

Dr. Béres Judit

## INDOEURÓPAI NYELVCSALÁD

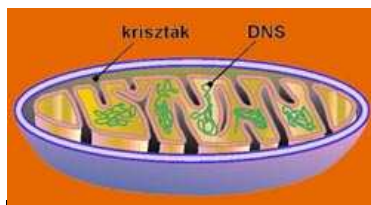
### NÉPESSÉGÜNK GENETIKAI ROKONSÁGA

Minden népnek megvannak a maga eredetmítoszai, de ahhoz, hogy a mítoszok valóságos leszármazási történeté váljanak, azaz, hogy e kérdésekre hiteles választ adhassunk, történészek, régészek, nyelvészek, antropológusok és genetikusok kutatásainak eredményeit kell összehasonlítani és egységes elméletbe foglalni.

Az ÉT 2001 évi 2. számában a Férfiak európai útjai című cikkben szó esik magyar népesség-genetikai adatokról is. Igaz, egyelőre csak egyetlen hazai népcsoporttól, 45 személytől származó Y-kromoszóma polimorfizmus vizsgálatának eredményeit illesztették az összeurópai mintába. A írás az európai férfi népesség 95 százalékát igen merészen mindössze tíz főre vezeti vissza: a paleolitikum idején két férfi leszármazottjainak mondható népcsoportok telepedtek le Európában, s Európa többi férfi lakosának őse a neolitikum idején élt nyolc férfi.

### Populációgenetikai markerek

Genetikai rokonságunk értékelése hitelesebb, ha együtt tudjuk vizsgálni a hazai etnikumok klasszikus genetikai markereit, mitokondriális-DNS-ét, valamint Y-kromoszóma polimorfizmusát.



Egy mitokondrium sematikus hosszszelvényi képe a benne levő DNS-sel

A klasszikus és a molekuláris populációgenetikai markerek elemzése után érdemes összehasonlítani népességünket a finnugor és indoeurópai népesség populációival.



A vizsgálatba bevont népségek területi elosztása

1 finnek 2 saamik 3 karéliaiak 4 csángók és magyarok 5 marik 6 meksák és erzák 7 mansik és hantik 8 jakutok  
9 korjások 10 mandzsúk 11 mongolok 12 litvánok 13 hollandok 14 inuitok 15 pigmeusok

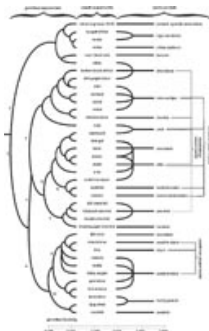
A klasszikus népesség-genetikai adatok a 90-es évekig végzett vércsoport- és szérumfehérje-vizsgálatokon és az izoenzim- polimorfizmus\* elemzésén alapulnak. Ezek azért alkalmasak népességgenetikai és ökogenetikai\* kutatásokra, mert a gének előfordulási gyakorisága alapján népségek genetikai távolságát tudjuk kiszámítani. A genetikai távolság mérése a géngyakoriság értékeire épül. Ebből pedig arra következtethetünk, hogy az egyes népségek milyen fokú genetikai rokonságban vannak egymással.

A genetikai sokféleségnek (genetikai polimorfizmusnak) a gyakori heterozigótaság\* az alapja. Az emberek összes génhelyre (lókusokra) számított heterozigótaságának átlagos értéke hozzávetőleg 10 százalék. Valamely belső jelleg, például vércsoport, szérumfehérjék, izoenzimok esetében akkor beszélünk polimorfizmusról, ha a heterozigóták aránya az érintett tulajdonságra nézve meghaladja az 1 százalékot. Az ideális az lenne, ha sok olyan markert ismernénk, amelyek specifikusan jellemzőek valamely rasszra, alrasszra vagy etnikumra. Ilyen például a Duffy-vércsoport Fy0 génje, amely kizárólag az afrikai nagygrasszban fordul elő, vagy a Diego-vérfaktor Di0 alléljének nagy gyakorisága a keleti nagygrasszban. Minthogy ilyen marker kevés van, inkább csak az eltérő géngyakoriságokból számított genetikai távolságból tudunk következtetni a leszármazási, illetve rokonsági kapcsolatokra.

