

Viviane Kostrubiec
Université de Toulouse Paul Sabatier
Benjamin Kostrubiec
Faculté de Géographie et d'Aménagement,
Université Louis Pasteur, Strasbourg

RETROSPEKTYWNE SPOJRZENIE NA EWOLUCJĘ ZALUDNIENIA ZIEMI

Słowa kluczowe:

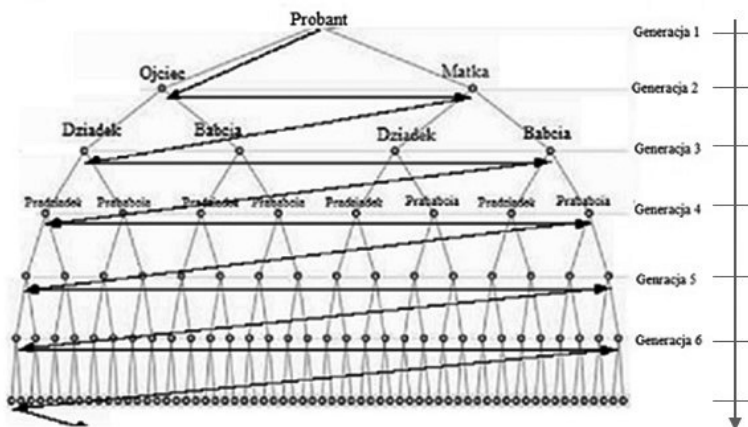
impleks, drzewo genealogiczne, model binarny, graf acykliczny, przodek.

W niniejszym opracowaniu wprowadzamy uściślone pojęcie drzewa genealogicznego, zezwalające na modelowanie i wsteczne prognozowanie rozwoju liczebności populacji Ziemi. W oparciu o prosty model matematyczny, obliczamy teoretyczną liczbę przodków anonimowego, obecnie żyjącego probanta i porównujemy ją do danych empirycznych. Otrzymujemy retrospekcyjny model ewolucji zaludnienia i szacujemy jak w miarę cofania się w czasie wzrasta ilość odległych powiązań krewniaczych. Uzyskane astronomiczne wartości precyzyjnie opisują, jak bardzo w drzewie genealogicznym ludzkości jesteśmy ze sobą spokrewnieni. Bliska rzeczywistości jest słynna maksyma Jean de la Bruyere'a: „Wszyscy wywodzimy od jakiegoś króla, ale również jakiegoś skazańca – wisielca”. Wierzymy, że nieskomplikowana metoda obliczeń zaproponowana w naszej pracy, okaże się przydatna dla scharakteryzowania konkretnych drzew genealogicznych.

W poniższym tekście, po wyjaśnieniu zabiegów koniecznych dla wprowadzenia modelu, objaśniamy jak obliczyć teoretyczną liczbę przodków jednego probanta (równanie 1) i wskaźnik impleksu (równanie 3). Następnie wyznaczamy moment w historii, w którym w drzewie genealogicznym jednej osoby nie mogą zaistnieć niespokrewnieni antenaci (rycina 4) i szacujemy ubytek przodków spowodowany pokrewieństwem. W dyskusji proponowany model zostaje rozwinięty w celu zobrazowania intensywności procesu łączenia się w związki krewniacze. Kończymy pracę wzmiankując najnowsze badania o inklinacjach i awersjach do bliskich związków krewniaczych.

Tradycyjne drzewo genealogiczne przedstawia hierarchicznie, nieliniowo uporządkowany zbiór przodków, przedstawiający filiacje pomiędzy osobnikami różnych generacji. Najwygodniejszym do modelowania kształtem drzewa genealogicznego okazuje się ascendorium. Figurują w nim wyłącznie osobnicy biorący udział w reprodukcji, powiązani strzałkami porządkującymi protoplastów do probanta.

W celu wstecznego prognozowania rozwoju populacji, poniżej proponowana analiza polega na odwróceniu osi czasu oraz grotów strzałek łączących osobników w drzewie. Po tej konwersji, ascendorium zastąpione jest descendorium D, przebiegającym od probanta do protoplastów (rycina 1) i przybierającym postać rozbudowanej piramidy, opartej o podstawę stworzoną z przodków generacji zerowej, żyjącej na początku naszej ery.



Rycina 1. Odwrócone drzewo genealogiczne

Kolejnym zabiegiem jest uproszczenie ścieżek pokrewieństwa powikłanych z powodu osobników wchodzących w związki krewniacze lub posiadających potomstwo z kilkoma partnerami. Przykład powikłanej ścieżki pokrewieństwa ilustruje drzewo genealogiczne syna Ludwika XIV (1638-1711), Wielkiego Delfina (1661-1711), w którym Filip III Pobożny (1578-1621), król Hiszpanii, jest jednocześnie pradziadkiem matki i pradziadkiem ojca Wielkiego Delfina. Zamiast rozbiegać się radialnie jak na rycinie 1, ścieżki pokrewieństwa zespalały się przy osobie Wielkiego Delfina tworząc cykl. Podobne cykle dla potrzeb modelu eliminujemy.

Omówione uproszczenie upodobania drzewo genealogiczne do *grafu acyklicznego skierowanego* (GAS), pozwalającego określić teoretyczną ilość przodków indywidualnego probanta przy założeniu, że nikt z antenatów nie wszedł w związek krewniaczy. W teorii grafów, GAS przyjmuje formę drzewa łączącego osobników, przedstawionych jako węzły, przy pomocy radialnie rozbiegających się strzałek określających hierarchie (rycina 1). Każde dwa węzły połączone są tylko jedną strzałką. W niniejszym GAS-ie każdy poziom węzłów ilustruje generacje (g), potomkowie są węzłami podrzędnymi a przodkowie nadrzędnymi. Ponieważ w proponowanej pracy żaden węzeł nie został pominięty, nasz GAS nazywamy spójnym. GAS spójny posiada jedyny korzeń, wywodzący się w tym wypadku od węzła-probanta.

Do oznaczenia przodków biologicznych w GAS-ie wykorzystaliśmy uznaną i przejrzystą zasadę numeracji hiszpańskiego franciszkanina de Sosa (1676). Probant, który daje początek piramidalnej konstrukcji GAS-u oznaczony jest numerem 1, bez względu na swoją płeć (rycina 2). Węzły numeruje się kolejno, przebiegając poziomy drzewa z lewa na prawo, począwszy od korzenia. Przodkowie mężczyźni są oznaczeni numerami parzystymi, kobiety numerami nieparzystymi. Numeracja biegnie po łamanej. Węzły generacji g mają kolejne numery od 2^g do $2^{g+1} - 1$.

Określmy oczekiwaną ilość przodków anonimowego żyjącego probanta na naszym GAS-ie. Indywidualny probant P_1 , na przykład czytelnik tego artykułu, daje początek indywidualnemu GAS-owi, obejmującemu dokładnie 2 rodziców $4 = 2^2$ dziadków $8 = 2^3$ pradiadków, itd. Zatem, w każdej kolejnej generacji, liczba przodków jest potęgą *dwójki*, pozwalając zmodelować indywidualny GAS każdego osobnika jako *binarny* GAS skierowany, oznaczony poniżej jako B-GAS. Pełne drzewo o wysokości k posiada dokładnie $\sum_{g=1}^{g=k} 2^g$ węzłów. Wiedza ta jest dotychczas słabo wykorzystana z braku odpowiedniego warsztatu badawczego.

