

Régészeti Genetika

archaikus DNS vizsgálat és eredet kutatás

2021

*AP4_TTIK KÁRPÁT-MEDENCEI OKTATÁSI TÉR KIALAKÍTÁSA
ÉRDEKÉBEN TETT TEVÉKENYSÉGEK A TTIK-N
BBTE OKTATÁSI EGYÜTTMŰKÖDÉS*

Elérhetőség: kitti.maar@gmail.com

SZÉCHENYI  2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE

Mit vizsgál a régészeti genetika?

A régészeti leletekből kivonható DNS szekvenciák alapján von le következtetéseket.



Az archaeogenetika egy 25 éves, nagyon gyorsan fejlődő új tudományterület, melynek segítségével aránylag pontosan tisztázható a ma élő populációk eredete.

A filogenetika, filogeográfia és populációgenetika módszertanát alkalmazza. A régészeti genetika csak módszertanilag különül el a genetika többi területétől, mivel a régészeti leletekben nagyon kevés és rossz minőségű DNS található.

A filogenetikai módszer: leszármazási-rokonsági viszonyokat állapít meg szekvenciák alapján

1. DNS szekvencia illesztés (homológ szakaszok)

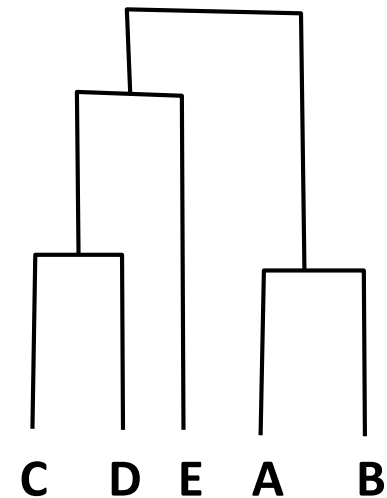
Species A **A**TGGCT**A**TTCTT**A**TAGT**A**CG
Species B **A**TCGCTAGTCTT**A**TATT**A**CA
Species C **T**TC**A**CTAG**A**CC**T**GTGGT**C**CA
Species D **T**TG**A**CCAG**A**CC**T**GTGGT**C**CG
Species E **T**TG**A**CCAG**T**TTCTCT**A**GT**T**CG

2. Matematikai elemzés (szekvencia hasonlóság számszerűsítése- távolság megállapítása)

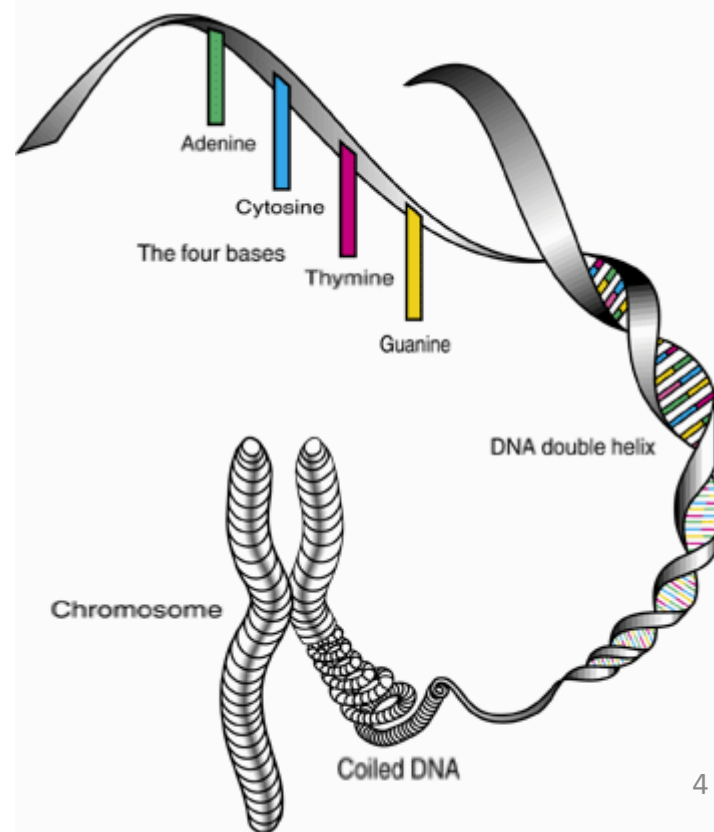
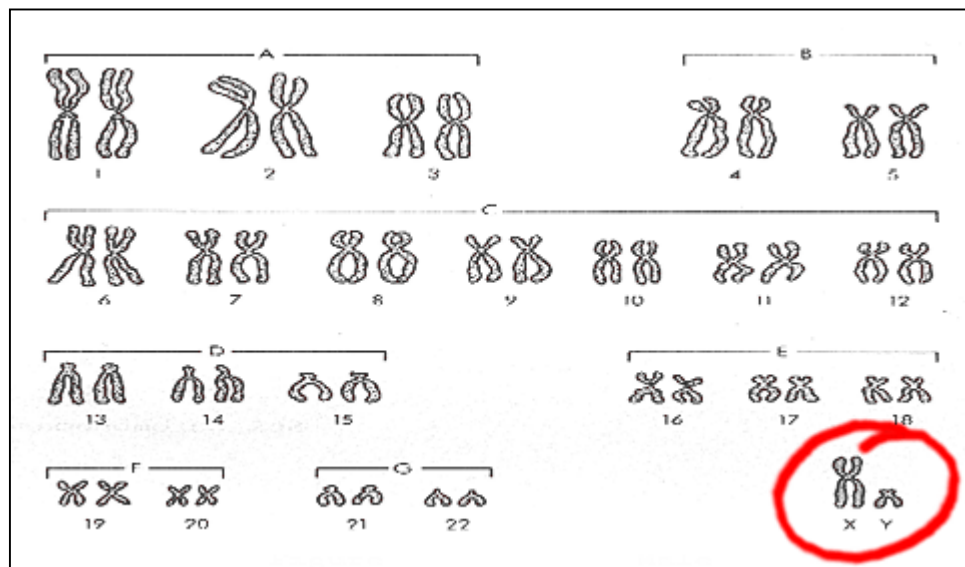
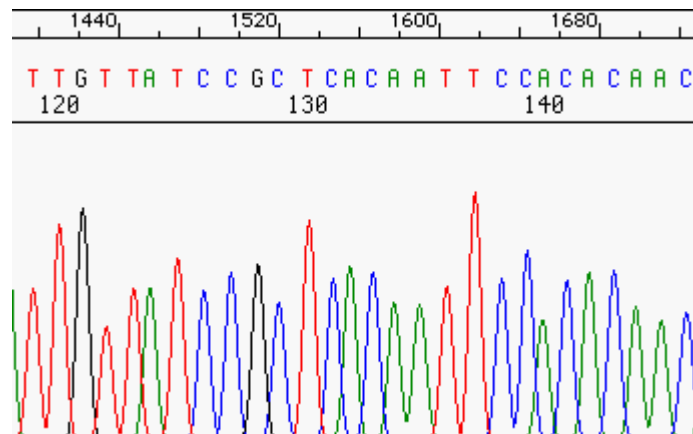
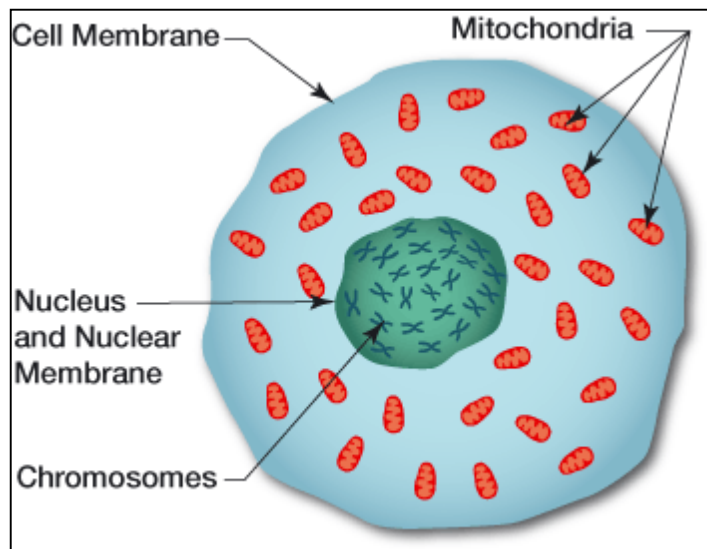
Minél hasonlóbb, annál később különültek el