## Hazai kutatások

Német-magyar akadémiai együttműködés keretében 1984 és 1989 között kilenc hazai etnikum (kiskun, nagykun, matyó, palóc, bukovinai székely, csángó, jász, cigány, askenázi zsidó) tizenkét populációjában csaknem kétezer klasszikus genetikai markerét elemeztük. Az ökogenetikai markerek közül az alkoholérzékenységgel kapcsolatos alkoholdehidrogenáz polimorfizmust, a tejcukor-érzékenységgel összefüggő laktáz-polimorfizmus-vizsgálatokat érdemes kiemelni. A népcsoportok származására eltérő biológiai sajátágaikból, sőt, eltérő betegségspektrumukból is következtethetünk. A hazai etnikumok génfrekvencia értékeit egymással is összehasonlítottuk, és genetikai távolságot számítottunk olyan referencia-népségekkel, amelyekkel rokonságban állhatunk: például finnekkal, szlávokkal, németekkel, irániakkal, törökökkel, továbbá a keleti nagygrassz populációival, valamint rokonsági szempontból szóba sem jövő népséggel, például a spanyolokkal.

## Romák, zsidók, palócok



1 afrikai 2 ázsiai 3 kaukázusi 4 északi eurázsiai 5 északkelet-eurázsiai 6 arktikus 7 amerikai 8 délkelet-ázsiai  
9 délkelet-ázsiai 10 csendes-óceáni

E kutatások főbb tanulságait így összegezhethetjük:

- A hazai cigányság észak-indiai származása egyértelmű. Két hazai cigány populációt vizsgáltunk, az egyiket a Baranya megyei Alsószentmártonban, a másikat Nyíregyházán, és a két minta génfrekvenciáját, genetikai távolságát, valamint homozigóta indexét eltérőnek találtunk. Ez arra utal, hogy a baranyai beás cigányok és a szabolcsi oláh

- cigányok között genetikai különbség lehet, amely az örökletes betegségek eltérő gyakoriságában is megnyilvánul.
- A felnőttkori laktóz-intolerancia vizsgálatainkból kiderült, hogy a hazai roma lakosság 55,8 százaléka nem tudja megemészteni a laktózt, vagyis a tejcukrot, míg a nem roma lakosság 36,6 százaléka képtelen erre. Más indiai eredetű népegekben a hazai romákéhoz hasonlóan nagy arányú a tejcukoremésztés zavara. A cigányság körében gyakoribb a veleszületett zöldhályog, a szürkehályog, a veleszületett policisztás vese domináns formája, illetve az izom-idegrendszeret érintő több genetikai betegség és a dongaláb.
  - A hazai askenázi zsidók génfrekvencia-értékei illeszkednek a világ különböző területein élő askenázi zsidók hasonló értékeihez. Körükben gyakoribbak a zsírsavcsere és az idegrendszeri rendellenességeket érintő genetikai betegségek (például a Tay-Sachs-kór) vagy a vastagbélpolip. Néhány más betegség (például tüdőbetegség, alkoholizmus) ritkábban fordul elő.
  - A jászok perzsa-iráni eredetét egyértelműen kimutatták genetikai vizsgálataink, s ezt a történészek, az antropológusok és nyelvészek is megerősítik. - A matyók és a palócok, jóllehet külön etnikumként tartjuk számon őket, genetikailag egységes népcsoportként határozhatók meg, amelyek a szlávokhoz állnak közel.
  - A kiskunok és a nagykunok között nagyobb a genetikai távolság, mint ezt korábban feltételezték. Ők a mai török populációktól kisebb genetikai távolságban vannak, mint más etnikumok.