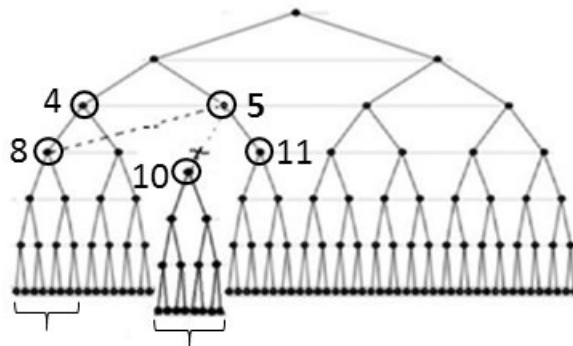
Dzięki przekształceniu descendorium w pełny B-GAS, w którym czas upływa od teraźniejszości do przeszłości, możemy zastosować postępowanie geometryczne o ilorazie 2 do obliczenia teoretycznej liczby przodków jednego probanta (LT) w każdej generacji g :

$$L_{Tg} = r \cdot 2^g \quad \text{równanie 1}$$

W równaniu 1 zmienna L_{Tg} odpowiada liczbie osobników g -tej generacji, parametr r reprezentuje współczynnik reprodukcji, podstawa funkcji wykładniczej 2 ilustruje liczbę rodziców w B-GAS-ie. W pełnym B-GAS-ie, przy $r = 1$, po zaledwie dziesięciu generacjach probant posiada $2^{10} = 1024$ teoretycznych przodków i każdy żyjący probant posiada identyczny B-GAS. Z powyższych rozważań wynika, że

drzewo genealogiczne ludzkości, będące obecnie zbiorem 6,8 miliarda probantów, przedstawia w dziesiątej generacji $2^{10} * 6,8 * 10^8 = 64 512 * 10^8$ antenatów. Uzmysławia nam to, że współczesny Polak posiada 38 543 921 teoretycznych przodków z okresu życia dorosłego króla Władysława Jagiełły (ok. 1380), co odpowiada 10% ludzi owego okresu (385 000 000).

Descendoria empiryczne różnią się oczywiście strukturą od omówionego B-GAS-u. Z powodu uwikłania ścieżek pokrewieństwa, jeden osobnik może występować w B-GAS-ach kilkakrotnie, posiadać wiele numerów Sosa, a liczba przodków empirycznych różni się wtedy od liczby teoretycznej. Dla przykładu, z powodu powikłania ścieżek pokrewieństwa, Wielki Delfin posiada czterech pradziadków a teoretycznie powinien osiem ($2^3 = 8$). W symulacji zilustrowanej na rycinie 2, osobnik piaty posiada wspólnego ojca ($n^{\circ} 8$) z osobnikiem $n^{\circ} 4$, lecz inną matkę ($n^{\circ} 11$). Wspólny ojciec występuje więc pod numerem 8 jako rodzic osobnika $n^{\circ} 4$ i pod numerem 10 jako ojciec osobnika $n^{\circ} 5$, dając początek dwóm identycznym, powtarzającym się gałęziom (oznaczonymi na ryc. 2, dwiema kłamrami). Osobnik figurujący kilkakrotnie w sztafecie pokoleń nazwany jest wielokrotnym przodkiem. W sumie, B-GAS na ryc. 2 przedstawia 126 węzłów-przodków, lecz gdyby wyeliminować powtarzające się węzły i gałęzie, przedstawiałby zaledwie 106 antenatów.



Rycina 2. Eliminacja wspólnej gałęzi z drzewa genealogicznego o głębokości 7-miu generacji. Obie kłamry obejmują tych samych przodków ($n^{\circ} 8$ i 10), podkreślając powtarzające się gałęzie.

W teoretycznym B-GAS-ie ludzkości wielokrotni przodkowie nie są eliminowani z powodu braku dokładnych danych empirycznych. Natomiast w empirycznej liczbie przodków każdy wielokrotny przodek jest liczony tylko raz.

Z tego powodu liczba empiryczna przodków jest mniejsza od liczby teoretycznej, a różnica daje pojęcie o impleksie. Impleksem (ang. *Pedegree collapse*) nazywamy uwikłanie empirycznego drzewa genealogicznego, spowodowane występowaniem wielokrotnych przodków. W niniejszej analizie porównamy ewolucję teoretycznej ilości przodków z empiryczną ilością antenatów.

PODEJŚCIE BADAWCZE

1. Dane empiryczne

Proponowany model (równanie 1) zastosujemy do danych empirycznych przedstawiających pokoleniowe zmiany liczebności populacji Ziemi. Dostępny materiał empiryczny jest niezwykle ubogi. Współczesne dane, którymi się posłużymy zostały zaczerpnięte ze światowego zegara populacji (*Population Reference Bureau*) i ze światowych statystyk zmian zaludnienia w czasie rzeczywistym. Brakujące dane historyczne uzyskano ekstrapolując niekompletne zestawienia Birabena (1979) i Hauba (2011). Ekstrapolacja została dokonana metodą liniową. Estymowana empiryczna liczba osobników (L_E), w zależności od numeru generacji g i roku jest zilustrowana na Tablicy 1. Dane empiryczne obejmują okres od roku 2015 do roku zerowego (Tablica 1, kolumna 2). W B-GAS-ie lata są pogrupowane w generacje. Generacje, to jednorodne jednostki czasowe, reprezentujące miarę na osi czasowej. Generacja jest wartością oczekiwaną wieku kobiety rodzącej. Na ogół, przyjmuje się, że cykl rozrodczy (przeciętny interwał pokoleniowy między dwiema kolejnymi generacjami) zaczyna się na 20-tu a kończy na 32 latach¹. Dla wygody, w niniejszej analizie przyjęliśmy 25 lat jako długość generacji (Tablica 1, kolumna 1) zważając, by nie przekraczała przeciętnej długości życia. Dla naszych potrzeb obliczeniowych, generacje² są liczone wstecz od $g_0 = 2010$ r.

¹ W Unii Europejskiej średni wiek matek rodzących pierwsze dziecko wynosi 29 lat. W przeszłości, długość generacji, cykl odnowienia generacji musiał z konieczności być krótszy od oczekiwanej długości życia e_0 noworodka, równej średniej długości życia w danej populacji.

² Generacja zerowa o długości $(2010-2000)/25 = 0,4$ jest niepełna. Zachowaliśmy ją - bez szkody dla obliczeń- by mieć wartości g całkowite.

Tablica 1. Pokoleniowe zmiany ilości populacji Ziemi. Oszacowana liczba empiryczna (L_E) i liczba teoretyczna (L_T) obliczona za pomocą modelu, w zależności od roku i generacji g ; (przedstawiony fragment od 0 do 500 r.).

g	Rok	L_e	L_t
81	0	250000000	1 595 187 182 519 110 000 000 000
80	30	247300000	916 194 446 236 024 000 000 000
79	50	245500000	694 345 550 152 383 000 000 000
78	80	242800000	302 231 454 903 657 000 000 000
77	100	241000000	173 586 387 538 096 000 000 000
76	130	238300000	75 557 863 725 914 300 000 000
75	170	234700000	43 396 596 884 523 900 000 000
74	180	233800000	18 889 465 931 478 600 000 000
73	200	232000000	10 849 149 221 131 000 000 000
72	230	229300000	4 722 366 482 869 650 000 000
71	250	227500000	2 712 287 305 282 750 000 000
70	280	224800000	1 180 591 620 717 410 000 000
69	300	223000000	678 071 826 320 689 000 000
68	320	221200000	295 147 905 179 353 000 000
67	350	218500000	169 517 956 580 172 000 000
66	380	215800000	73 786 976 294 838 200 000
65	400	214000000	42 379 489 145 043 000 000
64	450	209500000	24 340 624 733 262 800 000
63	480	206800000	10 594 872 286 260 700 000
62	490	205900000	4 611 686 018 427 390 000
61	500	205000000	2 648 718 071 565 190 000

Należy podkreślić, że liczba estymowana przodków empirycznych L_E jest zawyżona. Poza przodkami, w każdej generacji L_E , figurują przedstawiciele niebiorący udziału w reprodukcji, jak również duży odsetek rodzin dwupokoleniowych: rodziców i dziadków. W niniejszej analizie z konieczności, pomijamy tę nieznaną liczbę osobników.

