

Az uráli nyelvcsalád népességének genetikája a mitokondriális DNS vizsgálatok alapján

Gáspár Róbert¹, Mészáros Anita²

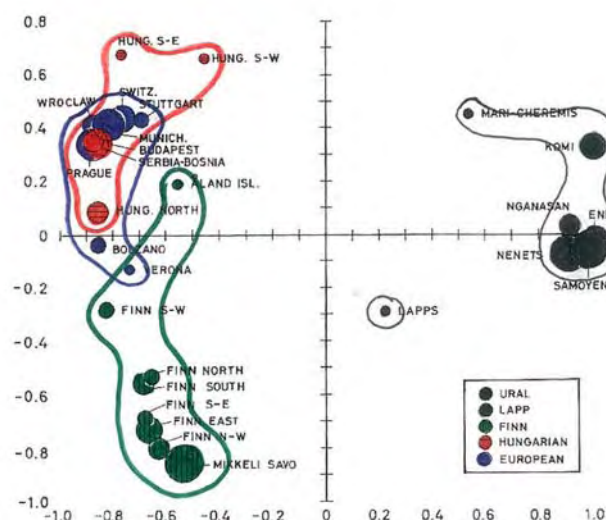
¹Zürichi Magyar Történelmi Egyesület, ²PTE ÁOK Orvosi Népegészségtani Intézet

Bevezetés

Immár bő tíz esztendeje annak, hogy elindultak azok a népesség-genetikai vizsgálatok, melyeknek célja az volt, hogy feltérképezzék a finnugor nyelvcsaládba tartozó populációk genetikai bélyegeit. A tanulmány ezen vizsgálatok eredményeképpen publikált tudományos közleményeket próbálja meg röviden összefoglalni. Az áttekintés során választ keresünk azokra a kérdésekre is, hogy milyen sajátosságok jellemzőek a különböző finnugor népeiségekre, illetve hogy az azonos nyelvcsaládba tartozó populációk között vajon a meglévő a nyelvi rokonság mellett genetikai kapcsolatok is megfigyelhetők-e.

Uráli gének Európában

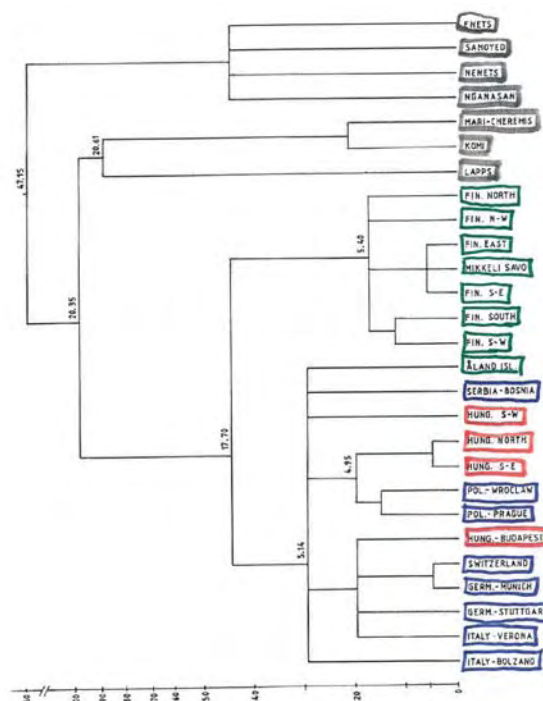
Az 1990-ben olasz genetikusok által publikált klasszikus genetikai markereken alapuló tudományos vizsgálat arra kereste a választ, hogy vajon milyen arányban van jelen az uráli populációk genetikai állománya a finnek, lappok és magyarok körében (Guglielmino és m.társai 1990.). A főkomponens elemzés alapján elkülöníthető egymástól egy uráli, egy lapp illetve egy európai-magyar klaszter (1. ábra).



1. ábra Főkomponens elemzés (PCA) a klasszikus genetikai markerek alapján (Guglielmino és m.társai 1990.)

A lappok közbenső helyet foglalnak el az első tengely két szélső tömbje között. Megfigyelhető az is, hogy a nganaszánok, szamojédek, nyenyecék és enyecék egy kompakt csoportot alkotnak, a marik és komik pedig ezen csoport közvetlen közelében helyezkednek el. A második tengely a magyar-európai csoportot választja el a finnektől. A különböző népeiségek elhelyezkedése az első tengelyen megfeleltethető az uráli gének kelet-nyugat irányú (földrajzi szélesség mentén történő) arányváltozásának. Ez alapján következtettek a szakemberek ezen gének lapp, finn és magyar mintákban meglévő nagyságára.

Leolvasható, hogy az utóbbi kettő áll legközelebb az európaihoz.



2. ábra A vizsgált népeiségek fa ábrázoláson bemutattva (Guglielmino és m.társai 1990.)

A faábrázoláson (2. ábra) feltüntetve a mintában szereplő populációkat hasonló következtetéseket olvashatunk le. Az első csoportot a keleti, uráli populációk alkotják. A másodikat az ehhez közeli, de már köztes helyet elfoglaló mari, komi és lapp népeiségek. A további klaszterezés elkülöníti egymástól a finneket és nem finneket. A magyar minta pedig az európaiak között szétszórva található. A földrajzi tényezőkhöz és nyelvi megállapításokhoz kapcsolható eredményt hozott tehát a vizsgálat, bár a magyarok túlságosan távol estek az uráli csoporttól.

A közlemény szerint az uráli gének aránya a magyarokban 13,3%, a finnekben 10,1% a lappokban 47,5 %. A közlemény hiányossága ugyanakkor, hogy nem vizsgálta a többi európai populációban ezen markerek arányát, hiszen

akkor lehetett volna ezeket az adatokat igazi kontextusban vizsgálni.

Az összefoglalóban ezen vizsgálat megismétlésére teszünk kísérletet, de már a mitokondriális DNS (továbbiakban: MtDNS) eredmények alapján.

Finnek

A korábbi átfogó populációgenetikai vizsgálatok (Torroni és m.társai 1996.) megállapították, hogy az európai népeiségek MtDNS nyalábai 99%-ban 10 haplocsoportba sorolhatók be, melyek a leggyakoribbak a kontinensen (H,I,J,K,M,T,U,V,W és X). Ezek közül H, I, J, K, T és W kontinens specifikus nyaláboknak tekinthetők, mivel alapvetően az európai populációkra jellemzőek, és azok őseinek az afrikaiak és ázsiaiak őseitől való elválást követően alakultak ki. A kontinensen szintén gyakori U típus Afrikában is előfordul, ezért feltehető hogy ott alakult ki, a későbbiekben pedig Közép-keleten keresztül terjedt el az északi régiókba.

A finn minták 99%-a is visszavezethető erre a 10 haplocsoportra. A H a leggyakoribb Európában (~41%) ahogy a finnek esetében is (3. ábra).

A korábbi klasszikus genetikai eredmények alapján a finneket „kivülállóknak” tekintették, amit a speciális betegségtípusaik is megerősítettek. A MtDNS adatok azonban nem támogatták ezeket a következtetéseket: a két leggyakoribb nyaláb, a H és U, 44-16% között mozog közöttük. Az ázsiai típusok közül kis mértékben jelen van az M, és egyes vizsgálatokban a Z is. Ami eltérés észlelhető a többi európai népességhez képest, az abban jelentkezik, hogy az U haplocsoport 92%-a az U5 altípusba tartozik, ami elsősorban Észak-Európára jellemző, mint a későbbiekben látni fogjuk majd (Meinilä és m.társai 2001.).

A 2000-ben publikált, magyarokat másik három finnugor nyelvű népességgel összehasonlító tanulmány (Lahermo és m.társai 2000.) a finnek HVS-I szekvencia változatosságát is megvizsgálta (4. ábra). Ezek alapján a finn népesség 56%-a hordoz azonos szekvenciákat. A legmagasabb a skolt-lappoknál volt (92%), a legalacsonyabb a törököknél (17%). Az alacsony mutató utal az izolációra és belterjesség mértékére. A finnek tehát köztes helyet foglalnak el e tekintetben a vizsgált népeiségek között.

	KUN	FIN	CSA	HUN	SKO	ERZ	TOS	BUL	TUR	AUS
A										
IKUNG	60	0	0	0	0	0	0	0	0	0
FINNS		56	3	7	2	3	2	1	2	8
CSANGÓS			75	12	1	4	4	4	1	5
M. HUNGARIANS				30	1	8	5	6	1	9
SKOLTS					92	1	0	0	0	1
ERZAS						55	4	4	2	6
TOSCANANS							23	3	4	4
BULGARIANS								47	1	5
TURKS									17	3
AUSTRIANS										46

1. ábra MtDNS szekvencia változatosság (HVI-I)
Az átló a %-os arányt mutatja a közös szekvenciák tekintetében a populáción belül, a többi adat a közös szekvenciák számát a populációk között (Lahermo és m.társai 2000.)

	finn (L)	finn (S)	finn (Sa)
A	-	-	-
B	-	-	-
C	-	-	-
D	-	-	-
F	-	-	-
G	-	-	-
H	42	40,8	43,9
HV	-	-	-
I	1	2	4,1
J	8	14,3	5,7
K	3	4,1	2,4
M	3	2	0,8
N1a	-	-	-
N1b	-	-	-
N9	-	-	-
R	-	-	-
T	5	6,1	7,3
T1	-	-	-
U	22	16,3	22,8
pre-V	-	-	-
V	4	4,1	7,3
W	6	4,1	0
X	4	4,1	0
Y	-	-	-
Z	-	-	-
egyéb	4	2	5,7

2. ábra Haplocsoport megoszlások a finnek között (L-Lahermo és m.társai 2000., T-Torroni és m.társai 1996., Sa-Sajantila és m.társai 1995.)

