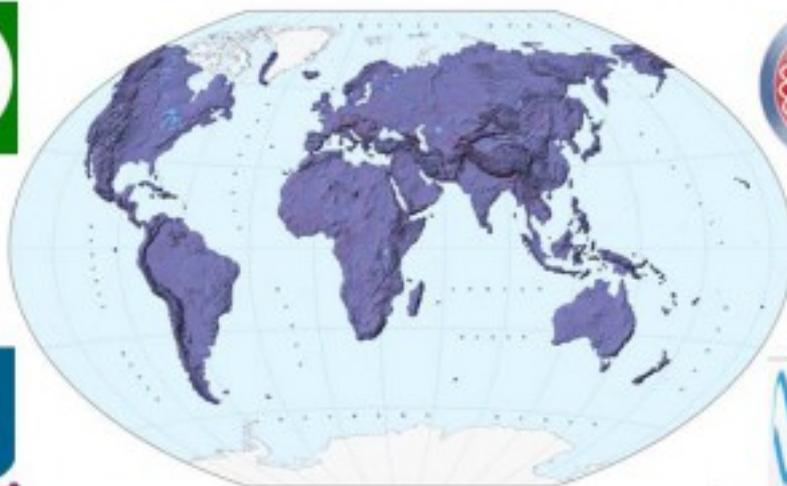


Геногеография: древняя ДНК, современные генофонды и сотрудничество с этнографами

[Олег Балановский](#)

Одной из пограничных областей, в которой особенно ярко проявляются контакты между науками, является анализ древней ДНК, потому что тут работают совместно генетики, археологи, палеоантропологи, а зачастую привлекаются и лингвисты. Поэтому первая часть доклада будет посвящена древней ДНК, во многих исследованиях которой мне довелось участвовать. Анализ современных генофондов, хотя и находится в ведении только одной науки – популяционной генетики – но и эти результаты активно обсуждаются самыми разными специалистами, и это вторая часть доклада. Наконец, сотрудничество генетиков и этнографов – один из ярких примеров междисциплинарного подхода, но оно иногда наталкивается на недопонимание того, в чем совпадают, и в чем различаются этнос (объект этнологов) и популяция (объект генетиков).

Геногеография: древняя ДНК, современные генофонды и сотрудничество с этнографами



д.б.н. Балановский О.П.

**Границы и контакты: генетическая история человечества, поведение,
языки, культуры. 12-14 декабря 2014 года**

Часть I Древняя ДНК

Идея изучения древней ДНК очень простая – взять древнюю косточку и сравнить ее ДНК с ДНК из всех современных популяций. Но технически это сложно: в выдыхаемом нами воздухе содержится больше ДНК, чем во всей этой косточке. И для того, чтобы изучать не свою ДНК, а ту, которая содержалась в этой косточке, нужно надеть скафандры и 90% времени тратить на поддержание стерильности помещения. В мире есть некоторое количество лабораторий, которые занимаются этим достаточно надежно.

ЛАБОРАТОРИЯ ПАЛЕОДНК

Стиль работы - чистота:

Скафандры и минимум предметов.

При входе: три ступени повышения чистоты



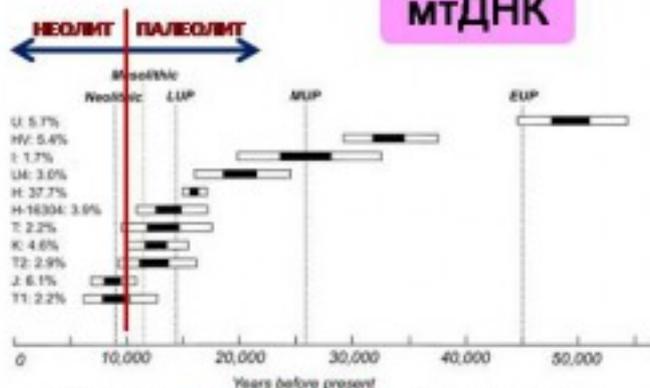
Один из вопросов, который привлекает больше всего внимания, это неолитизация Европы. У исследователей сложилась такая точка зрения, что генофонд Европы сформировался в ходе двух событий – во-первых, когда люди туда попали впервые, и, во-вторых, когда туда пришли земледельцы. Ведь появление земледелия (производящего хозяйства) привело к многократному увеличению численности, поэтому вклад этой миграции многократно важнее, чем вклад последующих. И сейчас господствует точка зрения, что генофонд Европы сформировался под влиянием миграции населения с Ближнего Востока. Согласно теории демической диффузии, неолитическая популяция, расселяясь, ассимилирует автохтонное население, формируя градиент в генофонде. И этот градиент подтверждается данными последних исследований. Земледельцы двигались с Ближнего Востока, постепенно смешиваясь с местным населением, и формируя генофонд Европы. Однако данные по митохондриальной ДНК указывают на более древние датировки формирования европейского генофонда, чем неолит, что не согласуется с такой концепцией.

ОСНОВЫ ЕВРОПЕЙСКОГО ГЕНОФОНДА

или

ПАЛЕОЛИТ?

МТДНК



Теория демической диффузии:

неолитическая популяция,
расселяясь, ассимилирует
автохтонное население,
формируя градиент в генофонде

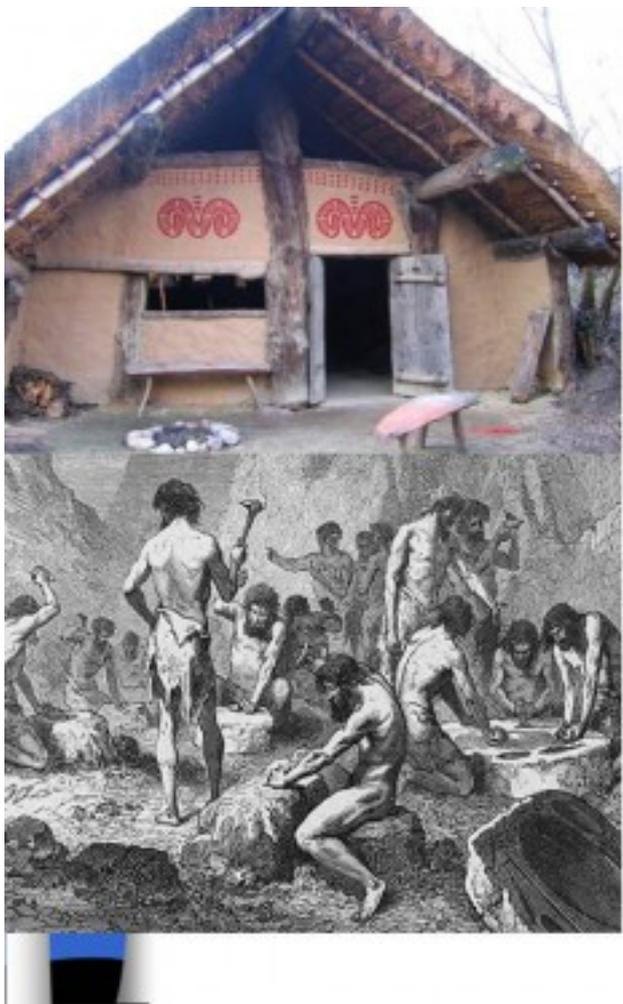
AMMERMAN, CAVALLI-SFORZA,
1987

Теория культурной диффузии:

палеолитическое заселение Европы
Влияние неолитизации на генофонд
незначительно

RICHARDS ET AL., 2000

Один из способов разрешить это противоречие, это непосредственно посмотреть генофонд первых неолитических земледельцев Европы и разобраться, местные ли это уроженцы, которые восприняли технологию земледелия, или это мигранты издалека.



НЕОЛИТ

**Археологическая культура
линейно-ленточной керамики:
первая мощная неолитическая
культура Европы.**

Кто эти люди –

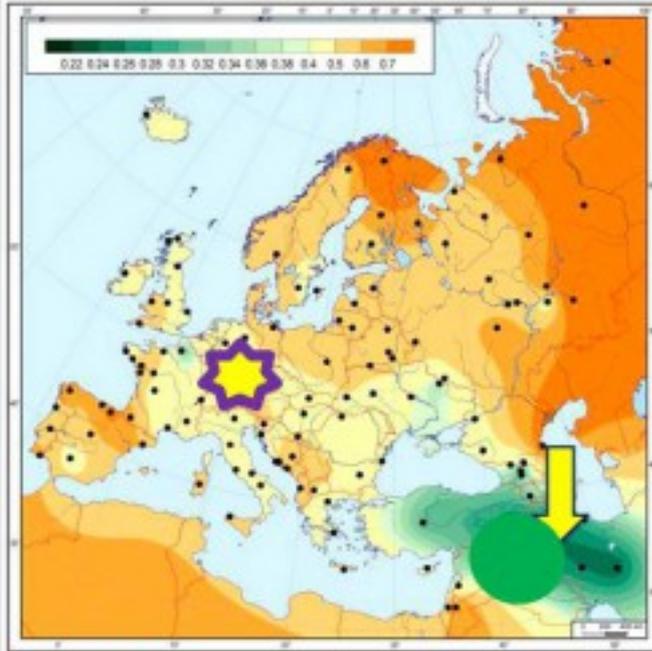
**местные уроженцы?
(воспринявшие навыки земледелия)**

или мигранты издалека?

На карте ниже показаны результаты сравнения 22 образцов древней мтДНК, найденных на территории Германии, с 188 современными популяциями Европы и Азии. Методом генетических расстояний показано сходство древней мтДНК с генофондом Ближнего Востока. Так что не приходится сомневаться, что была миграция древнего ближневосточного населения, земледельцев. По-видимому, она была не слишком многочисленна, и генетически растворилась в местном населении.

Древняя мтДНК

НЕОЛИТ



Зеленые тона – высокое генетическое сходство с древней популяцией.
Желтые тона – среднее генетическое сходство.
Коричневые тона – генетически отдаленные территории.