2. Dane teoretyczne

Dane teoretyczne uzyskaliśmy stosując funkcję L_T (równanie 1). Aby dobrze wskaźnik reprodukcji r , przypomnijmy, że według wzoru rekurencyjnego, ludność generacji $g+1$ jest równa ludności generacji g pomnożonej przez wskaźnik r . Jako wskaźnik r przyjmujemy różnicę między wskaźnikiem urodzin (u) i wskaźnikiem śmierci (s). Z powodu przyjętej konwencji modelu binarnego, wskaźnik urodzin jest stały i wynosi $u = 2$:

$$r = 2 - s \quad \text{równanie 2}$$

Wielkość r wpływa na przebieg funkcji L_{Tg} w zależności od generacji, pozwalając na symulację trzech typów zachowań: wzrost, stagnacja lub wymieranie populacji.

$$r = \begin{cases} > 0, \text{wzrost } LTg \rightarrow +\infty. \\ 1, \text{stagnacja } LT(g-1) = L(Tg): \\ < 0, \text{wymieranie } LTg \rightarrow 0 \end{cases}$$

W pierwszej symulacji przyjmujemy wskaźnik reprodukcji $r = 1$ aby otrzymać wartości L_{Tg} niezakłócone pokrewieństwem. Poniżej, przebieg teoretyczny L_{Tg} przy $r = 1$ jest porównany z przebiegiem empirycznym L_{Eg} . W następnej symulacji wartości r są dobierane w celu możliwie najlepszej aproksymacji do danych empirycznych, wykorzystując metodę minimum kwadratów. Przebieg L_{Tg} jest przedstawiony do momentu wygaśnięcia populacji.

3. Obliczenia i wskaźniki

Dla wyliczenia liczby empirycznej przodków (L_E) dla każdego g interpolowano L_E za pomocą regresji liniowej (Tablica 1, kolumna 3). Ze względu na otrzymane wielkości, na wykresach przyjęliśmy skalę logarytmiczną o podstawie 2.

W oparciu o L_T i L_E , proponujemy wskaźnik ubytku przodków (wskaźnik impleksu):

$$I_g = 100 * \left(\frac{\text{Empiryczna ilość strzałek w generacji } g}{\text{Maksymalna teoretyczna ilość strzałek w generacji } g} \right) = 100 * \left(1 - \frac{Le(g) - 1}{2^g - 1} \right)$$

równanie 3

przedstawiający następujące własności:

$$I_g = \begin{cases} < 100\%, \text{ gdy utrata przodków} \\ 0\%, \text{ dla pełnego grafu skierowanego} \end{cases}$$

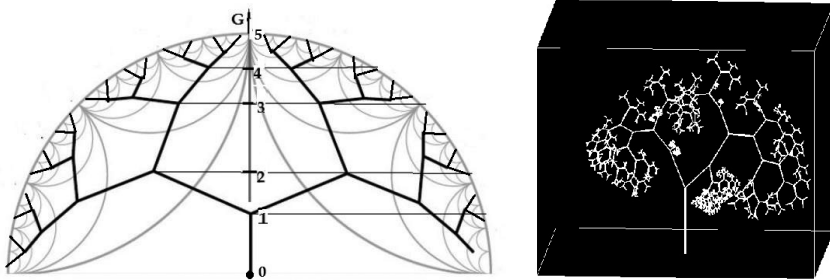
Ilość strzałek w g generacjach równa się liczbie wszystkich osobników występujących w drzewie minus jeden. W tablicy 2 przykładowo obliczono reakcje globalnego wskaźnika I_g na ubytek przodków w drzewie jednego probanta na przestrzeni sześciu generacji. W ostatnim wierszu występuje globalny I obliczony dla sumy przodków w każdym drzewie. W kolumnach 6 do 9 występuje I_g obliczony generacjami. Wskaźnik impleksu osiąga wartość 0 w wypadku pełnego drzewa binarnego (Kolumna 5). Tablica 2 przedstawia ilość strzałek obliczoną na podstawie symulacji czterech drzew z ryciny 8.

Tablica 2. Ludność L i wkaznik impleksu I po g generacjach w czterech różnych teoretycznych symulacjach, zilustrowanych na Rycinie 8.

g	$L_g(Da)$	$L_g(Db)$	$L_g(Dc)$	$L_g(Dd)$	$I_g(Da)$	$I_g(Db)$	$I_g(Dc)$	$I_g(Dd)$
0	1	1	1	1	0	0	0	0
1	2	2	2	2	0	0	0	0
2	4	4	4	4	0	0	0	0
3	6	8	8	8	25	0	0	0
4	8	12	14	16	50	25	13	0
5	14	16	20	32	56	50	38	0
6	22	16	30	64	66	75	53	0
Suma	56	58	78	126				
I	55,6	54,0	38,1	0				

Następnym udogodnieniem wynikającym z proponowanego modelu B-GAS jest możliwość przedstawienia descendorium w przestrzeni trójwymiarowej. Proces generacji L_{Tg} jest procesem gałązkowym, trudnym do zilustrowania na płaszczyźnie z powodu zagęszczenia węzłów na podstawie piramidy. Klasyczny wybieg, polegający na przedstawieniu procesu gałązkowego w układzie kołowym, nie rozwiązuje problemu. Proponujemy zanurzyć descendorium w kuli i użyć algorytmu fraktalnego. B-GAS jest idealnym fraktalem, charakteryzującym się samopodobieństwem na równomiernie oddalonych koncentrycznych sferach.

4. Przedstawienie fraktalne



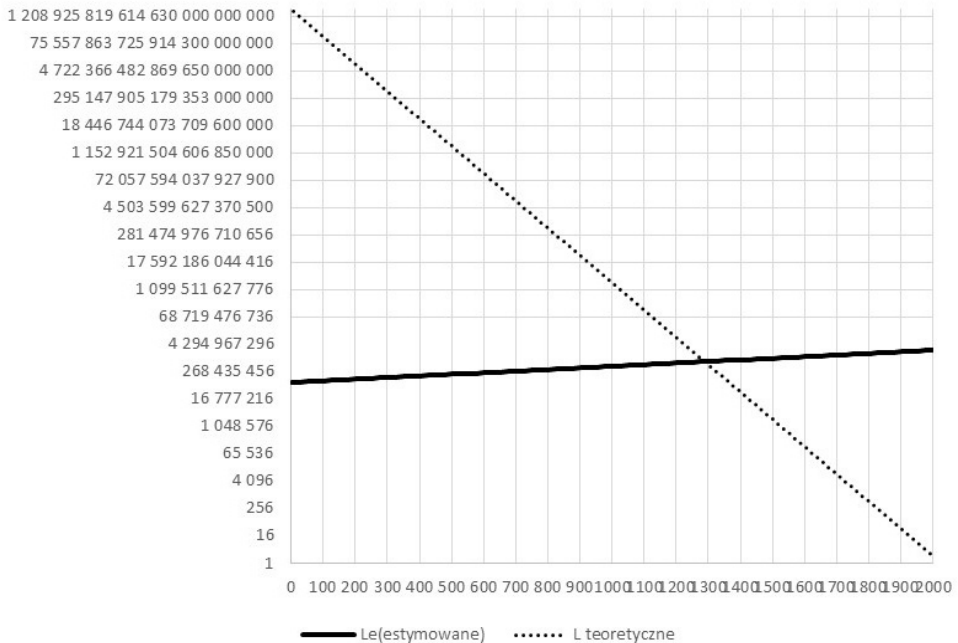
Rycina 3. Na lewej: binarne drzewo radialnie rozpięte wachlarzowato. Gałązki rozdzielają się w nieskończoność. Z prawej: gałąź binarnego drzewa generowana fraktalem 3D (11 iteracji).