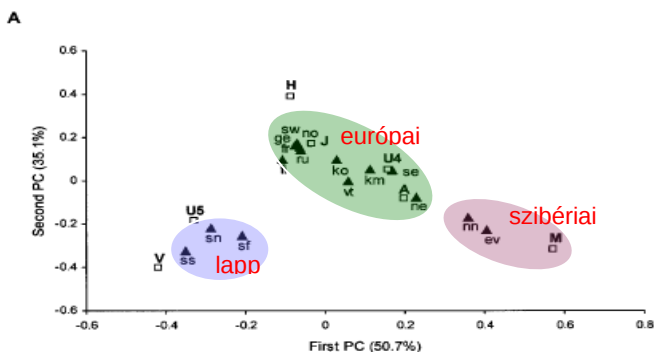
Lappok

A klasszikus genetikai vizsgálatok szerint a lappok erősen elkülönülnek az európai populációktól. A genetikai távolságuk nagyobb a többi európai népességtől, mint azok egymás közötti értékei (Cavalli-Sforza és m.társai 1994). Ezen elemzések egy erősebb europid-mongolid keveredéssel magyarázták az eredményeket. A finnek és lappok szoros nyelvi kapcsolatait, ugyanakkor biológiai jellegeikben fellelhető ellentmondásosságot egyesek azzal magyarázták korábban, hogy a finnek nyelvcserevel jutottak mai nyelvükhöz.

A legújabb MtDNS vizsgálatok azonban egyértelműen kimutatták a lapp génállomány európai jellegét. Mégis mi lehet az oka markáns elkülönülésüknek a többi populációktól?

A magyarázat abban keresendő, hogy kevés, de nagy gyakoriságú haplocsoportokat hordoznak: génállományok 98%-át teszi ki a V, U5b, H, Z és D5 nyaláb. Ezen belül az V és U5b 89%-ot jelent! Az U5b jelenléte Európában itt a legmagasabb. Ázsiai típusok is kimutathatók: D és Z5 főleg a finn lappokban található magas a gyakorisággal. (Tambets és m.társai 2004.)

A főkomponens analízis szerint a lapp csoport távol esik a szibériai és az európai mintáktól egyaránt, főleg a J, U4 és A haplocsoportok hiánya miatt (5. ábra).



3. ábra Főkomponens (PCA) elemzés a MtDNS adatok alapján (Tambets és m.társai 2004.)

Az U5b1b1 haplotípus alacsony gyakorisággal, de egész Európában kimutatható, Ázsiában hiányzik. Az ebből levezethető sajátos lappokban előforduló mintázatot a MtDNS 16148-as nukleotid pozíciójában bekövetkezett mutáció definiálja. Becsült életkora ~4300 év. A finnekben 6,7%-os gyakorisággal mutatták ki jelenlétét (6. ábra).

A szintén finnugor nyelvcsaládba tartozó szamojédok, manysik, és az altáji nyelvcsaládhoz tartozó szibériai népesekben hiányzik a V és az U5b1b1 nyaláb, ami mint láttuk domináns a lappokban.

A kelet-eurázsiai variációk ugyanakkor korlátozott gyakoriságot mutatnak. A lappok ebben nem különböznek markánsan a finn nyelvű karéloktól, mariktól, komiktól, udmurtoktól, akik hasonló gyakorisággal hordozzák a D és Z5 haplocsoportokat. A D5 Kínában gyakori, illetve a mongolokban és bizonyos szibériai népesekben fordul még elő. A lapp D5 típus jelen van még a karél, észt, észak-orosz és komi mintákban is, de hiányzik a szamojédoknál. Ez bizonyítékul szolgálhat arra, hogy nincs jelentős génáramlás Szibériából anyai leszármazási vonalon. A Z az észak-kelet ázsiai népek körében fordul elő (itelenen, korjak), illetve a szibériai altáji nyelvűek között. Hiányzik a szibériai uráli nyelvcsalád népességéből, ugyanakkor magas a volgai finn populációban! Mindent összevetve valószínűsíthető, hogy egy újabb keletű génáramlás eredményeképp van jelen a lappokban. A szamojédoknál gyakori C haplocsoport jelen van a Volga-Urál régióban, de hiányzik a vizsgált lappoknál: ezen adat is a szamojédok (szibériai népesek) irányából történő jelentősebb génáramlást kérdőjelezi meg.

Összefoglalva; a kevés számú haplocsoport genetikai sodródás, palacknyak-hatás eredménye (izoláció, népességszám csökkenés). Lehetséges magyarázat, hogy a proto-lappok csak pár alap MtDNS haplotípust hordoztak, melyek az izoláció hatására rögzültek.

A V haplocsoport közép-kelet Európán keresztül érte el fennoskandiát. Az U5b1b1 nyugat vagy dél európai eredetű és valószínűleg szintén keletről érte el észak Skandináviát. Lehetséges, hogy az európai finnugor nyelvű népesek szétválása előtt keletkezett. A magyarokban 0,9%-ban, a honfoglalókban nem mutatható ki. A H1 a nyugati oldalról recens génáramlás eredményeképp érte el a lappokat. A Z1 és D a dél-Urálon keresztül, a Volga-Urál régiót érintve jutott el Skandináviába, de nem érintette az obi-ugorokat, nyenyeceteket. Talán a korai holocén időszakban azon ázsiai törzsek maradványa ez a pár kiválasztott ázsiai nyaláb, akik a Káma kultúra kialakulásában is szerepet kaptak.

Észtek

Richard Villems és munkatársainak 1998-ban publikált, a finnugor nyelvű népesek anyai leszármazásait elemző dolgozatában szerepelt egy 120 fős észt minta is. Az európai mintákhoz hasonlóan az észt anyai leszármazások is nagyon változatosak. 100 mintából 61 különböző haplotípust tudtak kimutatni (Willems és m.társai 1998.). Az észt haplocsoport megoszlások is tipikus európai mintázatot mutatnak ázsiai típusok nélkül.

Karélok

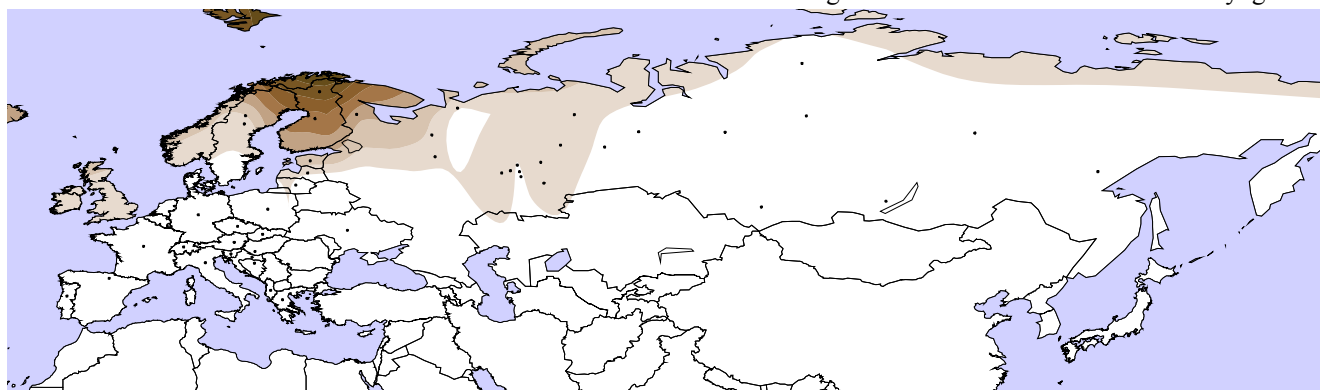
A karél minta hasonló a többi balti finn népesség genetikai állományához, magas U és H értékekkel és jelentősebb ázsiai hatás nélkül. Érdekesség, hogy a finnekkel megközelítőleg azonos gyakorisággal (~6%) hordozzák a lapp mintát, ami a velük való keveredésre utal.

Marik, mordvinok, komik, udmurtok

Összesen 979 minta alapján történt a Volga-Urál régió népességének (köztük három török nyelvű) MtDNS vizsgálata. (Bremisheva és m.társai 2002.)