## Ősmagyarokat az Őrségben?

A bukovinai székelyek és a moldvai magyarság genetikai vizsgálatára Romániában nem adódott lehetőség, a betelepült székelyeket Érden és Zombán vizsgáltuk. A csángókról a baranyai Egyházasközponton készítettünk családfafelvételeket, és ott vettünk vérmintákat is. A csángók azért különösen érdekesek számunkra, mert ok vannak a legnagyobb genetikai távolságban a többi vizsgált népcsoporttól, egyben a legközelebb a referenciacsoportként választott finnekhez. (Ezért később mitokondriális-DNS- és Y-kromoszóma-polimorfizmusvizsgálatainkat is ebből az etnikumból végeztük.) Az eredményekből arra következtettünk, hogy esetükben számolni kell a genetikai sodródás és migráció okozta hatásokkal.

Két hazai referencia-népeget is vizsgáltunk. Az őrségi magyarokat azért, mert az antropológusok, az etnográfusok, a történészek és a nyelvészek egybehangzóan autochton\* népegeknek tekintik őket. (Az Őrségben élőket a köznyelv leginkább ősmagyar népegeként ismeri.) A másik végletként a „kevert magyar lakosság”-ot reprezentáló populációt vizsgáltuk, erre a „budapesti kevert minta” bizonyult legalkalmasabbnak. Ez utóbbit szláv és német populációkhoz közelinek találtuk, ami a németekkel és szlávokkal való keveredésünket jelzi. Az őrségi minta azonban nem bizonyult reprezentatívnak, mert az ott lakók a vendekhez, a délszláv népcsoportokhoz állnak közel, tehát nem mondhatjuk, hogy az ősmagyarokat az Őrségben kell keresnünk.

A hazai etnikumok származásvizsgálata azt is mutatja, hogy nem helyes általánosságban beszélni a magyarság genetikájáról, eredetéről, hiszen hazánkban több eltérő származású etnikum és nagy arányban szláv és a német populációkkal rokonságot mutató kevert magyar népegek él.

## Eltemetett rokonság

A közelmúltban az SZBK Genetikai Intézetében elvégezték XIII-XIV. századból származó tíz darab - négy magyarországi ásatásból származó - csontmaradvány genetikai vizsgálatát. (Ezek eredményeiről egy későbbi számunkban részletesebben írunk - A szerk.) A temetőkből előkerült csontleletek archaikus mitokondriális- DNS-ét, az úgynevezett D-hurok két (egy 238 és egy 266 bázispárból álló) töredékét vizsgálták. Tíz, antropológiailag kun népcsoportba sorolt, körülbelül 700 éves emberi csontmaradvány mitokondriális-DNS eredményeit hasonlították össze Árpád-kori temetőkből származó csontmaradványokéval. E vizsgálatok fő érdeme, hogy új módszerekkel vizsgálták a fosszilis genetikai minta mitokondriális- DNS-ét, illetve Y-kromoszómapolimorfizmusát.

## Nyelv és genetikai családfa-kutatás

Finn-magyar kormányközi együttműködés keretében 1994 és 1997 között tizenhat ma élő eurázsiai etnikai csoportban végeztünk mitokondriális- DNS (mtDNS) és Y-kromoszóma polimorfizmus vizsgálatokat. A finnugor nyelvcsalád populációiban a mordvinok közül az erzákat, a moksákat, továbbá az obi-ogurok közül a hantikát és manysikat, valamint észteket, inári és skolt lappokat, marikat és karéliákat vizsgáltunk. A hazai etnikumok, illetve populációk közül hazánkban és Romániában élő moldvai magyarok, bukovinai székelyek és a már említett kevert magyar népesség mtDNS és Y-kromoszóma polimorfizmusát elemeztük.