	A	B	C	D	E
Species A	----	0.20	0.50	0.45	0.40
Species B	0.23	----	0.40	0.55	0.50
Species C	0.87	0.59	----	0.15	0.40
Species D	0.73	1.12	0.17	----	0.25
Species E	0.59	0.89	0.61	0.31	----

3. leszármazási viszonyok megállapítása a matematikai adatokból



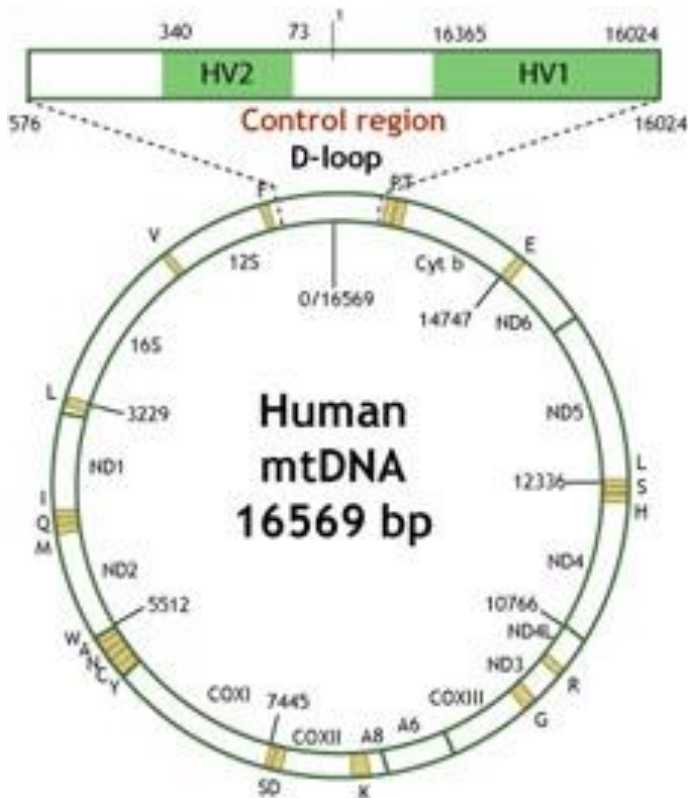
Milyen DNS szekvenciákat vizsgálhatunk?



A régészeti genetikában kiemelt fontosságú az mtDNS

Mivel **egyetlen sejtben több 1000** azonos **mtDNS** molekula lehet, ezért nagyobb eséllyel megőrződik a bomlási folyamatok során mint az egyetlen kópiában lévő genomi DNS.

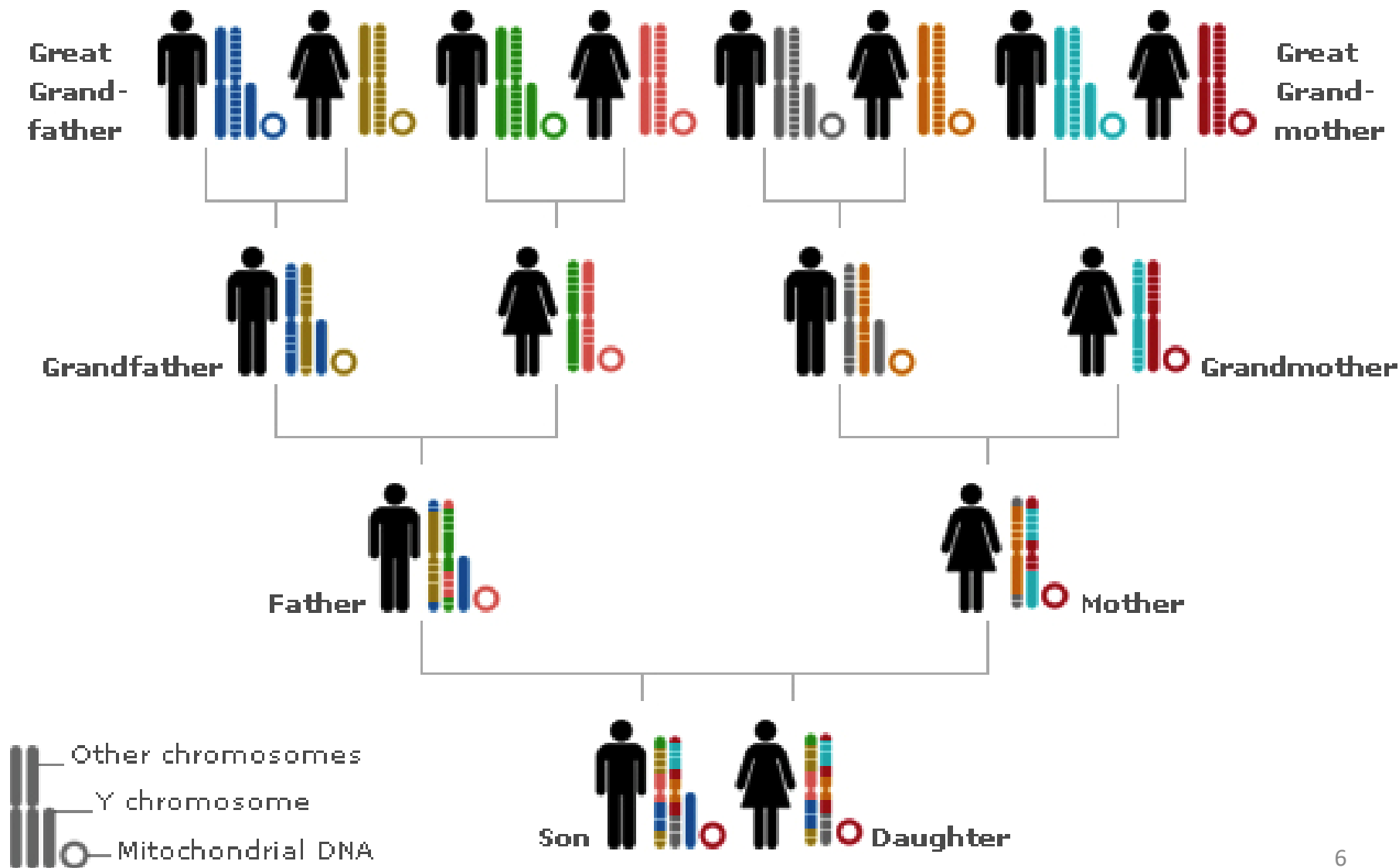
Anyai ágon öröklődik, öröklődés során nincs rekombináció