A nyalábok 80%-a európai haplocsoportokba sorolható (H,I,J,T,U,W, és V). Ezek nagy része a felső paleolitikum európai génállományából származtathatók le. (7. ábra)

A leginkább általános haplocsoport itt is H nyaláb. A maximum értéket (42%) a mordvin illetve a mari (40%) mintákban éri el. Az előzőben a legnagyobb a típus változatossága. Mint korábban szó volt róla nyugat- és



4. ábra Génfrekvencia térkép az U5b1b1 haplotípus (lapp motívum) eurázsiai megoszlásáról

	baskír	tatár	csuvas	mordvin	komi-permják	komi-zürjén	mari	udmurt
H	12	31	27	42	32	34	40	22
pV, V	3	4	7	5	-	-	11	-
pHV, HV	-	1	-	1	-	-	1	-
U	29	29	44	26	18	37	26	25
K	1	6	7	-	1	2	2	-
U*	-	2	2	2	1	-	-	2
U1	-	1	-	-	-	-	-	-
U2	-	1	-	7	-	-	-	10
U3	-	2	2	-	-	-	-	-
U4	13	7	16	2	9	24	10	4
U5	14	11	15	16	5	10	14	9
U8	-	-	2	-	-	2	-	-
J	3	7	5	8	4	10	7	2
T	5	9	4	8	14	13	5	24
T1	4	3	4	2	7	3	1	15
I	1	1	2	6	3	-	1	-
W	-	2	-	-	-	2	-	-
N1a	4	-	2	-	9	-	-	-
N1b	-	2	-	-	-	-	-	-
R	-	-	-	1	3	-	-	7
M	28	9	7	3	16	3	6	20
M*	1	2	2	-	-	-	1	-
C	12	2	2	2	8	-	1	3
Z	1	-	0	-	-	2	3	5
D	9	3	4	1	5	-	1	12
G	5	2	-	-	3	2	-	-
N9	1	1	-	-	-	-	-	-
Y	-	-	-	-	-	-	-	-
F	6	-	-	-	-	-	-	-
B	1	-	-	-	-	-	-	-
A	4	3	2	-	1	2	1	1

5. ábra Haplocsoport megoszlás a Volga-Urál régióban (Bremisheva és m.társai 2002.)

észak-Európában 40-50%, dél-nyugat Európában 20-40%, de még közép-Ázsiában és Indiában is eléri a helyenként 20%-os gyakoriságot. A baskírokban a legalacsonyabb a vizsgált régióban.

A dél-nyugat európai eredetű, megközelítőleg 16 000 éves V nyaláb a jégkorszak után terjedt el a kontinensen. A marikban a legnagyobb gyakoriságú, de mivel csak egy fajta típusát tudták kimutatni bennük, ezért újabb keletűnek tételezhető fel a Volga-Urál környékén.

Az U haplocsoport a második leggyakoribb és egyben az egyik legrégebbi típus 45-50000 évesre becsült korával. Az U1-U5 alcsoportok csak Nyugat-Európában fordulnak elő. Az U2 európai ágával találkozunk a baskír, tatár, mordvin és udmurt mintákban. Az U3 ritka Európában és nem mutatható ki Ázsiában sem, de a Kaukázusban és Törökországban gyakori. A vizsgált népségek közül a tatárok és csuvasok között találták meg. A leggyakoribb típusok U makrocsoporton belül az U5 és U4 voltak. Az U5, mint láttuk korábban, a lappoknál ér el rendkívül magas frekvenciát sajátos típusával. A vizsgált térségben nem csak a finnugor mordvin és mari, hanem a baskír génállományban is kimutatható volt a speciális lapp minta. Az U4 elsősorban az észak-kelet európai populációkra

jellemző. A legmagasabb a komi-zürjén és baskír, a legalacsonyabb a mordvin és udmurt populációban. Részletesebb ismertetésére később még visszatérünk.

Érdekes jelenség figyelhető meg a T haplocsoporttal kapcsolatban. Bár ez inkább a török populációkra jellemző általánosságban, ebben a térségben mégis a finnugoroknál volt a legmagasabb: az udmurtokban 24%-ot tesz ki.

Az I észak-nyugat Európában gyakori, itt a mordvinoknál a legnagyobb arányú (6%). Hasonló variánsokkal találkozunk a baskír, tatár és csuvas mintákban is.

A keleti-eurázsiai A, B, Y, F, M, C, Z, D, G haplocsoportok változatos gyakorisággal fordulnak elő a vizsgált népségekben, de általánosságban elmondható, hogy kisebb az arányuk a finnugorok között, a legmagasabb a baskíroknál (42%), tatároknál (12%) és a csuvasoknál 9%.

A C elsősorban kelet-Szibériára jellemző, Európában 1% alatti az értéke, ennek ellenére az udmurtoknál 3%-ot, komi-permjákoknál 8%-ot, baskíroknál 12%-ot tesz ki.

A Z és D nyalábok 5 és 12%-ot képviselnek az udmurt génállományban. Az előző még megtalálható a mari, baskír, tatár, komi-zürjén népségekben, és mint láttuk korábban a lappokban is. Ez

marker a tunguz-mandzsú, észak-szibériai, mongol és közép-ázsiai török populációk sajátja. Az udmurtok ázsiai típusainak a fele a D klaszterbe tartozik, ez a mongoloknál 24%, szibériaiakban 13%, de ritka dél-kelet Ázsiában. Szintén előfordul a lappokban.

A B nyaláb baskírokban a legmagasabb, ez egy kapocs a burját, tuvai és altáji népcsoportokhoz. Az F-el és A-val egyetemben az M is a baskírokban a legmagasabb. Mindezen eredmények egybevágznak a történeti adatokkal és ismereteinkkel.

Összefoglalva láthatjuk, hogy a Volga-Urál régió népességének etnogenezisében már jelentős szerepet játszottak a szibériai és közép-ázsiai komponensek.

A legnagyobb gyakorisággal európai jellegű MtDNS a mordvinokban, marikban és komi-zürjénekben, a legtöbb az ázsiai nyaláb a baskírokban, udmurtokban, komi-permjákokban volt kimutatható. A finnugorok közül az udmurtokban a legmagasabb ezen utóbbi érték 21%-al, de mivel a különböző haplocsoportok haplotípusai alacsony változatosságról tanúskodnak, alapító hatásra vagy genetikai sodródásra kell gyanakodnunk. A genetikai változatosság magasabb a törökök között. Érdekes

jelenség, hogy inkább földrajzi, mint nyelvi határokat tudunk meghúzni a MtDNS eredmények alapján; azaz a szomszédos népesedések jobban hasonlítanak egymáshoz, mint távolabb élő nyelvrokonaikhoz, bár a részletekben a közös nyelvcsalád népeségeihez köthető elemek is sejthetők.

A különböző európai és ázsiai populációk haplocsoportjai nem keverednek egymással általánosságban, ha felvetítjük Eurázsia génfrekvencia térképét. Az átfedés nagyjából 5%-ra tehető. Egyedüli kivétel Közép-Ázsia egyes részei, ahol mindkét típuscsoport vegyesen fellelhető. Ezen korábbi felismeréseket támogatják az előbb elhangzottak is, hiszen jelentős számban találkoztunk mindkét csoporttal a Volga-Urál régióban Európa határvidékén. Azonban az Urál hegység felé közeledve fokozatosan növekednek a szibériai és közép-ázsiai típusok részarányai. Genetikai értelemben leegyszerűsítve „Ázsia” a baskíroknál kezdődik.

Magyarok

A haplocsoport változatosság tekintetében hasonló eredményekhez jutunk, mint a többi európai népesség esetében a finn Lahermo eredményei alapján (Lahermo és m.társai 2000., mintaszám: 78 budapesti+68 csángó) (8. ábra).

Ornella Semino közleményében (Semino és m.társai 2000., mintaszám: 22 budapesti+80 palóc) a magyar nyalábok 93,3%-a európai eredetű, 4,1% ismeretlen, illetve 2 egyén hordozott ázsiai haplocsoportokat (M és B), de ezek sem uráli hatásokról tanúskodnak feltétlenül. Érdekes, hogy a H haplocsoport a palócoknál 50,6% a budapestiekénél 33,3%. A másik leggyakoribb típus az U 17,3%-al. A palócok és a budapestiek eltérő részleteredményei miatt a palócok inkább közép-, észak-, északkelet-európai népesedésekhez közelítenek, míg a budapestiek dél-kelet európai jellegűek.

A csángók 75%-a hordoz olyan HVR-I szekvenciát, amely még egy csángóban előfordul. A budapestiek esetében ez csupán 30%-os (lásd 4. ábra).

A két magyar csoport 12 szekvenciában egyezik meg, ami ~30%-ot jelent. A budapesti és az osztrák minta között 20-30% a közös szekvencia. A finnugor és a magyar minta között viszonylag magas a közös mintázat aránya (13-41%), míg a magyar és a török között csak 3-10%. Mindennek ellenére a magyarok és a finnugorok nem mutatnak szignifikáns hasonlóságot egymással a többi indoeurópai és török mintákhoz képest. A genetikai távolság számítása is hasonló értéket mutat.

