

Az SZTE Kutatóegyetemi Kiválósági Központ tudásbázisának
kiszélesítése és hosszú távú szakmai fenntarthatóságának megalapozása
a kiváló tudományos utánpótlás biztosításával”

Eötvös Loránd Kollégium

Eötvös Esték

2011. Szeptember 20

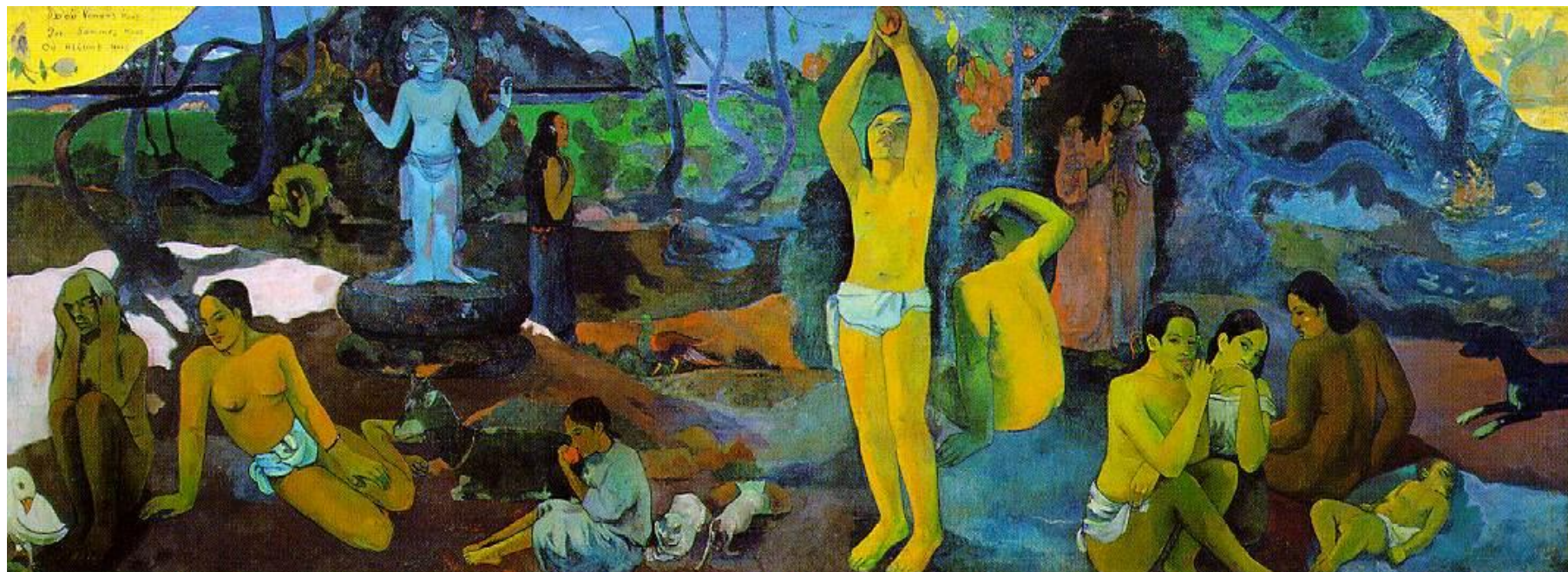
Genetikai múltbanzés; emberi populációk eredetvizsgálata

Raskó István
SZBK

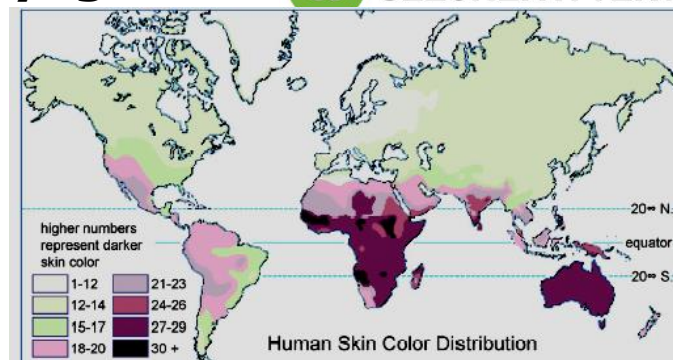


TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0012 projekt





Rokonság meghatározására alkalmas bélyegek

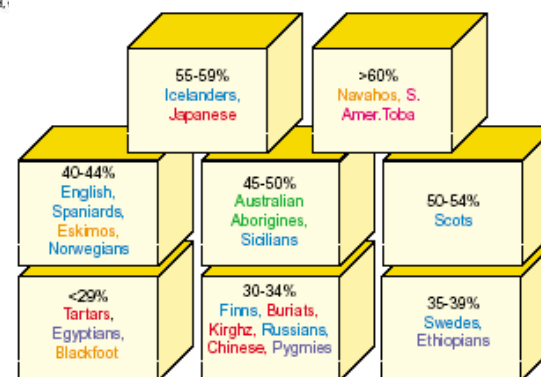


DOI: 10.1371/journal.pbio.0000027.g002

Figure 2. Relationship of Skin Color to Latitude



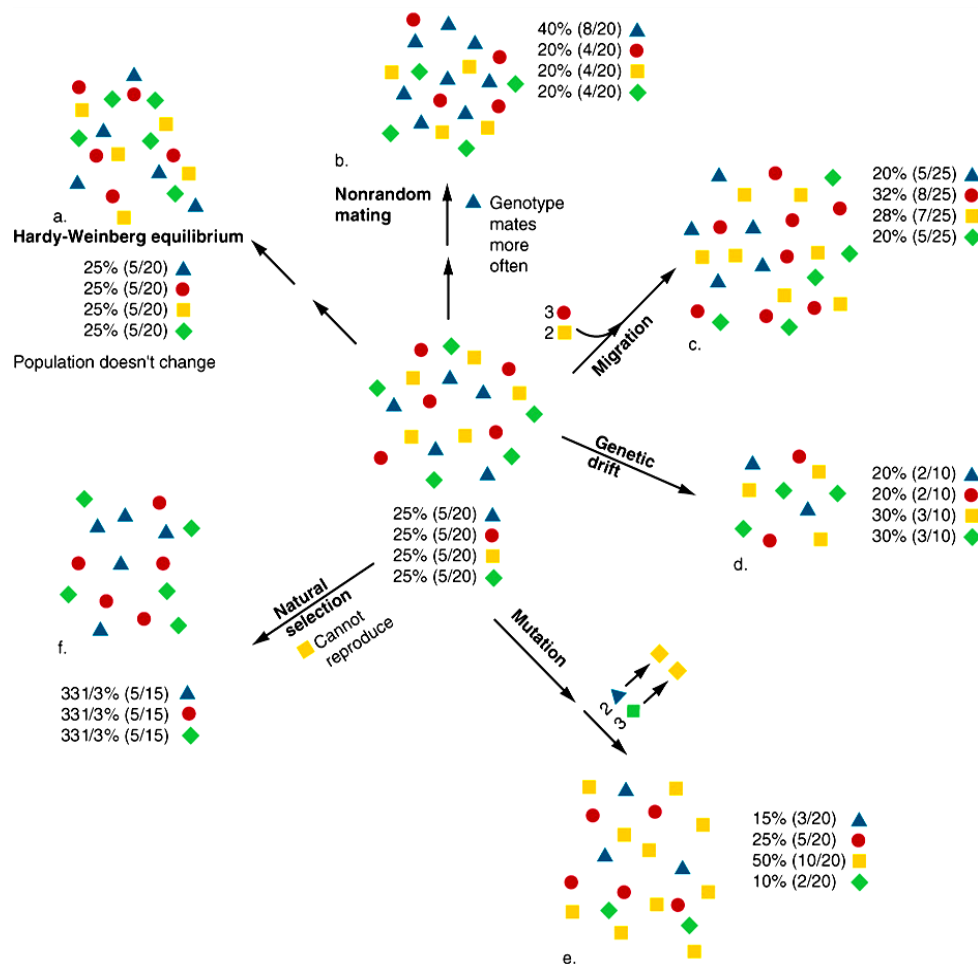
fig. 2. The 'Habsburg chin' in three successive generations of the Spanish royal family. From left to right, Charles I (1500-1558), Philip II (1527-1598) and Philip III (1578-1621). Reproduced.