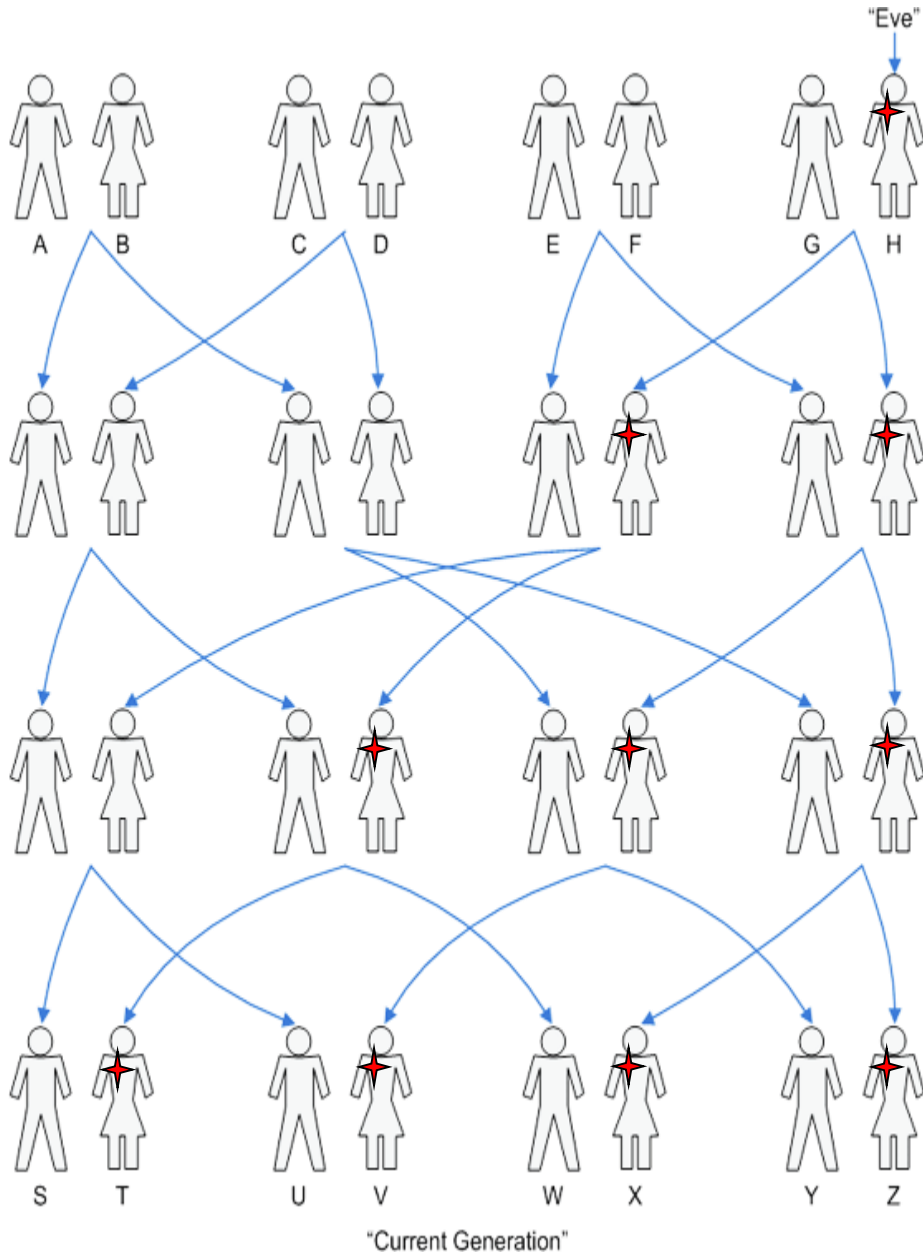
A legtöbb evolúciós kutatás a mitokondriális DNS D-hurok (hipervariábilis szakasz, HVR) nevű rövid szakaszára korlátozódik, mert a mutációs ráta itt a legmarasabb.

Ez egy 1200 bp hosszú nem kódoló régió, ahol a bekövetkezett mutációk nem járnak káros következményekkel.

Az Y-kromoszóma és a mitokondrium DNS „változatlanul” öröklődik a generációk során, míg a genomi DNS rekombinálódik



A mitokondriális „Éva” matematikai törvényszerűség



A ma élő emberek mindegyike egyetlen közös ősrre vezethetők vissza mind anyai, mind apai ágon.

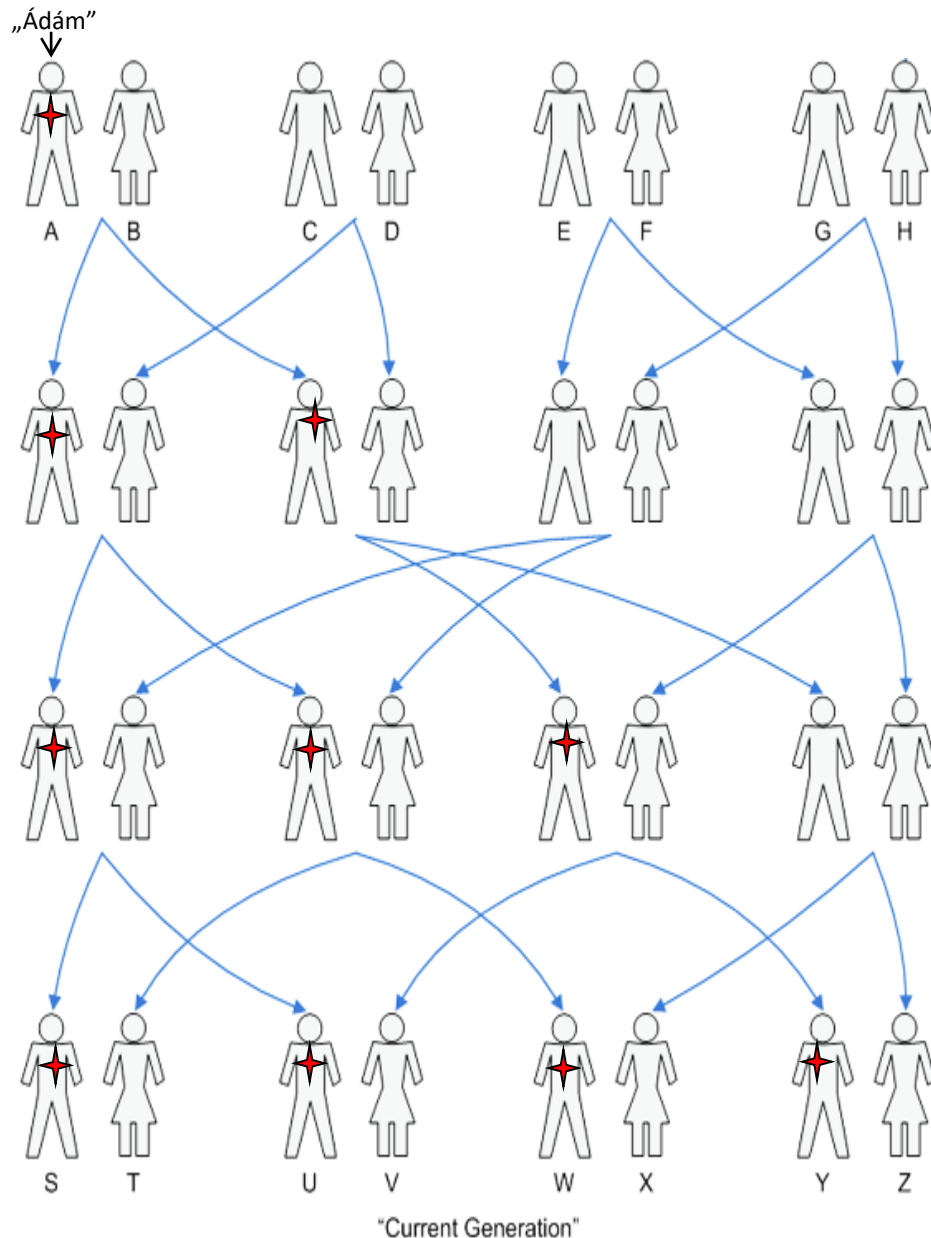
A mitokondriumot mindenki az anyjától örökli, ezért az csak női ágon öröklődik.