Olasz és török-magyar kormányközi együttműködés keretében palóc és kiskun csoportokat, valamint kevert magyar mintákat elemeztünk. Az altáji nyelven beszélők közül jakutokat és mongóliaiakat, a csukcs-kamcsatkai nyelven beszélő korjákat vontunk be a vizsgálatainkba és hasonlítottuk össze az indoeurópai nyelvet beszélőkkel (például lettekkel, hollandokkal).

Az említett népességcsoportokban végzett vizsgálatokból az derült ki, hogy a korábbi feltevésektől eltérően nem állunk genetikai rokonságban a finnekkel. A mitokondriális-DNS vizsgálataink során a vizsgált populációk minden egyénének gyűrű alakú DNS-éből a nem kódoló, úgynevezett hipervariábilis régió két szakaszát (az egyikben 360, a másikban 389 bázispárt) elemeztük. A bázissorrend mind egyénenként, mind populációnként eltér, s ennek alapján az emberek csoportokba rendezhetők. Ezzel az a célunk, hogy megkeressük az „Európa-specifikus” vagy „Ázsia-specifikus” szekvenciákat. Elemeztük az úgynevezett intergénikus 9-bp deléciót, ennek megléte vagy hiánya szintén perdöntő származási szempontból. Az ázsiai eredetű 9-bp teljesen hiányzott hazai populációinkból. Az ázsiai M haplocsoport jelen volt a finnekben, az erzákban és a lappokban, de egyetlen elemzett magyar egyénben sem.

Az apai öröklődésű Y-kromoszóma variabilitás megállapításához nyolc különféle markert vizsgáltunk. Az egyik (az úgynevezett YAP-inszerció) a csángókban a leggyakoribb (37,5 százalék), aránylag sok a budapesti kevert mintában (17,5 százalék), igen alacsony a karéliei és lett mintában, és egyáltalán nincs meg a többi eurázsiai populációban, beleértve a finneket és lappokat is. Egy másik marker (a Tat polimorfizmus C allélje) 8-63 százalék közötti gyakorisággal van jelen a finnugor populációkban, bennünk, magyarokban viszont egyáltalán nem található meg. Ez szintén azt támasztja alá, hogy a finnekkel nem vagyunk genetikai rokonságban.

A klasszikus genetikai markerek, valamint az anyai öröklődésű mitokondriális- DNS és az apai öröklődésű Y kromoszóma- polimorfizmus összehasonlító vizsgálatok eredményei alapján kimondhatjuk, hogy mi magyarok a finnekkel együtt az indoeurópai nyelvcsaládba tartozó népességekkel vagyunk közeli rokonságban, de egymással nem. Az eddigi vizsgálatok azt mutatják, hogy a magyarok bejövételével alig változott a térség génállománya.

**DR. BÉRES JUDIT**

# KISLEXIKON

**Autochton népesség:** több generáción át egy adott helyhez kötött népesség/etnikum. Az ~ekben négy nagyszülő közül legalább három - esetleg mind a négy - az adott etnikumhoz tartozik.

**Heterozigóták:** az egyes kromoszómák azonos lókuszaiban (génhelyein) eltérő tulajdonságot meghatározó gént hordozó egyének.

**Izoenzim-polimorfizmus:** Ugyanazt a kémiai folyamatot katalizáló enzimnek több lehetséges formáját nevezzük izoenzimnek. Az izoenzimek és más belső jelek - például vércsoportok, vérsavófehérjék - esetében akkor beszélünk polimorfizmusról, ha a heterozigóták aránya meghaladja az 1 százalékot.

**Ökogenetika:** az ökológia és a genetika határtudománya. Azt vizsgálja, hogy ugyanazon környezeti hatásokra az egyének milyen eltérő módokon reagálnak. Például a sok dohányosnak miért csak a harmada kap tüdőrákot, az italozóknak miért „csak” 15 százaléka válik alkoholfüggővé, illetve hogy bizonyos gyógyszerek miért okozhatnak némelyeknek súlyos mellékhatást.