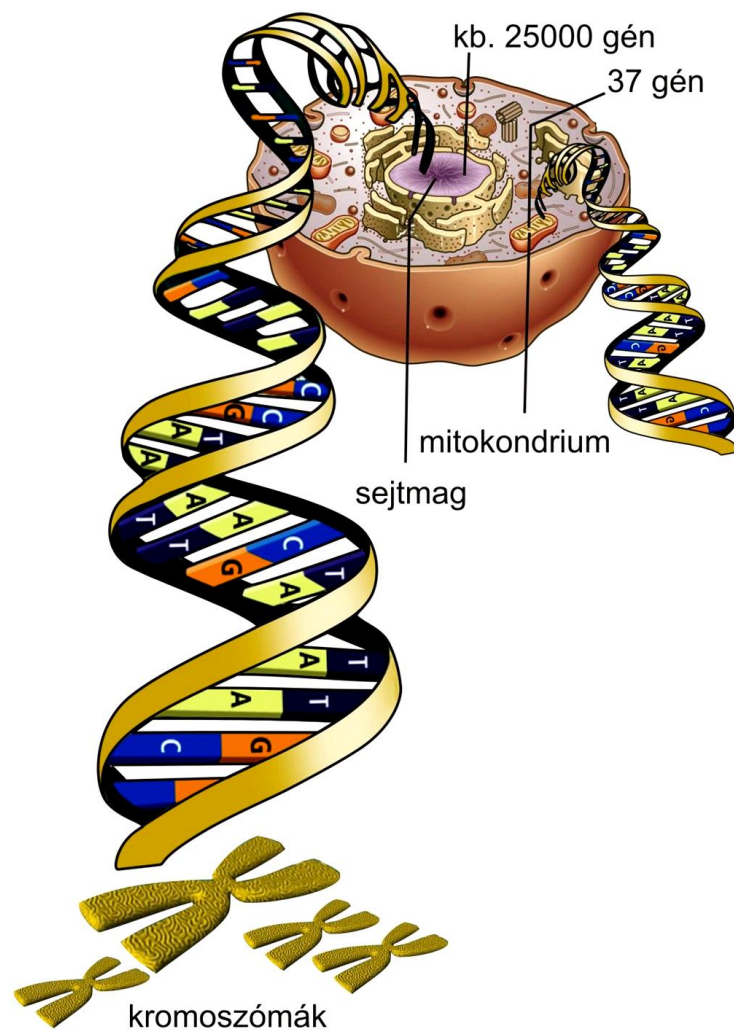


A DNS alapú hasonlóság félrevezető is lehet



Egy populáció genetikai összetételét meghatározó tényezők





A sejtmagi és a mitokondriális genom

Humán genom

99%

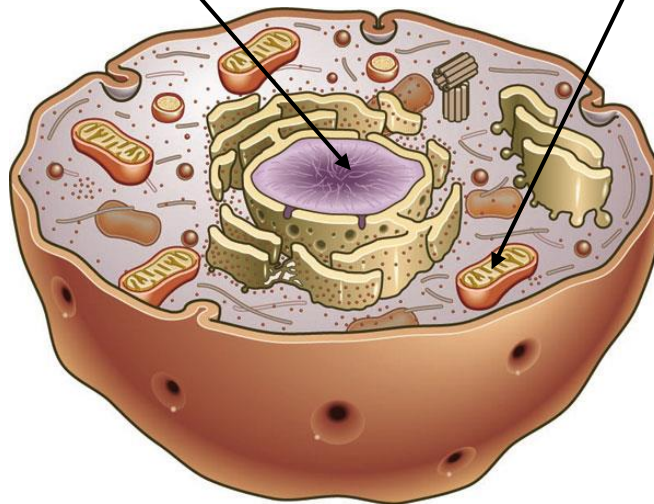
sejtmag

~ 30 ezer gén

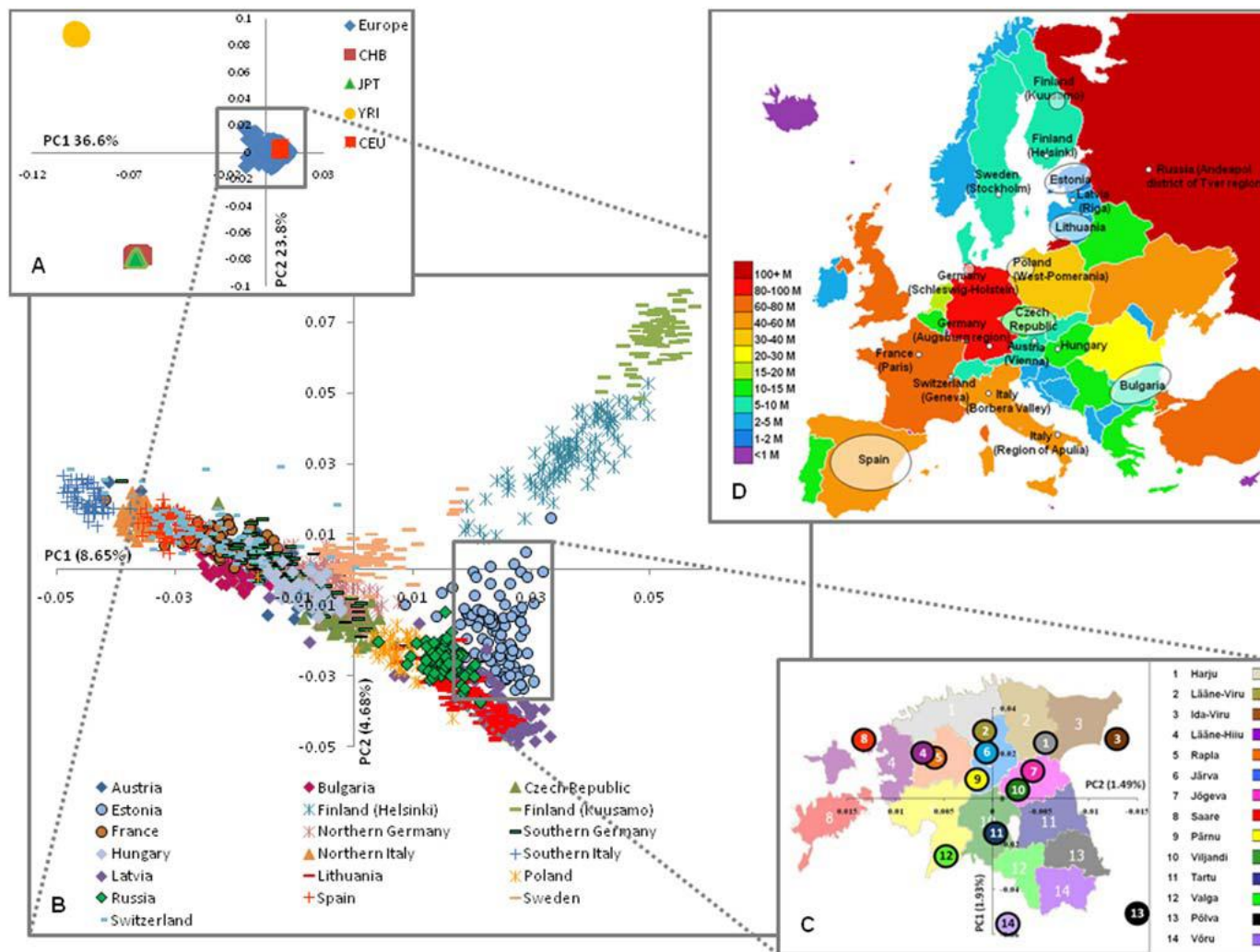
1%

mitokondrium

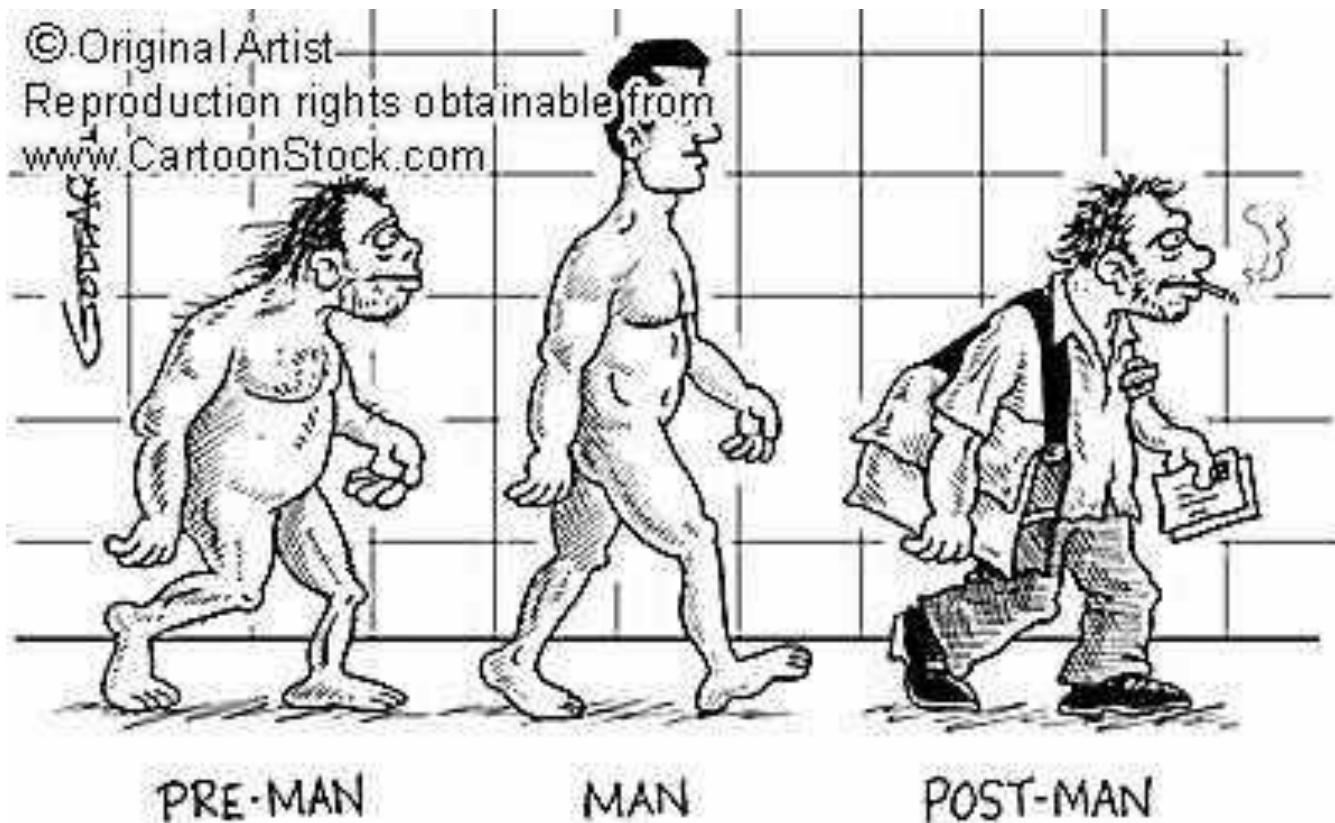
37 gén



Európai génstruktúra (3112 egyén, 270000 SNP) (Magyar- finn rokonság?)



Az emberi evolúció





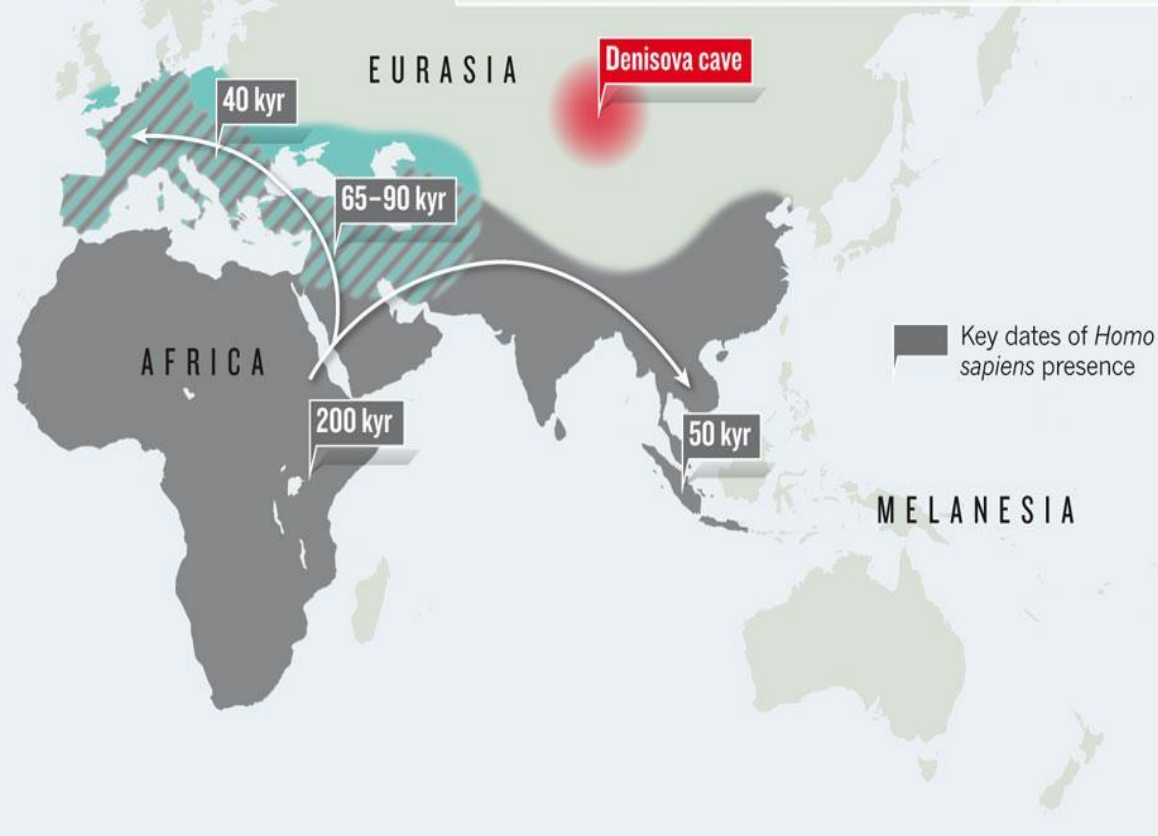
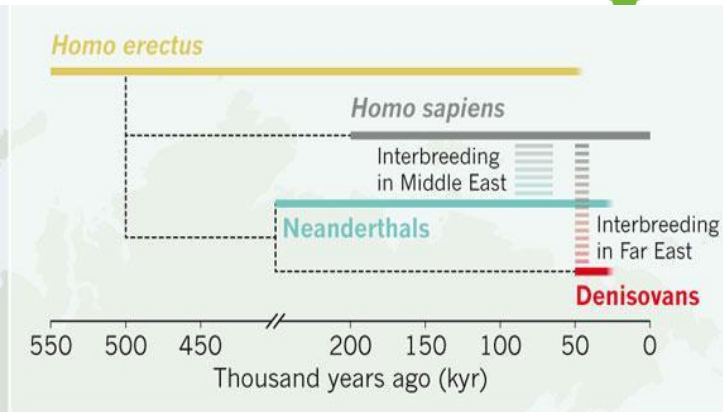


A neandervölgyi genomprogram következtetései

- a modern emberi genom 1-4%-a a neandervölgyiektől származik
- a neandervölgyiek a jelenlegi eurázsiai emberekkel több közös genetikai variánst hordoztak, mint a jelenlegi sub-saharaiakkal
- A neandervölgyi és öt ma élő ember genomját összehasonlítva olyan genomikai régiók azonosíthatók, amelyek a modern ember őseiben pozitív szelekcióval alakultak ki. Ilyenek a metabolizmus a kognitív funkciók és a vázfejlődés génjei

THE HUMAN STRAIN

As *Homo sapiens* evolved and migrated across the world, they apparently interbred with archaic humans such as Neanderthals and Denisovans.