Używając geometrii polarnej, rycina 3 ilustruje fraktalne drzewo genealogiczne, w którym każda gałąź rozdziela się na męską i żeńską gałąź przodków i rośnie w nieskończoność. Dowolny wycinek drzewa jest wierną kopią powiększonego

lub pomniejszonego fragmentu fraktala – właściwość ta zwana jest samopodobieństwem. Rozmieszczając gałęzie nie we dwóch, ale w trzech wymiarach, otrzymujemy przedstawienie fraktalne, ilustrujące drzewo ludzkości w E^3 . Każdy z 7 miliardów ludzi żyjących w 2016 roku posiada identyczne, pełne drzewo fraktalne liczące tyle samo przodków. Każdy przodek żyjący w przeszłości, nawet najodleglejszej, również posiada identyczny fraktal. Pozycja każdego z nas jest zcentralizowana. Każdy z nas jest swoistym „pępkiem świata”. Poszczególne drzewa są ściśle powiązane z konfiguracją innych drzew, tworząc globalne drzewo.

WYNIKI I INTERPRETACJA

1. Dane empiryczne versus dane teoretyczne przy wskaźniku reprodukcji $r = 1$



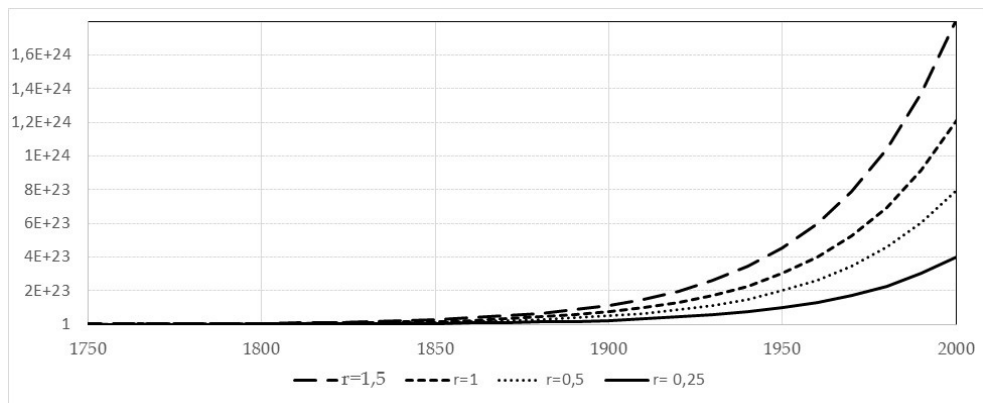
Rycina 4. Wykres teoretycznej ilości przodków jednego probanta i empirycznej liczby przodków wszystkich Ziemian w zależności od roku. Liczba przodków jest przedstawiona w skali logarytmicznej.

Na odciętej rycinie 4 figurują lata, na rzędnej liczba przodków w skali logarytmicznej. Krzywa pozioma ilustruje empiryczną liczbę przodków wszystkich

Ziemia a przekątna teoretyczną liczbę przodków jednego probanta. Rok przecięcia wykresów oznaczamy rozwiązując równania linii trendu empirycznego i teoretycznego: $L_E(t) = L_T(t)$. Przecięcie obu wykresów $L_t(1299) = L_e(1299)$ nastąpiło w 28-iej generacji, przy wartości 425 000 000 przodków. Po prawej punktu przecięcia L_T jest mniejsze niż L_E . Nadmiar L_E wynika z zawarcia w danych empirycznych całej populacji Ziemi, L_T zawiera natomiast zbiór przodków jednej tylko osoby. Po lewej punktu przecięcia teoretyczna liczba przodków probanta przekracza ilość mieszkańców Ziemi, ponieważ L_T uzyskujemy zakładając brak związków krewniaczych które zaniżają L_E . Powyższe wykresy wskazują, że począwszy roku 1299, to jest od czasów Władysława Łokietka (1260-1333), w drzewie genealogicznym jednej osoby nie mogą zaistnieć niespokrewnieni antenaci.

Od roku 1299 można bezbłędnie wyznaczyć pokoleniową utratę przodków związaną z pokrewieństwem. Przy pomocy równania 3 obliczyliśmy wskaźnik impleksu I_g dla naszych danych empirycznych generacjami. Jako teoretyczną liczbę probantów dla 81-iej generacji z 2010 roku przyjęliśmy 6 843 000 000 osób. Krzywa impleksu przyjmuje postać funkcji nieliniowej, asymptotycznie zmierzającej do 100%. Stuprocentowy impleks osiągnięty jest już w roku 1730 w którym, w miejsce 16 098 391 742 965 przodków teoretycznych, istnieje zaledwie 662800000 przodków empirycznych. Z powyższego obliczenia wynika, że od niecałych 12 generacji wstecz w drzewie ludzkości nie można znaleźć ludzi niespokrewnionych. Od czasów panowania Augusta II Mocnego w Polsce (1697–1733) wszyscy Ziemiańskie są spowinowaceni.

2. Wartości teoretyczne przy r uzyskanym drogą aproksymacji



Rycina 5. Rozwój populacji przy różnych r otrzymany drogą aproksymacji. Na odciętej figurują lata, na rzędnej liczba przodków (w skali logarytmicznej). Wartość rzeczywista L_E asymptotycznie zmierza do zera.

Powyższe obliczenia zostały wykonane używając różne wartości $r = 1$ jako wskaźnik repro-dukcyj, prowadząc do niebotycznego wzrostu ilości przodków w miarę cofania się w czasie przy $r = 1$. W rzeczywistości, w retrospektywnej ewolucji, liczba przodków empirycznych zmniejsza się. W zebranych danych empirycznych L_E redukuje się z 6 843 000 000 w roku 2015 (generacja 0) do 250 000 000 w czasach **Heroda Wielkiego** (rok 0, generacja 81).

Aby zbliżyć dane teoretyczne do empirycznych, aproksymujemy r tak by przeswiał między wykresami L_T i L_E zmierzał do zera. Rycina 5 ilustruje teoretyczną liczbę przodków w zależności od roku przy różnie dobranych r . Niższe wartości r , przy małych wskaźnikach śmierci, prowadzą do szybszego spadku symulowanej populacji przodków. Na przykład, $r = 0.5$ (kropkowana krzywa na ryc. 5) oznacza, że pomiędzy dwoma generacjami połowa przodków ubyła z powodu związków krewniczych, a $r = 0,25$ (dolna krzywa na Rycinie 5) wykazuje ubytek 75% przodków. Dobierając różne wartości r , obserwujemy, że ilość populacji teoretycznej zmierza do wartości empirycznych, pokrywających się z osią czasu na rycinie 4.