Habár a szekvencia változatosság értékek nem térnek el szignifikánsan egymástól, az MtDNS szekvenciák megoszlása eltér a csángó és a budapesti minta között. Ennek hátterében a genetikai sodródás, izoláció, alapító hatás állhat a csángók részéről.

A MtDNS adatok nem mutatnak szignifikáns kapcsolatot, kis genetikai távolságot vagy egyéb finnugor sajátosságokat a magyarok és a többi finnugor populáció között. A hazai minták hasonlóak a nem finnugor népesedésekhez haplocsoport szinten.

Az uráliak maternális ágon való hozzájárulása a magyar génállományhoz alacsony volt, a klasszikus genetikai eredmények alapján kimutatott 13,3 % nem igazolható.

Ezen túl különösebb török illetve szláv befolyást sem tudunk leolvasni (Semino és m.társai 2000).

Az ázsiai haplocsoportok hiánya nem tanúskodik erős keleti befolyásról, bár megemlítendő, hogy 12 mintát nem azonosítottak be, illetve más későbbi vizsgálatok egyértelmű, keleti eredetű nyalábokat mutattak ki (pl. Nádasi és m.társai 2007.).

Összegezve; a csángó és a budapesti magyarok több közös genetikai bélyeget hordoznak magukban, mindkettő alapvetően európai jellegű, de azok struktúrája eltérő, ami utalhat a közös ősökre, de egyben az izolációra, palacknyak hatásra is.

Manysik

Az orosz Debrenova és munkatársai által publikált közlemény összesen 98 modern manysi mintát dolgozott fel (Debrenova és m.társai 2002.). Ebből 59 a Konda folyó, 39 a Sosva folyó mellől származott. A vizsgált minták 63,3%-a nyugat eurázsiai, azaz európai jelleget mutat, ezzel szemben 36,7%-a kelet eurázsiai jellegű (8. ábra).

A 62 európai típus közül 28 hordozza az U haplocsoportot, ami az európai szelet közel felét jelenti (45%). Ezen belül az U4 nyaláb az U 57%-át teszi ki! Ezen kívül azonosították az U5a, U7 és K típusokat is. Érdekes, hogy a lapp motívum nem volt kimutatható.

A T haplocsoport 11%-ot tesz ki, és ugyanaz a típus, mint ami a finnekben találtak.

A J nyaláb 19%-a az európai nyaláboknak, és ennek döntő hányada a J2, ami ugyanakkor ritka a kontinensen.

A H alacsony értéket képvisel. A nyugat európai 40%-hoz képest csupán 14.3%. A V pedig összesen 1 mintában szerepelt. Ez a finnekénél 5,1%, illetve a lappoknál, mint láttuk kb. 40%. Valószínűleg orosz vagy egyéb nyugati finnugor népesedésekből kerülhetett a manysikba.

Az ázsiai típusok közül a legmagasabb a C 17,3%-al, azután következik a D, G és M 1 %-al.

Az adatok alapján látható, hogy a manysik egyedülálló kombinációjával rendelkeznek a nyugati és keleti jellegű MtDNS leszármazásoknak.

Az U haplocsoport leszármazási ágainak változatossága kizárja, hogy ezek újabb kori, recens génáramlás eredményei. Sokkal valószínűbbnek tűnik, hogy ez azoknak a proto-eurázsiai vadászó, gyűjtögető populációknak a nyomai, akik az urálon túli és szomszédos szibériai régiókat kolonizálták. Ezt támasztja alá, hogy az U4 a közeli keteknél a legmagasabb. Sem az U4, sem az U5 nem gyakori a Közel-keleten, ezért is valószínűsíthető, hogy egy olyan felső-paleolitikumi populációnak maradványait jelzik, akiknek e genetikai bélyegei nyomatékosan megmaradtak az Urál keleti régiójában. Az U7 szintén a feltételezett proto-eurázsiai leszármazást erősíti, hiszen becsült életkora 24-25 ezer év. Az U7 hiányzik a mai európaiakból, és nagyon ritka a nyugaton élő uráli nyelvcsalád népeségeiben. Igaz, alacsony gyakorisággal, de jelen van a közel-keleti népesedésekben, így talán egy paleolitikumi közel-keletről kiinduló vándorlást mutathat, melyet a későbbi korok migrációi

	magyar (T)	székely (T)	csángó (L)	magyar (L)	magyar (S)	magyar (N)	honfoglaló (T)	manysi (D)
A	-	-	-	-	-	-	-	3,1
B	-	-	-	-	1	3,6	3,9	-
C	-	2,7	-	-	-	-	-	17,3
D	-	-	-	-	-	-	-	8,2
F	-	-	-	-	-	-	-	1
G	-	-	-	-	-	-	-	6,1
H	39,6	36,9	37	37	46,9	32,8	26,9	14,3
HV	3	2,7	-	-	-	-	3,9	-
I	2	1,4	1	-	-	1,8	3,9	-
J	8,9	9,4	10	17	12,2	16,5	-	12,2
K	7,9	10,6	6	4	2	14,6	-	3,1
M	-	-	-	-	1	5,5	3,9	1
N1a	-	-	-	-	-	-	7,6	-
R	-	-	-	-	-	-	7,6	-
T	9	16,1	12	3	2	1,8	15,2	7,2
T1	2	7,9	-	-	-	-	-	3,1
U	16	17,5	22	17	17,3	3,6	19,3	25,4
pre-V	1	-	-	-	8,2	-	3,9	-
V	4,8	-	6	4	1	1,8	-	1
W	7,9	2,7	3	5	4,1	3,6	-	-
X	-	-	1	1	0	7,2	3,9	-
egyéb	-	-	1	12	4,1	7,2	-	-

6. ábra Haplocsoport megoszlások a modern magyar és manysi illetve a honfoglalók népességében (T-Tömöröy és m.társai 2007., L-Lahermo és m.társai 2000., Semino és m.társai 2000., N-Nádasi és m.társai 2007., D-Debreneva és m.társai 2002.)

nem töröltek ki a manysik génállományából. Ezt erősítheti a J2 alcsoport jelenléte is, ami pedig egy neolitikus expanzióra utalhat Urál irányába.

Habár, mint láttuk, a manysi génállomány közel 2/3-a ősi európai jellegű, mégis a nyalábok 29%-a hordozza azt a három haplocsoportot a négyből, melyek Amerika benépesítésében is szerepet játszottak. Ezek az A, C és D.

A bemutatott genetikai struktúra vagy egy újabb keletű, keleti és nyugati populációk keveredésének eredménye, vagy a manysik visszatükröznek egy olyan ősi és egységes proto-európai MtDNS génállományt (amiben az ázsiai típusok is szerepeltek), ami később a jelentősen specializálódott a genetikai sodródás hatására.

Nganaszanok

Viszonylag kevés; 24 mintából sikerül a táblázatban (9. ábra) szereplő eredményekhez jutni, igaz az észak-eurázsiai rénszarvasvadászok közvetlen leszármazottainak lélekszáma csupán ~500 fő jelenleg (Derbeneva és m.társai 2002).

Ahhoz képest, hogy Szibéria szívében járunk, meglepően magas az U haplocsoport részaránya (25%), ezen belül az U4 83%-ot tesz ki, ami ugyan

	nganaszán
C	33,3
D	29,2
H	8,4
U	25
Z	4,2

7. ábra Haplocsoport megoszlás a nganaszánok között (Derbeneva és m.társai 2002.)

gyakori a közeli manysikban, de mint láttuk a balti–finnekben ritka. A ritka U2-vel is találkozunk, ami a baskír, tatár, mordvin és udmurt mintákban is felfedezhető. Az U4 a manysikhoz és a szomszédos ketekhez hasonlóan talán a paleolitikumi proto-eurázsiaiak jelenlétére utal az Ob-Jenyszej régióban. Ez egyébként gyakori a közeli Altáj-Szaján régióban is (18,5%).

Az H nyaláb itt 8,4%-ot tesz ki, ennek a fele a ritka H8. Találkozunk a szintén európai T és J nyalábokkal is, illetve a kutatók kimutattak egy olyan W haplocsoportotba tartozó típust is, amit eddig még nem detektáltak!

Bár kevés számú európai haplocsoporttal találkozunk (H és U) ezek viszonylag magas változatossága megerősíti ezek proto-eurázsiai, tehát nem újabb keletű eredetét.

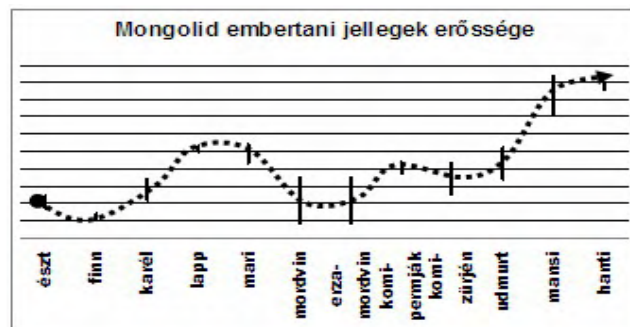
Az ázsiai típusok 62%-ot tesznek ki (C 33% és D 29%), de a haplotípus változatosság alacsony.