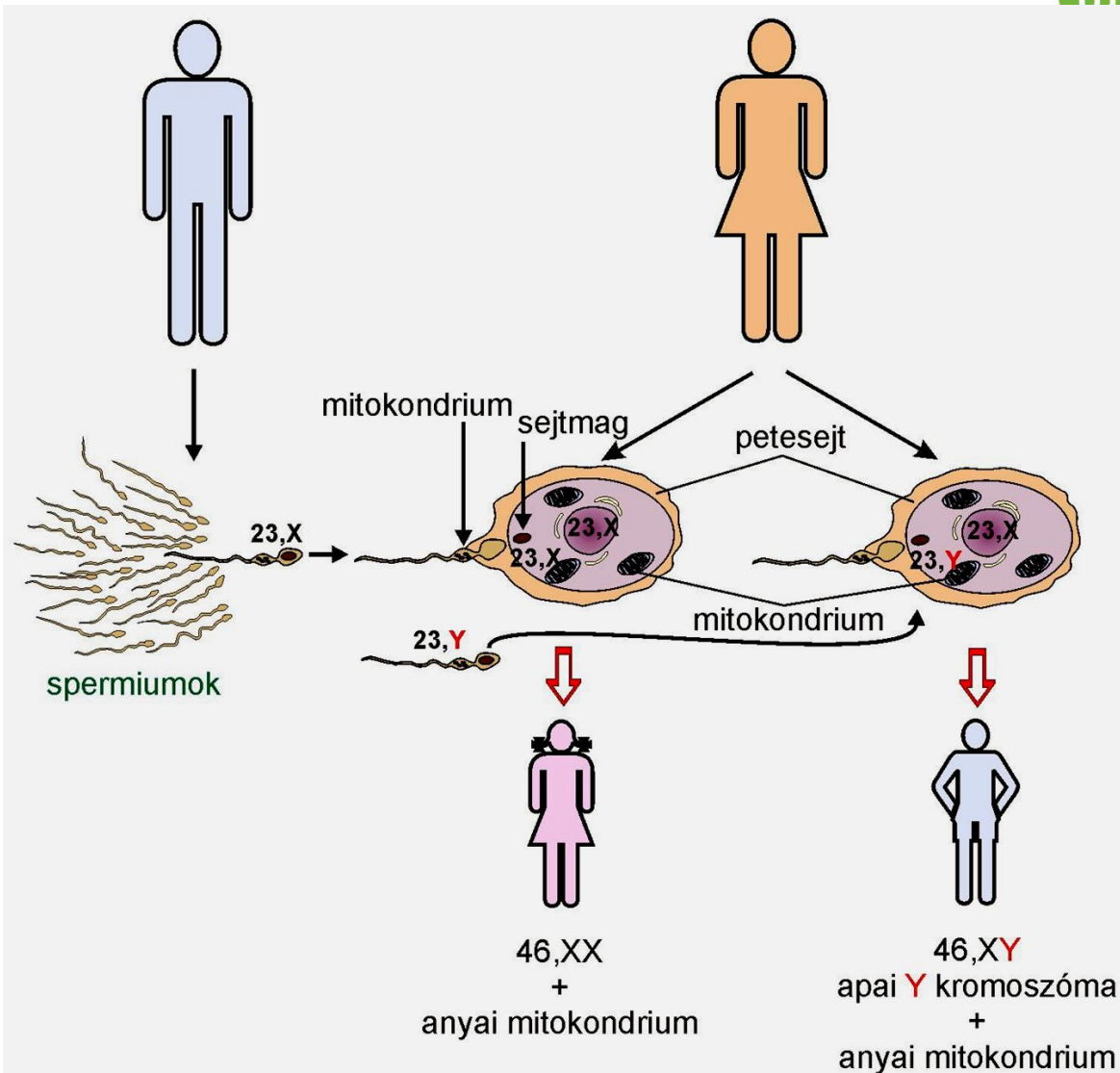


Rasmussen et al., Nature 463 757 2010

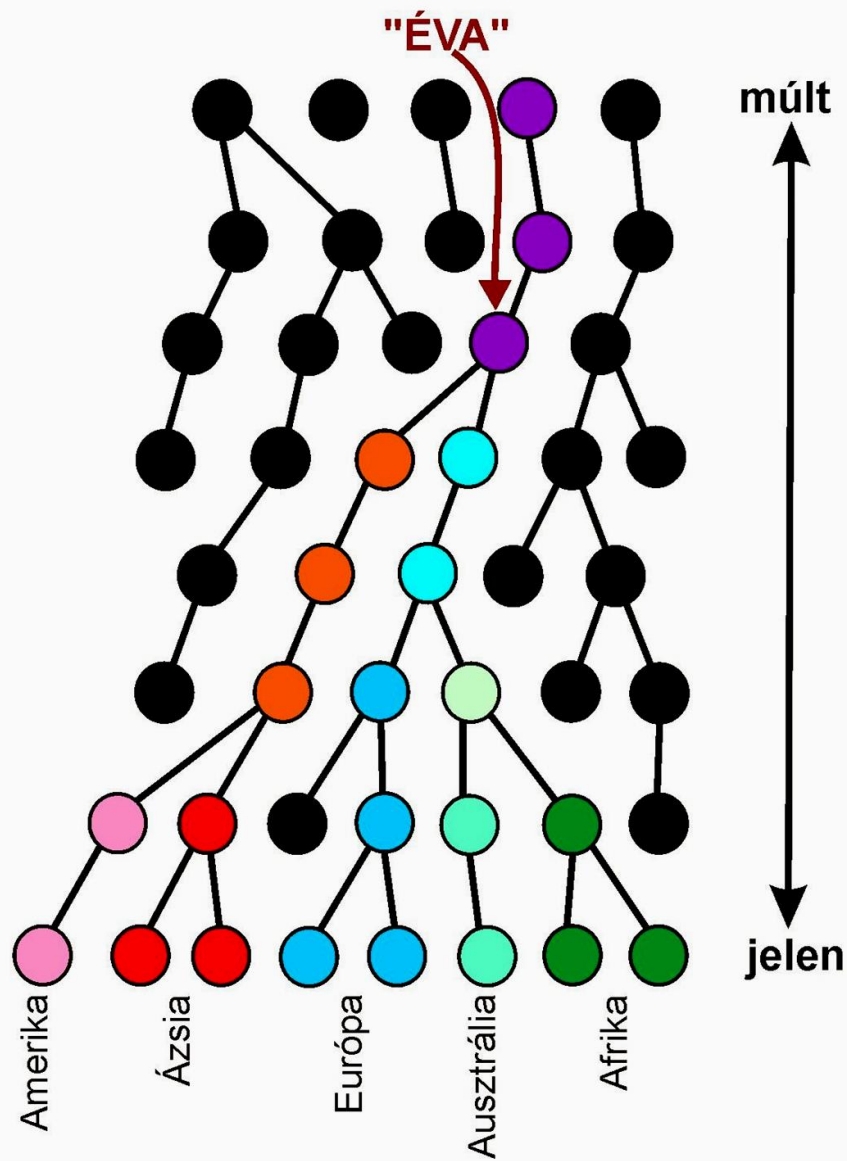
Saqqaq:Grönland, 4000 éve:

férfi, A vércsoport, barna szemek, kreol bőrszín, sötét, vastagszálú haj, ázsiai és indián populációkra jellemző előreálló lapátfogak, kopaszságra való hajlam, száraz fülzsír, a hideg éghajlaton élő emberekre jellemző metabolizmus és testtömegindex



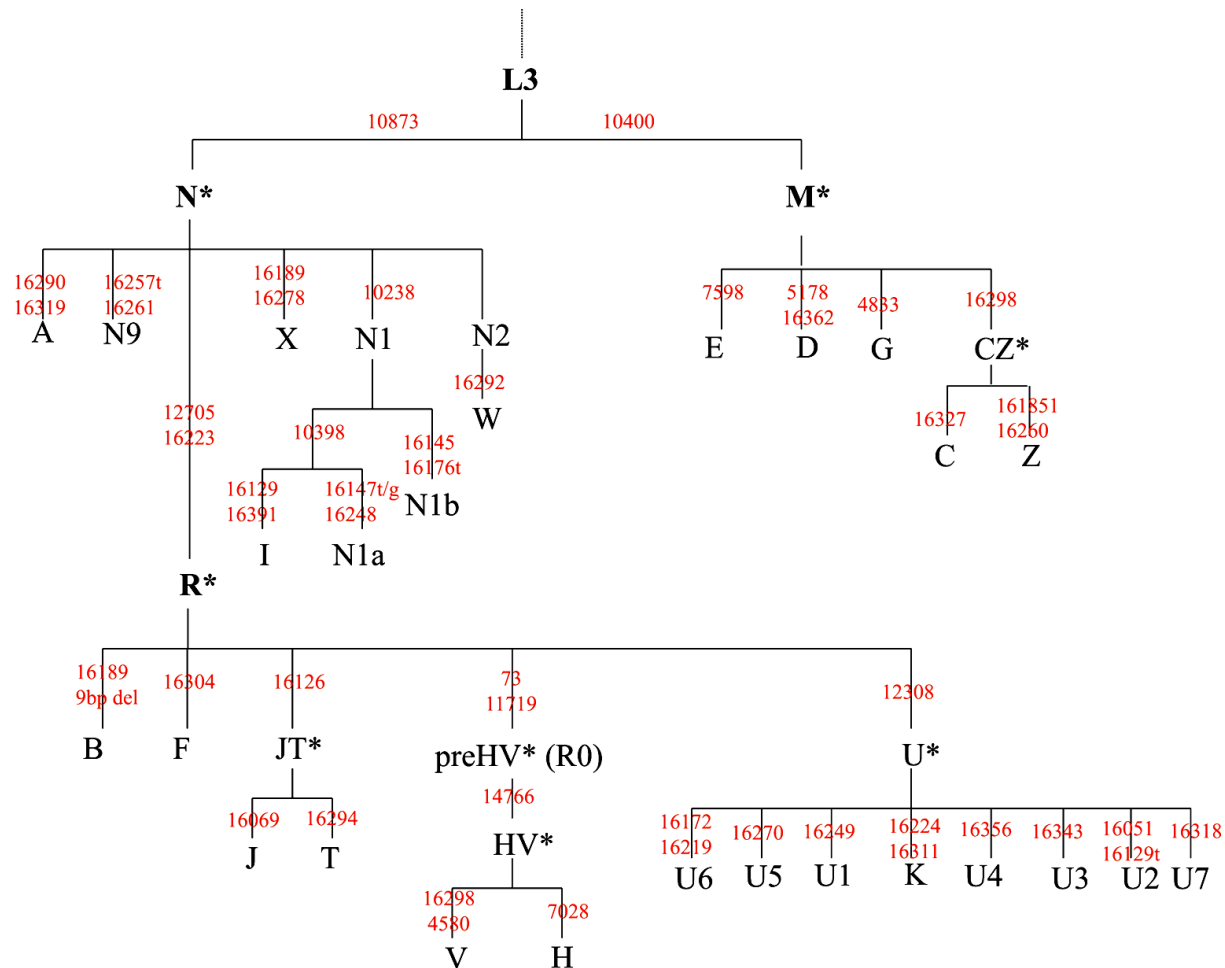


A mitokondriumok és az Y kromoszóma vonal öröklődése.
 Minden utód csak az anyai mitokondriumot, minden fiú
 az apai Y kromoszómát öröklí.
 (A számok a kromoszóma számot jelölik.)

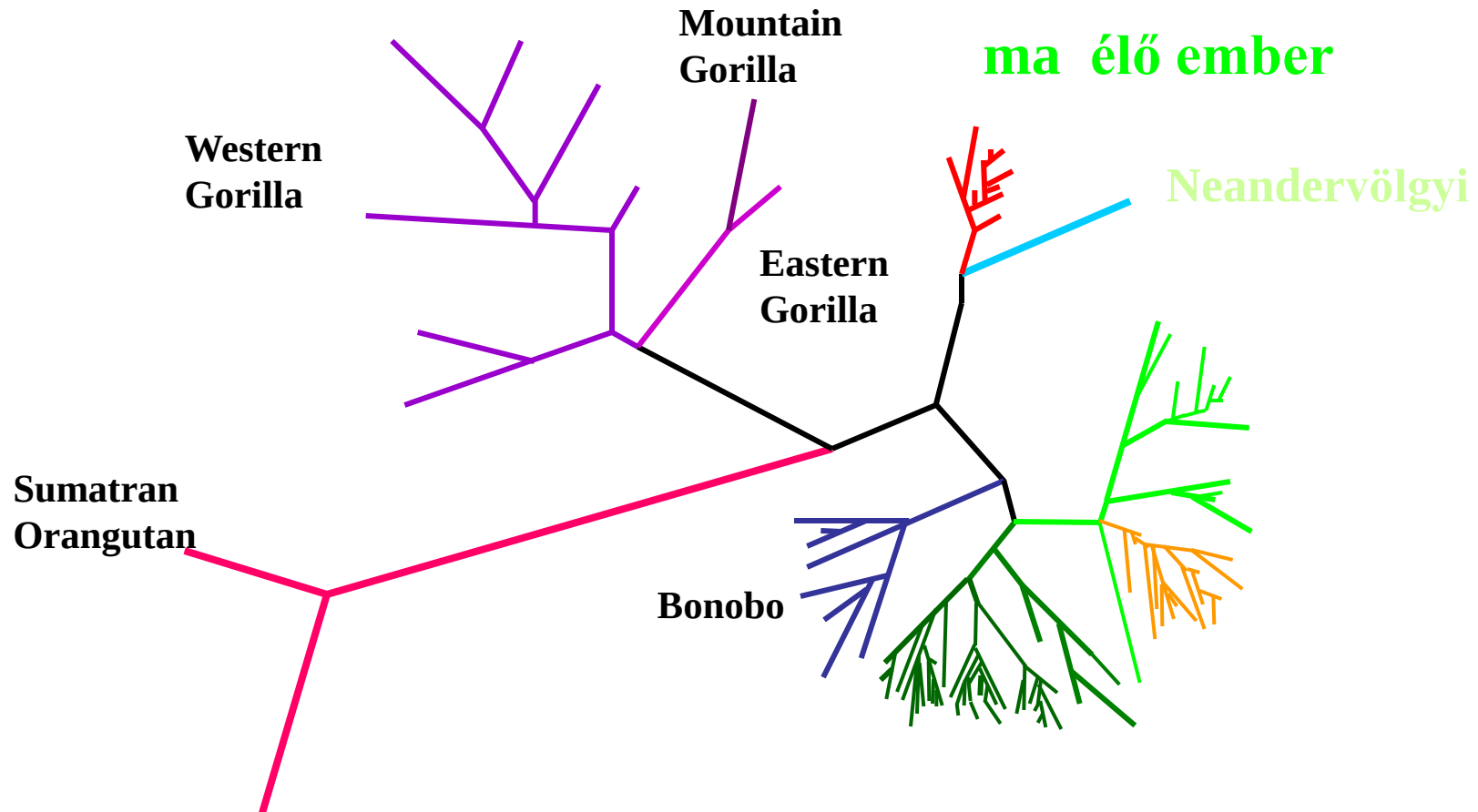


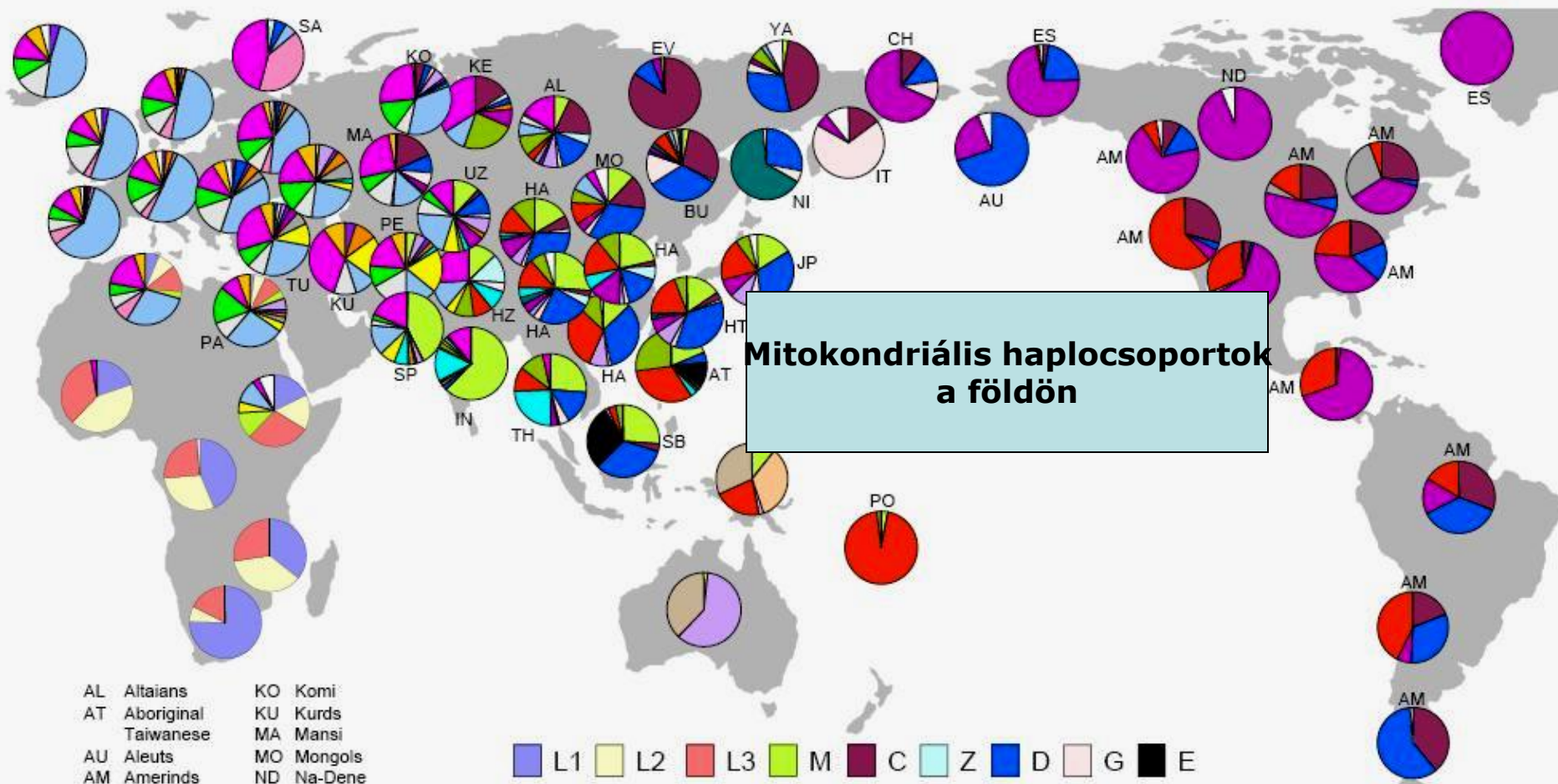
A „mitokondriális Éva” koncepció vázlata