Aproksymacja współczynnika reprodukcji metodą najmniejszych kwadratów wyznacza $r = 5,586 * 10^{-15} = 0,000\ 000\ 000\ 000\ 005\ 586$.

$$L_{Tg} = 5,586 * 10^{-15} * 2^x$$

Aproksymacja ta uwzględnia 0,695 % wariacji. Możemy interpretować ten wynik następująco: pomiędzy dwoma generacjami następuje ubytek 99,9% przodków. Na biliard osobników 999 999 999 999 994 przodków znika z powodu związków krewniczych.

DYSKUSJA

Niniejsza praca opiera się na modelacji drzewa genealogicznego przy pomocy binarnego grafu acyklicznego skierowanego. Odwrócenie strzałki czasu, rodzaj wehikulu czasu, umożliwiło retrospektywne spojrzenie na ewolucję zaludnienia. Porównując teoretyczną liczbę przodków, otrzymaną przy pomocy modelu, do liczby empirycznej, wyodrębniliśmy rok w którym zapoczątkował się niedobór liczby przodków spowodowany pokrewieństwem i obliczyliśmy wskaźnik impleksu. Poniżej przystosowujemy proponowany model w celu zilustrowania procesu zanikania przodków i prowadzimy dyskusję na temat czynników wpływających na awersję do bliskich związków krewniczych.

1. Liczby olbrzymy

Gdyby teoretycznie przyjąć że żaden osobnik nie jest spokrewniony z innymi, to zgodnie z przyjętym modelem, liczba teoretyczna przodków w 81-tej generacji wynosiłaby (ostatni wiersz Tablicy 1):

$$L_{Tg=81} = r * 2^{81} = 10^{24} = 1,832 * 1\ 000\ 000\ 000\ 000\ 000\ 000\ 000\ 000$$

$L_{T=81}$ jest liczbą olbrzymem, septylionem, reprezentującym wielkość niewyobrażalną. Gdyby na początku naszej ery żyło tylu osobników, to na jednego mieszkańca przypadałoby po 0,0101 metra kwadratowego powierzchni Ziemi. Teoretyczna liczba przodków współczesnego Polaka w roku zerowym, wynosiłaby astronomiczną wartość: $2^{81} = 2\ 417\ 851\ 639\ 229\ 260\ 000\ 000\ 000$, czyli 22 470 174 671 863 razy przekraczałaby liczbę ludzi, którzy kiedykolwiek żyli od pojawienia się człowieka. W rzeczywistości, według danych *Population Reference Bureau*, zestawionych przez demografa Carla Hauba (2012), naszą planetę zamieszkiwało dotychczas 107 602 707 791 przedstawicieli *Homo Sapiens*.

Aby wyjaśnić różnicę między teoretyczną i empiryczną liczbą Ziemiaków trzeba zwrócić uwagę na impleks, wyjaśniający zmniejszenie liczby empirycznej. Z naszej analizy wynika że impleks osiąga maksymalną wartość 100% od roku 1730. W drzewie ludzkości jesteśmy bardziej ze sobą spokrewnieni niż mogliśmy się intuicyjnie spodziewać.

Dostępne dane empiryczne, którymi dysponujemy potwierdzają ten wniosek. Analiza genomu ludzkiego, dokonana przez zespół: Gazal, Sahbatou, Babron, Génin, i Leutenegger (2015) na próbcie 1 000 osób pochodzących z 26 populacji wykazała, że około 25% badanych jest związanych pokrewieństwem. Podobna analiza wykonana na 2 257 Europejczykach sugeruje, że dwoje dowolnie wybranych osobników posiada z dużym prawdopodobieństwem wspólnego przodka w ostatnim milenium, a prawie na pewno w ostatnich 2 500 latach (Ralph & Coop, 2013). Badania przeprowadzone na podstawie DNA mitochondrialnego sugerują, że ścieżki matczynego pokrewieństwa zbiegają się w stronę hipotetycznego wspólnego przodka wszystkich ludzi, żyjącego zaledwie 140 000 – 290 000 lat temu w Afryce (Lewin, 1987; Cann, Stoneking, Wilson, 1987, Sykes, 2001). Podobne badania nad męskim chromosomem Y wskazują, że 60% Polaków, 60% południowych mieszkańców Federacji Rosyjskiej i 40% Ukraińców są nosicielami tego samego biomarkera (przykładowo: halpogrup R1a1), co sugeruje, że pochodzą od wspólnego przodka (źródło: atlas *Eupedia Maps of Haplogroups*, 2016).

Badania dostępnych genealogii dostarczają dodatkowych dowodów uwierzytelniających wysuniętą konkluzję (Campion, 2016). Kumulując osiem poprzedzających go generacji, Ludwik Francuski (Wielki Delfin, 1661-1711) posiadał 180 przodków empirycznych w miejsce 510 przodków teoretycznych, co prowadzi do impleksu 66,7 %. Na przestrzeni 11 generacji drzewo genealogiczne Ludwika Świętego (1214-1270) przedstawia 111 przodków empirycznych w miejsce 1024 przodków teoretycznych, co określa impleks 89%.

2. Niedobór ilości przodków

Aby zobrazować proces odpowiedzialny za niedobór przodków, zastanówmy się, co stoi na przeszkodzie, że B-GAS-y nie rozwinęły się we fraktale (pełne drzewa binarne)? Otóż gałązki grafów obumierają z powodu niedoboru empirycznej ilości przodków, wynikającego ze związków krewniaczych. W celu zobrazowania tego procesu przy pomocy modelu B-GAS, zauważamy, że związki krewniacze powodują fuzje indywidualnych B-GAS-ów w *las*. Najprostszy przypadek odpowiada fuzji w las skomponowany z grafów probanta P_i i jego ewentualnego rodzeństwa P_i na poziomie generacji $g = 0$. Każdy P_i jest źródłem grafu D_i , zawierającego na każdym poziomie i , g^i przodków. Oba grafy P_i i D_i pokrywają się a ich suma równa się koniunkcji, czyli grafowi D_i , liczącemu dokładnie Σg^i przodków:

$$\{D_i\} \cup \{D_i\} = \{D_i\} \cap \{D_i\} = \{D_i\} = \Sigma g^i \quad \text{równanie 4}$$

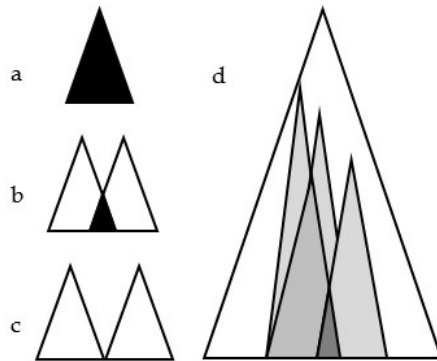
Na rycinie 6a czarne pole reprezentuje koniunkcję wynikającą z superpozycji dwóch identycznych grafów. Kolejnym przypadkiem jest fuzja grafów D_i i D_i dwóch probantów całkowicie niespokrewnionych, a wchodzących w związek. Każdy osobnik wprowadza gałąź o identycznej ilości przodków Σg^i , a oba grafy są całkowicie rozłączne. Suma grafów obu partnerów jest równa lub mniejsza $2 \Sigma g^i$.

$$\{D_i\} \cup \{D_i\} = \{D_i\} + \{D_i\} = 2 \Sigma g^i \quad \text{równanie 5}$$

Na rycinie 6 c białe pola symbolizują zbiór niespokrewnionych, więc niepowtarzających się przodków. Uogólnionym przypadkiem jest połączenie podgrafów D_i i D_k , dwóch ewentualnie spokrewnionych probantów w generacjach, ale należących do różnych poziomów g : $\Sigma g^k + \Sigma g^i$, gdzie $i < k$. Suma takich dwóch grafów odpowiada nierówności:

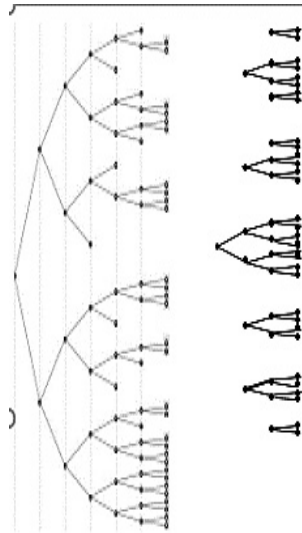
$$\Sigma g^k + \Sigma g^i \leq 2 \Sigma g^i \quad \text{równanie 6}$$

Na rycinie 6 b białe pole reprezentuje zbiór niespokrewnionych przodków, a czarne pole zbiór wielokrotnych przodków obu probantów.