Mindenkinek csak egy anyja van, de nem minden anyának van leánya. Ezért az összes nő anyai ágú felmenőit számba véve minden generációban csökken a felmenők száma, és sok-sok generáció után (~200 ezer év) egyetlen nőre zsugorodik (mt "Éva").

Az ő korában persze sok más nő is élt.

A mitokondriális Éva személye koronként változik, mert ha az utolsó generációban T és V nők leány utód nélkül halnak meg X és Z anyja válik az új mitokondriális Évává.

Az Y kromoszómás "Ádám" matematikai törvényszerűség



Az Y kromoszóma csak apáról fiúra öröklődik.

Ez nem a bibliai Ádám és Éva, nem ők az első emberpár, nekik is voltak szüleik.

Y-Ádám és mt-ÉVA valószínűleg más korban éltek, nem is ismerték egymást.

Rajtuk kívül más férfi és nő is élt velük egyidőben, és azoknak is vannak ma élő leszármazottaik.

(Ha megvizsgáljuk C, E, és G családját sem halt ki, mindnek van leszármazottja mindegyik generációban, így a többi kromoszómához kapcsolt génjeik jelen vannak.)

Az mtDNS és az Y-kromoszóma igen alkalmas leszármazási viszonyok megállapítására

Mivel egyik sem rekombinálódik, hanem változatlanul adódik tovább generációnként.

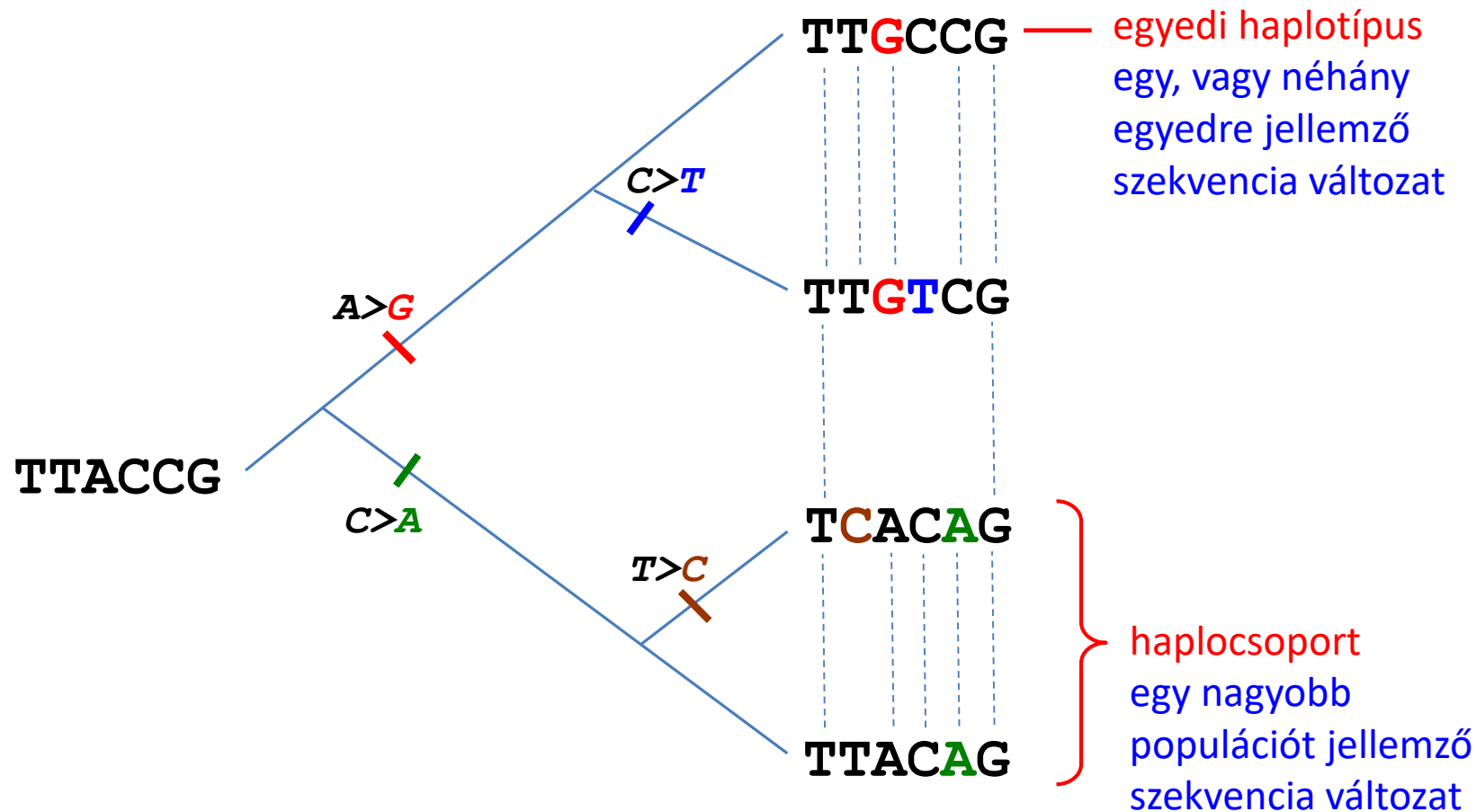
(Az Y-kromoszómának csak az X-el nem rekombinálódó szakaszait vizsgálják.)

Kizárólag az idők során felhalmozódó mutációk okozhatnak bennük változást. Ez egy lassú folyamat, melynek sebessége kiszámítható.

Az **egyes mutáns változatok** a populációgenetikai események során **kihalnak** vagy **elterjednek, fixálódnak** (genetikai sodródás).

Egy változat fixálódásához sok generáció szükséges, ami több 1000 évet vesz igénybe, a fixálódás sem örök érvényű.