НААК ET AL, 2010

Материал:
Анализ 22 образцов древней мтДНК
(раскопки под Деренбургом, Германия, 5000 до н.э.)

Метод:
карта генетических расстояний от этой древней популяции до 188 современных популяций Европы и Азии

Результат:
совпадение с генофондом Ближнего Востока, что доказывает далекую миграцию носителей этой археологической культуры

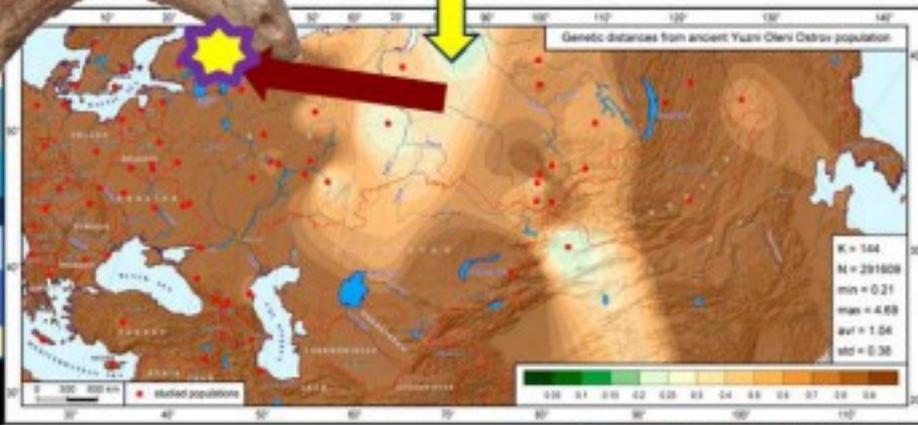
С появлением возможности исследования полных геномов, в том числе древних ДНК это представление получило наглядное графическое подтверждение. На этом рисунке видно, где находится генофонд населения Ближнего Востока, где – геном европейских охотников-собирателей, и что геном современных европейцев находится посередине между ними. Так что выявляется смешение этих групп населения. Но выявляется и нечто третье – это древний евразийский компонент, который тоже вносит свой вклад в генофонд Европы. Статья о взаимодействии этих трех компонентов была опубликована в Nature.

ДРЕВНИЙ И СОВРЕМЕННЫЙ ГЕНОФОНД ЕВРОПЫ



Если обратиться к более древней эпохе – к мезолиту, то была изучена популяция мезолитических охотников-собирателей Оленеостровского могильника на Южном Оленьем Острове в Онежском озере. А зона генетически сходных с ними популяций, как показывает карта, оказалась в Сибири. И это указывает на миграцию, произошедшую в мезолите из Сибири на территорию Европы.

МЕЗОЛИТ



Зеленые тона – высокое генетическое сходство с древней популяцией.

Желтые тона – среднее генетическое сходство.

7,5 тысяч лет назад – генетически отдаленные территории.

Мезолитическая миграция из Завраалья
Южный Олений остров гаплогруппы C и U4

Была изучена жившая примерно в том же регионе, но на 3 тысячи лет позже, популяция с Большого Оленьего острова, которая тоже обнаружила сходство с популяциями Сибири. Это доказывает, что миграции из Сибири были множественными. Интересно, что современное население этих мест не имеет ничего общего с той древней популяцией. То есть, та древняя популяция не оставила ныне живущих потомков, а значит, установить эту миграцию по современному населению мы бы никогда не смогли.

ЭПОХА РАННЕГО МЕТАЛЛА



4 тысячи лет назад:

**«Тундровая» миграция из Сибири на север Скандинавии.
Большой Олений Остров; гаплогруппы C, D, Z.**

Приведу одну из самых недавних глобальных реконструкций, в которую включены данные и по древней, и по современной ДНК, эта некая схема ветвления человечества. Тут есть разделение на африканцев и неафриканцев, потом отделение некой загадочной ветви «базальных европейцев», последующее разделение населения Северной Евразии и Западной Евразии и объединение некоторых из этих потоков. Здесь важно то, что сейчас мы имеем возможность не реконструировать некоторые отдельные направления миграции, а осознавать всю сложность популяционной системы – как разделение, так и смешение.

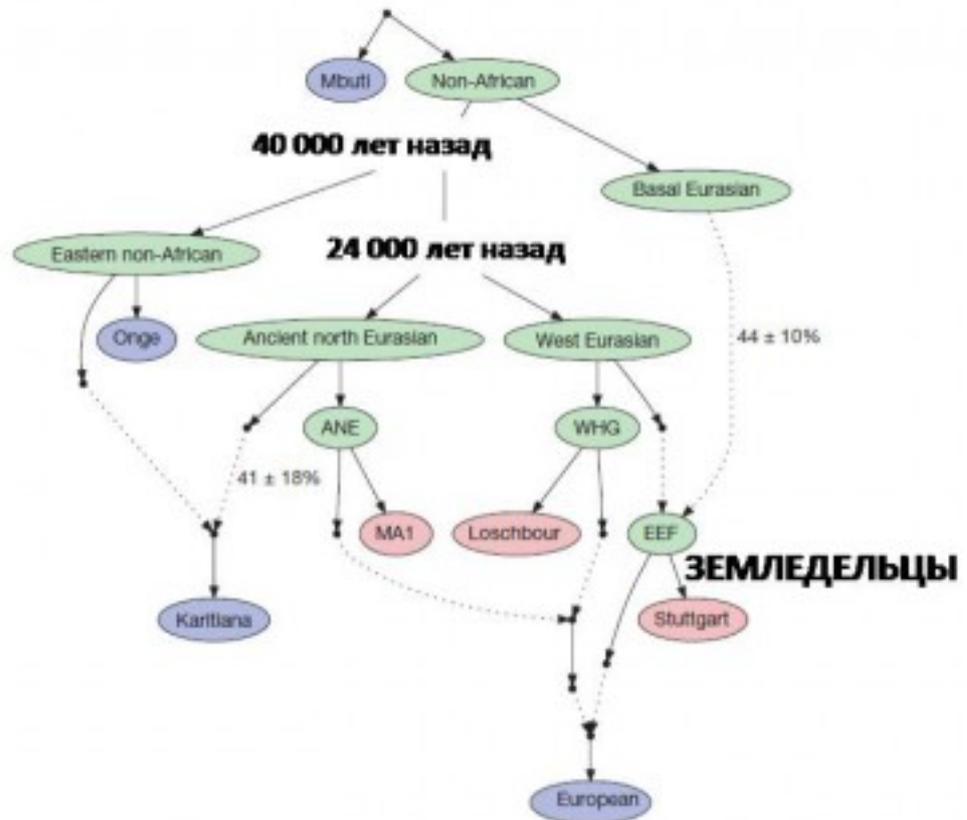
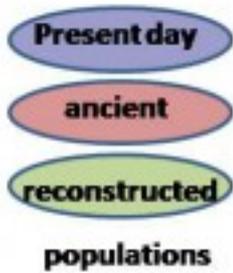


Figure 3 | Modelling of west Eurasian population history. A three-way

Часть II Современные генофонды

Перейдем от древней ДНК к современной. Наука геногеография – в широком смысле это наука, изучающая генофонды. В узком понимании генетическая география — это карты. Справедливость этого в том, что карта действительно является сердцевиной всей геногеографии. Пространство — это гораздо более важное измерение для изучения генофонда, чем время. В этом году геногеография могла бы праздновать свой столетний юбилей, потому что впервые идея о том, что частоты генов могут быть у людей разными, что на одной территории гены встречаются с одной частотой, а на другой территории могут быть с совсем другой частотой – возникла из практики Первой мировой войны.

СТОЛЕТИЕ ГЕНОГЕОГРАФИИ

1914 - 2014

ОТКРЫТИЕ НЕРАВНОМЕРНОСТИ ЧАСТОТ ГРУПП КРОВИ В НАСЕЛЕНИИ МИРА:

«Трагедия мировой войны помогла разрешить эту загадку. На македонском фронте было великое скопление народов и рас: солдаты английские, французские, сербские, русские, войска цветных — мальгашей, индусов и негров. Весь этот калейдоскоп рас и народов жил вместе в одном климате, все одетые одинаково и болевшие одними болезнями. В итоге различия в группах крови обнаруживались ярчайшим образом...»

Hirszfeld L., Hirszfeld H. Serological differences between the blood of different races. The results of researches on the Macedonian front// Lancet. 1919. P. 675.

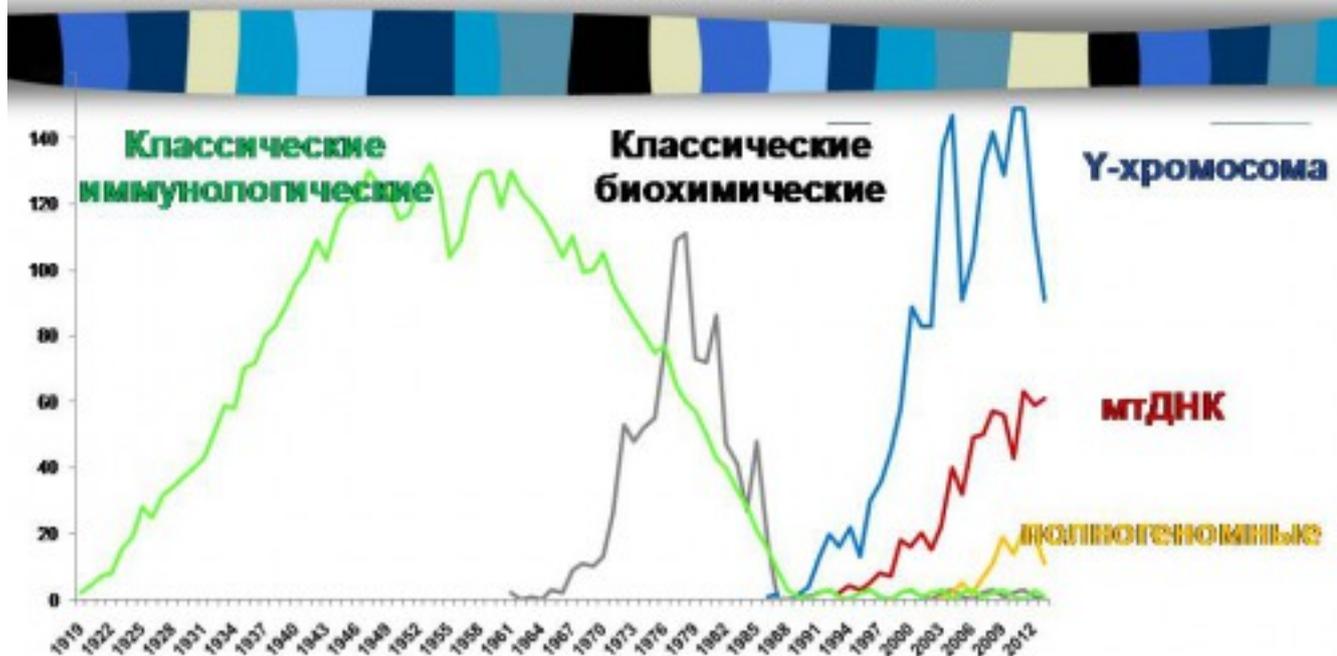
Hirszfeld, L., and H. Hirszfeld. 1919. Essai d'application des methodes au probleme des races. Anthropologie 29: 505-537.

