: oben die väterliche Kopie, in der Mitte die mütterliche, unten Segmente ohne bekannte Seite. Die Farbe richtet sich nach dem Vorfahren; nicht zugeordnete Segmente sind grau. Mit geladenen Chromosomenbanden ist das Zentromer rot markiert. Oben stehen die bemalten cM je Seite.

8.5.2 Schritt für Schritt

1. **Segmente holen:** **Segmentliste importieren ...** liest Segment-Exporte von FamilyTreeDNA (Chromosomen-Browser), MyHeritage, GEDmatch und 23andMe; doppelte werden übersprungen. Komma, Semikolon und Tabulator als Trennzeichen werden erkannt, ebenso die Zeichensätze UTF-8, UTF-16 und Latin-1 – auch eine Tabelle aus einer deutschen Tabellenkalkulation lässt sich also einlesen. Weitere Quellen: **In Chromosomen-Karte übernehmen** beim Phasing (Abschnitt 6.3) und **In die Chromosomen-Karte eintragen** bei den Segmentgruppen (Abschnitt 7.3.2).
2. **Vorfahren anlegen:** Name (Person oder Paar), Seite wählen, **Hinzufügen**. Jeder Vorfahre bekommt eine eigene Farbe.
3. **Zuordnen:** Zeilen in der Tabelle wählen (§ oder ↑ für mehrere), dann beim Vor-

fahren **Auswahl zuordnen**. **Zuordnung lösen** und **Entfernen** wirken auf die Auswahl.

4. **Suchen:** Das Suchfeld filtert nach Match oder Vorfahr und hebt die Treffer in der Karte hervor.

Ein Klick auf eine Stelle der Karte zeigt, welche Segmente dort liegen, mit **In Tabelle markieren** und **Vergrößern**. Ein Klick auf die Chromosomennummer vergrößert das Chromosom: Jedes Segment wird ein eigener beschrifteter Balken, Überlappungen stehen untereinander, mit Mb-Skala, Banden und Zoom-Regler. **Alle Chromosomen** führt zurück.

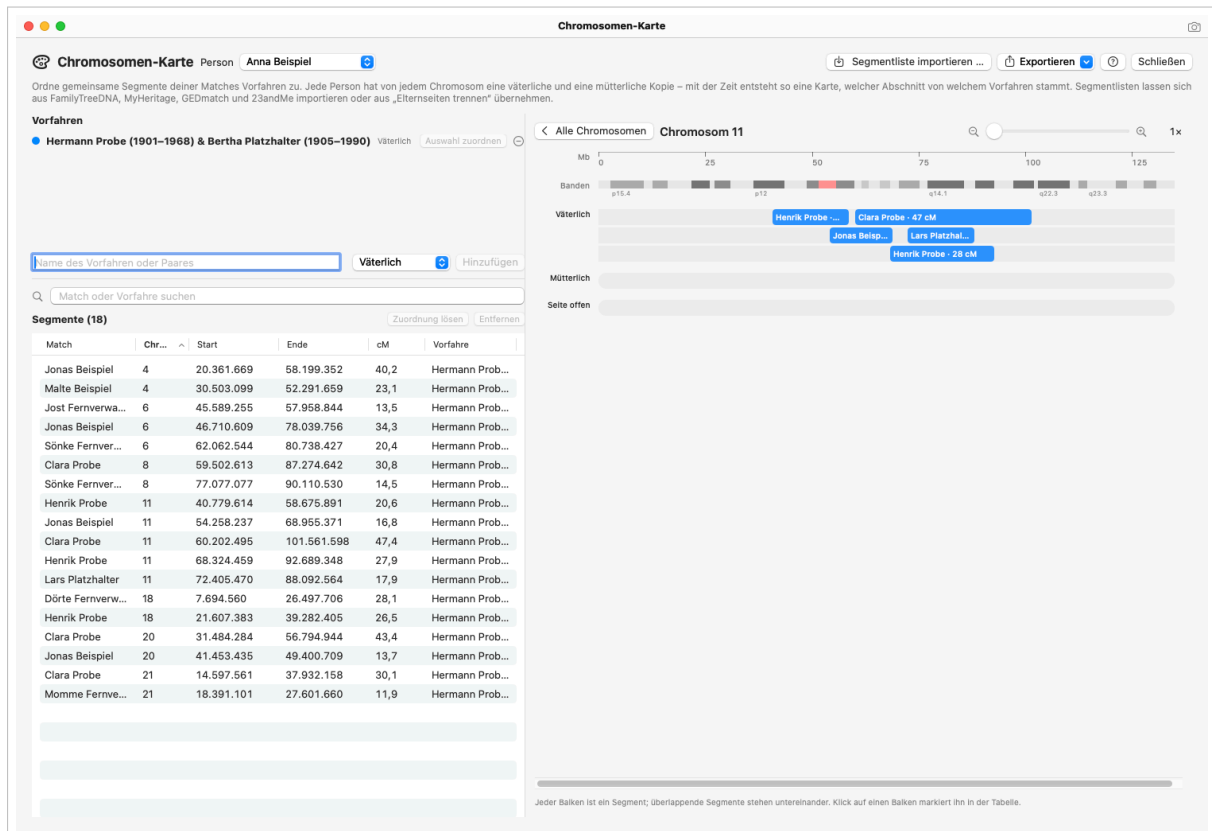


Abbildung 8.6: Chromosom 11 vergrößert.