Rycina 6. Fuzje dwóch skolięconych indywidualnych GAS-ów D1 i D2, zakotwiczonych na poziomie generacji zerowej. Figura 6a ilustruje dwa identyczne drzewa, np. rodzeństwa. Figura 6b częściowo nakładające się grafy, a figura 6c dwa grafy złączone całkowicie niespokrewnionych przodków. Zaczernione symbolicznie trójkąty ilustrują zbiór wielokrotnych przodków w nakładających się drzewach probantów. Białe pola ilustrują zbiór niespokrewnionych przodków. Widzimy, jak pula jeszcze niespokrewnionych przodków szybko znika, a jak wykazują obliczenia, od roku 1730 ta część właściwie już nie istnieje.

Różnica między stronami równania 6 wynika z istnienia wielokrotnych przodków, figurujących w grafach odrębnych probantów. W celu odzwierciedlenia tego zjawiska należałoby usunąć wielokrotnych przodków (ex: n° 10 na ryc. 2), wyeliminować odpowiednie strzałki (5-8 i 5-10 na ryc. 2) i usunąć powtarzające się gałęzie. Następnie możemy dla potrzeb modelu każdy powtarzający się węzeł (n° 10) umownie uznać za „zmarłego”. W teorii grafów mówimy, że eliminacja strzałki 5-10 jest cięciem strzałkowym drzewa i rozspójnia descendorium. Z biegiem czasu ilość usuniętych węzłów przeważa ilość węzłów reprezentujących niespokrewnionych przodków.



Rycina 7. Schematycznie przedstawiona metoda usuwania wielokrotnych przodków (nożyce genealogiczne), którzy pojawili się drogą koligacji, to znaczy z powodu dokooptowania nowych członków do starszego rodu na różnych poziomach generacji.

Najwyższe B-GAS, ukazane w centrum ryciny, to oderwane drzewo z lasu przodków najstarszego rodu. Każdy dokooptowany członek dołącza do grafu starego rodu swoją własną gałąź, obarczoną przodkami, wcinając się w stare drzewo na niższym poziomie generacji. Nakładające się koniunkcje, symbolizowane szarymi polami, uszczuplają zasób dotychczas niespokrewnionych przodków w starym drzewie. W modelu duża ilość przodków zostaje w ten sposób „uśmiercona”. Po dołączeniu dokooptowanej gałęzi notacja Sosa w starym drzewie zostaje zachowana, a w nowym dostosowana do starego. W powstałym B-GAS-ie tylko probant umieszczony jest na szczycie osi symetrii.

W wypadku dokooptowania wielu gałęzi na różnych poziomach generacji wszystkie szare piramidy posiadają podstawę opartą o generację 81 (początek naszej ery). Wysokość szarych piramid jest niższa od białej piramidy ludzkości, natomiast ilość niewidocznych przodków w szarej piramidzie wynosi odpowiednio 2^{81} . Z czasem, niewidoczni krewni (L_T-L_E) stają się liczniejsi niż osobnicy uwidocznieni.

Na początku dwudziestego wieku, wartość impleksu świadczy, że w B-GAS-ie 98,88% strzałek zostało już wyeliminowanych, a od roku 1730 eliminacji ulegają wszystkie strzałki. Musimy sobie uzmysłowić, że każdy nowonarodzony osobnik

w 2016 r. tworzy białą piramidę, liczącą 2^{81} przodków. W Polsce notujemy rocznie ponad 375 000 urodzin, prowadzących do eliminacji astronomicznej liczby przodków z białej piramidy ludzkości, tj.:

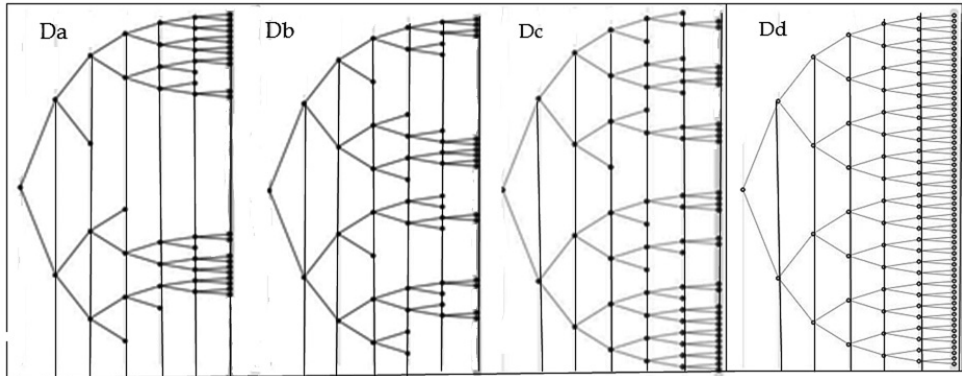
$$375\ 000 * 2^{81} = 906\ 694\ 364\ 710\ 972\ 000\ 000\ 000\ 000$$

Zanikanie białej piramidy jest w zasadzie błogosławieństwem dla pasjonatów genealogii. Zaoszczędza im trudu w sporządzeniu drzewa rodu. Wystarczy odnaleźć już sporządzone przez kogoś wcześniej drzewo, znaleźć wspólnego przodka i „podpiąć się” do jego wywodu.

3. Obliczenie impleksu przy pomocy modelu Galtona

W niniejszym modelu, aby obliczyć impleks spowodowany przez ubytek wielokrotnych gałęzi, wprowadźmy dla danego probanta P liczbę rodziców i . Jeżeli w generacji rodziców P , $g = 1$ brak związków krewniaczych, liczba rodziców P wynosi $i = 2$, a węzeł ilustrujący P posiada dwie strzałki. Jeżeli jeden z rodziców P jest wspólnym przodkiem innego osobnika (np. osobnik 5 na ryc. 2) i wynosi 1, a od węzła P wywodzi się tylko jedna strzałka. Jeżeli oboje rodzice P są również rodzicami innej osoby (brata lub siostry) i wynosi 0.

Proces Galtona umożliwia wygenerowanie B-GAS-u probanta pochodzącego od $j = 0, 1, 2$ rodziców z prawdopodobieństwem p_0 dla $j=0$, p_1 dla $j=1$ i p_2 dla $j=2$; suma tych prawdopodobieństw równa się 1. Dla zobrazowania tego poczyniliśmy próby. Poniżej wykreślamy symulowane B-GAS-y dla czterech probantów, stosując $p_0 = 0.3$, $p_1 = 0.3$ i $p_2 = 0.4$ po sześciu iteracjach (150 latach). Zwróćmy uwagę na uzyskany w ten sposób pełny B-GAS, który poniekąd służy za wzorzec, zilustrowany na ryc. 8d. Ilości przodków L_g w poszczególnych generacjach wynosi odpowiednio: $L_1 = 2, L_2 = 4, L_3 = 8, L_4 = 16, L_5 = 32, L_6 = 64$. Kumulując L_g , otrzymujemy pełną liczbę 126 przodków, odzwierciedlając tym samym impleks 0%. Impleks pozostałych, lokalnych B-GAS-ów jest obliczony w Tablicy 2.