Mitokondriális haplocsoport fa



Hominidák mitokondriális diverzitása





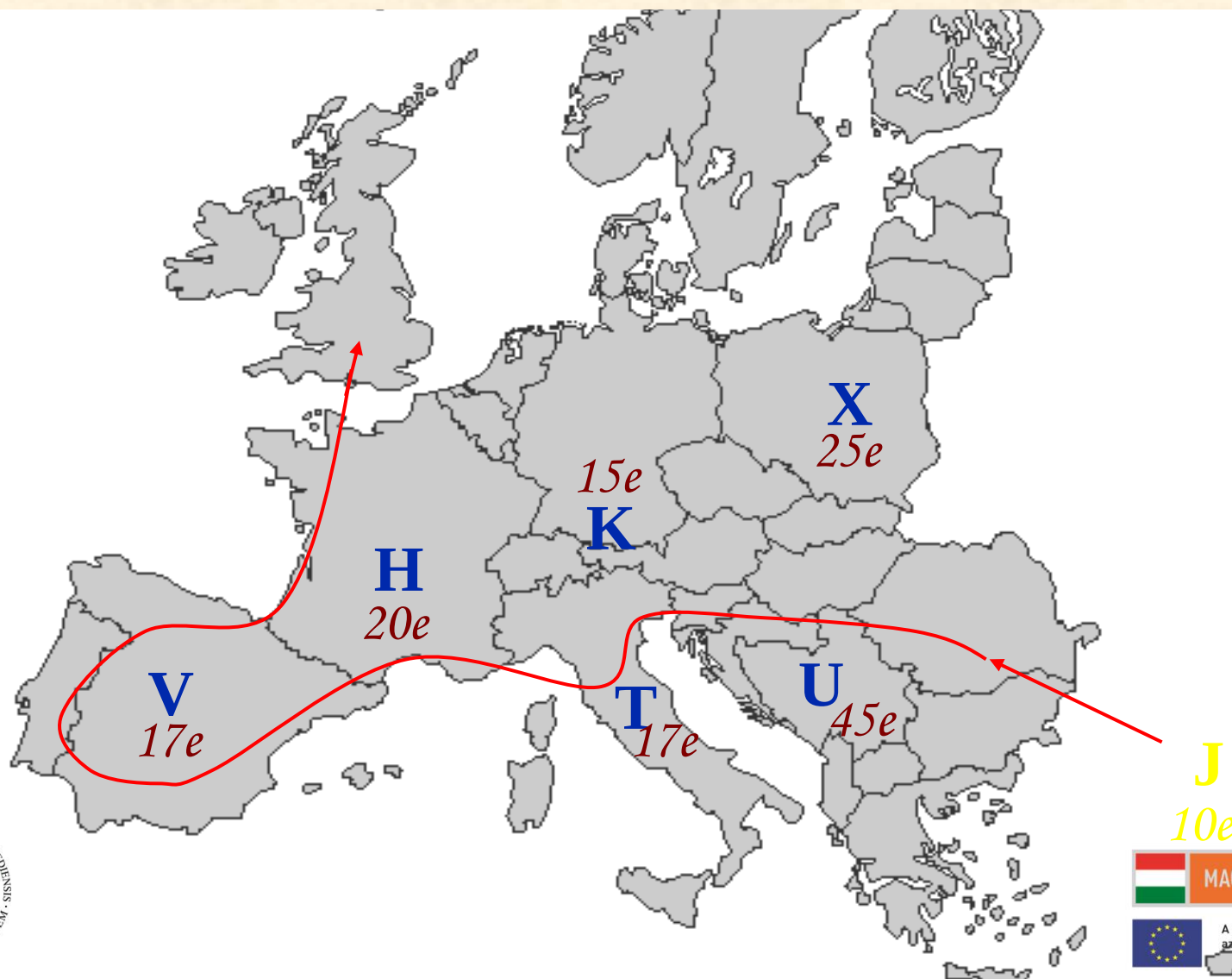
Mitokondriális haplocsoportok a földön

AL	Altaians	KO	Komi
AT	Aboriginal Taiwanese	KU	Kurds
AU	Aleuts	MA	Mansi
AM	Amerinds	MO	Mongols
BU	Buryats	ND	Na-Dene
CH	Chukchi	NI	Nivkhs
ES	Eskimo	PA	Palestine+Egypt
EV	Evenks	PE	Persians (Iran)
HA	Han Chinese	PO	Polynesians
HT	Han Taiwanese	SA	Saami
HZ	Hazara	SB	Sabah (Borneo)
IN	India	SP	South Pakistan
IT	Itelmen	TH	Thailand
JP	Japanese	TU	Turks
KE	Kets	UZ	Uzbeks
		YA	Yakuts

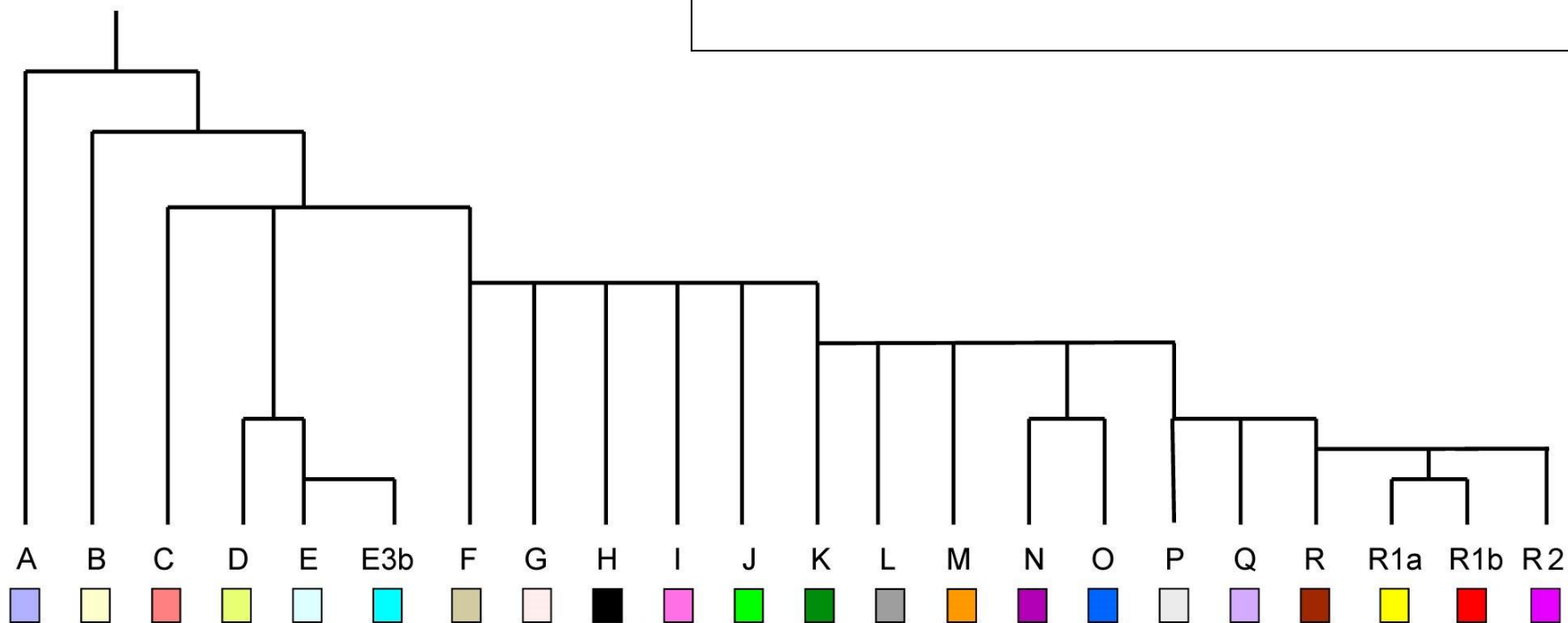
L1	L2	L3	M	C	Z	D	G	E
Q	N	I	W	A	X	Y	R	B
F	HV	H	V	P	J	T	U	K
								Other

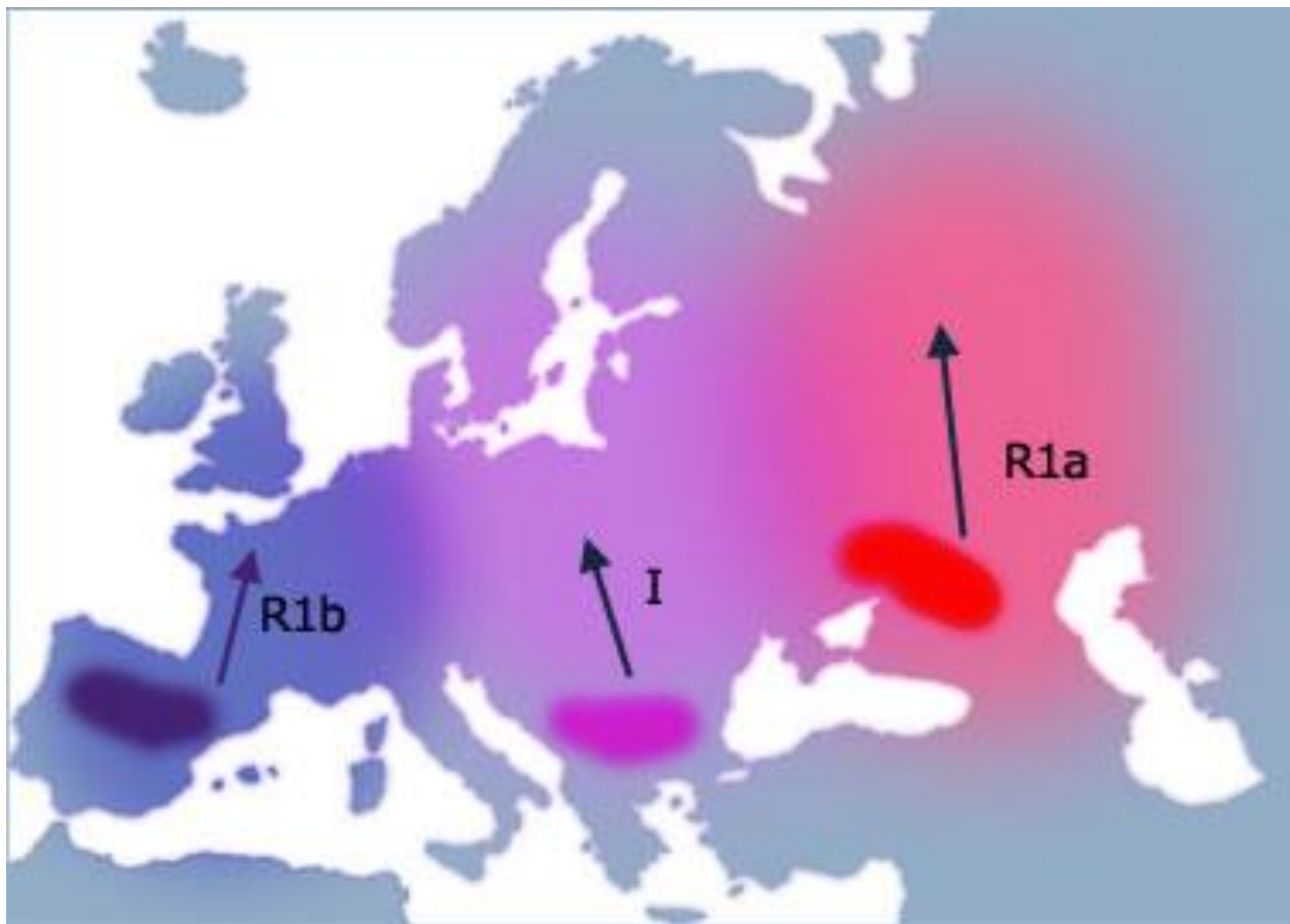
Specific tribes or locations are shown at left. Unlabelled pies are for general population in the area. African, American, and especially Polynesian areas are very large. The data in this chart is supposed to represent the situation before the recent European expansion beginning about 1500 AD. Assignments in Australia are somewhat iffy.