8.5.3 Exportieren

Das Menü **Exportieren** bietet:

- **Segmenttabelle (CSV) ...** – alle Segmente mit Match, Chromosom, Start, Ende, cM, SNPs, Seite, Vorfahr und Quelle;
- **Für DNA Painter exportieren ...** – das eigene CSV-Format von DNA Painter, mit den Vorfahren als Gruppen und ihren Farben; dort über „Import“ als eigene CSV-Datei einlesen;
- **Ganze Karte als Bild (PNG) ...** und **Ganze Karte als PDF ...** – hell auf Weiß, mit Titel und Legende der Vorfahren; in der vergrößerten Ansicht zusätzlich das einzelne Chromosom als PNG oder PDF.

Die Koordinaten müssen GRCh37 sein, wie bei FamilyTreeDNA; die Karte rechnet nicht um. Die Tabelle zeigt die cM aus der importierten Datei, die Summen berechnet Clavis selbst.

Die Karten liegen nur auf diesem Mac.

8.6 Der Familienbericht

Familienbericht (PDF) (im Fenster **Personen**, in Ablage, im Menü **Daten** oder unter „Was kann ich als Nächstes tun?“) erstellt einen verständlichen A4-Bericht über eine Person, ohne Rohdaten – zum Weitergeben an die Familie. Er enthält die vorhandenen Tests, die mtDNA- und Y-Haplogruppe mit Bedeutung, die Verwandtschaft mit den anderen Personen im Datenordner (aus den autosomalen Rohdaten), Testvorschläge, einen Hintergrund „einfach erklärt“ und einen Datenschutzhinweis.

Forschungswerkzeuge

9.1 Das Forschungsprotokoll

Familie > Forschungsprotokoll (⌘J) hält fest, welcher Frage du nachgehst und wie weit du bist. Es hat zwei Teile.

Hypothesen: Je Hypothese die Felder **Die Frage, so genau wie möglich**, **Daten: Anbieter, Datum des Abrufs, gemessene Werte**, **Hypothese**, **Was dafür spricht**, **Was dagegen spricht**, **Nächster Schritt** und **Stand** (offen, Hinweis, begründete Vermutung, gestützt, belegt, verworfen) mit Datum. Verworfen Hypothesen gehören ebenso hinein wie bestätigte.

Abbildung 9.1: Eine Hypothese im Forschungsprotokoll.

Unter **Kandidaten vergleichen** trägst du für jeden Kandidaten ein, in welcher Verwandtschaft die Matches zu ihm stünden. Clavis prüft jeden Wert gegen die beobachtete Spanne des Shared cM Project und zeigt je Kandidat, wie viele Werte in der Spanne liegen; ab zwei Kandidaten folgt eine grobe Gewichtung als Prozentbalken. Die Gewichtung erscheint nur, wenn alle Kandidaten auf denselben Matches beruhen: Trage bei jedem Kandidaten dieselben Matches (gleiches

Kürzel im Feld **Match (Kürzel)** mit ihren cM ein, jeweils mit der Verwandtschaft, die bei diesem Kandidaten gälte; sonst erklärt ein Hinweis, was fehlt. Ein Wert von 0 cM oder unter 7 cM zählt als „nicht nachweisbar“, nicht als genauer Wert: Er spricht gegen eine nahe Verwandtschaft, schließt eine entfernte aber nicht aus. Eine Spanne ist keine Ausschlussgrenze; die Gewichtung ist kein Beweis, und fehlt der richtige Kandidat, sagt sie nichts.

Segment-Prüfblätter: Ein Prüfblatt hält für ein einzelnes Segment fest, worauf der Befund beruht: Match, Datenstand, Referenz, Lage, Größe, Verfahren, Seite, Triangulation, Häufung, genealogischer Weg, andere Erklärung und Stand. Prüfblätter lassen sich aus den überlappenden Segmenten und den Segmentgruppen vorausgefüllt anlegen.

The screenshot shows the 'Forschungsprotokoll' application window. The 'Segment-Prüfblätter' tab is active. The sidebar on the left lists hypotheses: 'Clara Probe, Jonas Beispiel, Henrik Probe, Malte Beispiel, Sönke Fernve...' with a 'Hinweis' icon. The main area contains a form with the following fields:

- Match:** Clara Probe, Jonas Beispiel, Henrik Probe, Malte Beispiel, Sönke Fernverwandt, Dörte Fernverwandt, Lars Platz
- Datenstand:** Datum des Downloads der Liste oder Datei
- Referenz:** Fassung des Referenzgenoms, z. B. GRCh37
- Lage:** Chr 4, 30,5 – 52,3 Mb; Chr 6, 46,7 – 58,0 Mb; Chr 6, 62,1 – 78,0 Mb; Chr 8, 77,1 – 87,3 Mb; Chr 11, 54,3 – 58,7
- Größe:** Länge in Centimorgan, Zahl der gemeinsamen Stellen
- Verfahren:** FamilyTreeDNA, ≥ 10 cM
- Seite:** väterliche Kopie
- Triangulation:** Mit wem geprüft; Ergebnis; oder nicht geprüft
- Häufung:** Zahl der übrigen Matches an derselben Stelle
- Genealogischer Weg:** Vermutetes Vorfahrenpaar und Beleg im Stammbaum
- Andere Erklärung:** Stärkste Alternative, die noch nicht ausgeschlossen ist
- Stand:** Hinweis (dropdown menu), Stand vom 10. Oktober 2026

At the bottom, a note states: 'Das Protokoll liegt nur auf diesem Mac. Für Matches empfehlen sich Kürzel statt Namen, vor allem wenn du einen Bericht weitergibst.'

Abbildung 9.2: Ein neues Segment-Prüfblatt mit seinen Feldern.

PDF-Bericht ... speichert die gewählte Hypothese oder das gewählte Prüfblatt als PDF. Für Matches empfehlen sich Kürzel statt Namen, vor allem wenn du einen Bericht weitergibst.