Az egyedülálló európai és ázsiai típusok kombinációja és azok eurázsiai szintű földrajzi elosztása alapján a genetikai nyomok az Urál hegység felé és azon túlra, illetve a szomszédos szibériai területek felé (ázsiai típusok) mutatnak.

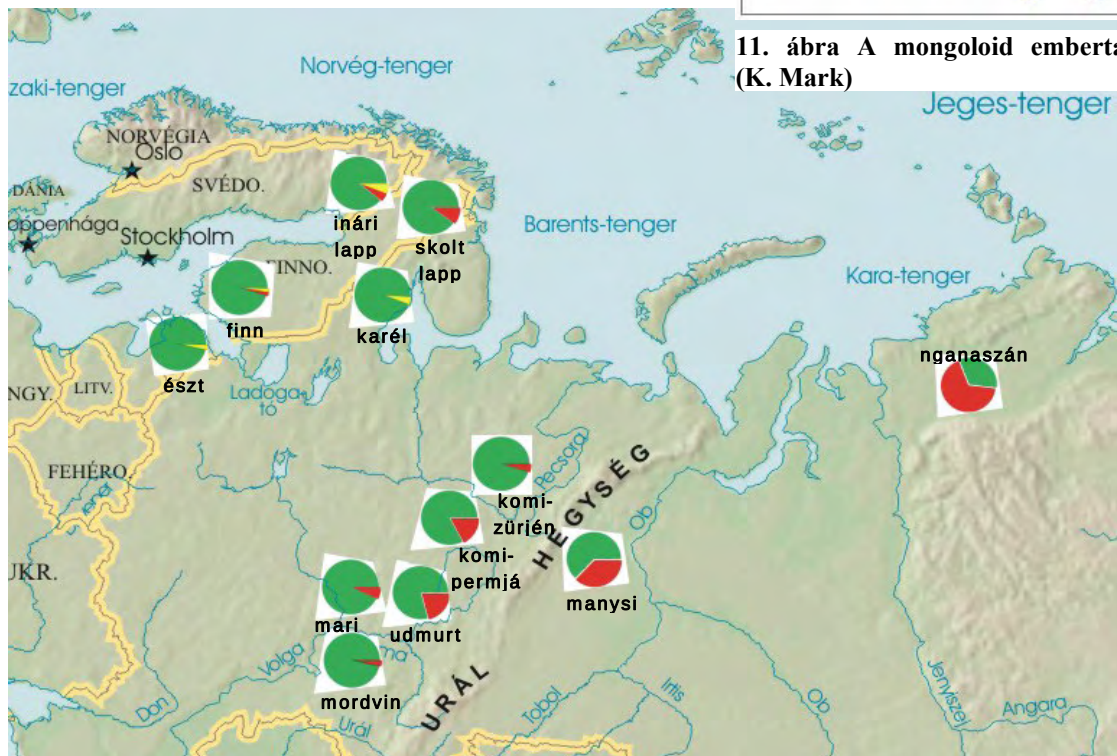
Ezek az eredmények megegyeznek az orosz antropológus Bunak eredményeivel és elméletével, mely szerint e régió benépesülése inkább egy korai közel-keletről kiinduló expanzió eredménye, mintsem későbbi mongoloid és europid népességek helyi találkozásának és keveredésének köszönhető.

Az európai és ázsiai típusok földrajzi megoszlása az uráli népesekben

Az ázsiai haplocsoportok kelet-nyugati irányú növekedése és az európai változatok ilyen irányú csökkenése egyértelműen megfigyelhető (10. ábra). Ez párhuzamban áll Karin Mark észt antropológus által összeállított mongolid embertani jelek változását bemutató grafikon adatival (11. ábra).



11. ábra A mongolid embertani jelek változása (K. Mark)



8. ábra Az európai(zöld)/ázsiai(piros) haplocsoportok megoszlása az uráli népesekben

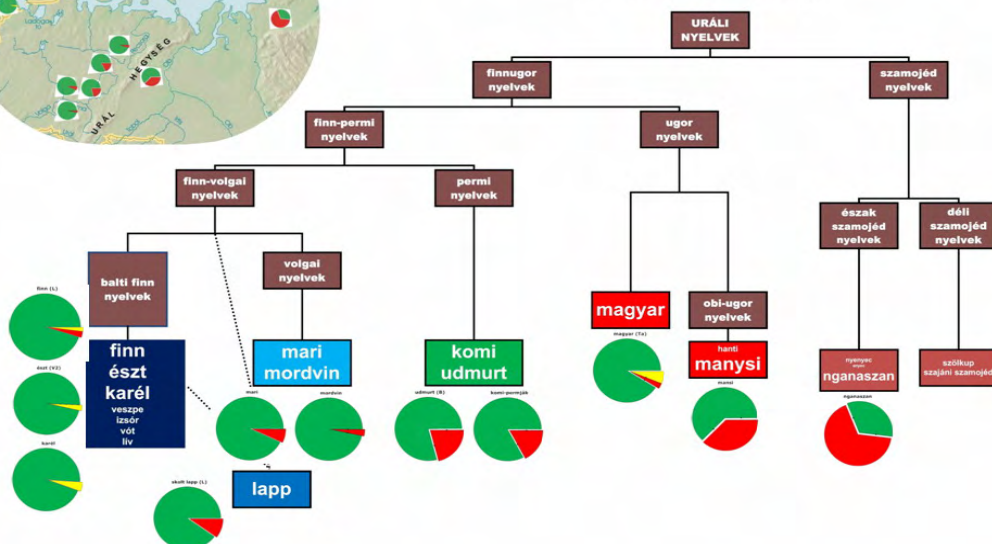
Az uráli nyelvek családfája

Ha ezeket a genetikai adatokat az uráli nyelvek családfáján ábrázoljuk, hasonló tendenciát figyelhetünk meg, mint az előző génfrekvencia térképen (12. ábra).

Ahogy haladunk a keletebbre élő uráli nyelvű populációk felé, úgy nő az ázsiai jelek aránya. A magyar népesség azonban kivételt képez.



Az uráli nyelvek családfája



12. ábra Az európai/ázsiai nyelábok megoszlása az uráli nyelvcsaládon belül

Klaszter analízis

A következő ábrán a korábban ismertetett haplocsoportok alapján megalkotott származásfát láthatjuk, kiegészítve pár referencia népességgel (13. ábra). A sorrendet szemlélve leolvasható az ázsiai jellegek alapján történő sorrend kialakulása fentről lefelé haladva. A lappok elkülönülő csoportja itt is megjelenik. Mint láthattuk, bennük az ázsiai nyalábok alacsonyabb gyakorisággal jelennek meg, de egyedi európai típusösszetételük mégis külön csoportba sorolja őket. A családfán történő besorolásuk is kétséges, bizonytalan, ezt jelzi a törzsfán történő elhelyezkedésük is. A genetikai adatokon alapuló törzsfán a második elágazást a finn-permi és ugor szamojéd nyelvek elválása jelenti, ami nagyjából megfelel a nyeli családfa elágazásának. A finn-permi csoportból önálló ágként kiválik a finn-volgai nyelvek ága, ami szintén megfelel a nyelvi családfának. Ezen belül a volgai és balti finn nyelvű népességek szétválasztása nem egyértelmű, bár talán ezt a klasztert is két részre lehet majd osztani további részletesebb vizsgálatok után.

Összefoglalva; a lappok elkülönülő csoportjai, a permiektől élesen elváló finn-volgai nyelvek, valamint hogy a földrajzilag a permiekhez közel élő marik és mordvinok inkább a balti finnekhez, tehát nyelvrokonaikhoz állnak közelebb, valószínűleg összhangba hozhatók a nyelvi családfa rendszerével, az azon ábrázolt elválásokkal, ezáltal mintegy alátámasztva a

két tudományág eredményeit.