Az Y-kromoszóma és mtDNS szekvencia változások alapján leszármazási vonalak rekonstruálhatók



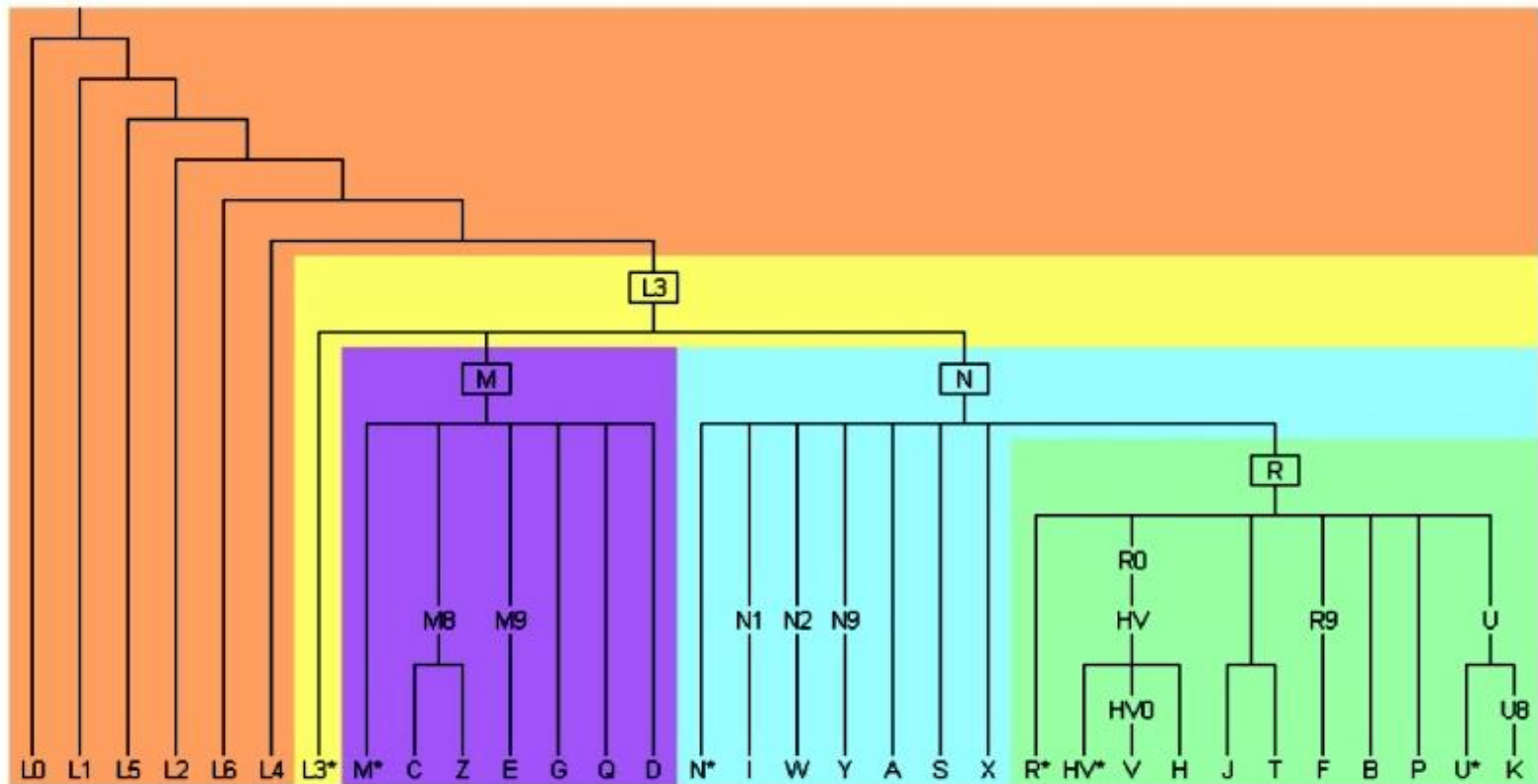
A DNS szekvencia a mutációk miatt idővel fokozatosan változik.
Minél hasonlóbb a szekvencia annál közelebbi a rokonság.

A mai emberek mtDNS leszármazási fája

Genographic project (2005) 50 millió \$, „DNA Ancestry Kit”

~5 ezer egyén mtDNS-ét összehasonlítva az egész emberiség leszármazása rekonstruálható – **Föld benépesülésének legfontosabb szakaszaira, ősünk migrációs útvonalaira derült fény**

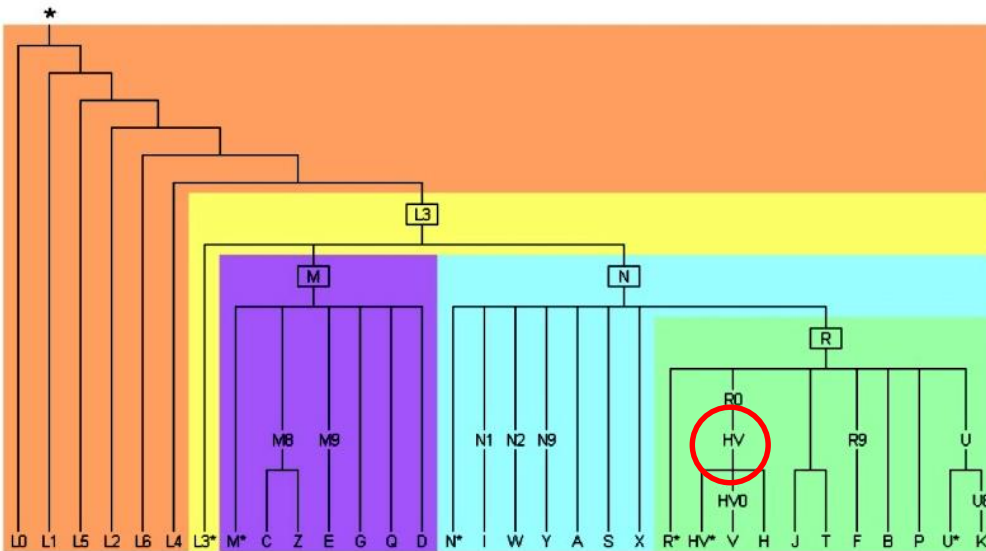
mt-Éva A haplocsoportok földrajzi elterjedése jellegzetes mintázatot mutat.



csak
Afrikában

Afrikán kívül

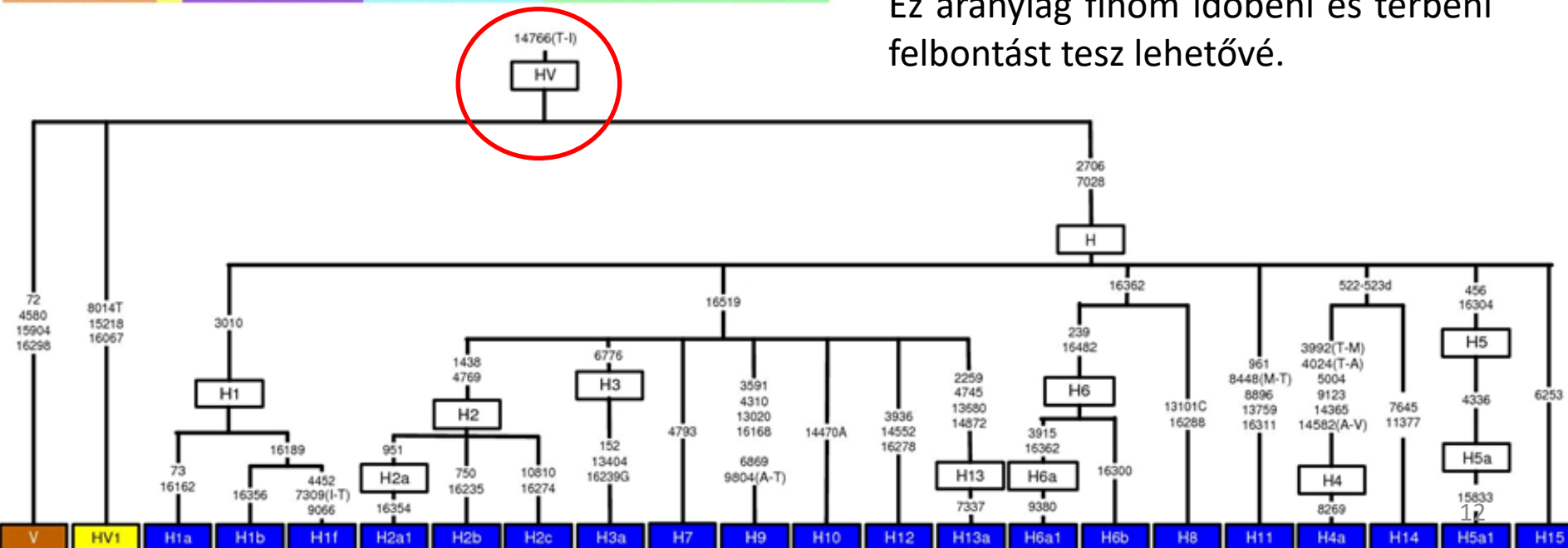
Az elágazási pontokat meghatározott mutációk (SNP-k) jelölik ki