Когда стало необходимым массовое переливание крови, выяснилось, что для переливания крови русским, сербам, французам, неграм, индусам и т.д. нужно запастись разными объемами одних и тех же групп крови. С этого и начались исследования разнообразия человечества по генетическим маркерам. За сотню лет опубликованы десятки тысяч статей по разным типам генетических маркеров. Сначала использовались классические иммунологические маркеры, потом перешли к классическим биохимическим, потом началась эра ДНК. Существует очень много типов генетических маркеров, но сейчас используются три основных типа: Y-хромосома, митохондриальная ДНК и полногеномные маркеры. По времени использование этих пяти типов маркеров почти последовательно сменяет друг друга. Например, сейчас стремительно растут и будут расти исследования полногеномных маркеров.

ДИНАМИКА МОДЫ НА МАРКЕРЫ:

ЧИСЛО ПУБЛИКАЦИЙ В ГОД ПО ПЯТИ ОСНОВНЫМ ТИПАМ МАРКЕРОВ

Использовались и другие типы маркеров (HLA, STR, Alu и т.д.)



Я продемонстрирую основные исследования за последние полвека по этим всем маркерам, чтобы показать, как стабильность, то есть постоянно выявляемые одни и те же результаты, так и динамику.

Переход от старых маркеров к ДНК стал неким испытанием, потому что можно было предполагать, что ДНК даст нечто совсем другое. Но на самом деле результаты по старым маркерам стали прогнозом для новых. Этот принцип с тех пор неоднократно подтвердился.

ТЕОРЕТИЧЕСКИЙ ПРИНЦИП: **результаты по «старым» маркерам»** **являются прогнозом для «новых»**

Рычков Ю.Г., Балановская Е.В. Генетическая дифференциация народонаселения: прогнозируемы ли данные о полиморфизме ДНК исходя из иммунобиохимического полиморфизма // Молекулярно-генетические механизмы эволюции. 1990. М., Наука. С. 67-83

ПРИНЦИП РАБОТАЕТ!

Это позволяет нам ввести полисистемный подход, то есть когда у нас присутствуют разные типы маркеров, разные признаки, мы можем изучить какие-то популяции по разным маркерам и сравнить результаты. Если они окажутся разными, это либо ошибки, либо особенности восприятия разных маркеров, которые указывают на объективные черты генофонда, но которые по-разному преломляются в призмах разных маркеров.

ПОЛИСИСТЕМНЫЙ ПОДХОД



- **Надежное изучение генофонда достигается при параллельном анализе разных систем (разных типов генетических и квазигенетических маркеров)**
- **Объективными чертами генофонда являются те, которые выявлены по всем системам.**
- **После этого каждая система добавляет свои штрихи к общему генетическому портрету**

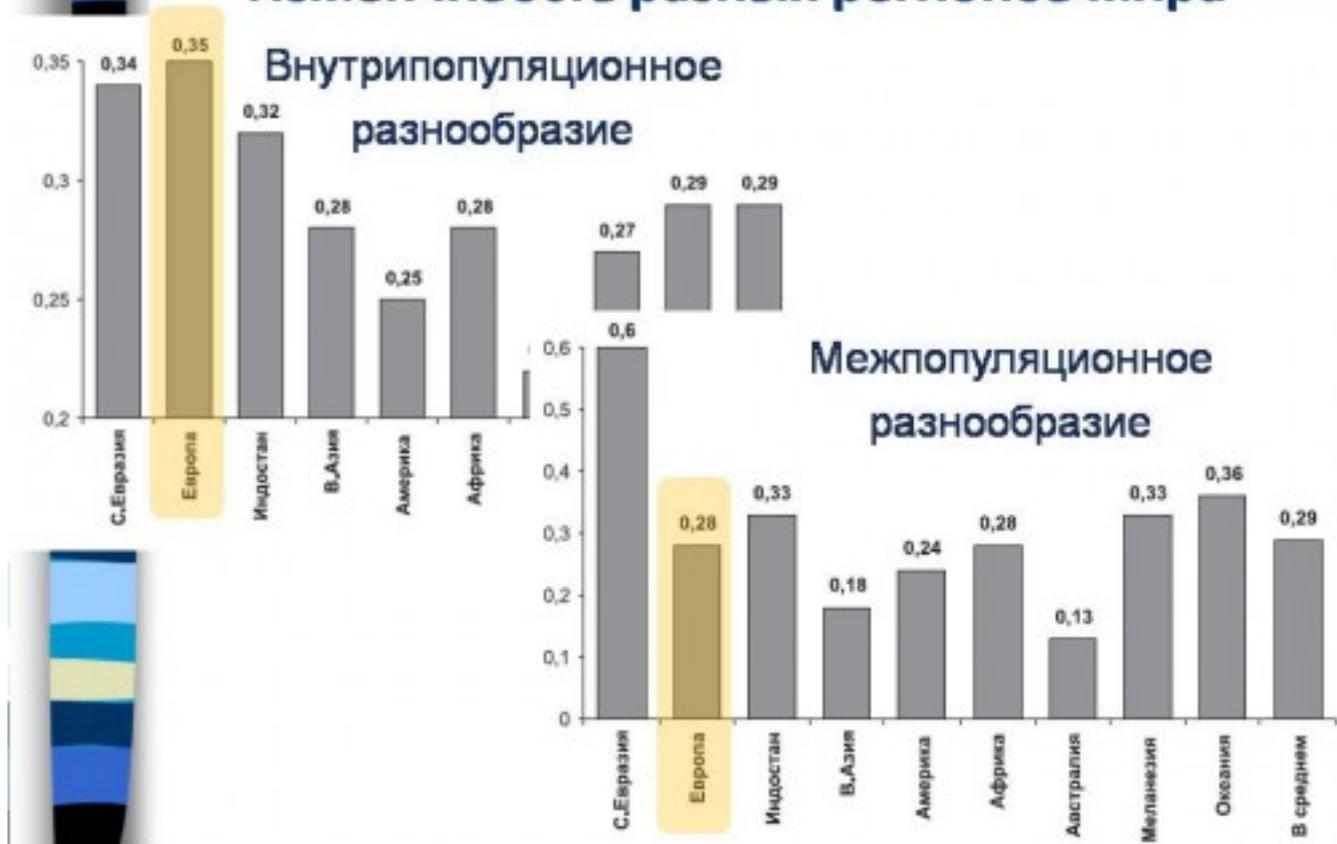
На следующей карте показаны популяции, обследованные в наших экспедициях. Наши ДНК-коллекции – это крупнейший в мире банк ДНК коренного населения для Северной Евразии. С 1998 по 2014 год мы собрали 20400 образцов из 220 коренных популяций. Но в базы данных, которые мы создаем и которые используются для всех анализов, включены не только наши данные, но и почти все то, что публикуется в мире.

Наши ДНК коллекции (крупнейший в мире банк ДНК по коренному населению Северной Евразии)



По классическим маркерам можно сравнить внутрипопуляционное и межпопуляционное разнообразие. Например, если посмотреть на Европу, то видно, насколько велики внутрипопуляционные различия и низки различия между популяциями.

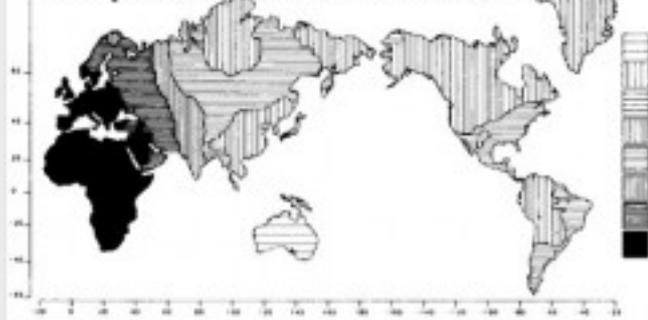
Изменчивость разных регионов мира



Другим методом получены карты главных компонент, на которых переход цвета соответствует важнейшему направлению генетической изменчивости.