Európa 7 fő mitokondriális haplocsoportja

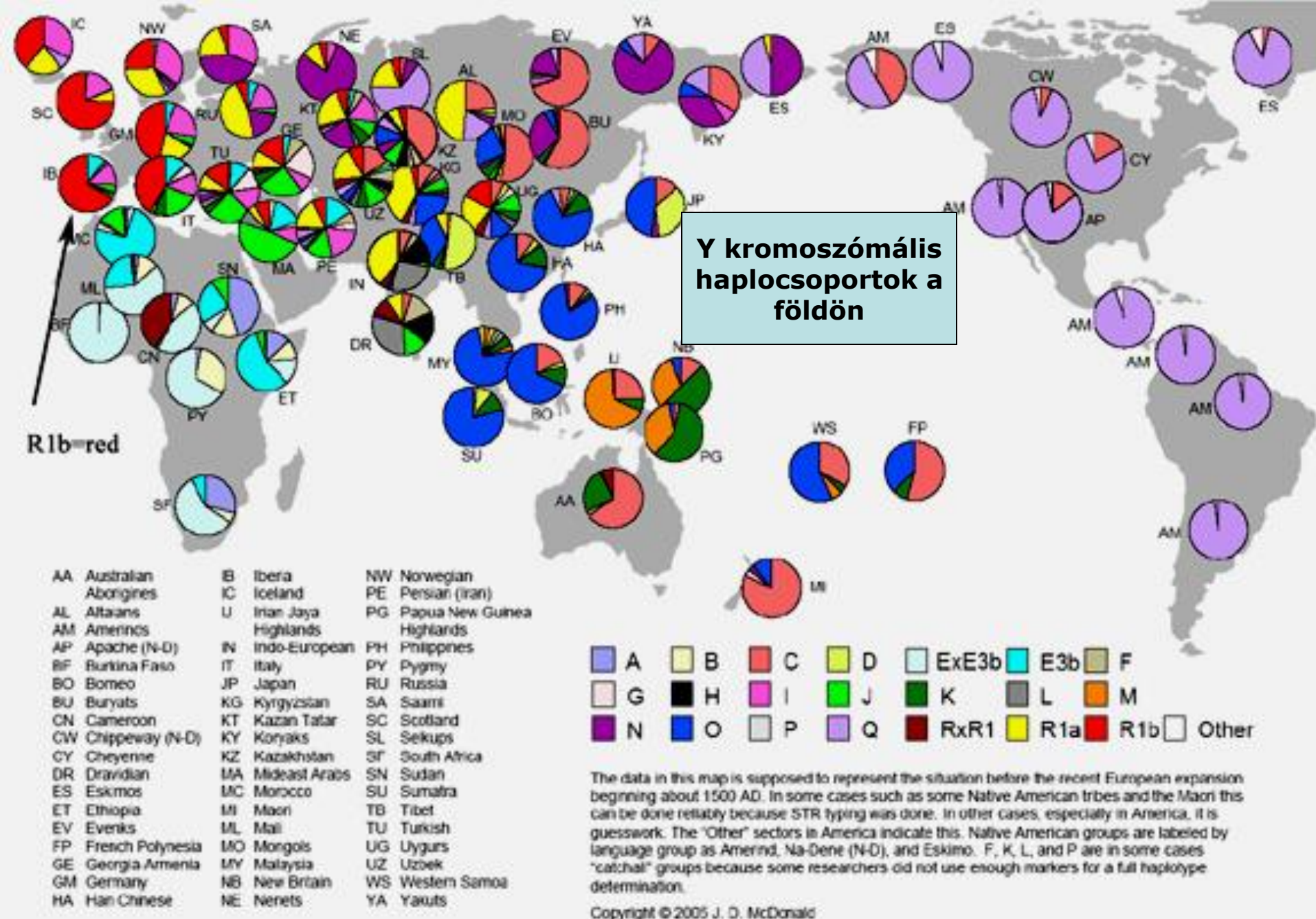


Egyszerűsített Y kromoszómális fa

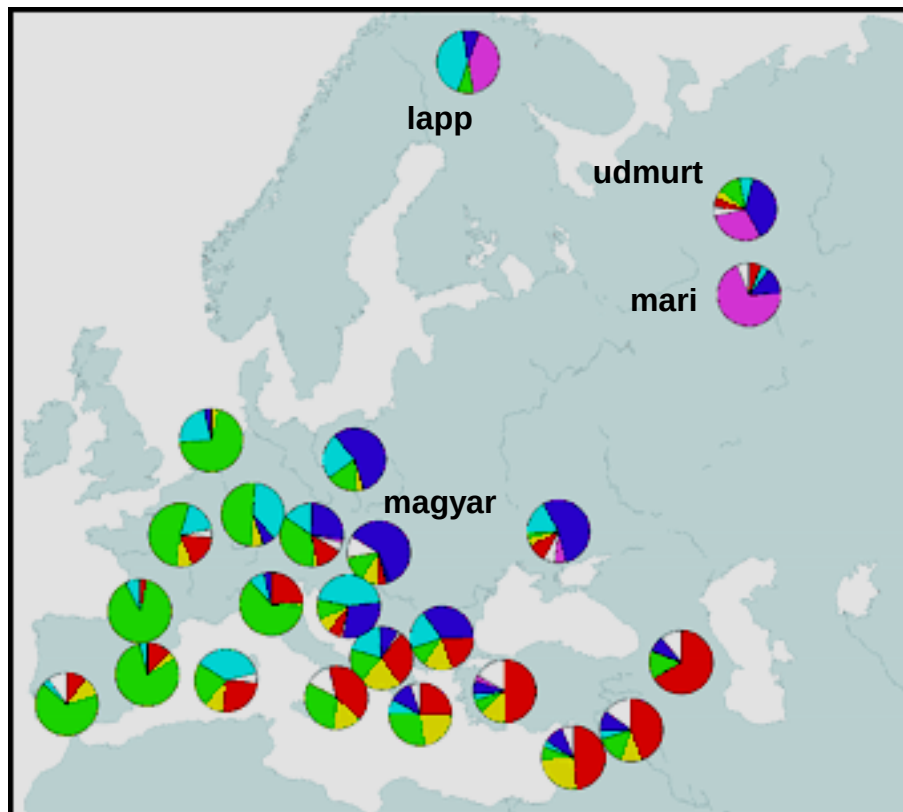
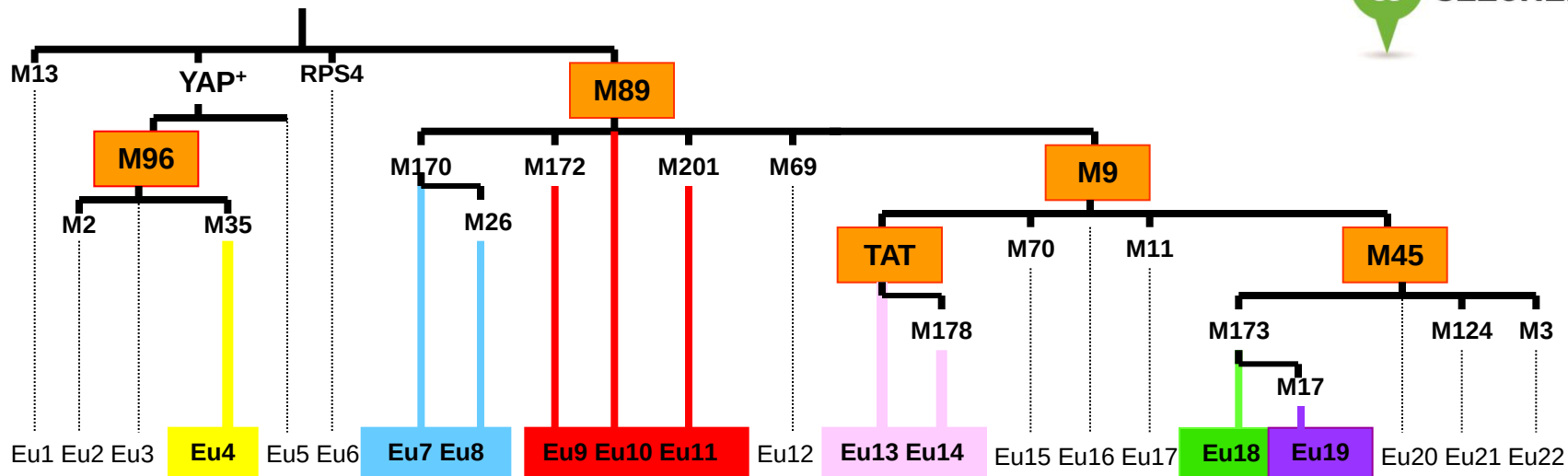




ÁZÁG MEGÚJUL

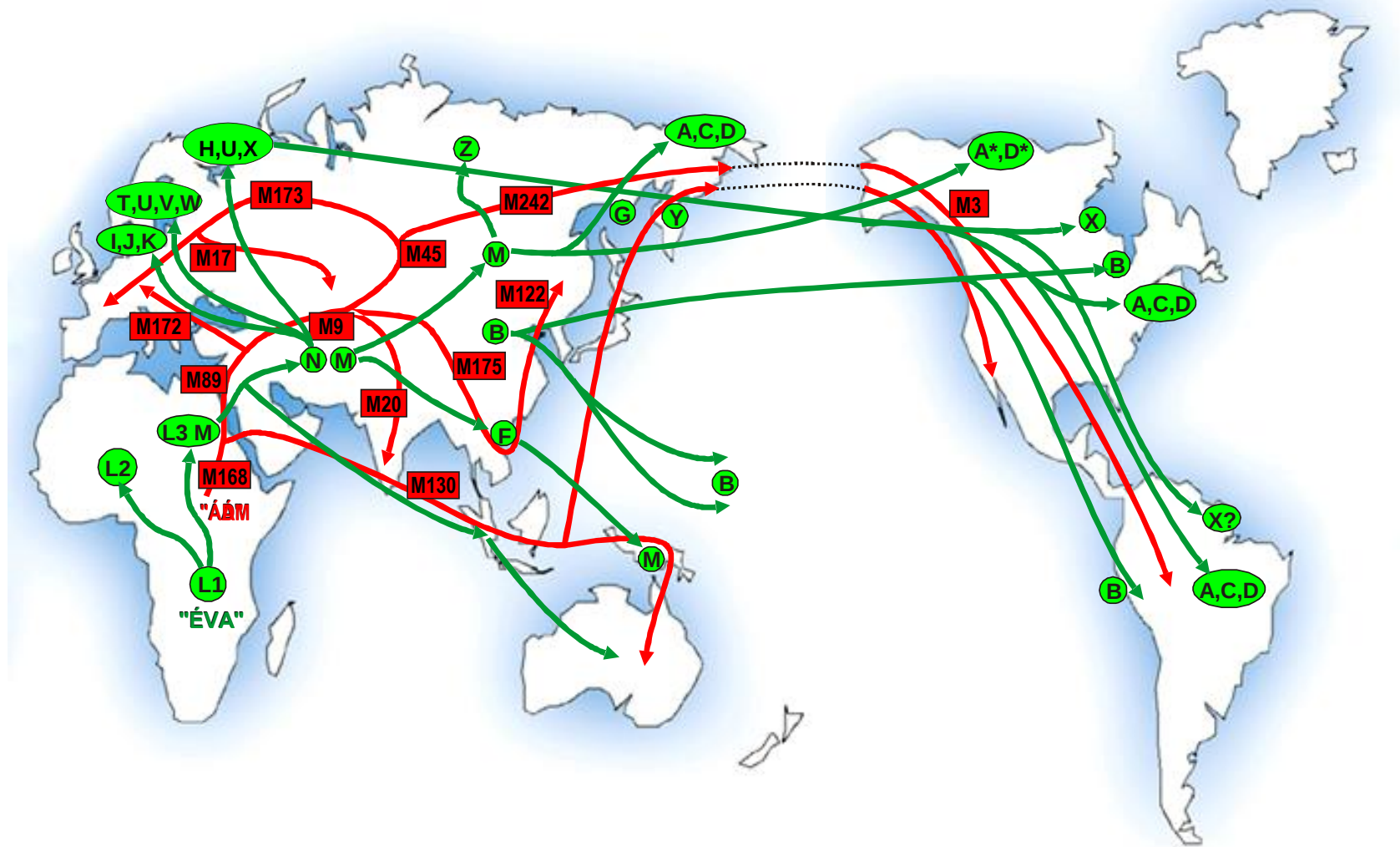


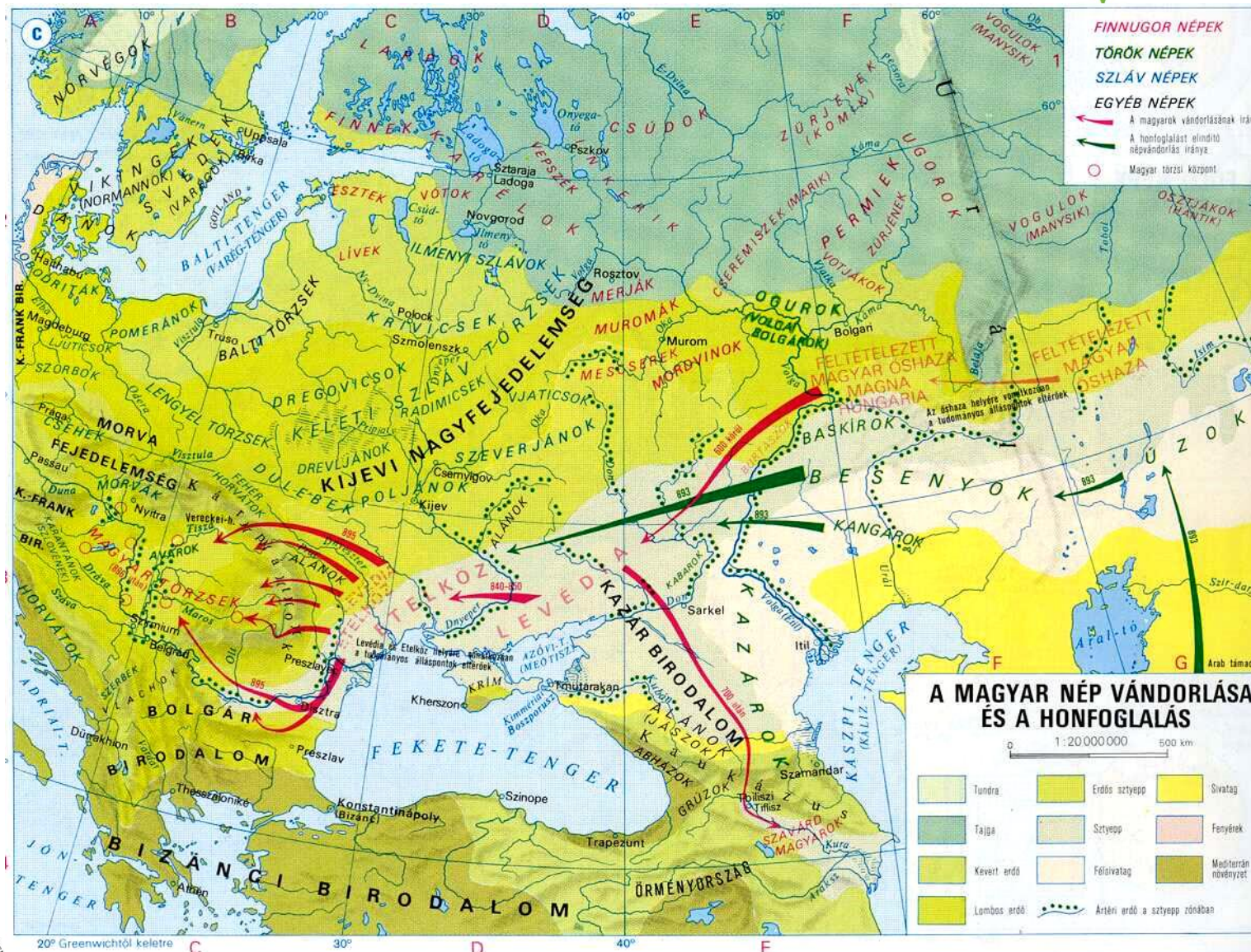
Európa 10 fő Y kromoszómális leszármazási vonala