9.2 Matches von Hand

Manche Anbieter geben ihre Match-Liste nicht mehr als Datei heraus. In **Matches von Hand** (Familie oder im Forschungsprotokoll) trägst du die wichtigen Matches selbst ein: Kürzel, Person, Anbieter, geteilte cM, längstes Segment, Abrufdatum, Seite, Gruppe und Notizen. Das Programm nennt dazu die Verwandtschaften, deren Spanne zum Wert passt.

Matches von Hand

+ Match hinzufügen Löschen 2 Matches erfasst

Person (wessen Matches) Aus der Zwischenablage einfügen

Match (Kürzel)	Person	Anbieter	Geteilte cM	Längstes Segm...	Gruppe	Abgerufen am
K. M.	Anna Beispiel	MyHeritage	214	48,5	Linie Muster	10.10.2026
H. B.	Anna Beispiel	MyHeritage	96	31,2	Linie Probe	10.10.2026

K. M. Anna Beispiel Anbieter: MyHeritage

214 48,5 10.10.2026 Seite: nicht zugeordnet Linie Muster

Mögliche Verwandtschaften nach dem Shared cM Project

Cousins 1. Grades, zweimal versetzt · Cousins 2. Grades · Cousins 2. Grades, einmal versetzt · Halb- Cousins 2. Grades · Cousins 3. Grades · Cousins 1. Grades, einmal versetzt

Meine Notizen

Match aus der Liste bei MyHeritage; Stammbaum zeigt Muster aus Dorf A. Angeschrieben am 10.10.2026.

Das Protokoll liegt nur auf diesem Mac. Für Matches empfehlen sich Kürzel statt Namen, vor allem wenn du einen Bericht weitergibst.

Abbildung 9.3: Matches von Hand mit zwei Einträgen; der Match „K. M.“ ist gewählt.

Aus der Zwischenablage einfügen übernimmt Matches aus einer kopierten Match-Seite: im Browser die Seite der DNA-Matches bei MyHeritage oder Ancestry öffnen, alles auswählen (⌘A) und kopieren (⌘C), im Feld **Person (wessen Matches)** eintragen, wessen Matches es sind, und den Knopf klicken. Gelesen werden Name, cM und die Schätzung des Anbieters, bei MyHeritage auch Segmente und längstes Segment. Vorhandene Einträge werden aktualisiert, nicht verdoppelt. Für weitere Seiten der Liste wiederholst du den Vorgang. Clavis greift nicht auf dein Konto zu.

9.3 Geteilte cM nachschlagen

Vergleichen › Geteilte cM nachschlagen (⌘L): Gib die geteilte DNA in cM ein (1 bis 8000), und Clavis listet alle Verwandtschaften, deren beobachtete Spanne nach dem Shared cM Project 4.0 den Wert einschließt, die mit dem nächstliegenden Durchschnitt zuerst.

Verwandtschaft	Durchschnitt	Beobachtete Spanne
Cousins 3. Grades	73 cM	0 – 234 cM
Halb- Cousins 2. Grades	117 cM	9 – 397 cM
Cousins 3. Grades, einmal versetzt	48 cM	0 – 192 cM
Cousins 2. Grades, einmal versetzt	122 cM	14 – 353 cM
Cousins 4. Grades	35 cM	0 – 139 cM
Cousins 1. Grades, zweimal versetzt	221 cM	33 – 471 cM
Cousins 2. Grades	229 cM	41 – 592 cM

⚠ Die Werte stammen aus dem Shared cM Project 4.0. Die Spannen sind beobachtete Bereiche und keine Ausschlussgrenzen: Ein Wert knapp außerhalb schließt eine Verwandtschaft nicht aus. Die Reihenfolge ist keine Wahrscheinlichkeit, und die Tabelle enthält nicht jede denkbare Verwandtschaft. Unter etwa 40 cM sagt die Menge fast nichts mehr über den Grad, und bei Endogamie fallen die Werte höher aus.

Abbildung 9.4: Geteilte cM nachschlagen für 85 cM.

Die Spannen sind beobachtete Bereiche, keine Ausschlussgrenzen. Die Reihenfolge ist keine Wahrscheinlichkeit; unter etwa 40 cM sagt die Menge fast nichts mehr über den Grad, und bei Endogamie fallen die Werte höher aus.

9.4 Marker in allen Dateien suchen

Daten › Marker suchen () durchsucht alle Dateien nach einer rs-Nummer, einem SNP-Namen (z. B. M267), einem DYS-Marker, einer mtDNA-Mutation (z. B. 16519C) oder einer Position. Die Treffer zeigen Person, Datei, Marker, Chromosom, Position und Wert; **Datei öffnen** wählt die Datei im Hauptfenster aus. Unter der Tabelle stehen die Zahl der Treffer und der Suchbegriff, zu dem sie gehören.