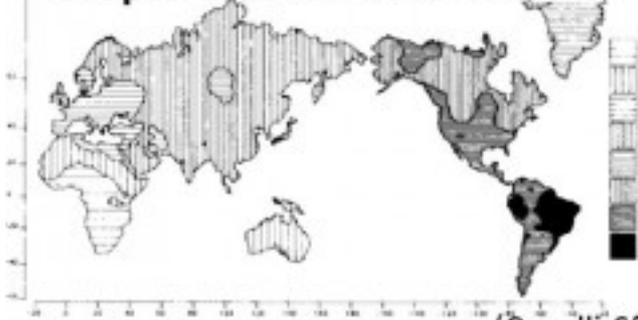
КАРТЫ ГЛАВНЫХ КОМПОНЕНТ

Первая главная компонента

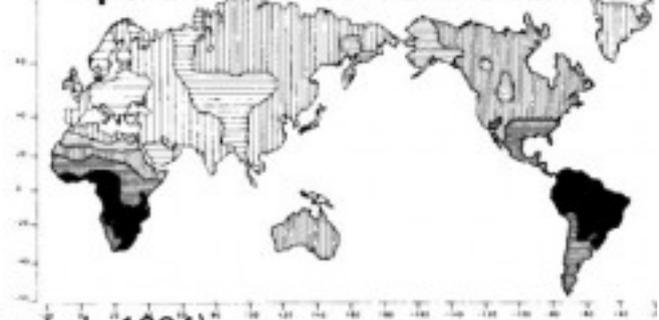


Переход интенсивности окраски показывает основное направление изменчивости

Вторая главная компонента



Третья главная компонента



(Cavalli-Sforza et al., 1994)

Главная компонента не одна – их столько, сколько исходных признаков, но важны только первые две-три из них. Так, по первой главной компоненте мы видим кардинальные различия между населением Африки и населением Австралии, а все остальное – в промежутке. Вторая главная компонента показывает основные различия между населением Африки и населением Южной Америки. Третья – изменчивость между западом и востоком Евразии.

На следующей карте изображено внутрипопуляционное разнообразие, видно, что оно наиболее высоко в западных и южных областях Евразии.

КЛАССИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ

ВНУТРИПОПУЛЯЦИОННОЕ РАЗНООБРАЗИЕ (гетерозиготность; в основном результат дрейфа)

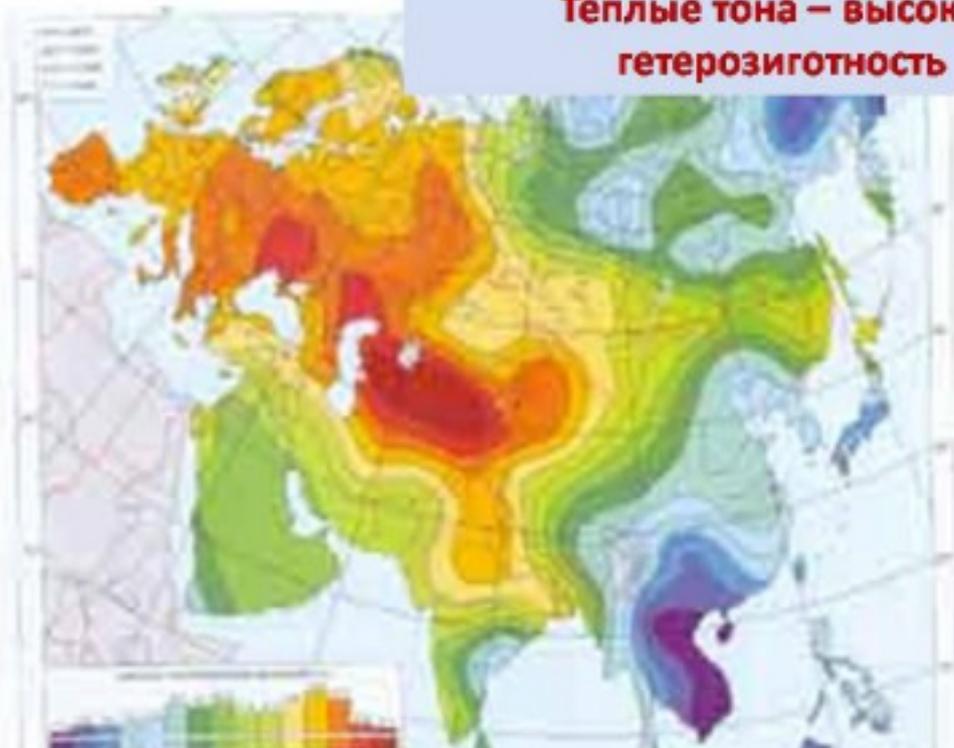
**Редкая штриховка – высокая
гетерозиготность**



Эти данные (на рисунке выше) получены зарубежной школой геногеографии, а независимо работала отечественная школа Рычкова (рисунок ниже), и результат они получили тот же самый.

**ВНУТРИПОПУЛЯЦИОННОЕ РАЗНООБРАЗИЕ
(гетерозиготность; в основном результат дрейфа)**

**Теплые тона – высокая
гетерозиготность**

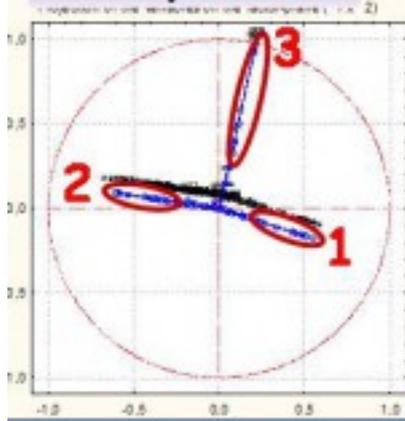


По мтДНК были проанализированы более сотни гаплогрупп в более чем 600 популяциях мира. Мы посмотрели корреляции разных признаков друг с другом. Видно, что признаки образуют неожиданное четкие кластеры по их пространственной корреляции друг с другом, и всего выявлено шесть таких главных кластеров. Сто восемнадцать признаков сходятся всего к шести основным паттернам изменчивости! Рассмотрим эти паттерны.

Исходные данные:

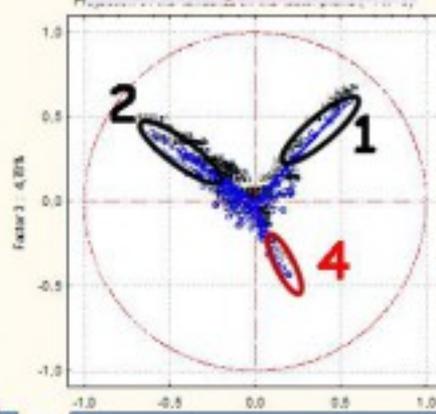
частоты 118 гаплогрупп в 619 популяциях мира.
 На графиках показаны не популяции, а гаплогруппы.

Факторы 1 и 2



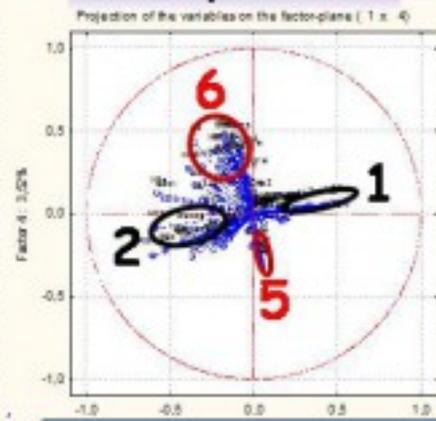
Выявлены три четких кластера
 (гаплогруппы относят к кластеру только при корреляции выше 0,2)

Факторы 1 и 3



Два тех же кластера и один новый

Факторы 1 и 4



Два новых кластера
 Только сейчас появляется пересечение кластеров: часть гаплогрупп кластера 6 уже присутствовала в кластере 1

Если суммировать частоты гаплогрупп, входящих в разные кластеры, то видно, что первый, самый многочисленный кластер приурочен к Восточной Азии,

Суммарная частота гаплогрупп кластера 1



второй кластер – однозначно африканский,

Суммарная частота гаплогрупп кластера 2



а третий оказывается приурочен к Австралии.