Rycina 8. Symulowane B-GAS-y dla prawdopodobieństw $p_0 = 0.3$; $p_1 = 0.3$ i $p_2 = 0.4$.

Symulacje wykonane są w taki sposób, by ciąg niezależnych zdarzeń, w którym prawdopodobieństwo każdego z tych nich **nie zależy od historii** (brak pamięci) - jest takie same. Gdy węzeł wyda kolejne pokolenie przodków, to przy jednej strzałce może ona się następnie rozdziwić, mieć jedną strzałkę lub żadnej.

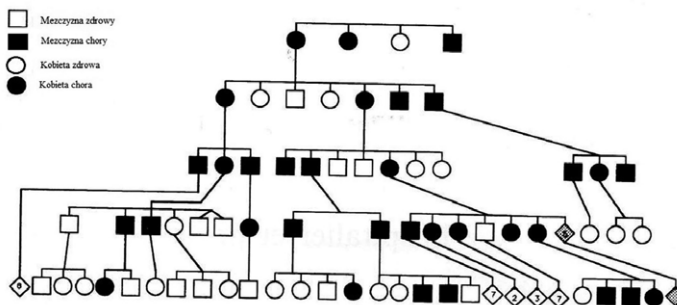
4. Inklinacje i awersje do bliskich związków krewniaczych

Wysoki impleks ludzkości mógłby być tłumaczony unikaniem bliskich związków krewniaczych. Prace etnologów wskazały, że zakaz związków blisko spokrewnionych osób jest zakazem uniwersalnym, wpływającym dodatkowo na rozbudowanie odległych relacji międzygrupowych i uniknięcie izolacji socjalnej rodzin (Levi-Strauss, 1971). Istnieje hipoteza, że w drodze ewolucji wykształciły się mechanizmy uprzedzające do bliskich związków krewniaczych z powodu ich negatywnego wpływu na zdrowie (Lieberman, Tooby, & Cosmides, 2003a). Prace psychologów nad preferencjami, które rządzą wyborem partnerów sugerują, że dzieci wyrastające razem rozwijają niechęć do wchodzenia w związki (Lieberman, Tooby, & Cosmides, 2003b).

Blższe związki krewniacze są tolerowane w izolatach terytorialnych, etnicznych, religijnych, czy w opornie asymilujących się diasporach, z braku niespokrewnionych partnerów. Mogą być one jednak celowe, na przykład z powodu koligacji w obrębie dynastii panujących lub ze względu na chęć nierozdrabniania dziedzictwa lub skomasowania przyległych poletek w rękach rolniczych rodzin. Obecnie w Europie 1% populacji zawiera związki z kuzynami drugiego stopnia, a w Indiach i w Afryce Północnej od 20 do 50% (Bittles, 2001). W niektórych krajach istnieją tradycyjne normy, które sprzyjają bliskim związkom krewniaczym. Na przykład

w Afryce lewirat jest normą polegającą na tym, iż po śmierci partnera kobieta ma poniekąd obowiązek związania się z jego bliskim krewnym. Obecnie najwyższy procent bliskich związków krewniaczych występuje w biednych społeczeństwach rolniczych u słabo wykształconych, wielodzietnych matek wczesnie wchodzących w macierzyństwo (Bittles i Black, 2010). Dalsze związki krewniacze zawiązują się z powodu utraty pamięci o przodkach i są częstsze w miarę cofania się w czasie. Nie mamy złudzeń - pamięć o naszych przodkach zaciera się z upływem lat.

Istnieją przesłanki wykazujące, że bliskie związki krewniacze zubożają różnorodność genetyczną i wpływają negatywnie na zdrowie grup społecznych. Bittles i Black (2010) dokonali porównania śmiertelności występującej przed wiekiem rozrodczym u dzieci wywodzących się ze związków pomiędzy kuzynami pierwszego stopnia i ze związków krewniaczych na próbie liczącej 2,14 milionów osób, a wywodzących się z 69 populacji zamieszkałych w 15 krajach. Dane wykazały nadśmiertelność 3,5% u dzieci pochodzących z bliskich związków krewniaczych. Alvarez, Ceballos i Quinteiro (2009) wykazali negatywną znaczącą korelację pomiędzy wskaźnikiem impleksu i prawdopodobieństwem przeżycia dziesięcioletniego u potomków dynastii Habsburgów hiszpańskich na przestrzeni 16 generacji. Związki krewniacze zwiększają prawdopodobieństwo przekazania potomstwu genów letalnych, względnie semi-letalnych. Odsetek osób u których manifestują się symptomy choroby, spośród wszystkich osób dziedziczących nieprawidłowy allel, nazywamy **penetracją cechy**. Dla przykładu, rycina 9 ilustruje rozprzestrzenianie się infekcji autosomicznej w drzewie genealogicznym rodziny mieszkającej we francuskim departamencie Nord (Puech, Kostrubiec, Hache, & François, 1911). Osoby dotknięte tą patologią nie dożywały wieku reprodukcyjnego, z konieczności pozostając w miejscu urodzenia do śmierci. W konsekwencji wytworzyły się izolaty przestrzenne, objęte infekcją autonomiczną.



Rycina 9. Drzewo genealogiczne rodziny francuskiego departamentu Nord, dotkniętej dominującą infekcją autonomiczną. Źródło. B. Puech i inni (1991).

5. Perspektywy: cybergenealogia

Globalizacja danych przy pomocy internetu pozwalałaby na stworzenie darmowego, światowego drzewa genealogicznego, by poznać nasze pochodzenie, przekazać przyszłym pokoleniom wiedzę o przodkach. Podobny projekt zapoczątkowali już Mormoni budując portal *Ancestral File*, gdzie przez lata zgromadzili ponad trzy miliony mikrofilmów stanów cywilnych z całego świata. Innym przykładem jest utworzenie drzewa filogenetycznego obejmującego ponad 2,3 miliona gatunków organizmów żywych zamieszkujących od dwóch miliardów lat naszą planetę.

Bibliografia

Alvarez G., Ceballos F.C., Quinteiro C., *The Role of Inbreeding in the Extinction of a European Royal Dynasty*, "PLoS ONE" t. 4(4): 2009, e5174. doi:10.1371/Journal.pone.0005174, 2009.

Biraben J.-N., *L'évolution du nombre des hommes*, «*Population et Sociétés*» t. 394: 2003, s.1-4.

Bittles A.H., *Consanguinity and its relevance to clinical genetics*, "Clinical Genetics" t. 60: 2001, s.89–98.

Bittles A.H., Black M.L., *Consanguinity, human evolution, and complex diseases*, "PNAS", t. 107(1): 2010, s. 1779–1786.

Becker J., *Pedigree Collapse*. "OGS Families" t. 38(3): 1999, s. 165-166.

Campion J.F. (2016). *Genealogy of the French kings and of the nobility*. http://jean-francois.campion.perso.neuf.fr/RoisFran_Eng.htm.