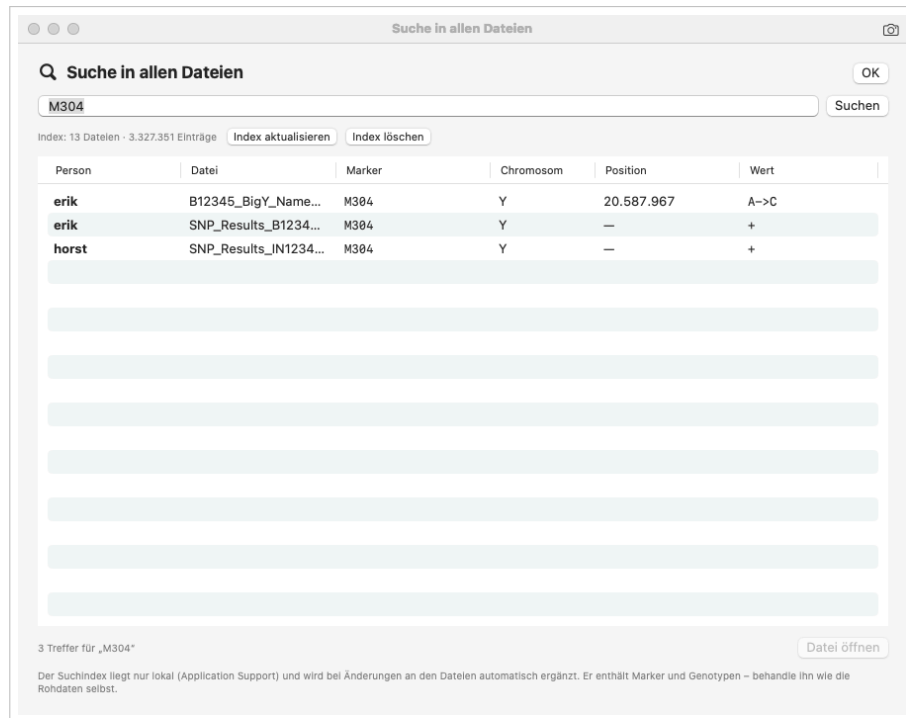


Abbildung 9.5: Die Suche nach dem Y-SNP M304 findet ihn in drei Dateien.

Gesucht wird in einem lokalen Index, der beim Öffnen des Fensters um neue oder geänderte Dateien ergänzt wird (**Index aktualisieren**, **Index löschen**). Er umfasst Chip-Rohdaten, Y-Varianten (CSV und Y-VCF), Y-STR und mtDNA-FASTA, aber keine Genom-VCF, Match- und Segmentlisten, BED oder BAM. Suchst du, während der Index noch aufgebaut wird, zeigt das Fenster „Der Suchindex wird gerade aufgebaut. Die Suche nach „...“ startet, sobald er fertig ist.“ und sucht danach von selbst. Der Index enthält Marker und Genotypen – behandle ihn wie die Rohdaten selbst.

Daten, Datenschutz und Einstellungen

10.1 Referenzdaten

Clavis bringt die wichtigsten Referenzdaten mit (PhyloTree Build 17 mit rCRS für mtDNA, ein Y-Grundbaum mit etwa 95 großen Ästen, Chromosomenlängen). Weitere öffentliche Daten lädst du im Fenster **Referenzdaten** (Daten > Referenzdaten). Dabei werden keine DNA-Daten gesendet. Jede Zeile hat einen Ladeknopf, **Datei importieren ...** für eine selbst beschaffte Datei, nach dem Laden **Aktualisieren** und **Entfernen**. Ist eine Datei alt, empfiehlt Clavis das Neuladen.

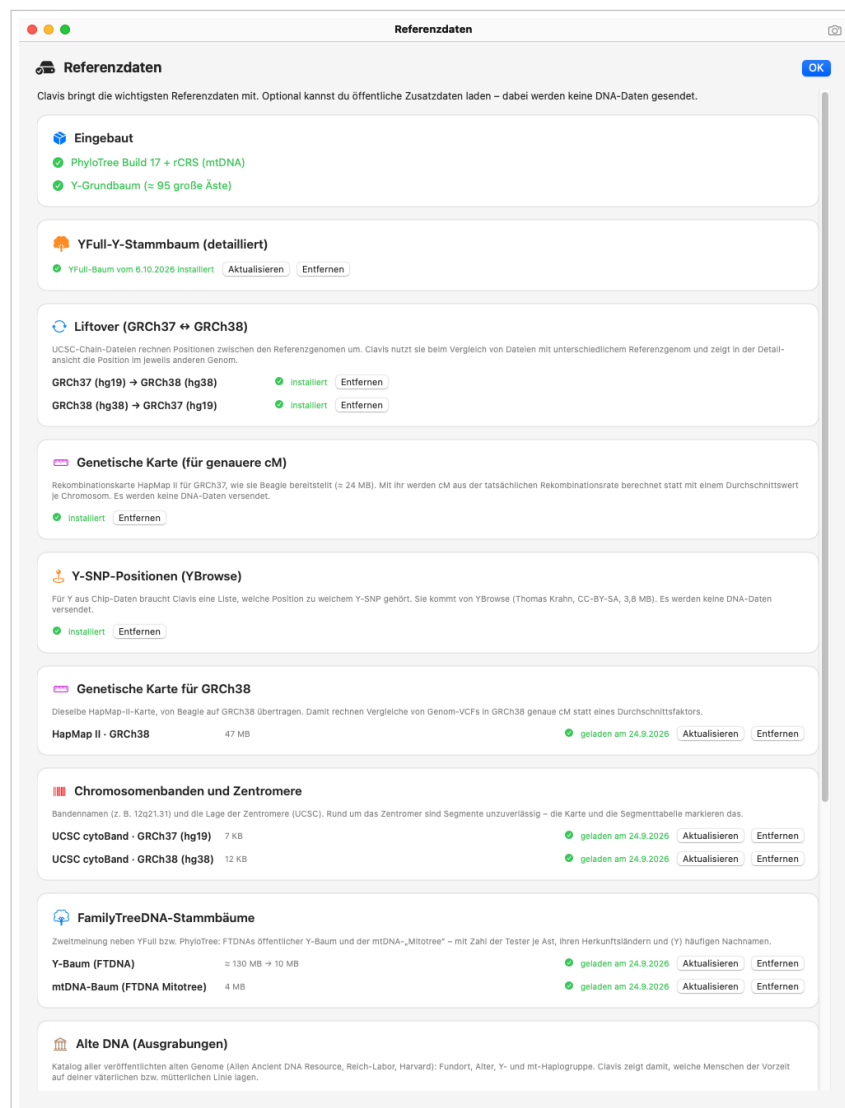


Abbildung 10.1: Das Fenster „Referenzdaten“.