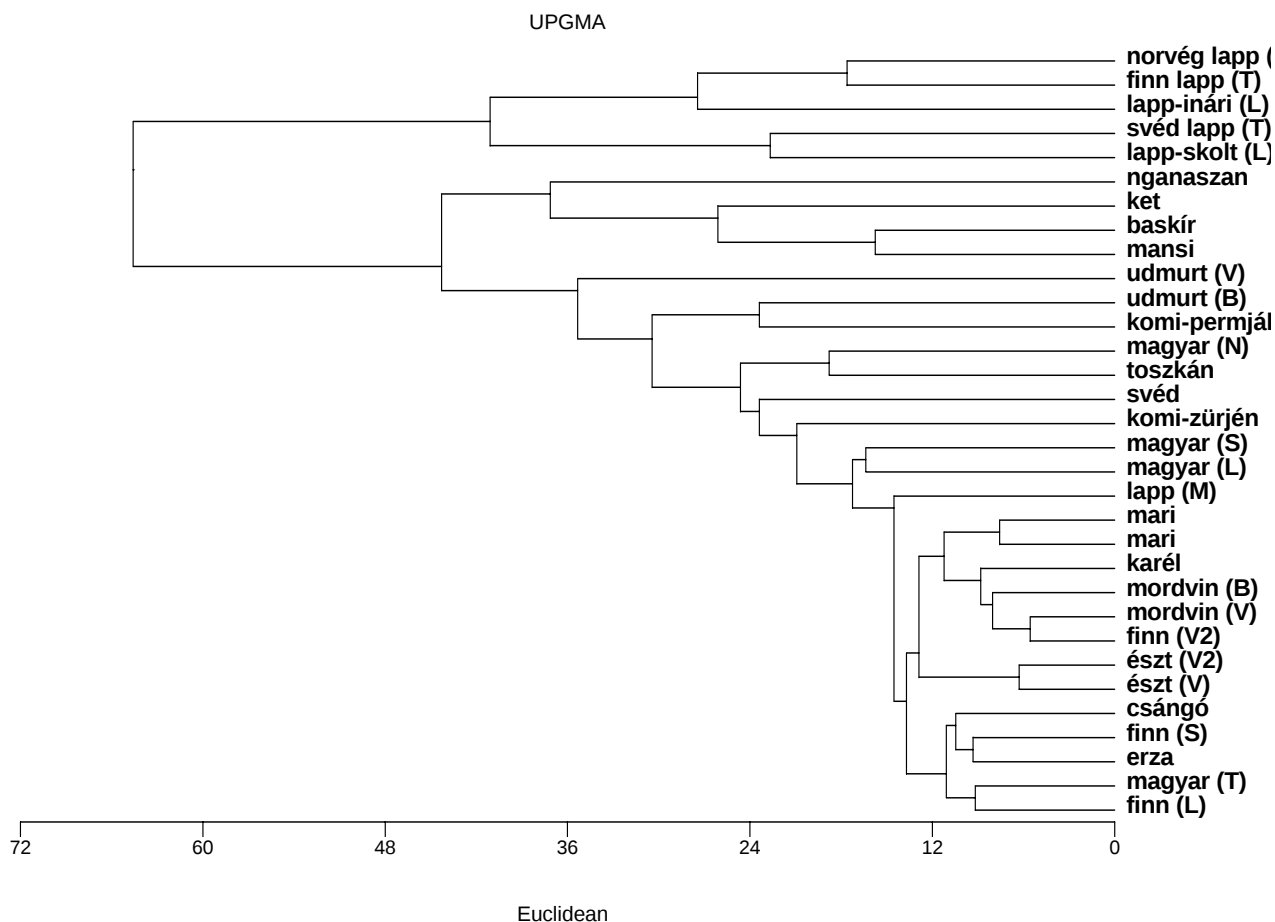
Hol vannak a magyarok? A hazai eredmények a finn-permi nyelvű népességek között szóródnak szét a túlnyomórészt európai típusok túlsúlya miatt - együtt az európai referencia népességekkel - és egyben ezért távol esnek a legközelebbi nyelvrokainktól, a manysiktól, így egyedülként „kilógnak” az előbb felállított nyelvi-genetikai párhuzamunkból.

Az U4 haplocsoport gyakorisága Euráziában

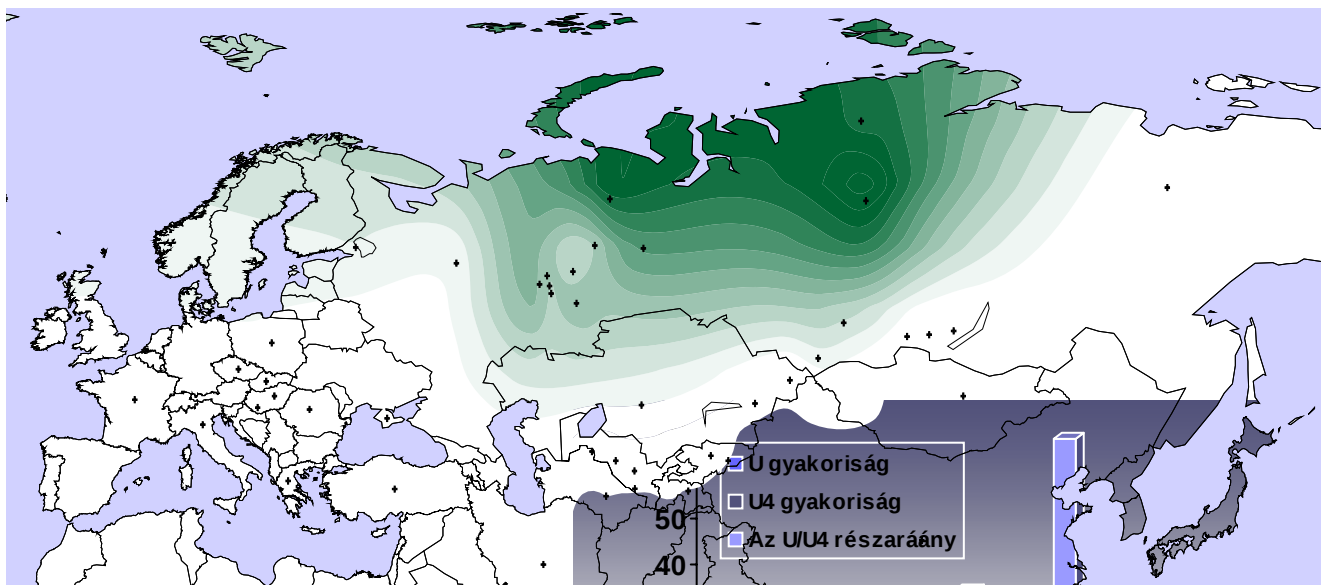
A következőkben megvizsgáljuk azokat a genetikai markereket, melyek legnagyobb gyakorisággal az uráli népességben találhatók, illetve hozzá köthetőek.

Az U nyaláb becsült életkora 50 000 év, ezen belül az U4 alhaplocsoport megközelítőleg 25-28 ezer éves. A génfrekvencia térképről leolvasható, hogy az U4 részaránya az U haplocsoporton belül kelet felé nő, maximumát észak-Szibériában éri el 67,7%-al, de még ezen túl is megfigyelhető 33,3%-os gyakorisággal az Altaj térségében (14. ábra) (Malyarchuk és m.társai 2004.). Mint a korábbiakban láttuk, archaikus részét képezi a manysi, ket és nganaszan népességeknek.

Ha felrajzoljuk az U4 genetikai hálózatát Kelet-Európa, Urál és Nyugat-Szibéria népességeivel, a következő ábrát kapjuk (15. ábra). Az U4 további 3 alcsoportra bomlik. 16 310-es ág főleg a szláv népességekhez kapcsolható. A 16 134 és 16 362 együttes becsült életkora 23 000 év, ez



13. ábra A vizsgált népességek ábrázolása a klaszter analízissel készített fán



94. ábra Génfrekvencia térkép az U4 eloszlásáról

alapján felső paleolitikumi eredetűnek tétélezhető fel. A kelet-európai 16 362-es ágból nyílik ki az uráli leszármazás a MtDNS 16 113-as helyén bekövetkező mutációval.

Becsült kora a típusváltozatosság alapján 19 ezer év, a felső paleolitikum korszaka, ezen belül az eljegesedés maximuma.

A másik ritka U4 alcsoport a 16 311-es ág, benne manysi, ket, nyenyec és egyéb kelet-európai populációk (mari, csuvas, és komi-zürjén), becsült kora 6500 év. Valamivel későbbi a 16 189-es ág az 5600 évével, benne a manysi, ket és nganaszan mintákkal. A harmadik komi, mordvin és csuvas ág, a 16 261-es, 5200 éves. Ezen utóbbi ágak jelzik a további kibontakozását a Volga-Urál régió finnugor népességének a neolitikum alatt.

Az előbbieken ismertetett haplocsoportok elágazása tehát a felső-paleolitikumban kezdődött mintegy 23 ezer éve. Az ebben az időszakban megjelenő vadászok hozhatták magukkal ezeket a géneket, akik egészen a Kelet-Urálig kialakították sajátos kultúrájukat (régészet). Az antropológiai adatok is megerősítik, hogy izolációs mechanizmusok játszódtak le, a 16 113-as ág illetve a H haplocsoport sajátos, egyedi típusa a manysikban (Debreneva és m. társai 2002.) is ezt mutatja. Ez a jelenség később is megismétlődött, ami a 16 311-es és 16 189-es ágakon látható. Érdekes, hogy a 16 311-es típus alacsony frekvenciával, de jelen van a nyenyecéktől egészen dél-Szibéria népességeiig, ez akár azt is jelentheti, hogy ennek a leszármazásnak a hordozói részt vettek abban a migrációban 3-4 ezer évvel ezelőtt, ami az uráli populáció szétszóródását jelentette Észak-Európából Dél-Szibériáig, amely által európai komponensek is kerültek az itt élő népcsoportokba (például az egyedi manysi H marker is).

