

RASKÓ ISTVÁN

# A HONFOGLALÁS KORI CSONTOK GENETIKAI ÜZENETE

**T**íz éve befejeződött a modern kori molekuláris genetika legköltségesebb programja. Leírták az emberi örökítőanyag, a DNS alkotórészeinek sorrendjét. A bejelentést nagy médiaszenzáció övezte, és a programban meghatározó szerepet játszó két vállalkozás vezetője az Egyesült Államok akkori elnöke oldalán boldogan nyilatkozott a várható következményekről.

Tíz év elegendő idő, hogy a bejelentés valódi értékét perspektívájában is a helyére tegyük. A tízéves leltárkészítéshez szükséges az akkori célok és a mai eredmények ismerete.

A célokat jól fogalmazták meg, és optimista jövőkép mutatkozott.

A nyilatkozatok szerint az orvosi diagnosztika szintjén a cél a kórokozó szervezetek genetikai jellemzése, a baktérium gyógyszer-rezisztencia kimutatása, molekuláris alapú rákosztályozás kifejlesztése, egygénés betegségek diagnózisa, a gyakori, többtényezős betegségek molekuláris okainak feltárása és egyénre szabottan az okok molekuláris azonosítása. Információt kaphatunk a genetikai eltéréseinktől függő, egyedi gyógyszer-érzékenységbeli különbségeinkre, de egyéni szellemi képességeinkre is. A genetikai különbözőség segítségével megmagyarázhatók egyes komplex betegségekre való hajlam genetikai alapjai, illetve az emberiség evolúciójának, vándorlásának története is megfejthető.

Az emberi gének térképezése, szekvenciájuk megfejtése és az ezekből származó hatalmas adathalmaz után a figyelem a gének és az általuk meghatározott fehérjék szerepének megismerésére, az egészséges és beteg állapotok molekuláris elkülö-



**Az emberiség  
eredetének, rokonsági  
viszonyainak  
megismerésére irányuló  
tudományos  
megközelítésben mikor  
szükséges feltétlenül  
[...] a régészeti leletek  
vizsgálata?**

nítésére koncentrálódott. A genomikai alapkutatói eredmények halmaza a klinikai orvosok figyelmét is felkeltette, és egyre nagyobb várakozás nyilvánult meg a közvetlen klinikai alkalmazások iránt. Eddig ezek az elvárások jórészt túlzottak voltak, mert elmondhatjuk, hogy a genomika új eredményeinek a hasznából eddig a klinikum viszonylag keveset profitált. Igaznak tűnik, hogy pillanatnyilag a genetika sokkal többet kapott a betegektől, mint amit nekik adott.

Ugyanakkor a genomikai forradalom már érezteti hatását a gyógyszerpiacon. Új típusú gyógyszerek jelentek meg, amelyek gyógyító hatású, biotechnológiai úton előállított fehérjék, monoklonális ellenanyagok vagy nukleinsav alapú orvosi készítmények. Ma már minden negyedik új, piacra kerülő molekula ilyen természetű.

A tízéves fejlődés talán egyik legfontosabb eredménye az emberi evolúció, valamint az emberi populációk rokonsági viszonyainak jobb megértése, a Föld benépesítési menetrendjének megfejtése, a modern ember afrikai eredetének bizonyítása, a modern ember, az előemberek és a többi emberszabású genetikai mintázatának összehasonlítása.

Mielőtt fejtegetéseinket tovább folytatnánk, van egy fontos tisztázandó kérdés. Az egyik legtöbb ellentmondást kiváltó próbálkozás az emberi populációk fogalmának meghatározása. Egy biológiai populációt alkotó egyedek sokféleségét az egyedek genetikai sokfélesége, ezen belül az egyes genetikailag meghatározott tulajdonságok finom genetikai eltérései szabják meg. Az emberi populációk esetében egyszerű lenne a klasszikus biológiai, genetikai értelemben vett populációkról beszélni, ami az egymással véletlenszerűen párosodni és termékeny utódokat létrehozni képes egyedek összességét jelenti, azonban ebben az esetben ez a meghatározás használhatatlan, hiszen ilyen alapon a Föld valamennyi lakója egyetlen populációba besorolható. Populációgenetikai munkákban populációnak az azonos földrajzi környezetben élő, azonos nyelvet beszélő közösségeket tekintik, azonban ebben a meghatározásban a genetikai hasonlóság mellett jelentős kultúrtörténeti elem is van, amelynek nincs köze a genetikához. A saját vizsgálatainkban, jobb híján, mi is ezt a meghatározást fogadtuk el.

Populációk közötti genetikai különbségek vagy hasonlóságok vizsgálatára bármilyen mérhető, látható tulajdonság alkalmas, így elsősorban olyan biokémiai jellegzetességek, mint a vércsoportok vagy fehérjék, de az utóbbi években a vizsgálatokban döntő szerepe van az örökítőanyag, a DNS szintjén megnyilvánuló különbségek meghatározásának.