Datensatz	Wofür	Größe
YFull-Y-Stammbaum	genauer Y-Endast, Altersangaben	≈ 15 MB
Liftover GRCh37 ↔ GRCh38	Vergleiche über Referenzgenome, Positionsangaben	je Richtung
Genetische Karte (GRCh37, GRCh38)	genaue cM bei Vergleich, Phasing, homozygoten Abschnitten	24 / 47 MB
Y-SNP-Positionen (YBrowse)	Y-Haplogruppe aus Chip-Daten	3,8 MB
Chromosomenbanden und Zentromere	Banden in Vergleich und Chromosomen-Karte	wenige KB
FamilyTreeDNA-Stammbäume	Zweitmeinung zu Y und mtDNA	10 / 4 MB
Alte DNA (AADR)	„Alte DNA auf deiner Linie“	13 MB
Allelfrequenzen (1000 Genomes)	Herkunftsschätzung, seltene Allele	1,46 GB Download
ClinVar, GWAS Catalog	nur bei freigeschalteten medizinischen Daten	je bis 200 MB

10.2 Datenschutz & Sicherheit

Daten › Datenschutz & Sicherheit öffnet vier Karten:

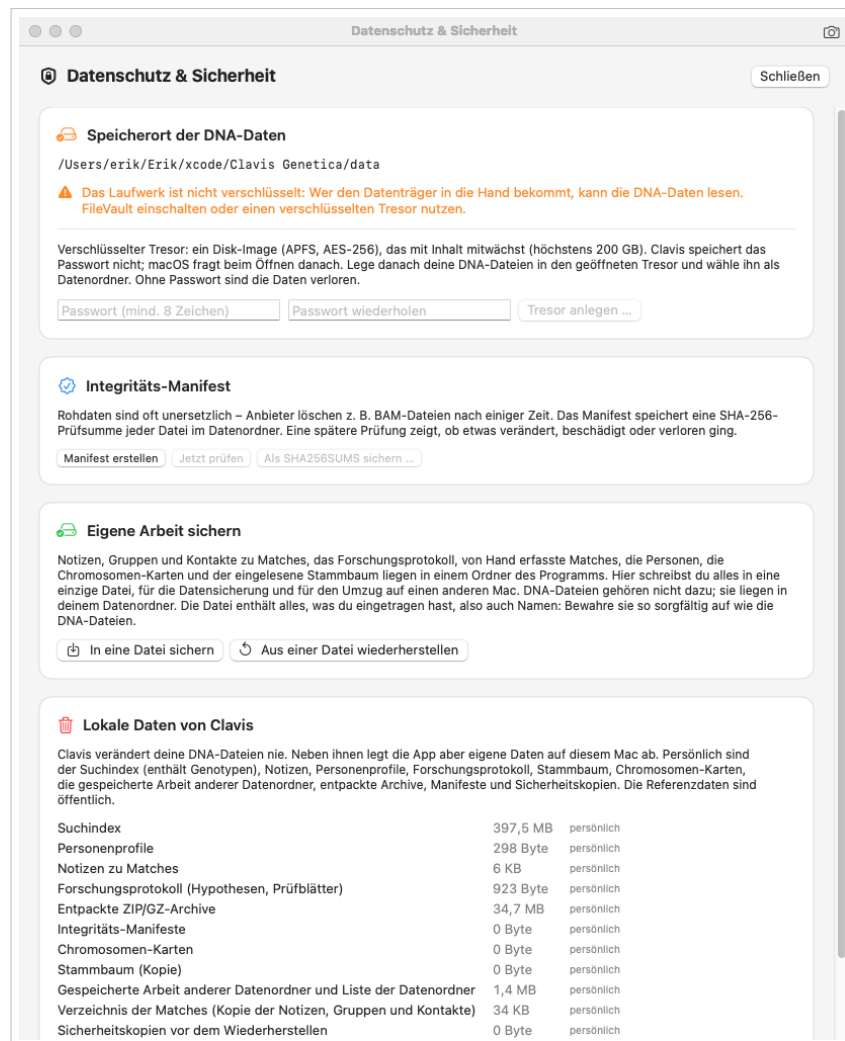


Abbildung 10.2: Das Fenster „Datenschutz & Sicherheit“.

Speicherort der DNA-Daten

prüft, wo der Datenordner liegt, und warnt bei iCloud Drive, anderen Cloud-Ordnern, dem Ordner Downloads oder einem unverschlüsselten Laufwerk. Mit **Tresor anlegen ...** legst du ein verschlüsseltes, mitwachsendes Disk-Image (AES-256) an, in das du die DNA-Dateien legen kannst. Clavis speichert das Passwort nicht – ohne Passwort sind die Daten verloren.

Integritäts-Manifest

Manifest erstellen speichert eine SHA-256-Prüfsumme jeder Datei, **Jetzt prüfen** meldet neue, veränderte und fehlende Dateien, **Als SHA256SUMS sichern ...** schreibt eine Datei, die sich mit `shasum -c` prüfen lässt. Die Datei `clavis-project.json` von Clavis gehört nicht dazu.

