

A gének szintjén kimutatható különbözőségeknek vagy polimorfizmusoknak a mértéke genetikai történetünk, rokonsági fokunk „genetikai ujjlenyomataként” szolgál. Népcsoportok földrajzi eredetének, genetikai rokonságának meghatározására vagy sejtmagi, vagy mitokondriális DNS-bélyegek használhatók. Olyan egyszerű, a genetika szabályainak megfelelő öröklődési mintázatot mutató bélyegekre, markerekre van szükség, amelyek sokalakúságot, polimorfizmust mutatnak, ami azt jelenti, hogy egy populáción belül legalább két alléljük, két genetikai változatuk van jelen. Az egyes változatok abban a földrajzi régióban a leggyakoribbak, ahol évezredekkel ezelőtt mutációk következtében kialakultak. A filogenetikailag fontos változatok vándorlás útján terjednek el. A népcsoportok közös együttélése alatt kialakult mutációk megmaradnak, míg a csoportok szétválása után kialakult változatok már csak az adott populációra lesznek jellemzőek. Így minden populáció hordozza a közösen kialakult ősi mutációkat, illetve a vándorlása során kialakult újabb és újabb mutációkat. Jelenleg a Föld különböző részein élő népcsoportok közös földrajzi eredetére utal az azonos genetikai változatok jelenléte.

Az ember teljes genetikai információjának közel 99 százaléka a sejtmagban, kromoszómákba csomagolva, míg a maradék 1 százaléka a mitokondriumokban található. A sejtmagi géneket mindkét szülő egyenlő mértékben hagyományozza ránk, ráadásul az egyedfejlődés egy bizonyos stádiumában ezek keverednek is egymással. A legutolsó nemzedékben 2 sejtmagi felmenőnk van, egy generációval „feljebb” már 4 nukleáris elődöt találunk. Húsz emberöltőre visszamenően pedig, átlagosan 25 éves generációs idővel számolva, több mint 1 millió azon elődök száma, akik hozzájárultak sejtmagbéli génjeinkhez. Ezért a nukleáris DNS-variációk a mai nagy felbontóképességű technológiákkal csak a populációk átlagának rokonsági mutatói meghatározásában elsődlegesek.

Az emberi populációk közötti földrajzi távolság alapú elkülönülés természetes. Azok, akik azonos földrajzi régióban élnek, azonos nyelvet beszélnek, azonos kulturális értékeket tekintenek fontosnak, általában egymással házasodnak és elkülönülnek a

távolabbi területeken élő populációktól. Az azonos földrajzi környezetben élő populációk génfrekvencia-értékei ezért hasonlóak és eltérnek a más földrajzi környezetben élőkétől. Specifikus kérdések megválaszolására ad lehetőséget a sejtekben több száz vagy ezer példányban is előforduló sejtrészecske, a mitokondriális DNS és a férfi nemi kromoszóma, az Y kromoszóma. A mitokondrium csakis anyai ágon öröklődik, ezért kiválóan alkalmas a különböző embercsoportok anyai ági leszármazási vonalainak meghatározására, az Y kromoszóma pedig, amely kizárólag apáról fiúra öröklődik, az apai leszármazási vonal vizsgálatára használható.

Különbő európai, ázsiai, amerikai és afrikai népeknél folytak vagy folynak történeti genetikai vizsgálatok, amelyeknek az a céljuk, hogy föltárják az adott népcsoport más populációkkal való rokonsági viszonyait és földrajzi eredetét. Így kézenfekvő volt, hogy saját népünk történelmének, eredetének a vizsgálatára fordítsuk figyelmünket. Magyarország történelme folyamán számos népcsoport telepedett le a korai Magyarország területén. Napjainkra ezek a csoportok genetikailag teljesen beolvadtak a magyar népességbe (csak néhány település őrizz nevében információt az oda letelepedett népcsoportokról). Ennek alapján kezdődtek azok a vizsgálatok, amelyeket az MTA Régészeti Intézetének, valamint az MTA SZBK Genetikai Intézet általam vezetett kutatócsoportjának kutatói a 2000-es évek elején elindítottak. Munkánk célja az volt, hogy föltárjuk saját népünk történelmének, a honfoglalás kor genetikai viszonyainak sajátosságait. Választ akartunk kapni arra a kérdésre, hogy mennyire volt a hazánk területére érkezett 10. és 11. századi honfoglalás kori magyarság genetikailag egységes, milyen eredetű anyai és apai ági elemeket hordozott. Ahhoz, hogy ezekre a kérdésekre választ kapjunk, régészetiileg jellemzett, bizonyíthatóan a honfoglalás korból származó csontanyagra volt szükségünk, amelyből DNS-t vonhattunk ki és következtetéseket tehattunk a mitokondriális és Y kromoszómális haplocsoportokra. Vizsgálatainkba ma élő magyar, székely, gyimesi és moldvai csángó emberek DNS-ét is bevontuk.