Суммарная частота гаплогрупп кластера 3



Затем у нас выделяется западноевразийский кластер,

Суммарная частота гаплогрупп кластера 4

Combined map of the world showing the distribution of mtDNA haplogroups

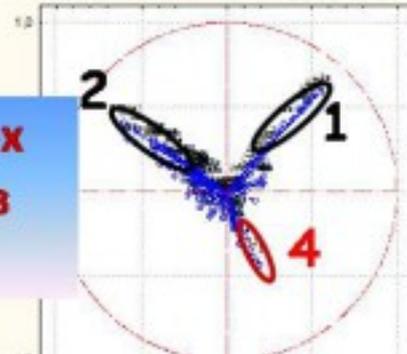
Теплые тона – высокие частоты

N = 53415
min = 0
max = 0.77
avr = 0.12
std = 0.19

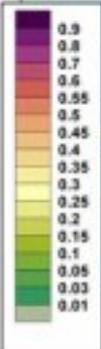
Европейско-ближневосточный кластер

Факторы 1 и 3

Рядом с осью 1 и 3

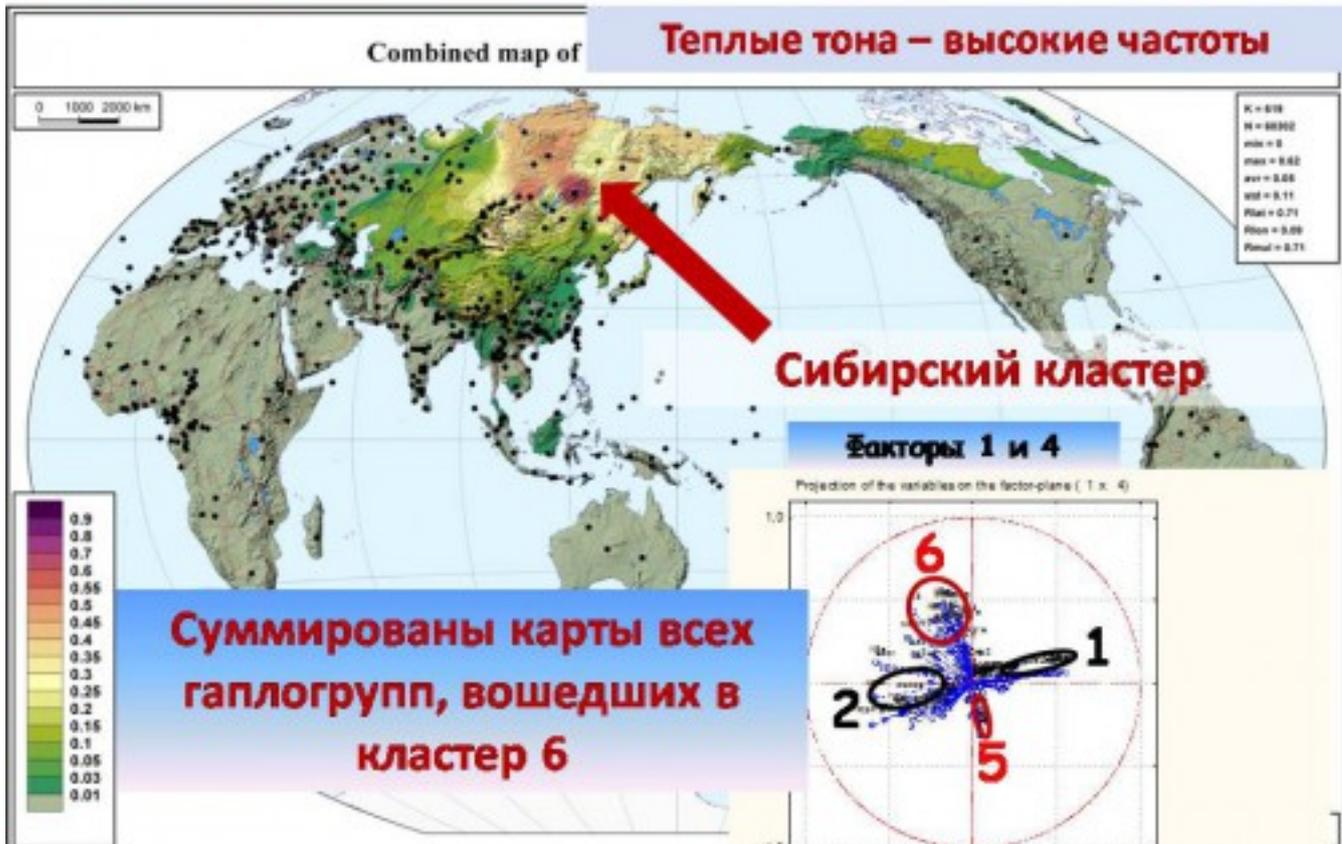


Суммированы карты всех гаплогрупп, вошедших в кластер 4



и в отдельный кластер выделилась Сибирь.

Суммарная частота гаплогрупп кластера 6



Это означает, что по мТДНК северные и южные монголоиды (кластеры 1 и 6) повышаются в ранге до вполне самостоятельных континуумов, сравнимых с африканским и австралийским.

Итак, по мТДНК выявлены те же самые геногеографические провинции мира, которые выявлялись и экстремумами главных компонент.

Говоря про Y-хромосому, выяснилось, что если проанализировать данные теми же методами, то мы получим похожие результаты. И поскольку времени недостаточно, для Y-хромосомы я не буду показывать континуумы гаплогрупп и внутрипопуляционное разнообразие, покажу анализ межпопуляционного разнообразия. Оно может быть большим на стыках контрастных, различающихся генофондов – так же, как на стыках двух материковых плит возникают горы. Примерно то же самое происходит и в генофондах. И выделяются зоны высокого популяционного разнообразия – «разломы» в мировом генофонде.

Например, одна из таких зон – это Гималаи, по разные стороны Гималаев очень разное население. А основной разлом проходит наискосок от Кавказа до Средней Сибири и делит Евразию пополам.

МЕЖПОПУЛЯЦИОННОЕ РАЗНООБРАЗИЕ: ЗОНЫ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ГРАНИЦ



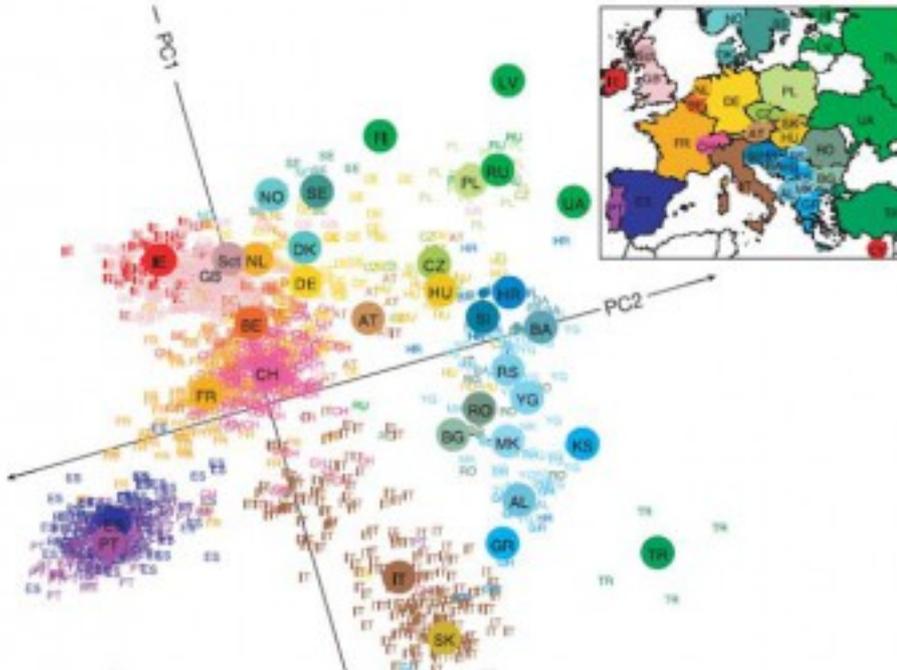
По полногеномным маркерам покажу только один результат – если в генетическом пространстве разместить отдельных индивидов, то люди, живущие в определенных регионах, хорошо кластеризуются друг с другом.



Genes mirror geography within Europe

NOVEMBRE ET AL,
2008 (NATURE)

John Novembre^{1,2}, Toby Johnson^{4,5,6}, Katarzyna Bryc⁷, Zoltán Kutalik^{4,6}, Adam R. Boyko⁷, Adam Auton⁷, Amit Indap⁷, Karen S. King⁸, Sven Bergmann^{4,6}, Matthew R. Nelson⁸, Matthew Stephens^{2,3} & Carlos D. Bustamante⁷



Часть III Генетики и этнологи

Из всех этих и многих других сведений о структуре генофонда какую информацию можно извлечь об истории популяций и происхождении народов? Обратите внимание, что до сих пор я ни разу не упомянул этносы. Привязка данных геногеографии к этносам является далеко не самым главным в изучении генофонда человечества. Но именно это вызывает наибольшее количество вопросов и наибольшую степень непонимания. Геногеография все время находится между Сциллой и Харибдой. Пучина Харибды – утверждение о том, что не существует никакой связи между генетикой и этносом. Но ужасы Сциллы еще хуже – она утверждает 100% связь между генетикой и этносом. Это то, к чему склоняется ДНК-генеалогия.

Корабль геногеографии между Харибдой и Сциллой



Как же все-таки пройти между Сциллой и Харибдой? Для этого надо задуматься, что если генетика имеет дело с биологическими объектами, с популяциями, откуда там вообще возникает этнос – категория социальная? Дело в том, что популяция для популяционной генетики – это любая группа людей, которая удовлетворяет всего-навсего двум условиям. Она должна существовать более чем одно поколение, и более половины браков должно заключаться внутри нее. Любая группа людей, удовлетворяющая этим критериям, является популяцией.

Что такое «популяция» для популяционной генетики?

Популяция человека – это исторически сложившаяся совокупность людей, воспроизводящая себе в поколениях, обычно занимающая общий ареал и заключающая более половины браков в своих пределах.

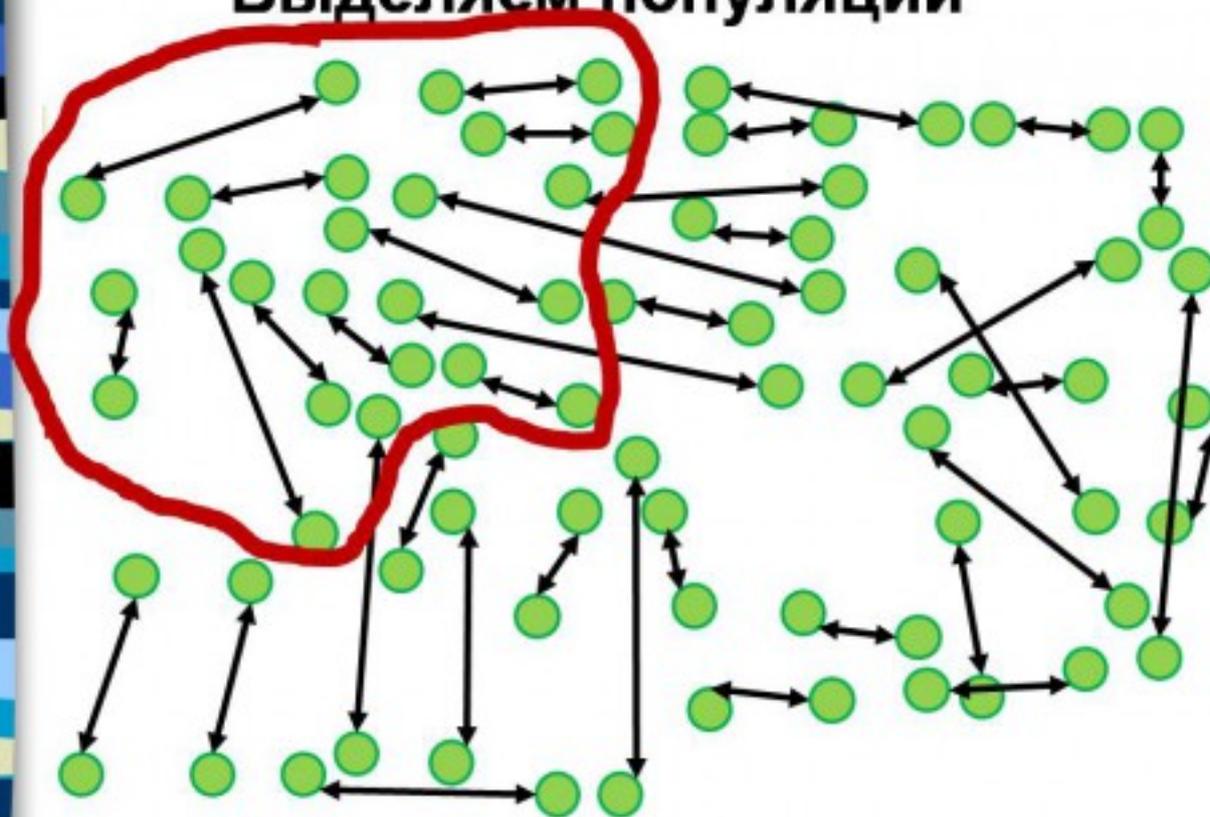
ТОЛЬКО ДВА ОБЯЗАТЕЛЬНЫХ УСЛОВИЯ:

- Группа существует в течение не одного, а многих поколений**
- Более 50% браков заключаются внутри группы**

Любая группа людей, удовлетворяющая этим условиям, является объектом изучения популяционной генетики

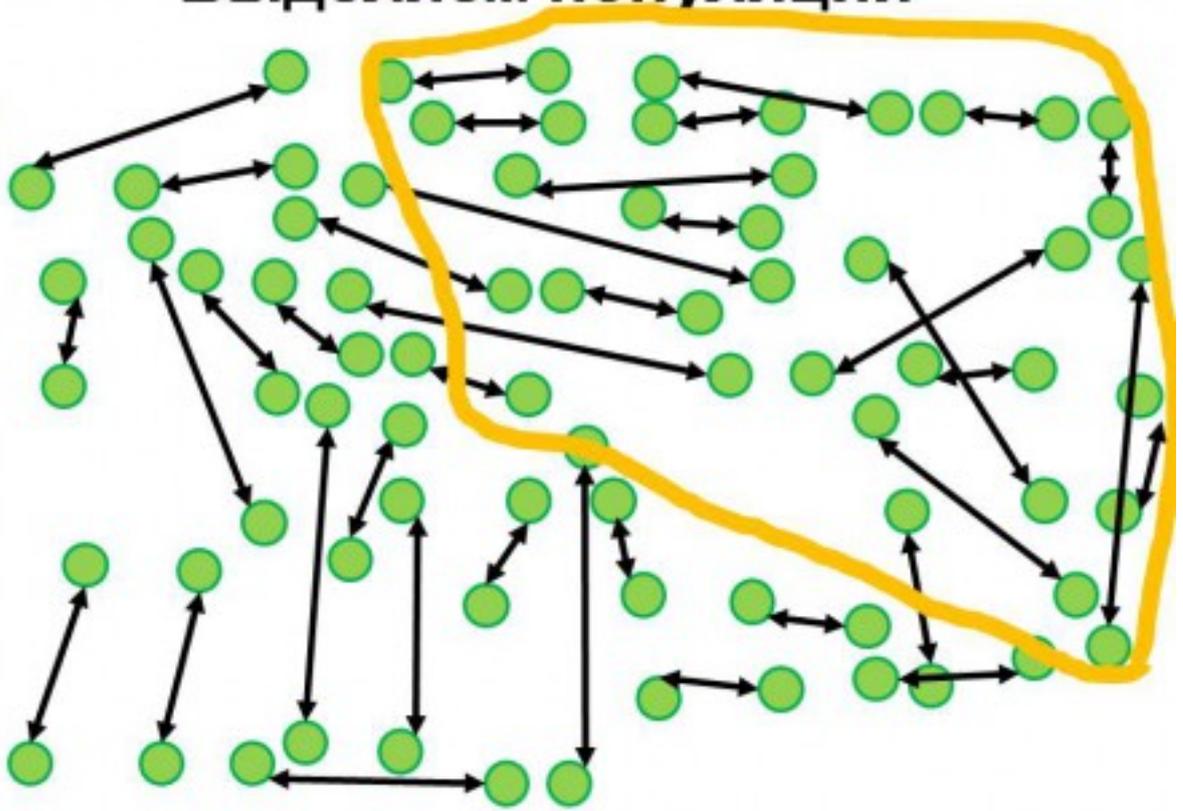
Обозначим людей кружками, а заключаемые ими браки – стрелками. Тогда совокупность людей, обрисованная красной линией, является популяцией по критерию 50% браков, потому что более половины стрелочек, которые начинаются внутри этой линии, внутри нее и заканчиваются и только 4 стрелки выходят за ее пределы.

Выделяем популяции



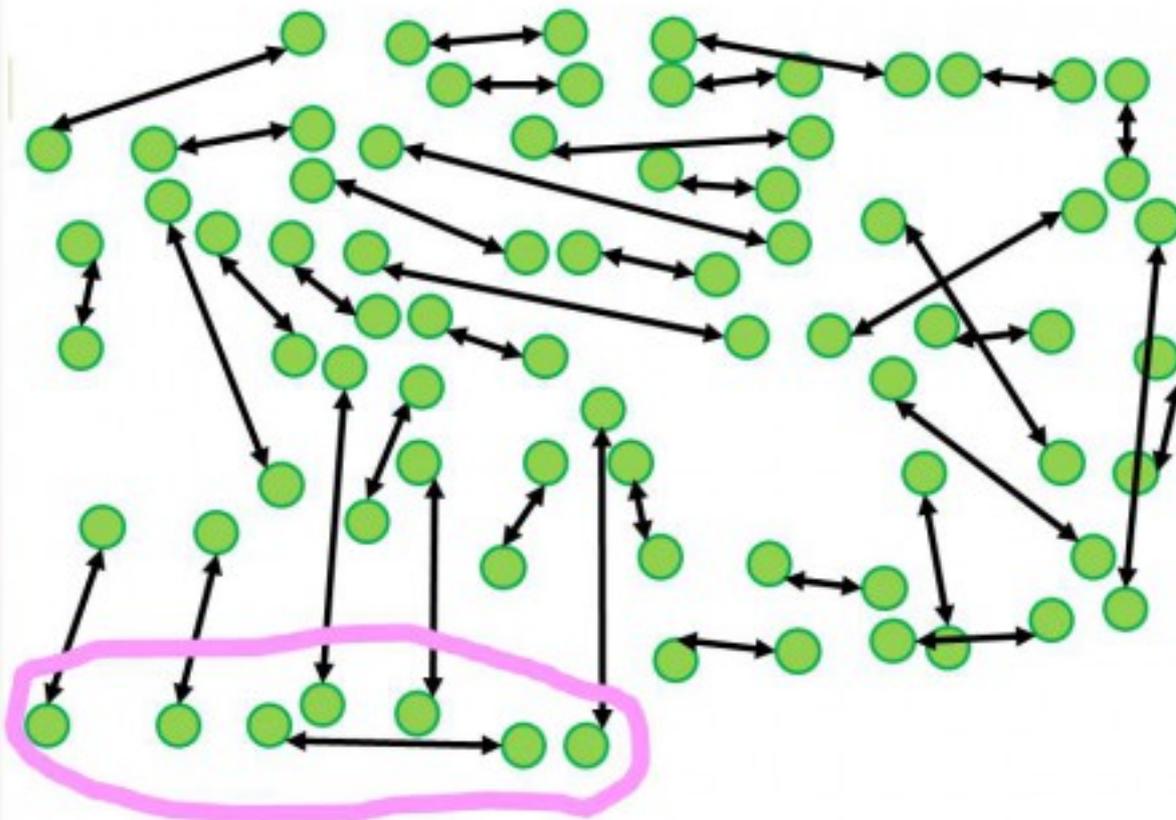
Группа людей, ограниченная фиолетовой линией, тоже является популяцией, потому что опять большинство браков заключены в ее пределах.

Выделяем популяции



А является ли популяцией группа людей, ограниченная розовой линией? Давайте посчитаем: в этой группе 7 человек, но только двое из них заключили брак в пределах этой группы, а остальные 5 (большинство) – за ее пределами.

Выделяем популяции



Когда доступны такие полные данные по структуре браков, выясняется, что, например, в Архангельской области – если взять одну деревню, то внутри нее заключается меньше 50% браков – это не популяция. Но если взять несколько соседних деревень, то уже больше 50% — это уже популяция.

А на юге – если взять весь Краснодарский край, то больше половины браков заключены с уроженцами других регионов. Значит, население всего Краснодарского края не является популяцией.

Когда доступны полные данные по структуре браков

АРХАНГЕЛЬСКАЯ ОБЛАСТЬ: в пределах одной деревни заключается менее 50% браков, но уже группа соседних деревень является популяцией. Население всей области – тем более является популяцией.

КРАСНОДАРСКИЙ КРАЙ – более половины браков заключается с уроженцами других регионов, поэтому населения Краснодарского края не является популяцией.

**Популяции всегда перекрываются
(в Краснодарском крае – есть изюм и шапсуги),
их можно выделить по-разному
(иерархия популяций - как матрешка в матрешке),
человечество с точки зрения генетики –
сложнейшая система популяций.**

Популяции входят одна в другую, как матрешки, они перекрываются. Человечество представляет собой сложнейшую систему популяций. И поскольку полные данные по структуре браков обычно недоступны, то популяционным генетикам для выделения популяций нужны какие-то другие параметры, которые с брачной структурой скоррелированы. Поэтому любые признаки, по которым существует брачная ассортативность, являются признаками, очень полезными для популяционных генетиков.

Данные по структуре браков
обычно недоступны
Поэтому для выявления популяций генетике
нужны параметры, **скоррелированные** с
брачной структурой

Любые характеристики индивидов, по которым существует выраженная положительная ассортативность браков («подобное к подобному»).