Eigene Arbeit sichern

In eine Datei sichern schreibt deine Notizen, Gruppen, Kontakte, Namenszuordnungen, das Forschungsprotokoll, die Matches von Hand, die Personen, die Chromosomen-Karten und den Stammbaum in eine JSON-Datei – ohne DNA-Dateien. **Aus einer Datei wiederherstellen** spielt sie zurück; der jetzige Stand wird vorher automatisch gesichert. Vor dem Wiederherstellen prüft Clavis die Datei: Enthält sie Teile, die diese Version nicht kennt, oder ist sie beschädigt, wird sie abgewiesen, und es wird nichts verändert. Die Meldung lautet dann „Wiederherstellen nicht möglich: ... Es wurde nichts

verändert.“ mit dem Grund. Schlägt das Schreiben mittendrin fehl, holt Clavis den vorherigen Stand zurück. Die Sicherung enthält Namen und gehört ebenso sorgfältig verwahrt wie die DNA-Dateien. Auch über Ablage › Eigene Arbeit sichern....

Lokale Daten von Clavis

listet, was Clavis selbst gespeichert hat (Suchindex, Personenprofile, Notizen, Forschungsprotokoll, entpackte Archive, Manifeste, Chromosomen-Karten, die Kopie des Stammbaums, **Gespeicherte Arbeit anderer Datenordner und Liste der Datenordner, Verzeichnis der Matches (Kopie der Notizen, Gruppen und Kontakte), Sicherheitskopien vor dem Wiederherstellen**, Referenzdaten), mit Größe und ob es persönlich ist. **Persönliche Daten löschen** löscht alles Persönliche davon, auch die gespeicherte Arbeit aller Datenordner; **Referenzdaten löschen** räumt die Referenzdaten auf, die sich jederzeit neu laden lassen. Deine DNA-Dateien bleiben in beiden Fällen unberührt.

10.3 Für Upload umwandeln

Ablage › Für Upload umwandeln... schreibt autosomale Chip-Rohdaten (CSV, TSV oder TXT) in ein anderes Format, um sie bei einem weiteren Dienst hochzuladen: **23andMe-Format, AncestryDNA-Format oder FamilyTreeDNA/MyHeritage-Format (CSV)**. Dann **Umwandeln und sichern** Nur die Schreibweise ändert sich, nichts wird ergänzt; Dateien in GRCh38 werden abgelehnt. Für andere Dateien (etwa Y-STR, VCF oder Match-Listen) gibt es die Umwandlung nicht.

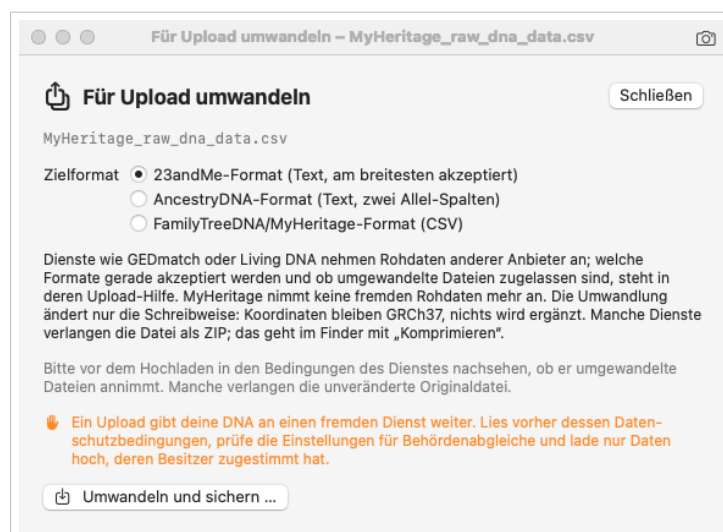


Abbildung 10.3: Das Fenster „Für Upload umwandeln“.

Welche Dienste umgewandelte Dateien annehmen, bitte selbst prüfen. FamilyTreeDNA nimmt umgewandelte Dateien nicht an, MyHeritage nimmt keine fremden Rohdaten mehr an. Ein Upload gibt deine DNA an einen fremden Dienst weiter: Lies vorher dessen Datenschutzbedingungen und die Einstellungen für Behördenabgleiche.

10.4 Medizinische Daten

Clavis ist kein Medizinprodukt. Medizinische Auswertungen sind ausgeschaltet. In den Einstellungen unter **Medizinische Daten** lassen sie sich mit **Medizinische Daten anzeigen?** freischalten; vorher erscheint ein Haftungsausschluss, dem du zustimmen musst. Danach gibt es Daten › Medizinische Varianten und unter **Referenzdaten** die Datensätze ClinVar und GWAS Catalog.

Das Fenster **Medizinische Varianten** wertet eine Chip-Datei, eine Genom-VCF oder eine vollständige mtDNA-FASTA aus: Einträge aus ClinVar, bei denen die Person das genannte Allel trägt, gefiltert nach Bedeutung und Prüfungsstufe, und Treffer aus Studien des GWAS Catalog mit Effekt und Häufigkeit.

Keine Diagnose, ohne Gewähr. Befunde aus Chip-Daten sind oft falsch. Jeden auffälligen Befund in einem zertifizierten Labor bestätigen lassen und ärztlich besprechen. Die einzelnen Effekte aus Studien sind meist klein und einzeln bedeutungslos. Ausschalten zieht die Zustimmung zurück.