A honfoglalók két darab U4 típusa (Tömör és m. társai 2007.) nem tartozik az előbb ismertetett csoportok egyikébe sem.

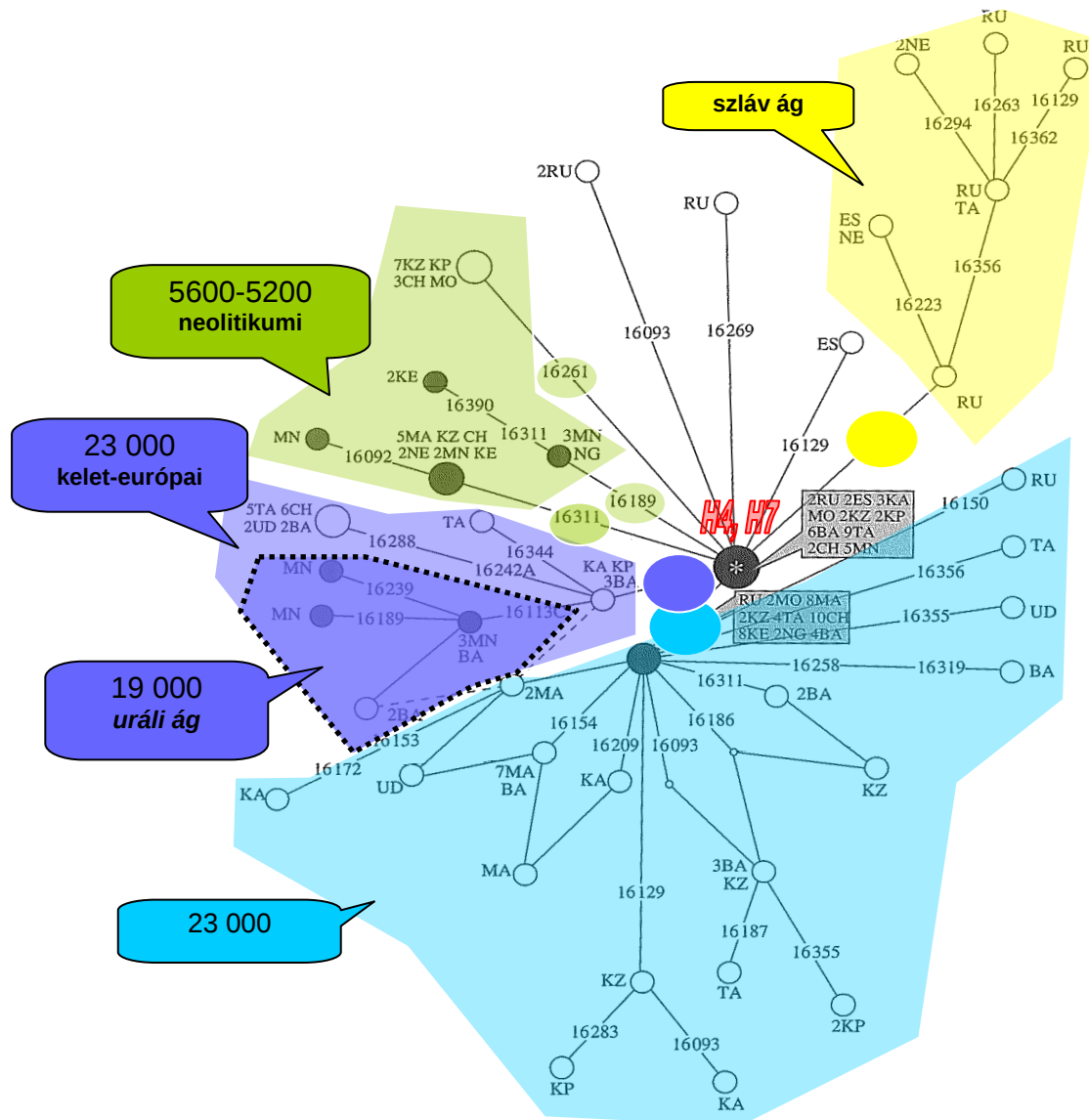
Az U7 és a J2 jelenléte a manysikban, vagy a ketekben és nganaszanokban előforduló ritka W haplocsoportok inkább az andronovói kultúra vagy egyéb déli sztyepei népek

lenyomatát bizonyítják, mint a közel-keleti migrációt (Debreneva és m. társai 2002.).

Összegezve elmondható, hogy az északnyugat-szibériai populációk összetett genetikai struktúrával rendelkeznek. Ez a specifikáció az izolációnak az eredménye, valamint a déli sztyepei csoportokkal való kapcsolatoké.

A sajátos MtDNS leszármazások a manysikban, ketekben és nganasztánokban helyi fejlődés folyamata, nem pedig keleti és nyugati hatások összessége, eredője. A génállományuk döntő részét pedig a kelet-európai finnugor populációkban is meglévő típusok alkotják.

A legújabb embertani vizsgálatok szerint a modern uráli népcsoportok visszavezethetők egy ősi proto-uráli populációra, melynek jellemvonásai tovább élnek a keveredés ellenére a mai leszármazottaikban, illetve számos török nyelvű csoport is ebből az ősi közösségből szakad ki (pl. jukagirok). Ez párhuzamba állítható Bunak elméletével, aki szerint az uráli embertani típus egy olyan proto-ázsiai elem, mely azelőtt ágazott el a mongol ágtól, mielőtt kialakultak volna a jellegzetes mongolid karakterek. A MtDNS elemzés alátámasztva ezt a proto-(eur)ázsiai jelleget, kimutatja azt is, hogy valóban tartalmaznak ezek a finnugor, uráli népségek olyan mongolid/ázsiai komponenseket, melyek jelen vannak Észak-Szibériában és Közép-Ázsiában, de ezek nem tartalmaznak semmilyen archaikus elemet, alacsony a változatosságuk, és megtalálhatók kelet-Európa egyéb népségeiben (A, F, C, Z, D, G, M*) is. Tehát inkább újabb keletiek.



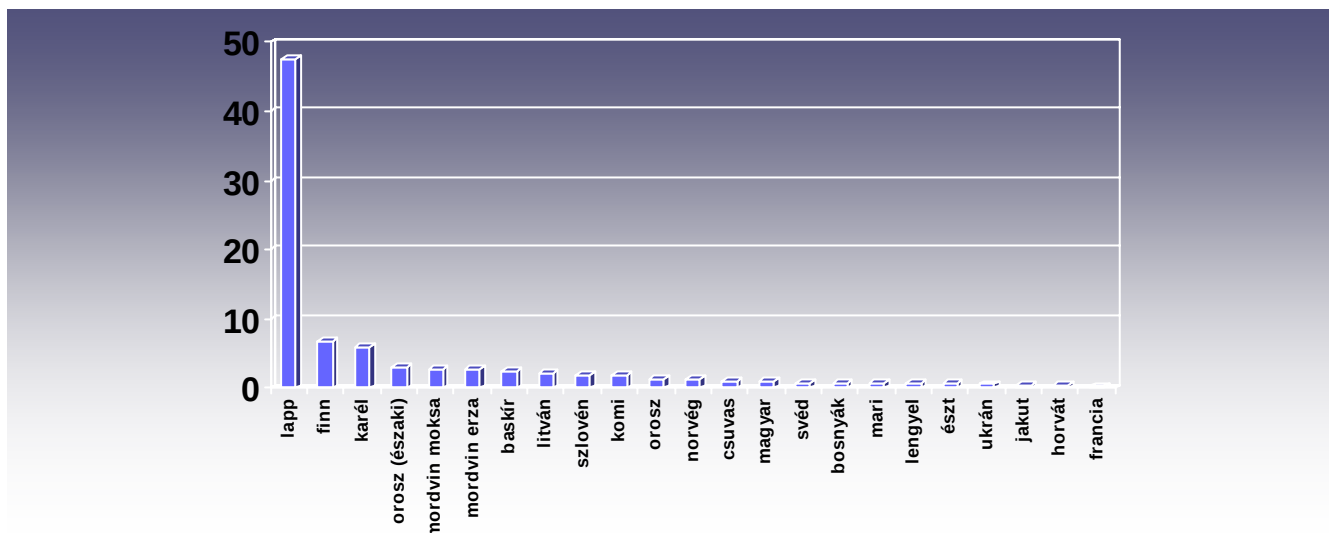
15. ábra Az U4 haplocsoport genetikai hálózata. (Malyarchuk és m.társai 2004.) A H4 és a H7 a honfoglalókban analizált típusok helyét mutatja.

Az U5b1b1 haplocsoport gyakorisága Euráziában

A sajátos lapp genetikai mintázatról már volt szó a

korábbiakban. Az eurázsiai értékeket a 16. ábra mutatja be.