Эти параметры и используются для выделения популяций

Например, географический признак – он работает почти всегда – как правило, большинство браков заключается с уроженцами не слишком отдаленных регионов. Конфессиональный – например, популяция мормонов США – это классический объект популяционной генетики, на котором сделано много работ. Социальный – популяция людей с высшим образованием. Языковой, например, популяция русскоязычных, сословный – популяция казаков. Наконец, этнический.

Важнейшие параметры, по которым существует положительная ассортативность браков

➤ **Географический**
(близость мест рождения)

➤ **Конфессиональный**

➤ **Социальный** (образование и т.д.)

➤ **Языковой**

➤ **Сословный**

➤ **Этнический**

— Популяция Архангельской области

Популяция мормонов

Популяция людей с высшим образованием

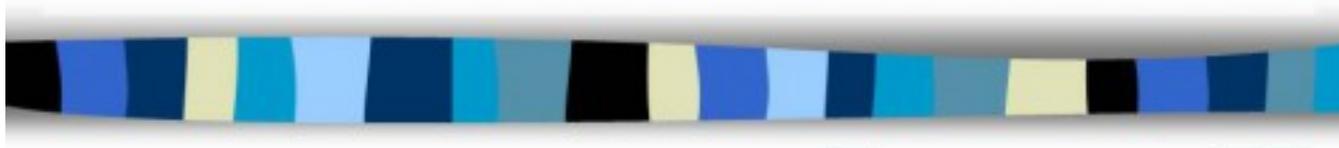
Популяция русскоязычных

Популяция казаков

Популяция адыгейцев

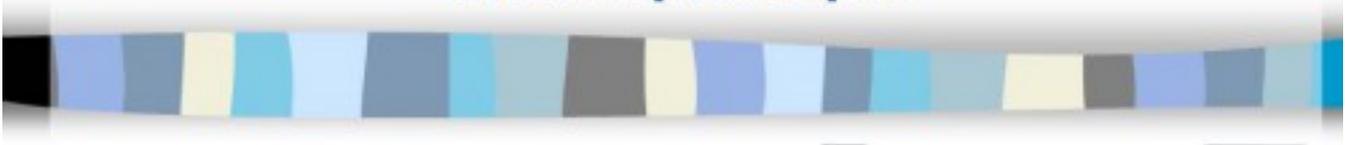
Для самых разных популяций максимальная ассортативность браков происходит по принципу географического соседства и по формальному критерию этничности – той этничности, которую люди себе указывают.

Параметры с максимальной ассортативностью браков: географический и этнический



Итак, для каждого человека, биологический образец которого анализируется популяционными генетиками, фиксируются как минимум два параметра: его происхождение из одного из известных регионов (из списка) и происхождение от одного из народов (тоже из списка).

Для каждого человека, биологический образец которого анализируется популяционными генетиками, фиксируются, как минимум, два параметра:



- ✓ **Его происхождение из одного из известных регионов (из списка)**
- ✓ **Его происхождение из одного из народов (из списка)**

Возникает вопрос, а откуда берутся эти списки и кто, вообще говоря, определяет, что такое регион и что такое народ?

Вопрос, что такое регион, очень простой — его решает правительство, а генетика принимает то, что говорит правительство. В данный момент господствует практика, что географические границы регионов жестко закреплены, заданы на географических картах и считаются неотъемлемыми свойствами регионов. Генетика это принимает. Если же завтра выйдет закон, по которому границы регионов являются воображаемыми, конструируются самими жителями регионов и легко изменчивы, генетика примет и это. Если когда-то регионы будут вообще отменены, а место рождения будет записываться, как GPS-координаты, генетика примет и это. Мы будем работать с такими данными и выделять популяции по принципу близости GPS-координат.

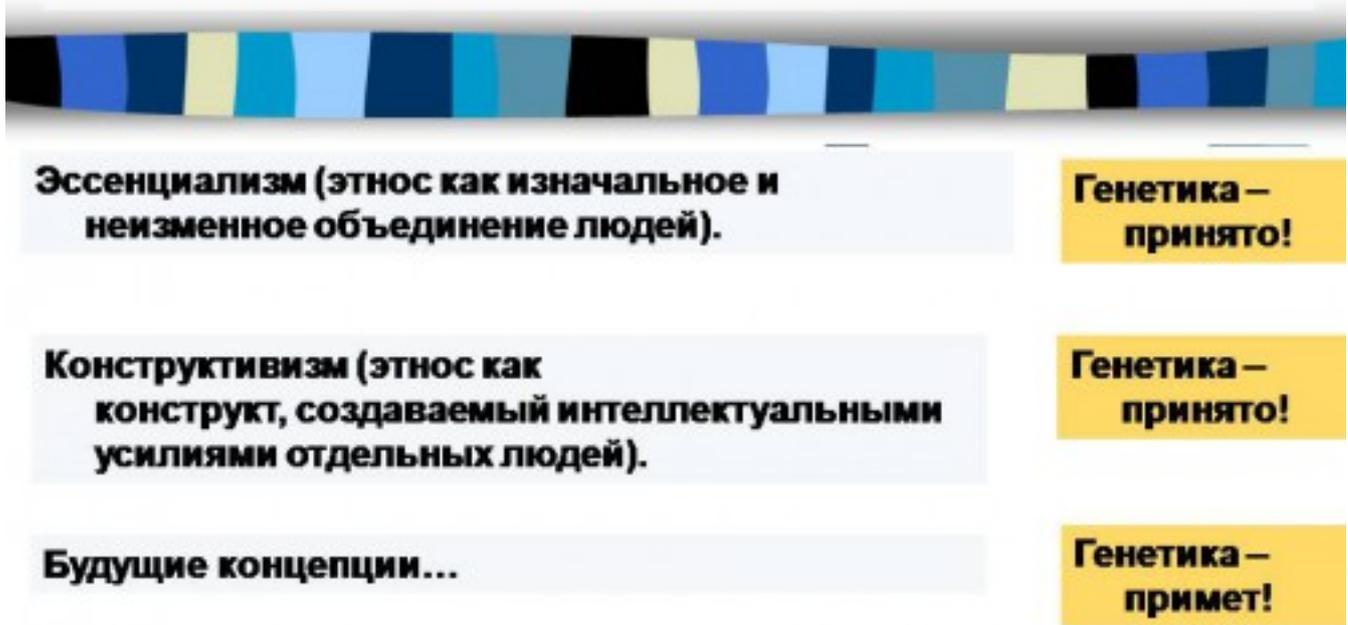
Вопрос, что такое «регион» решает правительство. Генетика принимает то, что говорит правительство



Географические границы регионов являются их неотъемлемыми свойствами, жестко заданы, зафиксированы на географических картах.	Генетика – принято!
Географические границы регионов конструируются самими жителями регионов и легко изменчивы.	Генетика – принято!
Регионы отменены, а место рождения записывается как GPS координаты	Генетика – принято!

А вопрос, что такое этнос, решает этнология. Генетика принимает то, что говорит этнология. До недавнего времени существовала единственная концепция эссенциализма, которая воспринимает принадлежность к определенному этносу как изначальное и неотъемлемое свойство людей. И мы с этим работаем. Недавно, наряду с эссенциализмом, появилась и концепция конструктивизма, которая рассматривает этнос как воображаемую конструкцию, создаваемую самими людьми и легко изменчивую. И мы это тоже принимаем, и работаем с таким пониманием этноса. Если в будущем в этнологии возникнут иные концепции, генетика примет и их.

**Вопрос, что такое «этнос» решает этнология.
Генетика принимает то, что говорит этнология**



Генетику интересует только одно – по какому признаку ассортативности заключаются браки. Но тут возникает вопрос о стабильности признака в поколениях, потому что если признак нестабилен, то он становится неинформативен для выделения популяций. И вот более 20 лет назад на одном из докладов мы представили пример из нашей экспедиционной практики на Сахалине, когда человек, оба родителя которого – нивхи, объявил, что он норвежец.

Наследование признака «этничность» НЕ подчиняется законам Менделя

(«прозрачка» двадцатилетней давности)



Вопрос тут число количественный. Если место рождения для **большинства** членов популяции станет изменяться от поколения к поколению, генетика перестанет учитывать место рождения как информативный для генетики показатель. Но пока более 50% детей характеризуются тем же регионом рождения, что и их родители, место рождения учитывается и помогает нам работать.

Если параметр **«место рождения»** для **большинства** членов популяции станет изменяться от поколения к поколению, генетика перестанет его учитывать
(Поэтому изучаем сельское население, а не население крупных городов)



**Пока более 50% детей
характеризуются тем же регионом
рождения, что и их отцы, параметр
«место рождения» учитывается
популяционной генетикой.**