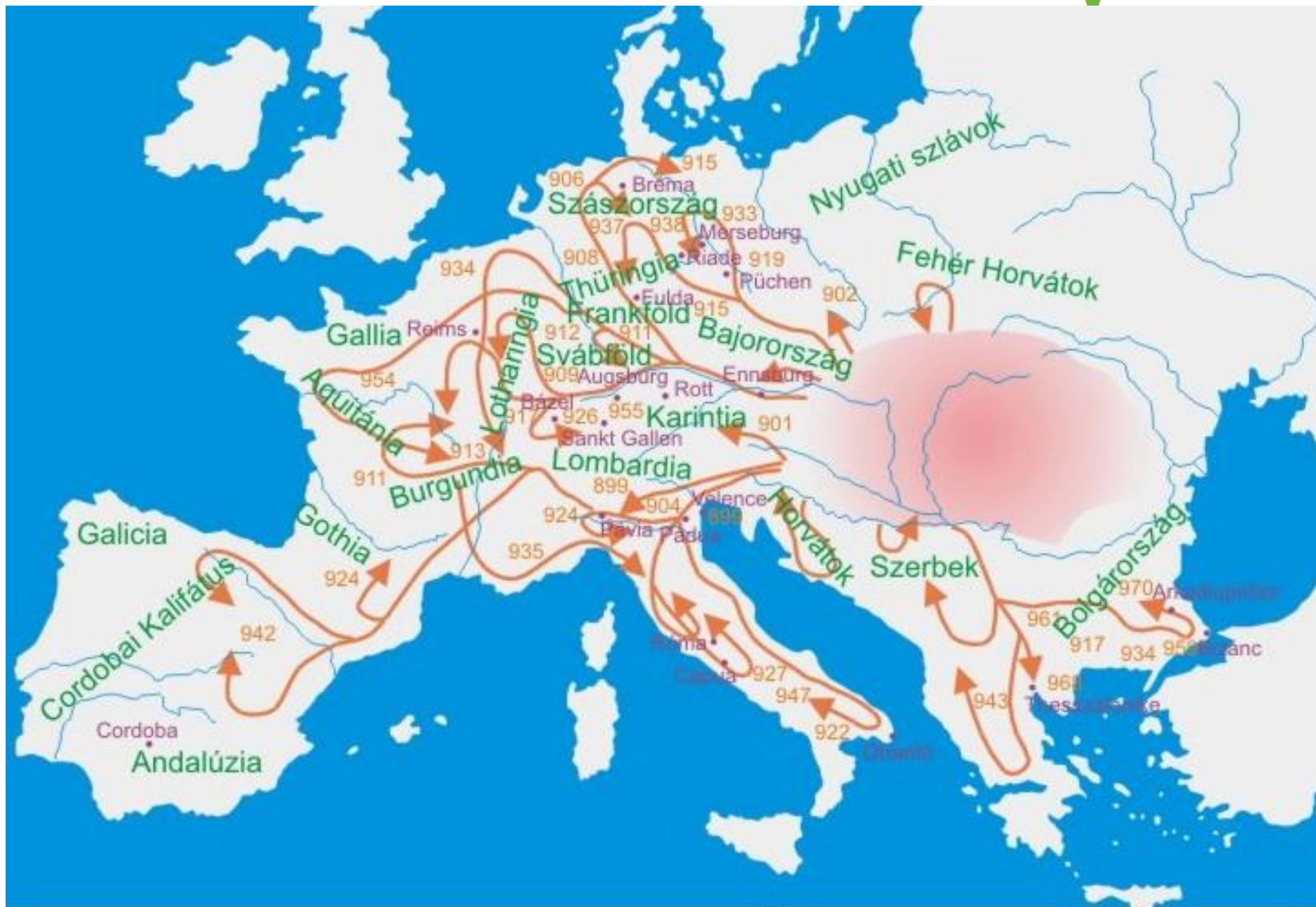


(Semino et al. Science 2000)

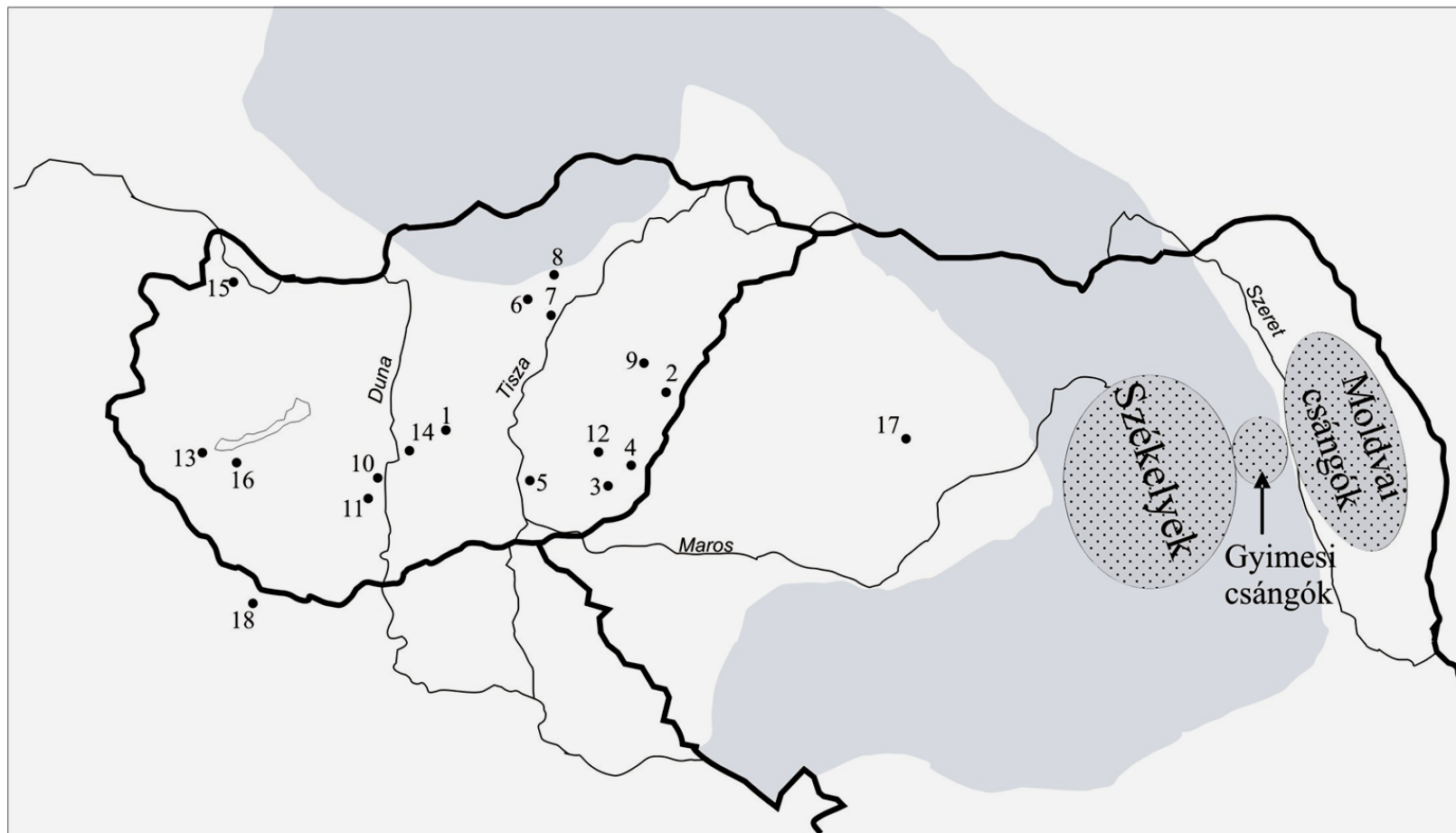
A Föld benépesítése a *H.Sapiens sapiens* által







Minták eredete



	vizsgálatba bevont	sikeres izoláció	sikeres kategorizálás
I. pályázati szakasz	79	42	26
II. pályázati szakasz	57	52	43
<i>Összesen:</i>	<i>136</i>	<i>94</i>	<i>69*</i>

<i>VIZSGÁLT POPULÁCIÓ</i>	<i>ESETSZÁM</i>	<i>FOLYÓIRAT</i>
Japán	11	Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 1991
Indiánok	50	Am J Phys Anthropol. 1993
Húsvét-szigetek	12	Nature 1994
Indiánok	58	Experientia 1994
Baszk	8	Electrophoresis 1995
Fremonti indiánok	47	Am J Phys Anthropol. 1996
Pre-Columbia, indián	18	Am J Phys Anthropol. 1996
Tierra del Fuego-Patagonia	60	Hum Mol Genet. 1997
Pompeii populáció	13	Croat Med J. 1999
Baszk populáció	92	Am J Hum Genet. 1999
Kelet-Alpok (Olaszország)	5	Eur J Hum Genet. 2000
Neresheim (Dél-Németország)	38	Z Morphol Anthropol. 2001