A honfoglalás kori leletanyagot a régészeti mellékletek alapján két csoportba oszthatjuk. Az egyik csoportba azok a csontmaradványok kerültek, amelyeket a korra jellemző lovas temetkezéssel, gazdag régészeti leletanyaggal temettek el. A másik csoportot a 10. és 11. századból származó, szegényes régészeti leletanyagú, úgynevezett köznépi sírokból származó csontleletek adták. 136 mintából 94 esetben sikerült örökítőanyagot izolálni,

amiből 69 esetben sikeres volt az anyai örökítővonal meghatározása. Vizsgálatainkkal megállapíthattuk, hogy a gazdag leletanyagú sírok csontleleteinek egy része olyan mitokondriális csoportokba tartozott, amelyek legnagyobb gyakorisággal Ázsiában találhatóak. Az összes ilyen csontlelet összesen mintegy 23 százalékban ázsiai típusú mitokondriális csoportokhoz tartozott. A köznépi temetők, valamint a ma élő magyar és székely emberek mintái azonban csak mintegy 1-5 százalékban hordoztak ázsiai eredetű anyai vonalakat. Ha az egyedi leletek mitokondriális DNS építőkövei sorrendjét statisztikai analízisnek vetettük alá és egyenként összehasonlítottuk Eurázsia különböző területein élő más népcsoportok tagjaival, akkor azt találtuk, hogy a ma élő magyar, illetve székely populációból származó minták halmaza a köznépi temetőkből származó mintákkal együtt az európai népcsoportok közé kerültek, azokhoz voltak genetikai rokonságuk szintjén a legközelebb, a gazdag leletanyagú honfoglaló sírok mintái pedig az ázsiai populációkkal mutattak genetikai rokonságot. A későbbiekben vizsgálatainkba bevontunk ma élő gyimesi és moldvai csángó emberektől származó DNS-mintákat is, amelyek statisztikai vizsgálata azt mutatta, hogy a legnagyobb genetikai hasonlóság a gazdag leletanyagú sírok mintái és a moldvai csángók mintái között van, míg a köznépi minták a ma élő magyarok, székelyek és a gyimesi csángók mintáival mutatnak hasonlóságot. Az apai ági genetikai rokonság meghatározása a régészeti leletanyagból sokkal nagyobb nehézségekbe ütközött, mint a mitokondriális DNS-t érintő vizsgálatok. Bár csak néhány gazdag leletanyagú sírban föllelt férficsontból tudtunk értékelhető Y kromoszóma DNS-t kinyerni, azt megállapíthattuk, hogy a minták egy része egy olyan Y kromoszómás bélyeget hordoz, amely csak azon ma élő uráli népek férfilakosságánál fordul elő nagy gyakorisággal, akiket a történészek és néprajzkutatók a magyarság ősi rokonainak tekintenek. Érdekes módon a ma élő magyar és székely férfiakban ez a bélyeg hiányzik, illetőleg csak nagyon ritkán fordul elő. A ma élő magyar és székely férfiak a többi európai populációra jellemző Y kromoszómális jellegzetességeket mutattak, egyedül a J haplocsoport előfordulása volt magasabb. Az anyai ági és az apai ági genetikai vizsgálatokból azt a következtetést vonhattuk le, hogy a honfoglalás kori leletanyag nem volt genetikailag egységes, míg a köznépi temetők leletanyaga inkább a ma élő magyar nyelvű populációk európai jellegzetességeit hordozta, az úgynevezett

klasszikus honfoglalók nagy gyakorisággal ázsiai eredetű apai ági, illetve anyai ági genetikai elemeket hordoztak.