Az U5b1b1 nyugat- vagy dél európai eredetű és valószínűleg szintén keletről érte el Észak-Skandináviát, mivel a pl. a németekben nem mutatták ki. Lehetséges,



16. ábra A lapp minta százalékos gyakorisága (Tambets és m.társai 2004.)

hogy még a finnugor nyelvű népségek feltételezett szétválása előtt keletkezett. A magyarokban megközelítőleg 0,9%-os gyakoriságú, a honfoglalókban még nem sikerül kimutatni. Érdekes jelenség, hogy a távoli jakutokban viszont felfedezték.

A T1 haplocsoport a sarkkörüi uráli népségekben

Az északi népségek tanulmányozása során körvonalazódik egy nagyobb részben az uráliakhoz kapcsolható alcsoport, a T1 jelenléte is. A magyarok közül a székely minta hordozza nagyobb arányban. Részletesebb vizsgálata a jövő feladatát képezi.

Néhány szó a férfiakról

Az Y - kromoszóma vizsgálatok egyértelműen kimutatták a Tat polimorfizmus C alléljának nagyarányú jelenlétét lényegében az összes uráli népségben. Így a férfiak esetében sokkal egyszerűbb a „képlet”, mint az anyai leszármazási vonalakon, ahol ilyen egyértelmű uráli migrációs marker nem volt kimutatható. A Tat-C magyarokban csupán 0-1%-ban mutatható ki (európai átlag). A honfoglalók analizált csontmintáiban sikerült kimutatni (Csányi és m.társai 2008.). Ennek eredete azonban további kutatást igényel, hiszen az archeogenetikai vizsgálatok a belső ázsiai hunok között is analizálták (C.Keyser-Tracqui és m.társai 2004.) ennek jelenlétét, akikkel a honfoglalók régészeti hagyatéka is kapcsolatba hozható (lásd Érdy Miklós kutatási eredményei). A szélesebb körű vizsgálat szükségességét megerősíti, hogy a X.-XI. századi népségben lévő U haplocsoport és alcsoportjai (Tömöry és m.társai 2007.) inkább a mai török nyelvű népekhez (tatár, baskír, csuvas) köthetők az Urál földrajzi környezetében, mint ott élő nyelvrokonainkhoz (az ábra nincs bemutatva.) az eddigi vizsgálatok szerint. De ez egy másik tanulmány témája már.

Összegzés

A mitokondriális DNS vizsgálatokon alapuló genetikai adatok részben összhangba hozhatók a nyelvi családfa elrendezésével.

Az uráli nyelvcsalád népségéhez köthető sajátos genetikai markerek: U4, U5b1b1 valamint a T1.

Az antropológiai és genetikai adatok egyaránt támogatják egy paleolitikumi eredetű proto-uráli/proto-eurázsiai népség létezését, melynek biológiai jegyei utódaikban is részben kimutathatók, bár a keveredés és a genetikai sodródás a kisebb populációk génállományát (pl. lapp, nganaszan) jelentősen átalakíthatta.

A korábbi megállapítást megerősítendő (Sajantila és m.társai 1995.) megállapítható, hogy a haplocsoport leszármazás inkább a mélyebb történeti korok népmozgásainak feltérképezésére alkalmas, hiszen az evolúciós ráta alapján évtízezredekéről beszélünk ebben az esetben. A génfrekvenciák összehasonlítása pedig jobb eszköznek bizonyul olyan időmérésben történő kutatására, mint a nyelvtörténet (kb. 1-5000 év) (lásd uráli népek bemutatott származásfája).

A magyar populáció és a többi uráli nyelvcsalád népsége között MtDNS szinten sem sikerült szignifikáns kapcsolatot kimutatni a kutatóknak.

Referenciák

- Bermisheva M, Tambets K, Villems R, Khusnutdinova E (2002) [Diversity of mitochondrial DNA haplotypes in ethnic populations of the Volga-Ural region of Russia.] *Mol Biol (Mosk)* 36:990–1001
- Cavalli-Sforza LL, Menozzi P, Piazza A (1994) *The history and geography of human genes*. Princeton University Press, Princeton
- C.Keyser-Tracqui, P.Blandin, F.X. Ricaut, E. Petkovski, E. Crubézy, B. Ludes (2004) Does Tat polymorphism originate in northern Mongolia International Congress Series 1261 (2004) 325-327
- D. C. Wallace, and R. I. Sukernik (2002) Mitochondrial DNA Variation in the Kets and Nganasans and Its Implications for the Initial Peopling of Northern Eurasia *Russian Journal of Genetics*, Vol. 38., No. 11, 2002, pp. 1316-1321.
- Edit Nádas, P. Gyűrűs, Márta Czákó, Judit Bene, Sz. Kosztolányi, Sz. Fazekas, P. Dömösi And B. Melegh (2007) Comparison Of Mtdna Haplogroups In Hungarians With Four Other European Populations: A Small Incidence Of Descents With Asian Origin *Acta Biologica Hungarica* 58 (2), pp. 245–256 (2007)
- Guglielmino CR, Piazza A, Menozzi P, Cavalli-Sforza LL: Uralic genes in Europe. *Am J Phys Anthropol* 1990; 83: 57–68.
- Gyöngyvér Tömöry, Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, C. Stephen Downes and István Raskó (2007) Comparison of Maternal Lineage and Biogeographic Analyses of Ancient and Modern Hungarian Populations
- Kristiina Tambets, Siiri Rootsi, Toomas Kivisild, Hela Help, Piia Serk, Eva-Liis Loogväli, Helle-Viivi Tol, Maere Reidla, Ene Metspalu, Liana Pliss, Oleg Balanovsky, Andrey Pshenichnov, Elena Balanovska, Marina Gubina, Sergey Zhadanov, Ludmila Osipova, Larisa Damba, Mikhail Voevoda, Ildus Kutuev, Marina Bermisheva, Elza Khusnutdinova, Vladislava Gusar, Elena Grechanina, Jüri Parik, Erwan Pennarun, Christelle Richard, Andre Chaventre, Jean-Paul Moisan, Lovorka Barac, Marijana Peric, Pavao Rudan, Rifat Terzić, Ilija Mikerezi, Astrida Krumina, Viesturs Baumanis, Slawomir Koziel, Olga Rickards, Gian Franco De Stefano, Nicholas Anagnou, Kalliopi I. Pappa, Emmanuel Michalodimitrakakis, Vladimir Ferák, Sándor Füredi, Radovan Komel, Lars Beckman, and Richard Villems (2004) The Western and Eastern Roots of the Saami—the Story of Genetic „Outliers” Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes *Am. J. Hum. Genet.* 74:661–682, 20
- Meinilä M, Finnilä S, Majamaa K (2001) Evidence for mtDNA admixture between the Finns and the Saami. *Hum Hered* 52:160–170
- O. A. Derbeneva, E. B. Starikovskaya, N. V. Volodko,

- Olga A. Derbeneva, Elena B. Starikovskaya, Douglas C. Wallace, and Rem I. Sukernik (2002) Traces of Early Eurasians in the Mansi of Northwest Siberia Revealed by Mitochondrial DNA Analysis *Am. J. Hum. Genet.* 70:1009–1014, 2002
- Ornella Semino, Giuseppe Passarino, Lluís Quintana-Murci, Aiping Liu, Judit Béres, Andreas Czeizel and A Silvana Santachiara-Benerecetti (2000) MtDNA and Y chromosome polymorphisms in Hungary: inferences from the palaeolithic, neolithic and Uralic influences on the modern Hungarian gene pool *European Journal of Human Genetics* (2000) 8, 339–346
- Paivi Lahermo, Virpi Laitinen, Pertti Sistonen, Judit Béres, Veronica Karcag And Marja-Liisa Savontaus (2000) MtDNA Polymorphism In The Hungarians: Comparison To Three Other Finno-Ugric-Speaking Populations
- Sajantila, A., A.H. Salem, P. Savolainen, K. Bauer, C. Gierig, S. Paabo 1996, Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding Of the Finnish population. - *Proc Natl Acad Sci USA* 93, 12035-12039.
- Torroni A, Huoponen K, Francalacci P, Petrozzi M, Morelli L, Scozzari R, Obinu D, et al (1996) Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics* 144:1835–1850
- Villems R, Adojaan M, Kivisild T, Metspalu E, Parik J, Pielberg G, Rootsi S, Tambets K, Tolk HV (1998) Reconstruction of maternal lineages of Finno-Ugric speaking people and some remarks on their paternal inheritance. In: Wiik K, Julku K (eds) *The roots of peoples and languages of Northern Eurasia I. Societas Historiae Fenno-Ugricae*, Turku, pp 180–2000
- B.A. Malyarchuk (2004.) Malyarchuk, 2004. Differentiation of the Mitochondrial Subhaplogroup U4 in the Populations of Eastern Europe, Ural, and Western Siberia - Implication to the Genetic History of the Uralic Populations *Russian Journal of Genetics*, Vol. 40., No. 11, 2004, pp. 1281-1287.