

Honfoglalás kori, valamint magyar és székely populációk apai ági genetikai kapcsolatrendszerének vizsgálata

Csányi Bernadett

SZTE ÁOK Igazságügyi Orvostani Intézet

Populációk eredetének tanulmányozásához olyan markereket célszerű vizsgálni, melyeknél nem keveredik az anyai és az apai információ az egymást követő nemzedékekben. Az apáról fiúra öröklődő Y kromoszóma jelentős részén nem történik rekombináció a meiózis során, analizisével populációk apai ági leszármazási vonalait követhetjük nyomon. Az Y kromoszómán található nagyszámú polimorfizmus közül a biallélikus markerek közé tartozó pontmutációk, illetve inszerciós és deléciós polimorfizmusok határozzák meg az Y-kromoszómális haplocsoportokat, melyek jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak.

A Tat polimorfizmus (T>C pontmutáció) C alléja az N3 haplocsoportot határozza meg, mely a szakirodalom alapján széles körben elterjedt az uráli nyelvű populációkban, ugyanakkor gyakorlatilag hiányzik a ma élő magyarul beszélő populációk génkészletéből.

Az általunk vizsgált ma élő magyar (100 fő) és székely férfiak (97 fő) közül egyetlen székely férfi Y kromoszómáján detektáltuk a C allél jelenlétét. Ezzel szemben 7 sikeresen tipizált (IX-) X. századi csontminta közül 2 esetben is igazoltuk a C allél meglétét, 5 leletnél pedig a T allél előfordulását. A Tat mutációt hordozó 2 X. századi minta egy régióból, Békés megyéből származik. Eredményeink szerint a Tat C allél jelen volt a honfoglalás kori populáció génkészletében a Kárpát-medence területén történő letelepedéskor, illetve a Tat polimorfizmus egy megfelelő marker az ősi magyar populáció Y-kromoszómális genetikai összetételének analiziséhez.

A ma élő magyar és székely populációban 22 Y-kromoszómális biallélikus markert vizsgáltunk meg. A megfigyelt haplocsoportok általánosan jellemzik a különböző európai populációkat, egyetlen kivételt képez ez alól a székely populációban felbukkanó (3,1%) P-M45*(xM173) klaszter. A közép-ázsiai P-M45*(xM173) haplocsoport jelenléte a székely mintában szokatlan, mivel ez a klaszter szinte egyáltalán nem fordul elő Európában. A haplocsoport előfordulása valószínűleg némi ázsiai genetikai hatást tükröz.

A statisztikai vizsgálat szerint az általunk vizsgált magyar és székely populáció genetikailag heterogén összetételű, közeli rokonságban áll egymással, illetve más közép-európai és balkáni populációkkal.