10.5 Einstellungen

Clavis Genetica › Einstellungen... (⚙️) oder das Zahnrad:

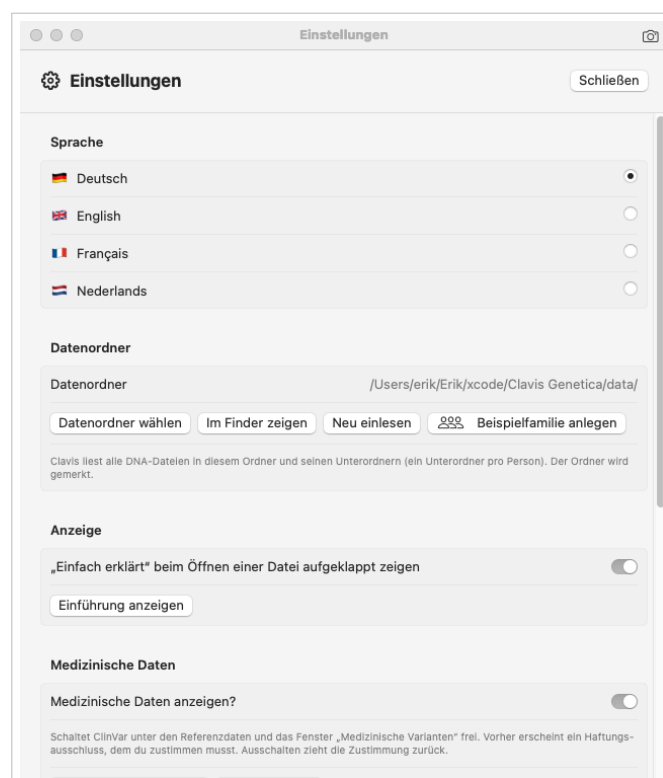


Abbildung 10.4: Die Einstellungen.

Sprache

Deutsch, Englisch, Französisch, Niederländisch.

Datenordner

Pfad und die Knöpfe **Datenordner wählen**, **Im Finder zeigen**, **Neu einlesen** und **Beispielfam-**

ilie anlegen.

Anzeige

ob „Einfach erklärt“ beim Öffnen einer Datei aufgeklappt ist; **Einführung anzeigen.**

Medizinische Daten

siehe oben.

Nach Updates suchen

Version, letzte Prüfung, Knopf zum Prüfen.

Gespeicherte Daten

Ablageort der eigenen Daten von Clavis (~/.Library/ApplicationSupport/be.f97.clavisgenetica) mit Knöpfen zu Finder, Referenzdaten und Datenschutz.

Hilfe im Programm

DNA-Grundlagen & Hilfe

(Hilfe, ⓘ) erklärt DNA, die drei Testarten, Chip und Sequenzierung, Haplogruppen, Referenzgenome, die Erkennung des Erstellers, die Ordnerstruktur, Datenschutz und die wichtigsten Funktionen.

Glossar

(⌕ ⓘ) mit Suchfeld; die Einträge stammen aus dem Glossar des Buches „Clavis Genetica“, ergänzt um die technischen Begriffe des Programms. Im Programm öffnen kleine „?“-Knöpfe und die Zeile „Begriffe:“ die Erklärung eines Begriffs direkt.

Einführung anzeigen

die Einführung in sechs Schritten.

Einfach erklärt und Was kann ich als Nächstes tun?

in jeder Dateiansicht (Kapitel 3).

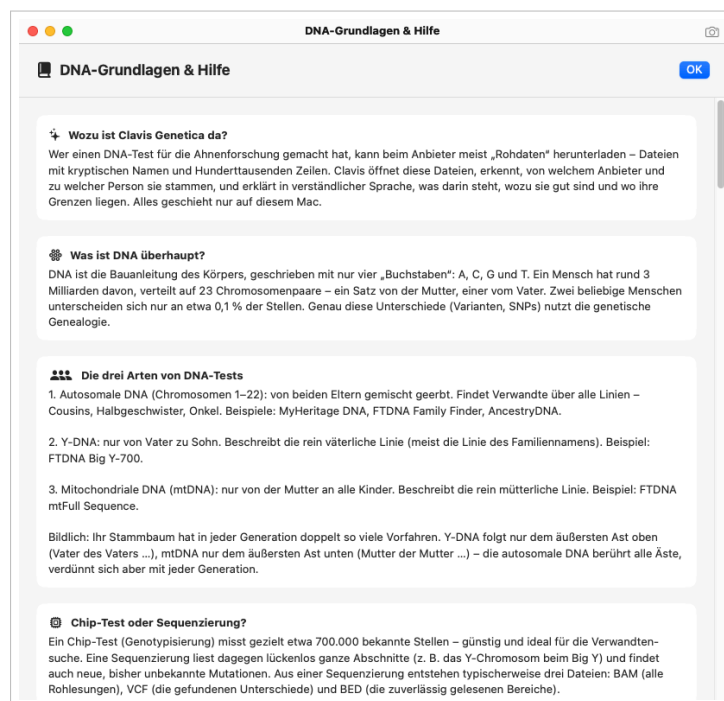


Abbildung 11.1: DNA-Grundlagen & Hilfe.

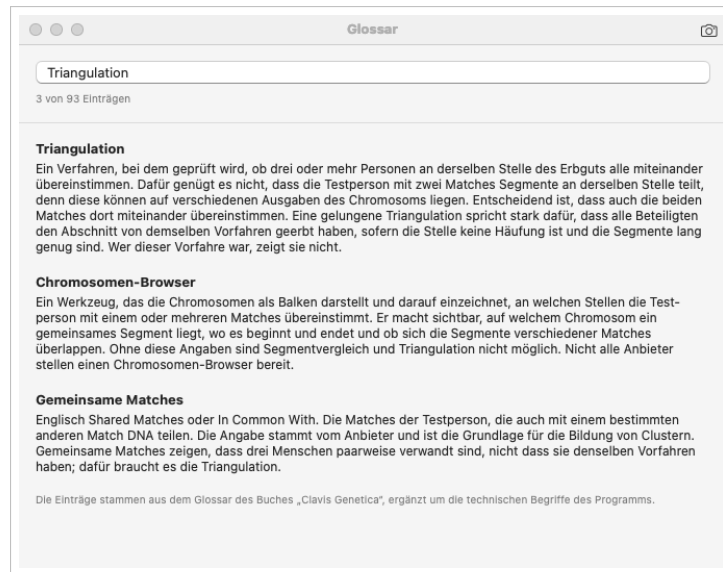


Abbildung 11.2: Das Glossar mit der Suche „Triangulation“.