A szekvencia összehasonlító algoritmusok kijelölik a közös őst, és az elágazásokat meghatározó kulcs mutációs pontokat. Később elég csak ezeket vizsgálni.

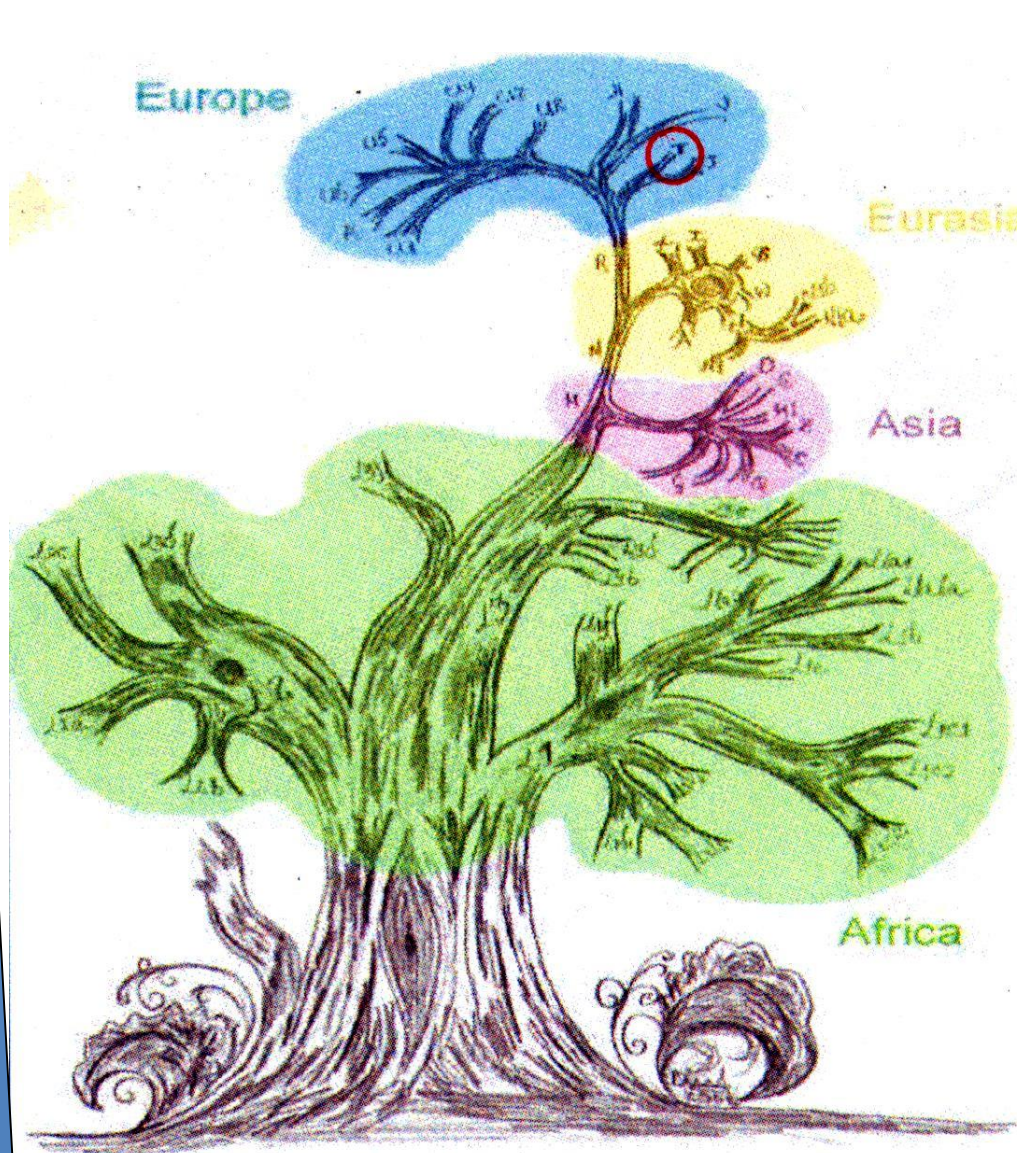
A filogenetikai fák nagyon sok alágra ágazódnak szét, így al-al-al haplocsoportokat különíthetünk el.

Ez aránylag finom időbeni és térbeni felbontást tesz lehetővé.