A minták feldolgozásának folyamata

csöves csont



hajsza



vér

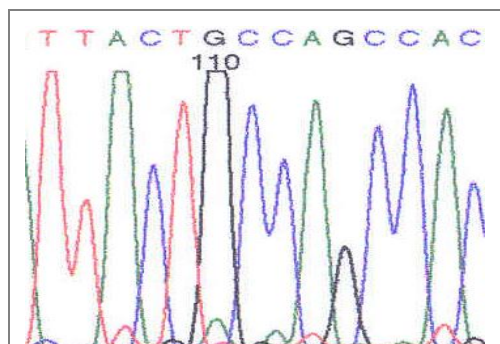


DNS izolálás



mitokondriális DNS vizsgálat

Y-kromoszómális DNS vizsgálat



Szekvenálás

SNP markerek

STR markerek

Tat
M9
M69
M9
45M
M35
M78
M201
P1
M269

P37
M26
M267
M304
M12
M9
M253
M170

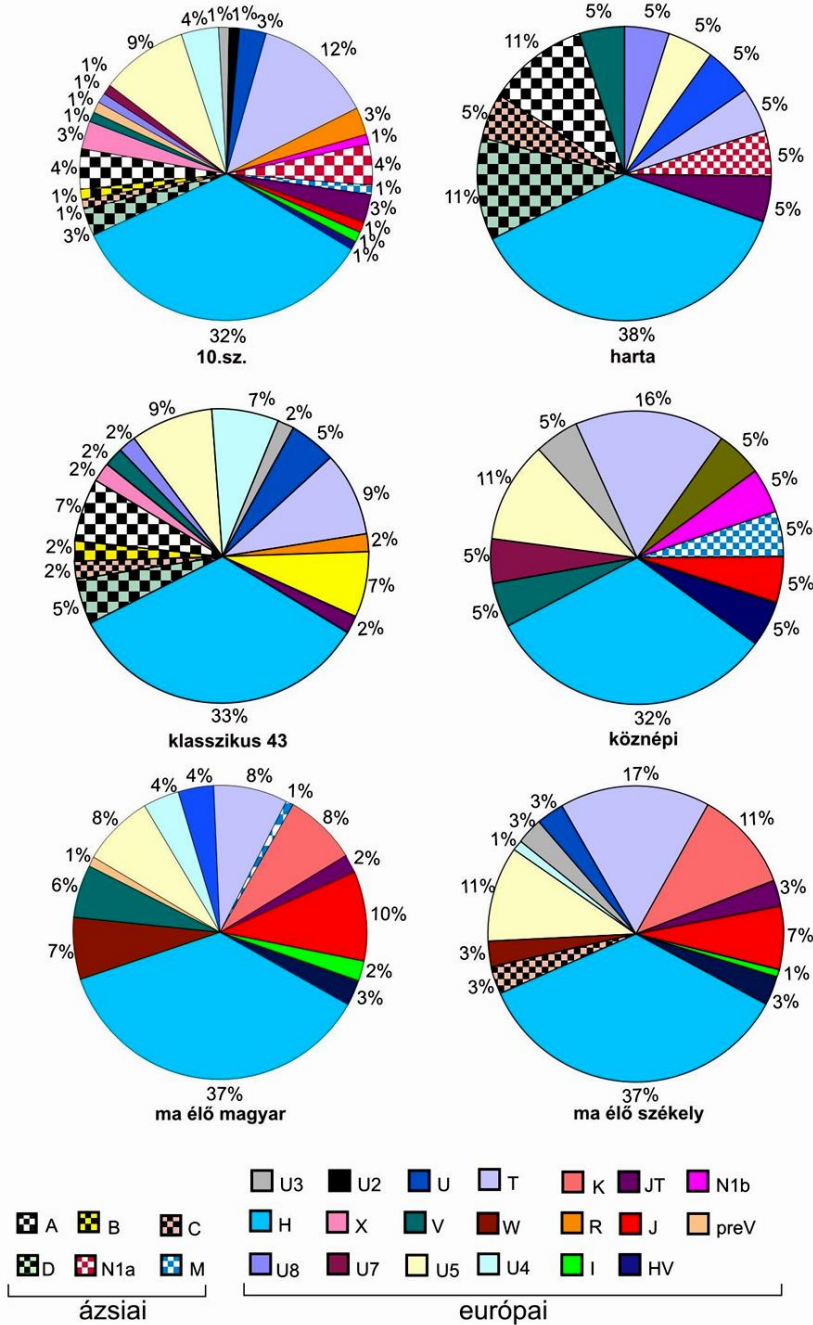
DYS 393
DYS 391
DYS 390
DYS 19

M6
M7
M7

MAGYARORSZÁG MEGÚJUL

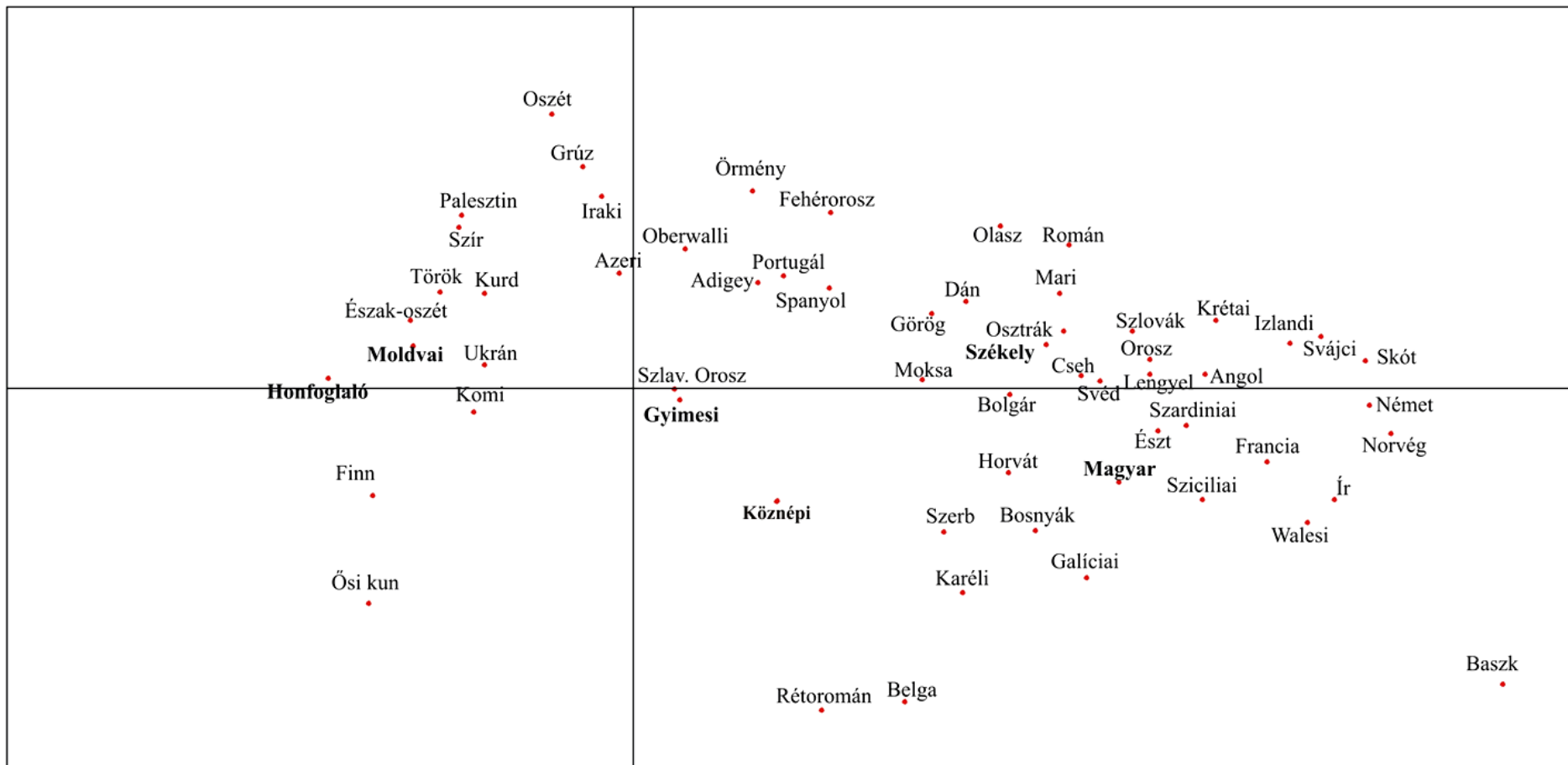


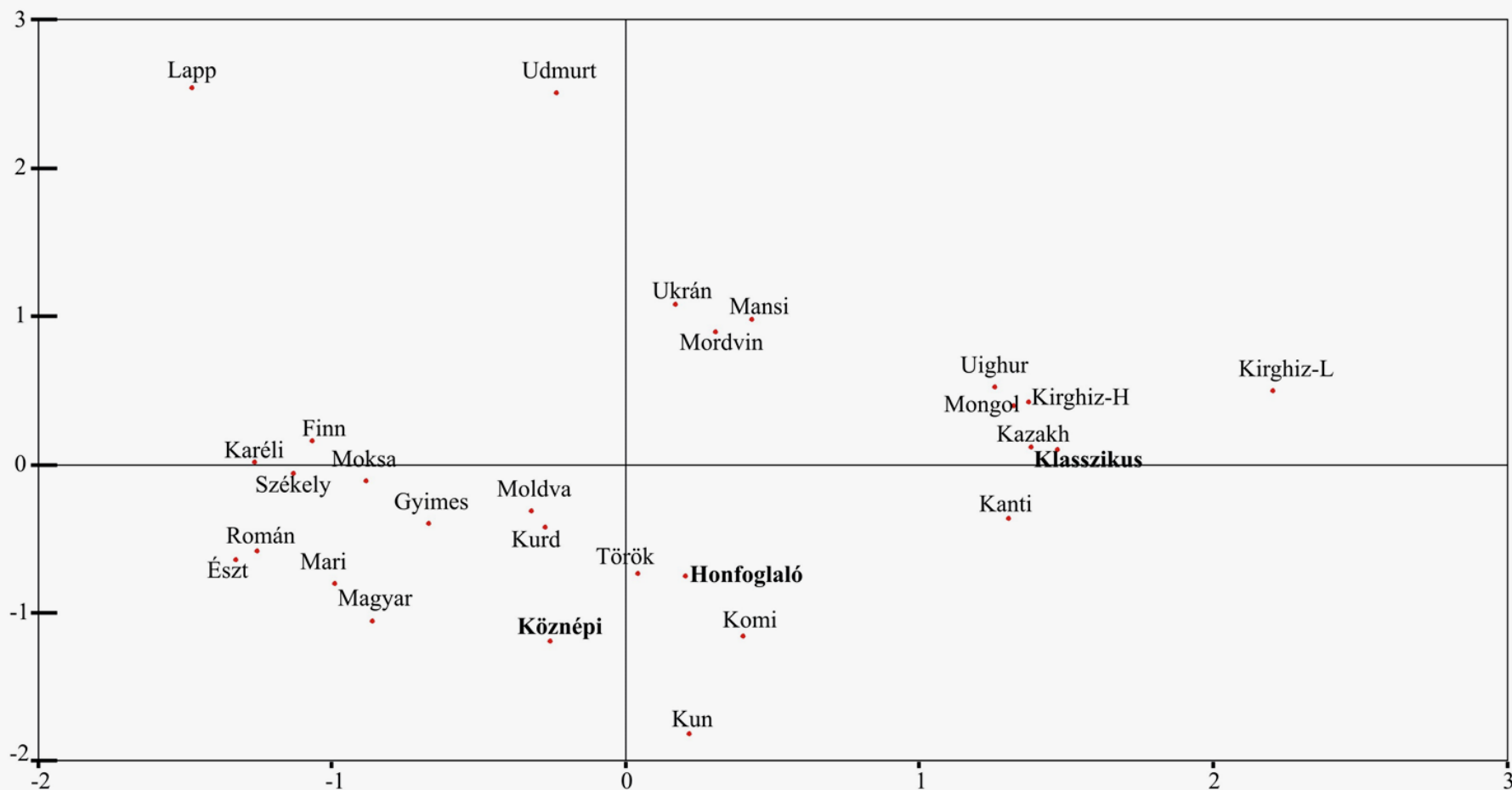
A projekt az Európai Unió támogatásával,
az Európai Szociális Alap
társfinanszírozásával valósul meg.



	magyar	székely	gyimesi	moldvai	honfoglaló	klasszikus	köznépi
magyar	*	0,0028	0,0088	0,0078	0,0274	0,1160	-0,0020
székely	0,21	*	0,0153	0,0007	0,0250	0,1003	-0,0048
gyimesi	0,10	0,05	*	-0,0037	0,0175	0,0781	0,0037
moldvai	0,17	0,40	0,59	*	-0,0095	0,0229	-0,0028
honfoglaló	0,00	0,01	0,06	0,80	*	-	-
klasszikus	0,00	0,00	0,00	0,09	-	*	0,0902
köznépi	0,50	0,58	0,35	0,52	-	0,00	*

A magyar nyelvű populációk közti genetikai távolságok (harántvonal felett) és a p értékek (harántvonal alatt). A *dölt* értékek a szignifikáns távolságokat ($p < 0,05$) jelölik.

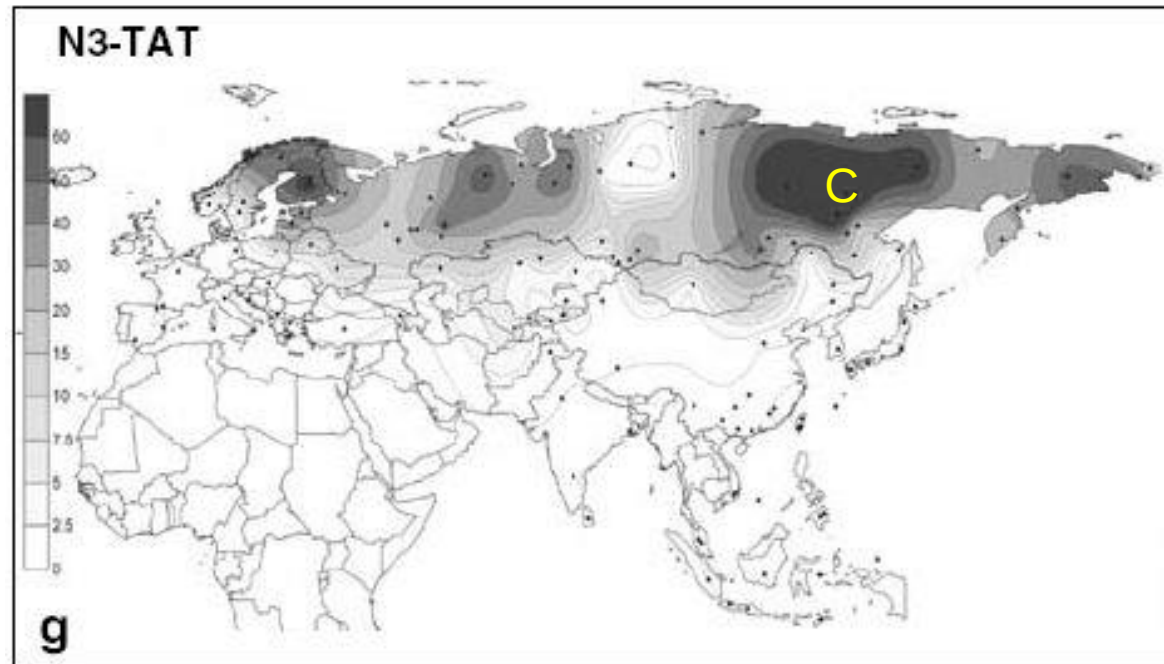




Kétdimenziós grafikon a finnugor és néhány más populáció közötti genetikai távolság alapján

TAT-C az uráli migrációs marker

Közép Ázsiából ~4000 éves



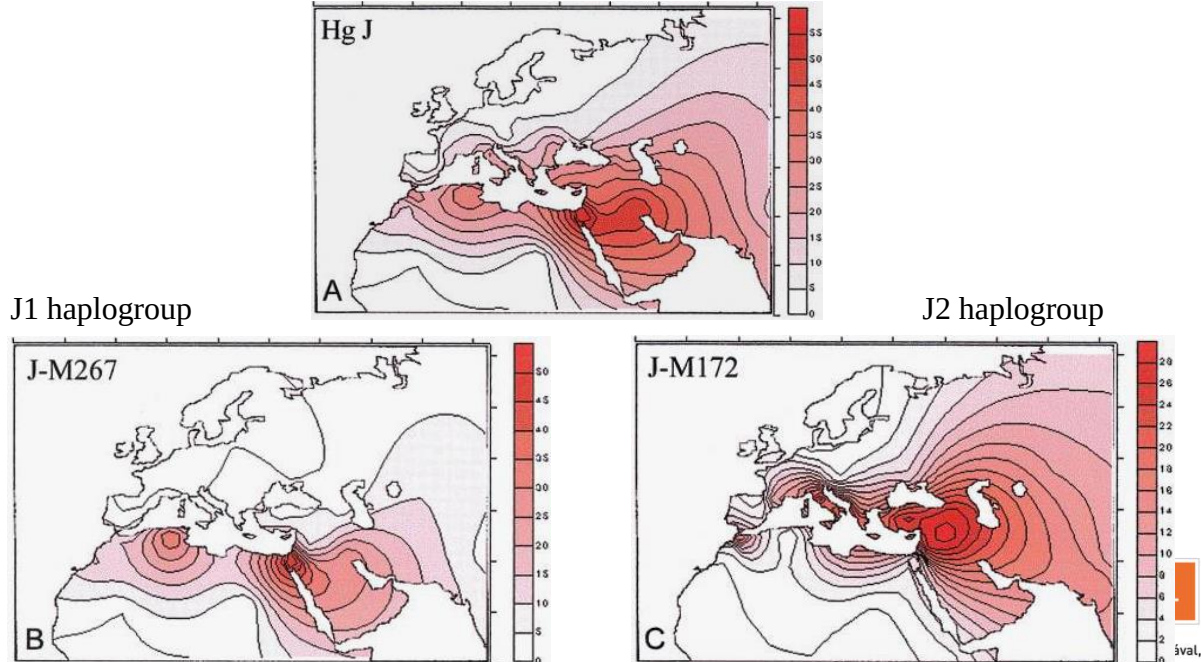
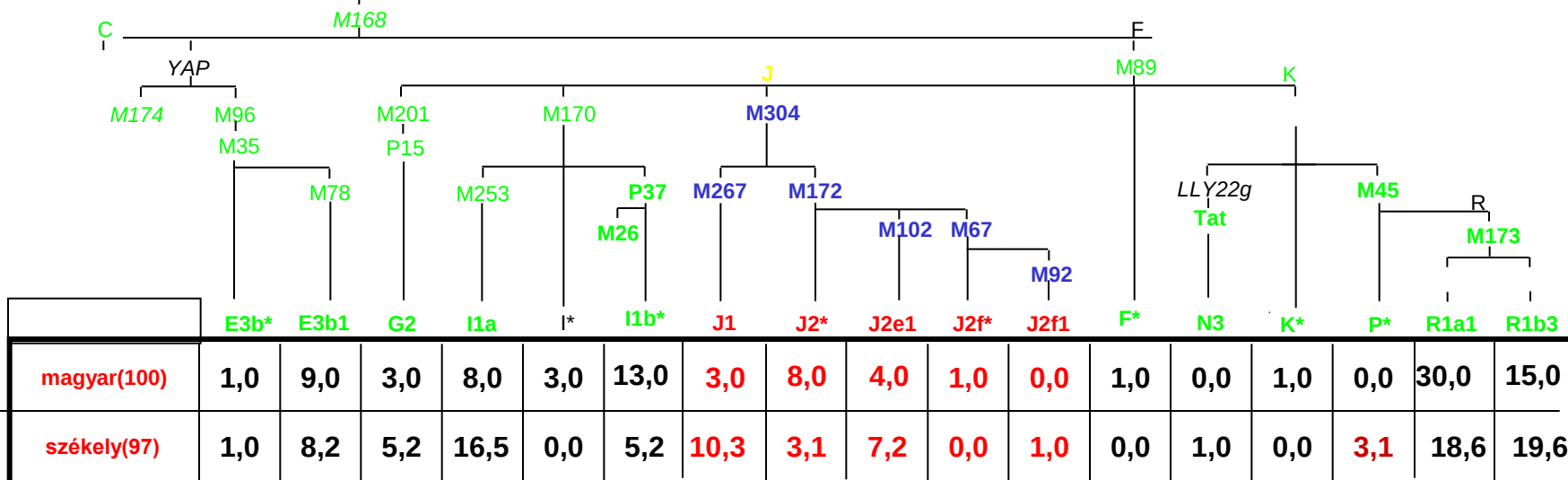
**finn, lapp, észt, mordvin,
karéliai, mari
komi, udmurt
vogul, osztják
nyenyec**