A DNS jellegzetességei – az egyénekre jellemző mintázatot adva – a klasszikus genetika szabályai szerint öröklődnek. A kutatásokban olyan egyszerű bélyegekre van szükség, amelyek sokalakúságot, *polimorfizmust* mutatnak, azaz legalább két változatuk fordul elő az adott népcsoportban. A megközelítés alapja, hogy egy populáció minden egyes tagját az adott változat jelenlétére vagy hiányára vizsgálják. A populációban az adott változatot hordozók számát frekvencia, gyakran génfrekvencia formájában fejezik ki. Az ügy akkor válik érdekessé, amikor a különböző populációk között ezeket a génfrekvenciákat összehasonlítják.

A génfrekvencia értékei között tapasztalt eltérés utal a populációk közötti genetikai rokonság mértékére. Azok a populációk, amelyek egymáshoz hasonló génfrekvenciákkal rendelkeznek, valószínűleg közös evolúciós történettel bírnak, és rokonságban vannak egymással. Minél nagyobb az eltérés két populáció között, annál távolabbi rokonságban vannak egymással.

Az ember teljes genetikai információja, a genom közel 99 százaléka a sejtmagban, kromoszómákba csomagolva, míg a maradék a mitokondriumokban található. A sejtmagi géneket mindkét szülő egyenlő mértékben hagyományozza ránk, ráadásul az egyedfejlődés egy bizonyos stádiumában ezek keverednek, rekombinálódnak is egy-

mással. A legutolsó nemzedékben két nukleáris felmenőnk van, egy generációval „feljebb” már négy nukleáris elődöt találunk. Húsz emberöltőre visszamenően pedig – átlagosan 25 éves generációs idővel számolva – több mint egymillió azoknak az elődöknek a 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 élőktől.

A genetikai variánsok mintázata nem ad módot a rasszista, etnikai alapú, hierarchikusan rendszerezett kategorizálásra. Genetikai eredmények szerint a földrajzilag, kulturálisan, nyelvileg elkülöníthető csoportok közötti genetikai különbségek kisebbek a csoporton belüli különbségeknél. A modern genetika egyértelműen bizonyította, hogy nincs egyetlen populációra jellemző gén sem, nincs tehát magyar, francia, román, zsidó, indián, cigány gén. A rasszizmusnak nincs genetikai alapja.

Specifikus kérdések megválaszolására ad lehetőséget a sejtekben több száz vagy ezer példányban is előforduló sejtrészecske, a mitokondrium 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 ilyen vizsgálatokra a mitokondrium egy olyan szakaszát használják, amelyen nincs semmiféle gén, tehát genetikailag közömbös. Az ezen a szakaszon bekövetkező mutációk (öröklődő DNS szerkezeti változások) gyorsan rögzülhetnek a populációban, hiszen erre a régióra evolúciós, szelekciós nyomás nem nehezedik. Megállapították, hogy ezen a szakaszon kb. minden tízezredik évben rögzül egy mutáció, ezért ez használható molekuláris evolúciós óráként is. A Föld különböző földrajzi régióiban élő egyénektől származó mitokondriális DNS (mtDNS) egyetlen anyai főághoz vezethető vissza. Ha a mitokondriális időszámítást is figyelembe vesszük, ennek a közös mitokondriális ősnak a létezése 150–170 000 évvel ezelőttre tehető. Ez a közös ős a „mitokondriális Éva” nevet kapta.

A mtDNS a legnagyobb változatosságot Afrikában mutatja, ami azt bizonyítja, hogy ez a legrégebbi populáció, míg a legkevesebb változatosság a legfiatalabb, az európai népcsoportnál található. Ezzel genetikailag is alátámasztást nyert az antropológiai és régészeti leletek alapján történt feltételezés, mely szerint Afrika a mai ember eredetének színhelye.

Az eddig végzett mtDNS-t felhasználó vizsgálatból az is kiderült, hogy egy adott népcsoportban számos mitokondriális típus előfordul. Ezeknek a genetikai átfedéseknek az az oka, hogy az emberek vándorlásával az adott régiótól eltérő genetikai csoportok is bekerülhettek, és ezek a történelem során ott el is szaporodhattak. Egyes esetekben, különösen a földrajzilag elzárt populációkban azonban csak egy bizonyos származási ághoz tartozó egyének vannak többségben.

Az Y kromoszóma az apai vonalon generációról generációra, viszonylag változatlan formában öröklődik valamennyi fiú utódba. Megőrzi a szerkezeti jellegzetességeket a prehistorikus idők óta. Jelentős részén csak mutációval jöhet létre változás, ezen a DNS-szakaszon nem keveredik az anyai és az apai információ. Populációk apai ági leszármazási vonalát tehát ennek, a megtermékenyítés után anyai eredetű DNS-sel nem keveredő szakaszának a vizsgálatával követhetjük nyomon. Az Y-kromoszómális bélyegek is használhatók molekuláris óráként. Minden egyes mutáció

egy közös őshöz vezet, és a populációk apai öröklődési vonalai hasonlóan a mitokondriális szakaszoknál leírtakhoz visszavezethetők az alapító apákhoz, illetve egyetlen férfiúhoz, az afrikai „Ádámhoz”.