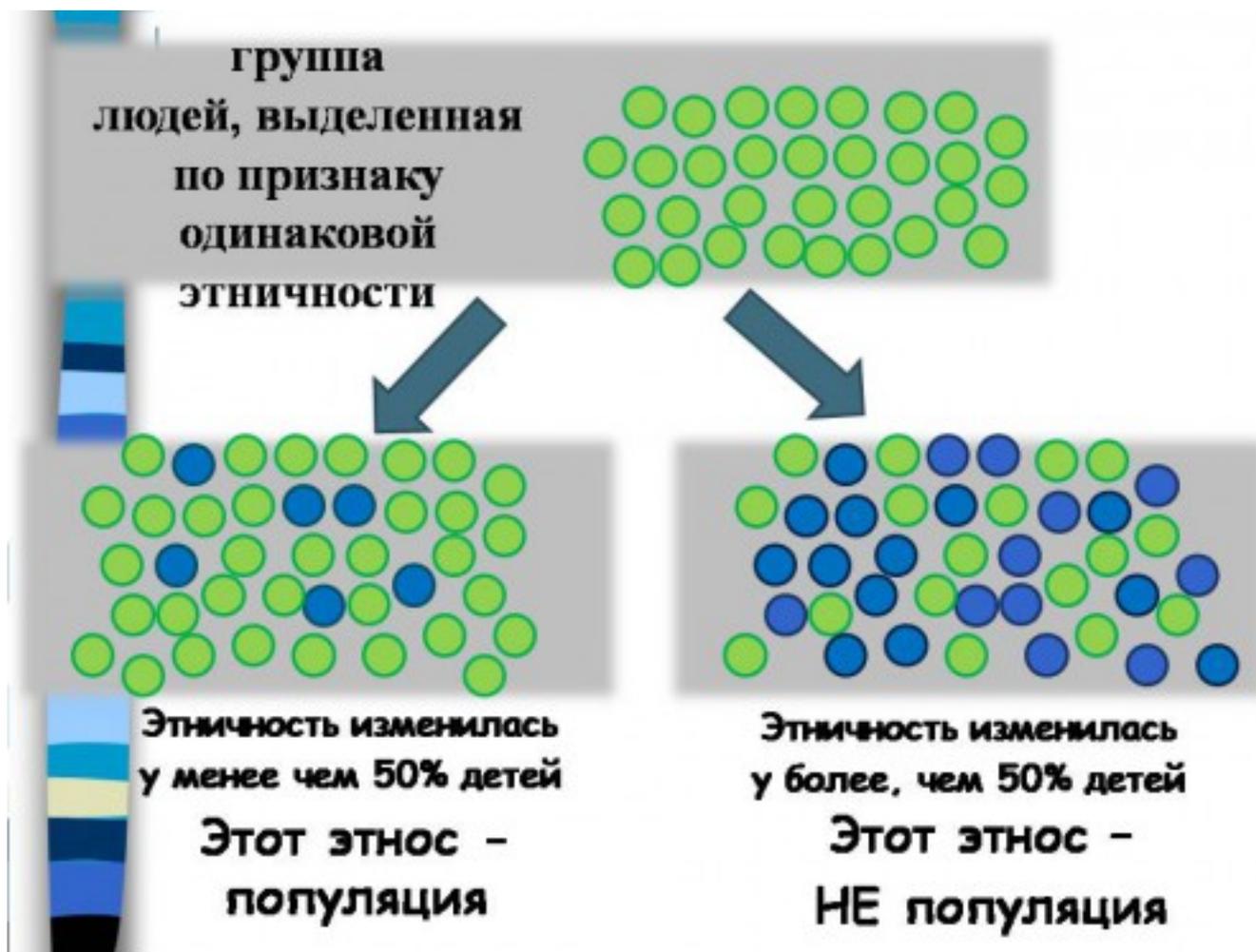
Точно так же, если параметр этничность для **большинства** членов популяции станет изменяться от поколения к поколению, генетика не станет его учитывать.

Если параметр «**этничность**» для **большинства** членов популяции станет изменяться от поколения к поколению, генетика перестанет его учитывать.

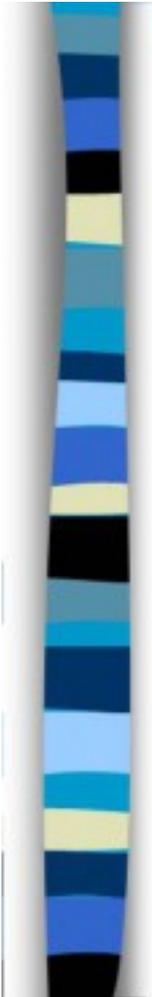


Пока более 50% детей характеризуются той же этничностью, что и их отцы, параметр «этничность» учитывается популяционной генетикой.

Если взять группу людей одинаковой этничности, то есть вероятность, что среди их потомков часть будет причислять себя к другому этносу. Но если таких потомков меньше 50%, то признак информативен, этот этнос – популяция. А вот если этничность изменится у более 50% детей, значит, этот этнос не популяция. И тогда признак этничности для генетики не работает.



Реальные данные такие – в ходе наших исследований мы провели анкетирование более 20 тысяч человек из 55 этнических групп. И ни для одной этнической группы смена этнической идентичности за одно поколение не достигала не только 50%, но даже и 5%. Поэтому эти два параметра – этническая самоидентификация и место рождения, пока отражают объективную реальность и остаются важнейшими критериями выделения популяций.



ТЕОРИЯ:

Если дети более, чем 50% латышей станут считать себя тальшамн,

а дети более чем 50% немцев станут считать себя ненцами,

Генетика перестанет учитывать этничность в своих исследованиях.

РЕАЛЬНЫЕ ДАННЫЕ:

Мы провели анкетирование более 20 тысяч человек из 55 этнических групп.

Ни для одной группы смена этнической идентичности за одно поколение не достигала не только 50%, но даже 5%.

Практическая эффективность такого подхода была выявлена в том случае, когда по Y-хромосомному гаплотипу исполнителя домодедовского теракта удалось определить место его рождения. Этот гаплотип точно совпал с группой, которая была встречена только у одной группы в мире – ингушей Ингушетии. Благодаря этому личность исполнителя была быстро установлена и подтверждена прямой ДНК-идентификацией.

ПРАКТИКА

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКАЯ СЕТЬ ГАПЛОГРУППЫ J2-M67(xM92)



Это не единичный случай – Следственный комитет обращается к нам ежемесячно.

ОТНЮДЬ НЕ ЕДИНИЧНЫЙ СЛУЧАЙ

Ежемесячные запросы от Следственного комитета



Сотрудничество с этнографами для генетиков очень важно, и очень многие этнографы отвечают нам взаимностью.

**Сотрудничество с этнографами
для генетиков очень важно.**

**Многие этнографы считают,
что это взаимно.**

**Экспедиция в Бурятию: этнологи и генетики.
Готовимся к общей работе**



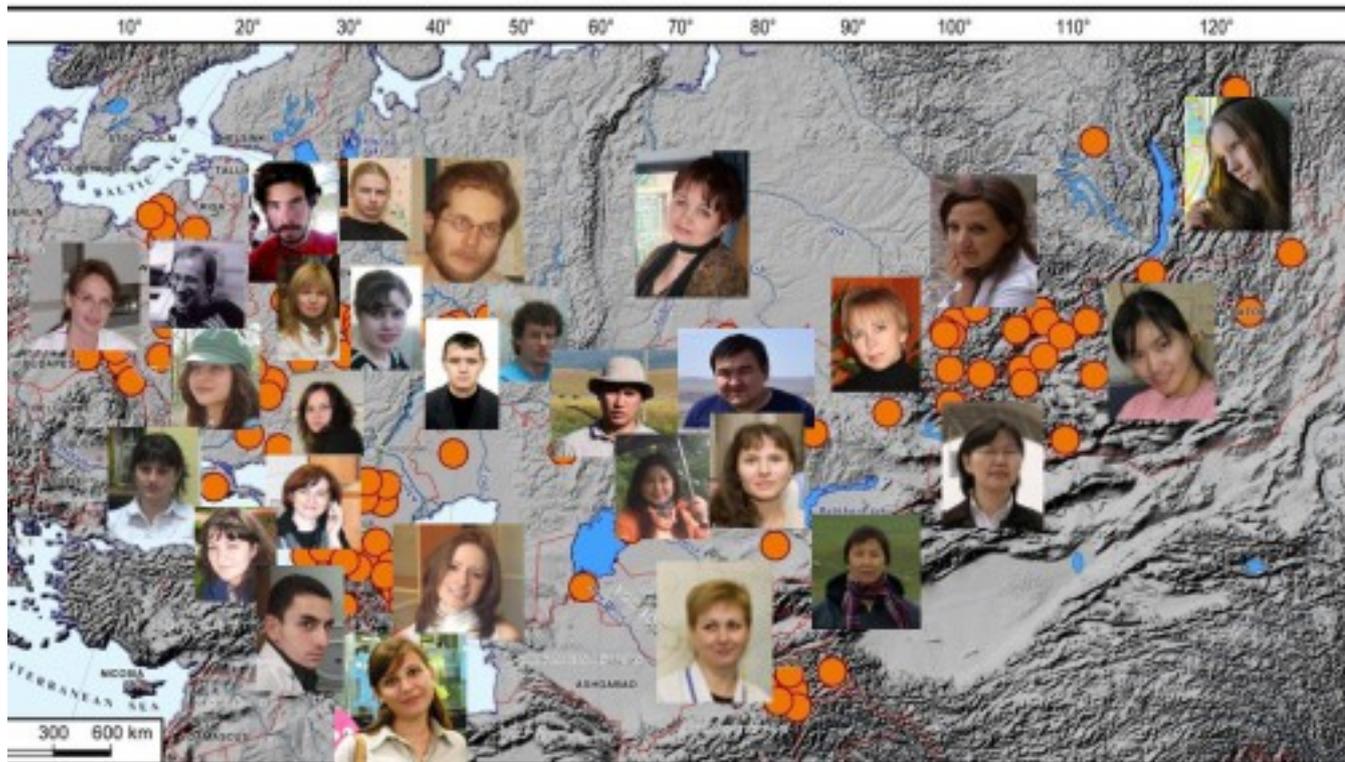
Экспедиция в Бурятию: этнологи и генетики. работаем



Экспедиция в Бурятию: этнологи и генетики. Работаем в музее



МЕСТА РОЖДЕНИЯ ЧЛЕНОВ НАШЕЙ КОМАНДЫ



И разнообразна этническая принадлежность.

ЭТНИЧЕСКАЯ ИДЕНТИЧНОСТЬ ЧЛЕНОВ НАШЕЙ КОМАНДЫ



А вот браков внутри нашей команды всего 4%. Поэтому наш коллектив не является популяцией. Мы являемся частью общей популяции научного сообщества и открыты для взаимодействия с другими коллективами.

БРАКОВ ВНУТРИ НАШЕЙ КОМАНДЫ:

4%

**Поэтому наш коллектив
не является популяцией...**

**зато является частью общей
«популяции» научного сообщества
и открыт для сотрудничества с
другими коллективами**

СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ

видеозапись доклада <https://www.youtube.com/watch?v=YmcM2MifMeU>