A filogeográfia logikája

kor

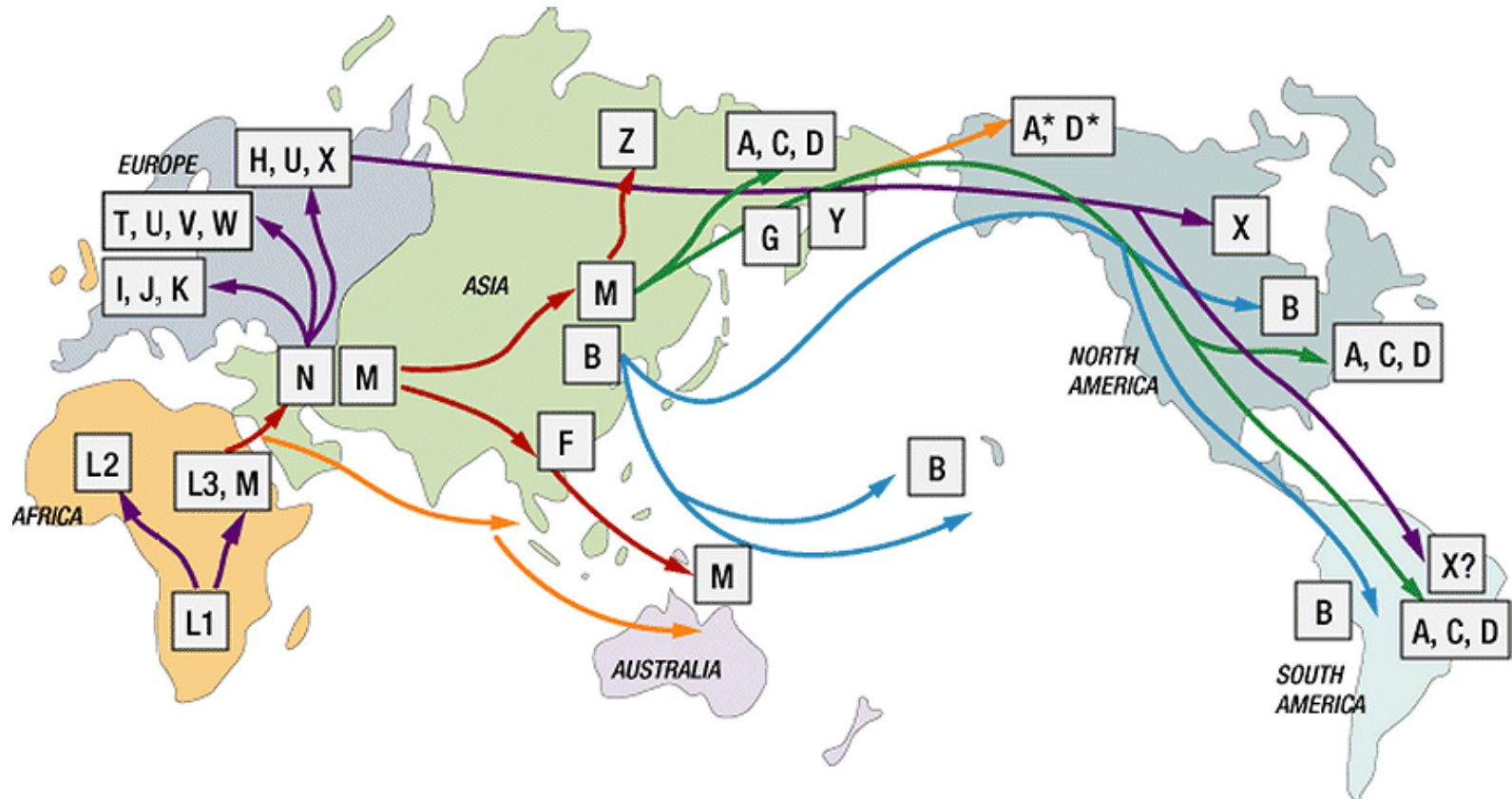


A haplocsoportok és haplotípusok jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak, mivel az egyes változatok terjedése térbeli elterjedést is jelent. Az emberek vándorolnak, de a többség mindig helyben marad.

Kérdés:

Milyen finomságú térbeli és időbeni felbontásban használhatók a filogenetikai adatok a populációk történetének nyomkövetésére?

A mai mtDNS haplocsoportok elterjedése alapján vándorlási útvonal rekonstruálható



A szekvencia eltérések mértékéből következtethetünk a szétválás időpontjára.

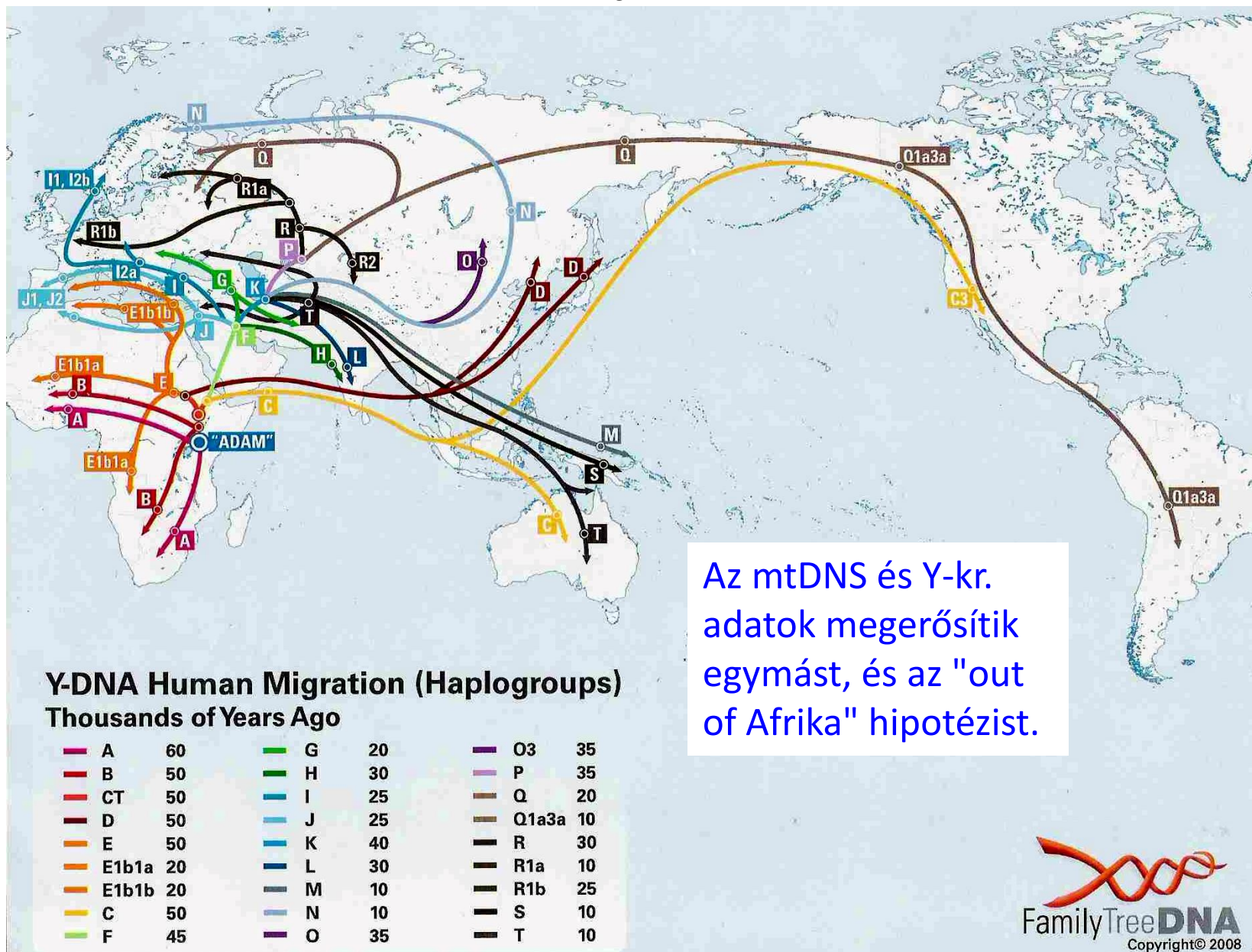
EXPANSION TIMES (years ago)	
Africa	120,000 - 150,000
Out of Africa	55,000 - 75,000
Asia	40,000 - 70,000
Australia/PNG	40,000 - 60,000
Europe	35,000 - 50,000
Americas	15,000 - 35,000
Na-Dene/Esk/Aleuts	8,000 - 10,000

**A főbb
haplocsoportok
időbeli felbontása
10-100 ezer év.**

© Copyright 2004 - Genealogy by Genetics, Ltd., Family Tree DNA. All Rights Reserved.
This material may not be reproduced, republished, altered or resold without written permission.