Mind az anyai, mind az apai öröklődési vonal vizsgálata azonban csak részleges információkkal szolgál az adott népcsoportok genetikai mintázatára, betegséghajlámára, rokonsági viszonyaira. A teljes kép megértéséhez ezek mellett a sejtmagi genetikai jellegzetességeket is meg kell határozni.

Régmúlt korok eseményei, a régi és mai populációk rokonsági viszonyai megértésének, a régi populációk mozgása meghatározásának módszere lehet a régi és a mai populációk anyai és apai ági genetikai jellegzetességeinek összevetése.

Szerencsére őseink nemcsak építészeti, művészeti emlékeket és a múzeumokban látható egyéb tárgyakat hagytak ránk, hanem génjeiket is, mégpedig nemcsak örökített formában, hanem ténylegesen, az ásatásokkal feltárt csontokból kinyerhető DNS anyagi valóságában. Az emberiség eredetének, rokonsági viszonyainak megismerésére irányuló tudományos megközelítésben mikor szükséges feltétlenül – a ma élő populációk vizsgálatánál jóval bonyolultabban kivitelezhető – régészeti leletek vizsgálata? Olyan esetekben, amikor a modern populáció vizsgálata nem adhat reális eredményt, mert a vizsgált csoport a letelepedése óta eltelt idő alatt genetikailag keveredhetett más népcsoporttal (népcsoportokkal). Ezért alkalmazható a régészeti genetikai a magyar etnogenezis kutatásában is.

A legkülönbözőbb európai, ázsiai, amerikai és afrikai népeknél folynak történeti genetikai vizsgálatok. Így kézenfekvő volt, hogy saját népünk történetének, 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 őriz nevében információt az oda letelepedett népcsoportokról). Ismereteinket saját genetikai összetételünkről tehát teljesebbé teheti a honfoglalás kori leletek vizsgálata, illetve a népcsoportok anyai ági leszármazási vonalát meghatározó mitokondriális és apai ági leszármazási vonalat megadó Y-kromoszómális DNS-analízise és azok összehasonlítása a ma élő magyar népesség adataival.

A 10–11. századi temetőkből származó csontok molekuláris genetikai feldolgozásával azokra a kérdésekre kívántunk választ kapni, hogy mennyire volt genetikailag egységes a honfoglaló magyarság hazánk területére érkezésekor, és milyen arányban tartalmazott ázsiai, illetve európai típusú genetikai elemeket.

Ahhoz, hogy ezekre a kérdésekre választ kapjunk, régészetiileg jellemzett, bizonyíthatóan a honfoglalás korából származó csontanyagra volt szükségünk, amelyből DNS-t vonhattunk ki, és következtetéseket tehattunk a mitokondriális és Y-kromoszómális jellegzetességekre. Vizsgálatainkba ma élő magyar és a Korond környékén élő székely 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. Vizsgálatainkkal megállapíthattuk, hogy a gazdag leletanyagú sírok csontleletei olyan mitokondriális csoportokba tartoztak, amelyek legnagyobb gyakorisággal Ázsiában találhatóak. Az összes ilyen csontlelet összesen 23 százalékban ázsiai típusú mitokondriális csoportokhoz tartozott. A köznépi temetők, valamint a ma élő magyar és székely emberek mintái azonban csak mintegy 5 százalékban hordoztak ázsiai eredetű anyai vonalakat. Ha az egyedi leletek mitokondriális DNS építőkövei sorrendjét statisztikai analízisnek vetettük alá, és egyenként összehasonlítottuk több mint 7000, Eurázsia különböző területein élő népcsoportok tagjaival, akkor azt talál-

tuk, 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 legközelebb. A gazdag leletanyagú honfoglalás kori 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, úgynevezett klasszikus honfoglaló sírok mintái és a moldvai csángók mintái, a ma élő magyarok és székelyek mintái és a gyimesi csángók mintái között található.

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 DNS-t kinyerni, azt megállapíthattuk, hogy a minták egy része egy olyan Y kromoszómás bélyeget hordoz, amely csak azon ma élő uráli népek férfi lakosságánál 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 (mi több mint 200 férfi mintából csak egyetlenegy székelynél találtuk meg).

Az anyai ági és az apai ági genetikai vizsgálatokból azt a következtetést vonhatuk 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. Ezek előfordulása a ma élő magyar és székely népcsoportban, valamint a honfoglalás kori köznépi temetők leletanyagában csak igen kis százalékban fordul elő. Ez azt mutatja, hogy a honfoglalók ázsiai eredetű genetikai mintázata a Kárpát-medencében a honfoglalás-kor itt élő, főleg európai eredetű népekkel keveredve felhígult, és a mai magyarság genetikai értelemben már nem különbözik a környező európai populációktól.

A honfoglalás a mai magyarság genetikai képének alakításában tehát genetikai értelemben csak egy kis epizód volt, az ún. 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 honfoglalást megelőző és követő korok leletanyagának vizsgálata szolgáltatathat további adatokat.