Cann R.L., Stoneking M., Wilson A.C., *Mitochondrial DNA and human evolution*, "Nature", t. 325: 1987, s. 31–36

Chazottes J.-R., Monticelli M., *Processus de Bienaymé-Galton-Watson. Modèle de reproduction aléatoire en temps discret*. *Experimentarium Digitale*. CNRS UMR 7351, Nice 2014

Eupedia Maps of Haplogroups Distribution maps of Y-chromosomal haplogroups in Europe, the Middle East and North Africa. http://www.eupedia.com/europe/maps_Y-DNA_haplogroups.shtml, 2016.

Galton F., *Problem 4001*, "Educational Times" t. 1.IV: 1873, s.17

Gazal S., Sahbatou M., Babron M.C., Génin E., Leutenegger A.L., *High level of inbreeding in final phase of 1000 Genomes*, "Scientific Reports" t. 5: 17453, 2015, s. 1-7.

Haubl C., *How Many People Have Ever Lived on Earth?*, Population Reference Bureau, 2011D.

Lieberman L., Tooby J., Cosmides L., *The architecture of human kin detection*, "Nature", t. 445: 2007, s. 727-731.

Kostrubiec B., *Imbreeding i letalność. Bilans śmiertelności genetycznej i środowiskowej*. Praca magisterska, kier. prof. Juliana Perkala. Instytut Matematyki Uniwersytetu Wrocławskiego. 1963, s. 40.

Kostrubiec B., *Simulation du développement d'une population stabilisée à l'aide du processus de ramification*. «Cahiers de Géographie de l'Université de Besançon» t. 221: 1982, s.11-28.

Levi-Strauss C. *Les structures élémentaires de la parenté*, Mouton & Cie. Maison des sciences de l'homme, 1971, s. 580.

Lewin R., *The unmasking of mitochondrial Eve*, "Science" t. 238 (4823), 1987, s. 24-26.

Lieberman R., Tooby L., Cosmides L., *The evolution of human incest avoidance mechanisms: an evolutionary psychological approach*. [w:] "Evolution and the moral emotions: appreciating E. Westermarck, (pod red.dakcją A. Wolf & J. P. Takala), Stanford, CA, 2003a.

Lieberman D., Tooby J., Cosmides L., *Does morality have a biological basis? An empirical test of the factors governing moral sentiments relating to incest*. "Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences" t. 270 (1517): 2003b, s. 819-26.

Puech B., Kostrubiec B., Hache J-C., Francis P., *Epidemiology and prevalence of hereditary retinal dystrophies in Northern France*, "Journal Français d'Ophtalmologie" t. 14: 1991, s. 153-164.

Ralph P., Coop G., *The geography of recent genetic ancestry across Europe*, hyperlink "<http://www.plosbiology.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pbio.1001555>", "PLOS Biology", 2013, doi:10.1371. "Journal.pbio" 1001555.

Rohde D.L., Olson S., Chang J.T., *Modelling the recent common ancestry of all living humans*, "Nature" t. 431 (7008): 2004, s. 562-566,

Sosa Jerónimo (de) J., *Noticia de la gran Casa de los Marqueses de Villafranca*. Neapol, 1676.

Sykes B., *The Seven Daughters of Eve: The Science That Reveals Our Genetic Ancestry*, W.W. Norton, 2001, s. 306.

US Census Bureau: World POP Clock Projection from 2014. *United States Census Bureau International Database* [on-line]. <http://www.census.gov/popclock/>

Эволюция населения Земли в ретроспективе

Если сосредоточимся на предках и упростим связи родства, генеалогическое дерево человечества принимает форму бинарного ациклического графа (BGAS), позволяющего высчитать теоретическое число предков индивидуальной живой личности для каждой генерации. Сравнения теоретического и эмпирического числа предков показывают огромный недостаток настоящих предков, что можем заметить благодаря показателю имплекса. Имплекс позволяет оценить запутанность эмпирического генеалогического дерева, вызванную наличием дальнего родства. Благодаря имплексу мы имеем некое представление о родстве Землян, которое намного больше чем мы предполагали. Мы предлагаем показать этот механизм, модифицируя образец с помощью инструментов использованных в теории графов и в теории вероятности Галтона. Подводя итоги, мы сделали предположение о том, что высокий показатель родства между людьми можно объяснить рядом предубеждений относительно отношений с близкими родственниками.

A retrospective look at the evolution of the population of the Earth

After reversing the arrow of time and simplyfying the kinship paths, the family tree of the humanity takes the form of a binary directed acyclic graph (DAG) which enables to calculate a theoretical number of ancestors of a living individual. The comparisons of theoretical and empirical number of ancestors have been made, which indicate a serious deficiency of real ancestors estimated by an indicator of pedigree collapse. The indicator of pedigree collapse enables to evaluate the complications of an empirical family tree caused by blood relationships and gives an idea about the kinship of Polish landed gentry, which is significantly closer that it may be intuitively expected. We suggest to shed light on this mechanism by improving the model by the tools coming from the graph theory and Galton's probabilistic model. Finally, we present the suggestions that the high level of the indicator of the humanity blood relationships may be explained by mechanisms which prejudice against establishing close kinship.

Retrospektiver Überblick über die Evolution von der Besiedlung der Erde

Nach der Umdrehung des Zeitpfeils und Vereinfachung der Wegen der Verwandtschaft nahm der Stammbaum der Menschheit eine Form des binären azyklischen Graphes ein, der für jede Generation ermöglicht, die theoretische Anzahl der Ahnen von einem einzelnen lebenden Proband zu berechnen. Die theoretischen und empirischen Anzahlen der Ahnen wurden verglichen. Diese Vergleiche wiesen daraufhin, dass es den dank dem Implex Indikator geschätzten Mangel von realen Ahnen gibt. Implex macht es möglich, die Verwicklung des empirischen Stammbaum zu bewertet, die aus die Verwandtschaftsbeziehung folgt. Der Implex Indikator präsentiert ebenfalls die Verwandtschaft der Erdbewohner viel deutlicher als es intuitiv zu erwarten wäre. Wir schlagen vor, diesen Mechanismus zu erläutern, indem ein Modell dank den Instrumenten der Graphentheorie und probabilistischen Modell von Galton verbessert wird. Zum Schluss wird es darauf hingedeutet, dass der hohe Verwandtschaftsindex der Menschheit mit den gegen engen Verwandtschaftsbeziehung voreingenommenen Mechanismen verbunden ist und daraus folgen kann.

Un regard rétrospectif sur l'évolution du peuplement de la Terre

Après l'inversion de la flèche du temps et la simplification des chemins de consanguinité, l'arbre généalogique de l'humanité prend la forme d'un graphe acyclique binaire (BGAS) qui permet de calculer le nombre théorique d'ancêtres d'un proband vivant individuel pour chaque génération. Les comparaisons déjà effectuées entre le nombre théorique et le nombre empirique des ancêtres indiquent une énorme pénurie de véritables ancêtres, estimée par un indice d'implex. L'indice d'implex permet d'une part d'évaluer la complexité de l'arbre généalogique empirique provoquée par la présence des liens de parenté et, d'autre part, il permet de rendre compte de la portée de ce type de liens entre les Terriens, qui semble être beaucoup plus grande qu'on pourrait s'y attendre intuitivement. Nous proposons de jeter de la lumière sur ce mécanisme, en y appliquant la théorie des graphes et le modèle probabiliste de Galton. Pour terminer, nous avançons l'hypothèse selon laquelle le taux élevé d'implex pourrait être justifié par des mécanismes d'anticipation qui favorisent l'établissement des liens de parenté entre consanguins.