Későbbi vizsgálatainkban egy másik tulajdonság genetikai meghatározóját is megvizsgáltuk. Ez a felnőttkori tejemésztés képességének a genetikai alapja. Ismeretes, hogy a tej emésztésében részt vevő fehérje bizonyos embereknél felnőtt korban hiányzik. A genetikusok megállapították, hogy a tejemésztés képessége kulturális szelekcióval, a tejtermelő állatok háziasításával, mintegy hatezer éve alakult ki, és a tulajdonság jellegzetes földrajzi eloszlást mutat, legnagyobb gyakorisággal Európa északi területein marad meg az emberek felnőtt korában is, délre haladva egyre ritkábban található meg, az ázsiai népeknél hiányzik vagy ritkán fordul elő.

Megállapítottuk, hogy a ma élő magyar lakosság 63 százaléka, a székelyek 71 százaléka képes felnőtt korában is emészteni a tejet. Ez alacsonyabb, mint a svéd és finn adat (81,5 százalék), magasabb, mint a francia (43,1 százalék) és az észak-itáliai (35,7 százalék) és hasonló a portugálhoz (62 százalék). Érdekes az az összefüggés, amit a honfoglalás kori csontleleteknél kaptunk. Az általunk vizsgált honfoglaló leletekből azt láttuk, hogy a kép szinte fordítottja a ma élő magyar populációkének, ugyanis a honfoglalók több mint 80 százaléka képtelen volt felnőttkorban a tejemésztésre. Ez az adat majdnem teljesen egyezik a magyar rokonsághoz tartozó ma élő uráli népek adataival, akiknek mintegy 70 százaléka képtelen a tejet emészteni. Ez is a honfoglalók ázsiai eredetét bizonyítja.

A honfoglalás a mai magyarság genetikai képének alakításában tehát genetikai értelemben csak egy kis epizód volt, az úgynevezett klasszikus honfoglalók genetikai hozzájárulása a mai népesség genetikai mintázatához jelentéktelen. A magyarság korántsem nyugodt történelme következtében az anyai és apai genetikai elemek változása a nyári égbolt felhőinek az állandó változásához volt hasonló, amely az évszázadok során beleolvadt az egységes európai égboltba. A régészeti genetikai vizsgálatok a jelen szakaszukban csak egy kis lépést, egy pillanatfelvételt jelentenek a magyarság genetikai képének megértésében és a honfoglalás kori Kárpát-medence lakosságának jellemzésében. Az értelmezés kiteljesedéséhez a többi honfoglalás kori, valamint a honfoglalást megelőző és követő korok leletanyagának vizsgálata szolgáltat további adatokat. Erre az új genetikai technológiák a mi, mára már elavult vizsgálatainkhoz képest gyorsabb, nagyobb esetszámot biztosító, átfogóbb képet adnának. Tudomásunk

szerint a mi vizsgálatunk volt az első, amelyet az adott témában hazánkban végeztek és nemzetközi, referált, impact factorral rendelkező, tudományos folyóiratokban közöltek.

KISEBB TEMETKEZÉSI EGYSÉGEK ÖNÁLLÓ GENETIKAI ELEMZÉSE:

A TOVÁBBLÉPÉS LEHETŐSÉGEI

MENDE Balázs Gusztáv

A Raskó István kutatócsoportjával közös pályázataink lejártaival a Régészeti Intézetben működő archeogenetikai laboratórium előtt két út állt: a korábban megkezdett módon, az mtDNS-re koncentrálva bővíteni a minták terét és időhorizontját, majd az eredményeket populációgenetikai szempontból összehasonlítani a már megalkotott adatbázis adataival. A másik út egyes temetkezési csoportok, kisebb temetők önmagukban történő értelmezése az mtDNS eredmények segítségével olyan módon, hogy a következtetés reflektálni tudjon egyes konkrét régészeti-történeti kérdésfeltevésekre-problémákra. Több ok miatt az utóbbi mellett döntöttünk, nem lemondva arról, hogy a Kárpát-medence népeiségei vertikális értelmezéséhez feltétlenül szükséges előzmények és következmények, vagyis az avar és a kora Árpád-kori periódus is sorra kerül az adatbázis-szintű összehasonlító értékelésben. Ugyanakkor e másik kutatási irány is jelentősen bővítette a honfoglaló népességből nyert adatbázisunkat. A mintaszám bővülése azonban a Raskó professzorékkal közös kutatásaink következtetéseit lényegi értelemben nem befolyásolta: a 10. századi népesség anyai vonalú genetikai összetétele rendkívül heterogén, az ázsiai eredetű genetikai mintázatok csak egyes temetőkben és ott sem döntően karakterizálják a temetkező népesség egészét. Ez arra (is) utal, hogy az anyai vonalak tekintetében a honfoglaló népesség karaktere már a honfoglalást megelőző térben és időben is hasonlóan heterogén lehetett. Más olvasatban a honfoglalók nem rendelkeztek az európai-steppei szubsztrátum tekintetében elkülönülő, kompakt anyai eredetű genetikai állománnyal, vagy számarányuk miatt az esetlegesen sajátos genetikai jellegzetességük nem érvényesült.