A Tat bélyeg előfordulása

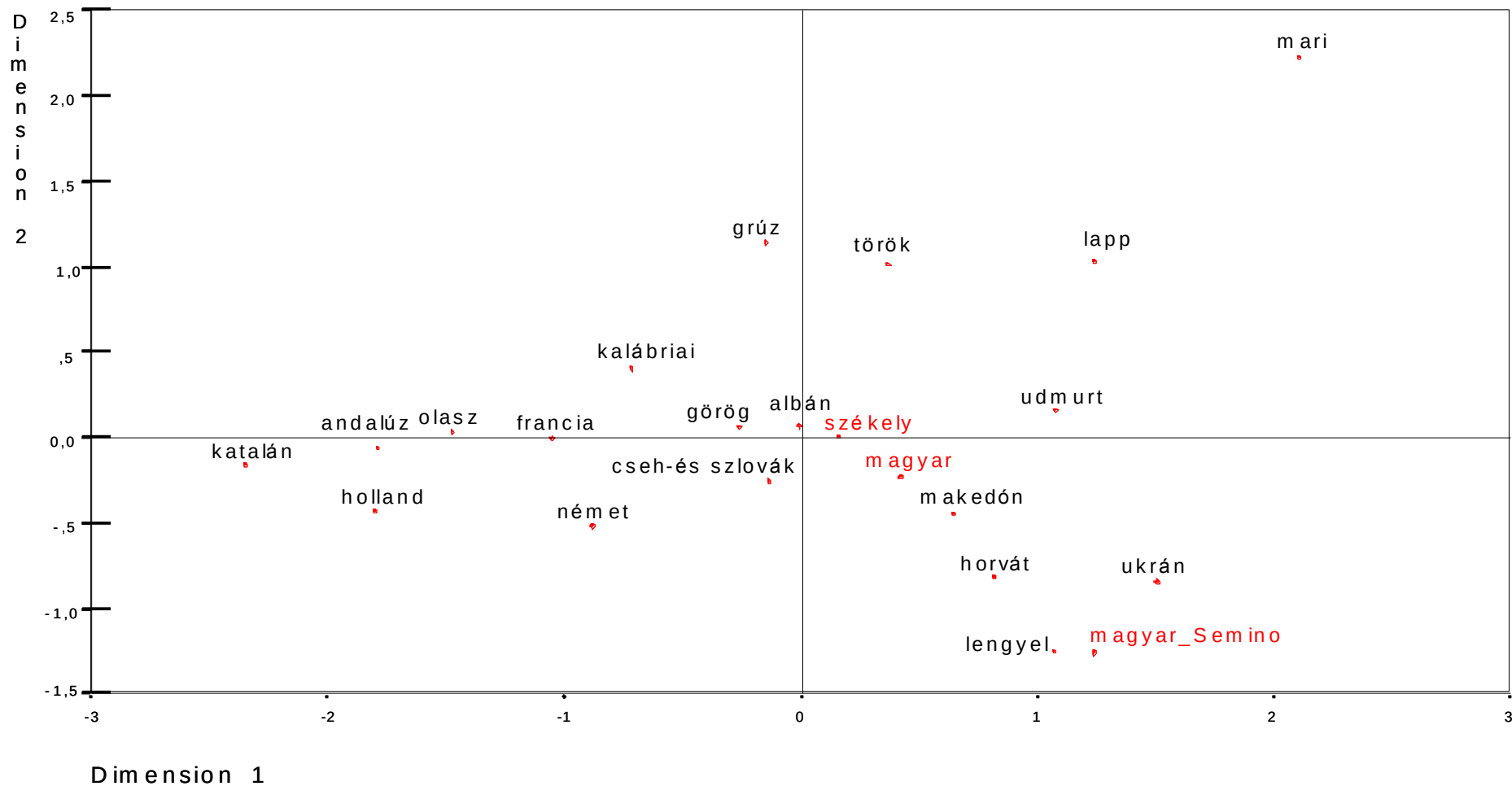
	allél	ma élő magyar	székely
Tat	T	100	96
	C	0	1

minta	Tat T/C allél	Ásatás	Típus
B1/3c	C	Örménykút (Békés)	klasszikus
13/1	C	Szabadkígyós-Pálliget (Békés)	klasszikus
13/7	T	Szabadkígyós-Pálliget	klasszikus
T2/41	T	Mözs-Szárazdomb (Tolna)	köznépi
14/B	T	Harta (Bács-Kiskun)	klasszikus
378/B	T	Szarvas-Kákapusztá (Békés)	köznépi
48/B	T	Csekej, Slovacian Rep.	köznépi

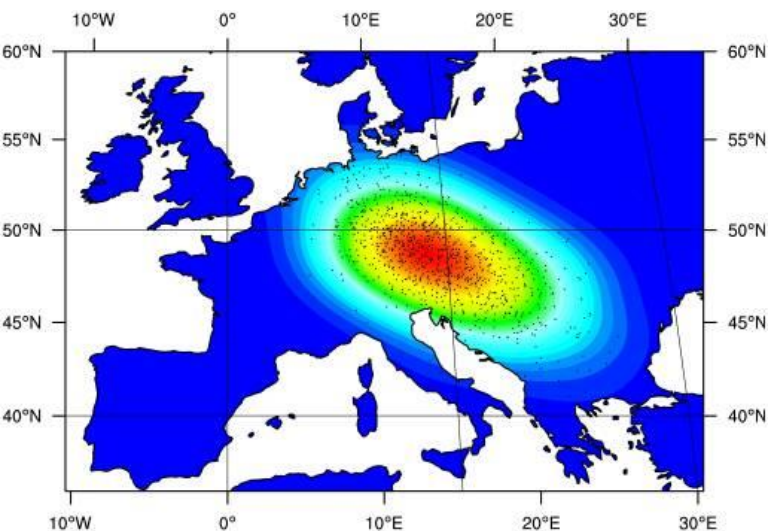
Y kromoszóma SNP haplocsoportok megoszlása magyar férfiakban (%)



(Semino et al. 2004)



Laktóz tolerancia kialakulása



PLoS Comp.Biol.2009.5. Itan et al.

Table 18.3 Lactose Absorption in Various Populations

Population	Percent Lactose Absorbers (LA)
Eskimos—Greenland	15
!Kung—Africa	2.5
Tuareg—Africa	85
Bantu—Africa	0
Arabs—Saudi Arabia	86
Sephardic Jews—North Africa	38
Danes—Europe	98
Czechs—Europe	100
U.S.—Asians	3
Aborigines	15
U.S.—Blacks	25

Laktóz toleráns

Magyar (n=181):

60%

Székely (n=65):

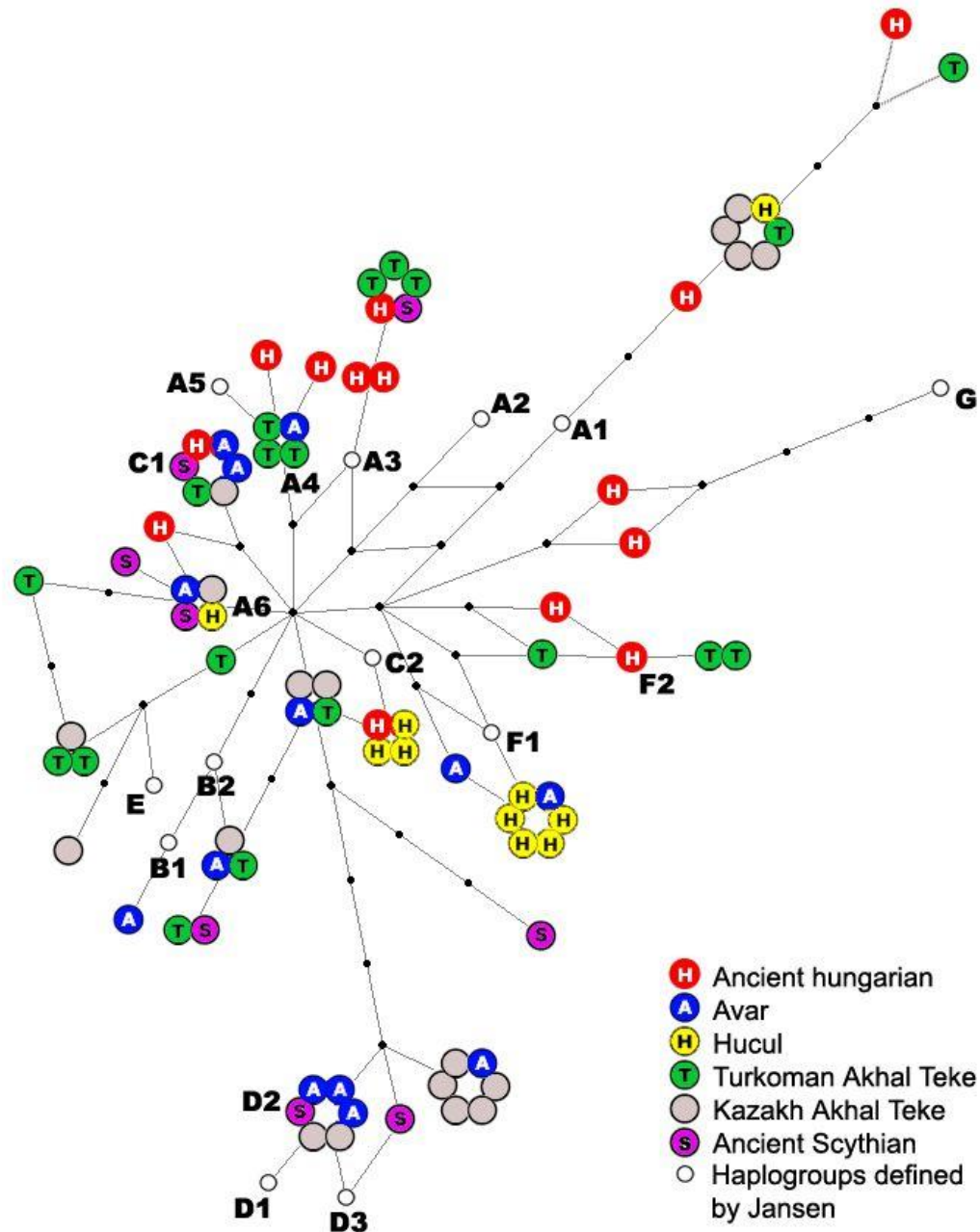
71%

Honfoglaló (n=23):

13%

A X. századi magyar temetkezések egyik steppei eredetű vonása a lovas temetkezés





akhal teke



MEGÚJUL

hucul



A projekt az Európai Unió támogatásával,
az Európai Szociális Alap
társfinanszírozásával valósul meg.

PÁRONKÉNTI TAMURA-NEI GENETIKAI TÁVOLSÁGON ALAPULÓ PLOT



MODELL: TAMURA-NEI

**27 FAJTÁHOZ TARTOZÓ
607 SZEKVENCIÁBÓL**

**AMOVA: POPULÁCIÓK
KÖZTI VARIANCIA:
10,29%
POPULÁCIÓN BELÜLI
VARIANCIA: 89,71%**



MTA Régészeti Intézet



Bogácsi-Szabó Erika

Csányi Bernadett

Priskin Katalin

Czibula Ágnes

Nagy Dóra

Kalmár Tibor

Radóné Dudás Mária

Lehőcz Istvánné

Univ.of Ulster: CS Downes

Bálint Csanád

Tömöry Gyöngyvér

Mende Balázs

Langó Péter

Csősz Aranka

**SZTE ÁOK Igazságügyi Orvostani
Intézet**

Csete Klára

ÁTK

Zsolnai Attila

(NKFP 5/088/2001)

(NKFP 5/038/2004)