Quick Look im Finder

Mit der Leertaste zeigt der Finder eine Vorschau von FASTA-, BED- und BAM-Dateien: bei FASTA Länge, GC-Anteil und die ersten Basen, bei BED die abgedeckten Regionen, bei BAM die Contigs, Read-Gruppe und Programme. CSV- und VCF-Dateien sind bewusst ausgenommen.

Menüs und Tastenkürzel

Befehl	Kürzel
<i>Clavis Genetica</i>	
Über Clavis Genetica · Nach Updates suchen · Einstellungen...	– · ⌘U · ⌘,
<i>Ablage</i>	
Datei oder Ordner öffnen...	⌘O
Neu einlesen	⌘R
Für Upload umwandeln... · Familienbericht (PDF)... · Eigene Arbeit sichern...	–
<i>Vergleichen</i>	
Gewählte Datei mit einer zweiten vergleichen	⌘D
Mehrpersonenvergleich	⇧ ⌘M
Überlappende Segmente...	–
Geteilte cM nachschlagen	⇧ ⌘L
<i>Familie</i>	
Personen	⇧ ⌘P
Stammbaum auswerten	⇧ ⌘T
Chromosomen-Karte	⇧ ⌘K
Elternseiten trennen (Phasing)	–
Forschungsprotokoll	⇧ ⌘J
Matches von Hand	–
<i>Daten</i>	
Marker suchen	⌘F
Referenzdaten · Datenschutz & Sicherheit	–
Bildschirmfoto des Fensters	⌘S
Medizinische Varianten (wenn freigeschaltet)	–
<i>Hilfe</i>	
DNA-Grundlagen & Hilfe	⌘?
Glossar	⇧ ⌘G
Einführung anzeigen	–

Unterstützte Dateien

Art	Dateien
Chip-Rohdaten	MyHeritage, FamilyTreeDNA Family Finder, AncestryDNA, 23andMe, Living DNA (CSV, TXT, TSV)
Big Y	Named Variants, Private Variants, Matches (CSV), variants.vcf, regions.bed, BAM mit BAI
Y-DNA	FamilyTreeDNA-SNP-Ergebnisse, Y-STR-Exporte (Y-37 bis Big Y-700)
mtDNA	FASTA (mtFull Sequence, mtPlus)
Match-Listen	FamilyTreeDNA Family Finder Matches, Chromosomen-Browser (Segmente), Y-Matches
Allgemein	VCF (auch gVCF, zum Vergleichen mit der Endung .vcf; bei mehreren Proben nur die erste), BED, BAM/BAI, FASTA, ZIP- und GZ-Archive
Stammbaum	GEDCOM 5.5, Gramps-XML (im Fenster Personen)

Wenn etwas nicht klappt

Eine Datei erscheint nicht in der Liste.

Endung prüfen (Abschnitt 2.1); **Neu einlesen**. Versteckte Dateien werden übersprungen.

Der Ordner zeigt nur eine Person.

Vermutlich liegt der gewählte Ordner eine Ebene zu hoch; Clavis bietet an, den richtigen zu öffnen.

Match-Liste und Segmentliste finden sich nicht.

Beide müssen im selben Personenordner liegen und die Originalnamen von FamilyTreeDNA tragen.

Namen der Segmentliste fehlen in der Match-Liste.

Im Kasten **Namensabgleich mit der Match-Liste** von Hand zuordnen.

Keine Y-Haplogruppe aus Chip-Daten.

Y-SNP-Positionen unter **Referenzdaten** laden; die Datei muss GRCh37 sein; viele Chips messen kaum benannte Y-SNPs.

cM weichen vom Anbieter ab.

Genetische Karte laden; Abweichungen von einigen Prozent sind normal.

„Stammbaum auswerten“ meldet, dass keine Person verknüpft ist.

Im Fenster **Personen** die Person mit ihrem Stammbaumeintrag verknüpfen.

Die Qualitätsvorprüfung zeigt keine Bewertung.

Die Datei ist noch nicht geladen: in der Karte **Datei laden** klicken.

Der Qualitätsbericht meldet „Eingeschränkt“ und eine große Lücke.

Zwischen zwei gemeinsamen Markern liegen mehr als 15 Mb ohne Messung (Zentromere zählen nicht mit). Das betrifft Segmente, Triangulation und Phasing, nicht die Verwandtschaftsschätzung; Segmentgrenzen in diesem Bereich von Hand prüfen.

Zwei Genom-VCFs ergeben „Zu wenige gemeinsame Messstellen“.

Reine Varianten-VCFs teilen zu wenige Stellen; eine gVCF oder Chip-Rohdaten verwenden.

Ein anderer Datenordner lässt sich nicht öffnen.

Clavis nennt den Grund und lässt den bisherigen Ordner mit deiner Arbeit offen. Am Ordner und seinen DNA-Dateien ändert sich nichts.

Eine Sicherung lässt sich nicht wiederherstellen.

Die Datei ist beschädigt oder enthält Teile, die diese Version nicht kennt. Es wurde nichts verändert; eine andere Sicherung wählen oder das Programm aktualisieren.

Das Update lässt sich nicht laden.

Internetverbindung und, im lokalen Netz, die Freigabe unter Datenschutz & Sicherheit › Lokales Netzwerk prüfen.