A kisebb, régészeti értelemben zártnak nevezhető temetők-temetkezések teljességre törekvő feldolgozása során azonban a teljes adatbázis értékelésekor használt statisztikai

analízisek kevés, a régész számára is kézzelfogható eredményt mutatnak. Ezért megpróbáltuk a haplotípus szerinti egyedi egyezések keresésével a temetőkön belül és az egyes temetők, illetve síregyüttesek között olyan kapcsolatrendszeret kimutatni, amelyek a temetkező népesség rokoni/vérségi kapcsolataira utalhatnak. Az ebből a szempontból elsőként elemzett hartai temetőben azonban csupán két esetben sikerült azonos haplotípust kimutatni, azok is az európai népegekben nagyon magas arányban jelen lévő úgynevezett referenciatípushoz tartoztak. A későbbiekben vizsgált temetők nagyobb része is hasonló képet mutatott. Az, hogy egy temetőkön belül nem találjuk meg a temetkezők között a szociológiai-néprajzi analógiák tekintetében relevánsnak tűnő vérségi köteléket, a temetkezők számára és/vagy a temetőhasználat idejére nézve meglepő következtetéseket enged meg. Az általunk vizsgált, többségében úgynevezett kiscsaládi jellegű temetőkön belül a közvetlen vérségi összefüggések vélelmezését megengedő haplotípus szintű egyezéseket a vártakhoz képest kis százalékban találtunk – közülük is kettőt egy helyen, a balatonújlaki temetőben. A várt egyezéseket nagyobb számban nem a temetőkön belül, hanem az egyes temetők között találtuk meg. A haplotípus szintű egyezések az egyik temetőbe temetett személytől a másik temető adott sírjai felé mutattak. Szinte minden vizsgálatba vont temető vagy kisebb, önállóan nevezhető sírcsoport egy-egy temetkezésének volt párja egy másik temetőben, akár többen is, sok esetben a 10. századi, a recens magyar és recens más népegek között is rendkívül ritkának számító genetikai típus formájában. Az eleve ritkaságnak számító mitotípust hordozó eltemetettek között egy relatíve egységes időhorizonton belül, körülhatárolható földrajzi környezetben joggal feltételezünk közelebbi vérségi kapcsolatot. Az a tény, hogy ezek a kapcsolatok nem egy temetőben képeződnek le, arra utalhat, hogy a népesség, illetve az azt alkotó személyek mozognak, legalábbis annál gyorsabban, mintsem párhuzamos és vertikális vérségi kapcsolatok nyomát hagynák a temetőkben.

A szegedi múzeummal közös OTKA-pályázatunk keretében elkezdtük avar temetkezések mitokondriális vizsgálatát is. Meglepődve tapasztaltuk, hogy a honfoglaló temetkezések az avar kori, sőt egyes szaltovói temetkezésekkel is mutatnak haplotípus szintű egyezést. Az időhorizont-beli eltérés kapcsán ezeket az egyezéseket már nem lehet néhány generáción belül értelmezett közvetlen rokonságnak feltüntetni. Ezen jelenségek

értelmezésében egy önmagában heterogén, de mégis egységesnek nevezhető alapnépesség feltételezése, valamint a magyar őstörténet egyes fejezeteinek újraértelmezése nyújthat segítséget, de csak abban az esetben, ha az avar kori temetkezésekből is statisztikai értelemben megbízható mennyiségű adat áll majd a rendelkezésünkre. Ezért a 7–9. századi – és logikusan a 11. századi – népességek archaikus DNS-vizsgálata a 10. századi adatok helyes értelmezésének kikerülhetetlen feltétele.