FamilyTreeDNA
mtDNA Migrations Map

Az Y kr. haplocsoportok elterjedése hasonló útvonalat rajzol ki

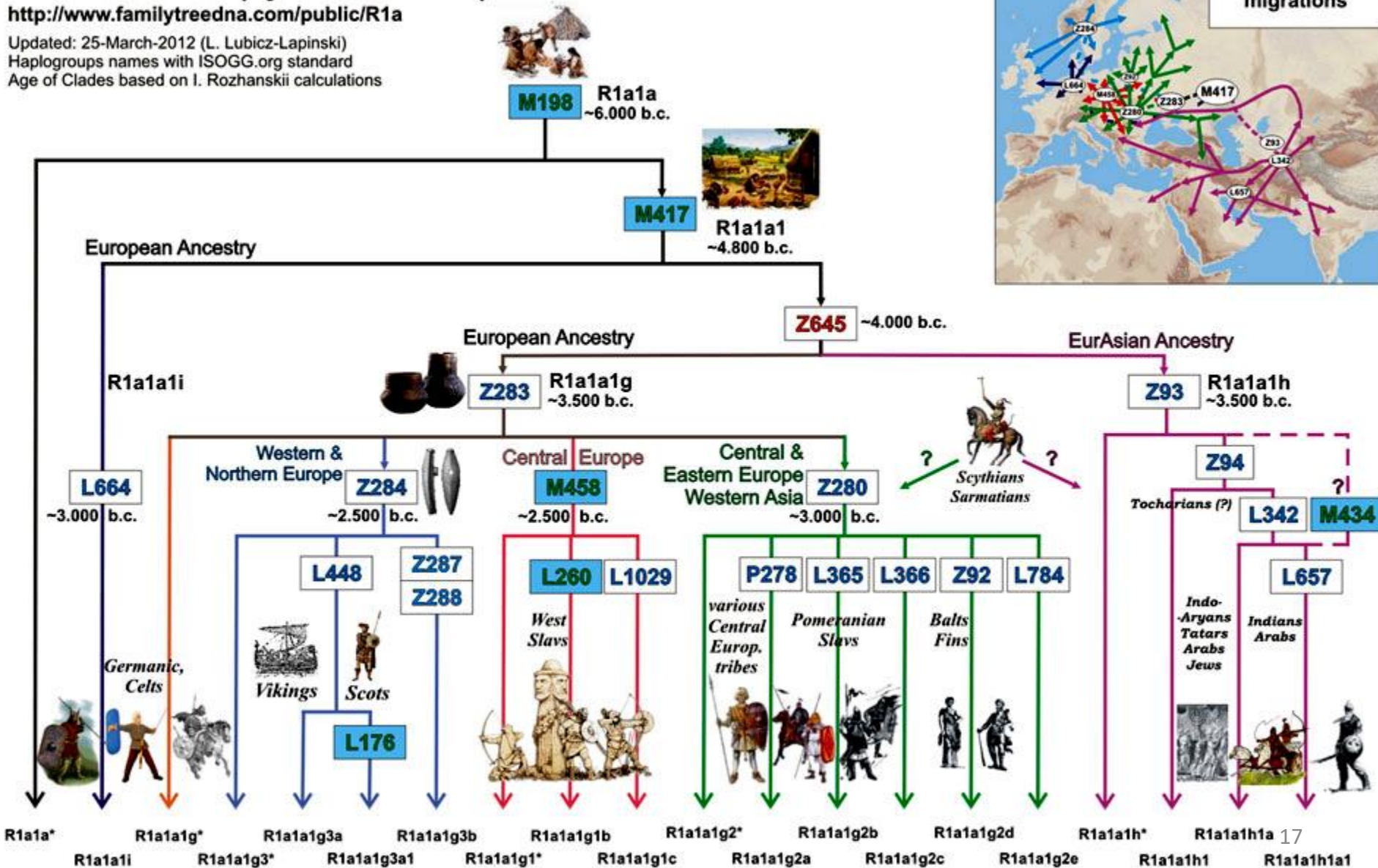


Minden Y haplocsoport is nagyszámú alcsoportra bontható

R1a Clades (by SNP markers)

<http://www.familytreedna.com/public/R1a>

Updated: 25-March-2012 (L. Lubicz-Lapinski)
Haplogroups names with ISOGG.org standard
Age of Clades based on I. Rozhanskii calculations



Rekonstruálhatók-e az írott történelmet megelőző népesség mozgások a ma élő emberek DNS-e alapján? (filogeográfia fő kérdése)

Lehetséges modellek a mai népesség eloszlás magyarázatára:

Sorozatos alapító hatás “serial founder effect”: A Föld egyetlen forrásból kiindulva kisebb populációk folyamatos kiszakadásával fokozatosan népesült be, és azóta ez csak kismértékben változott. A legtöbb genetikai marker eloszlása ezt támogatja.

Kultúra átvétel modellje: Egy új régészeti kultúra megjelenése során a népességcsere elenyésző volt, csak kultúra átvétel történt.

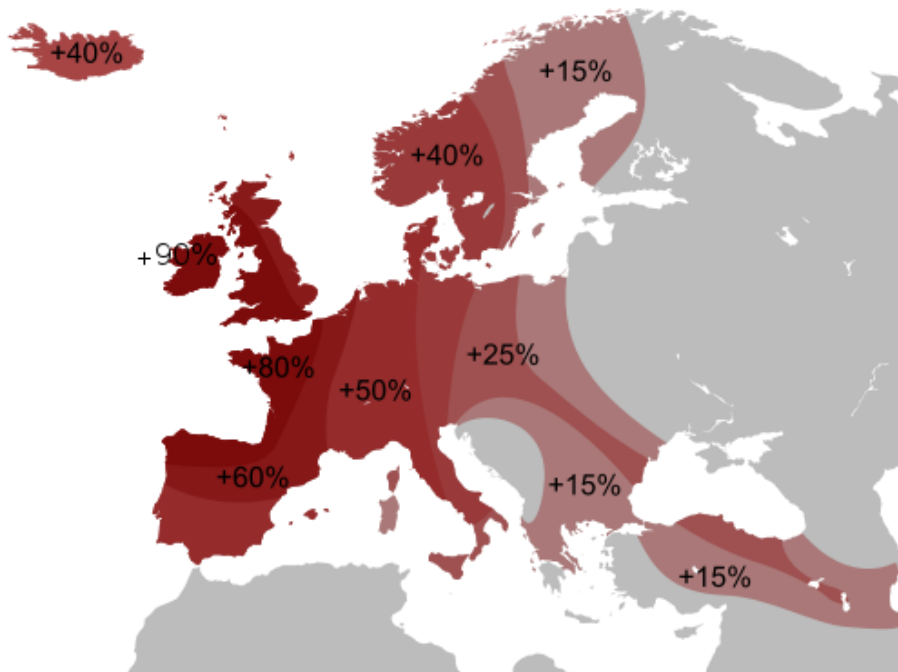
Népességváltás modellje: A kultúra váltás jelentős népesség cserével történt, az eredeti népesség nagyrészt lecserélődött.

Kevert (leapfrog) modell: A kultúra váltás kisebb populációk vándorlásához köthető, melyek elkeveredtek a helyben talált ősi populációkkal.

A filogeográfiai módszer (1980-as évektől)

Egy haplocsoport gyakoriságának területi eloszlásából, helyi diverzitásából, valamint a legfiatalabb közös ős korának meghatározásából következtethetünk a marker keletkezési helyére, idejére, és vándorlási útvonalára.

Egy gén változataiból kiszámolható, hogy mikor élt a legközelebbi közös ős. Ez **abszolút kormeghatározás!** Amennyiben a populáció két részre szakadt, az elválás legkorábban a legközelebbi közös ős után lehetett. **szétválás (vándorlás) időpontja meghatározható.**

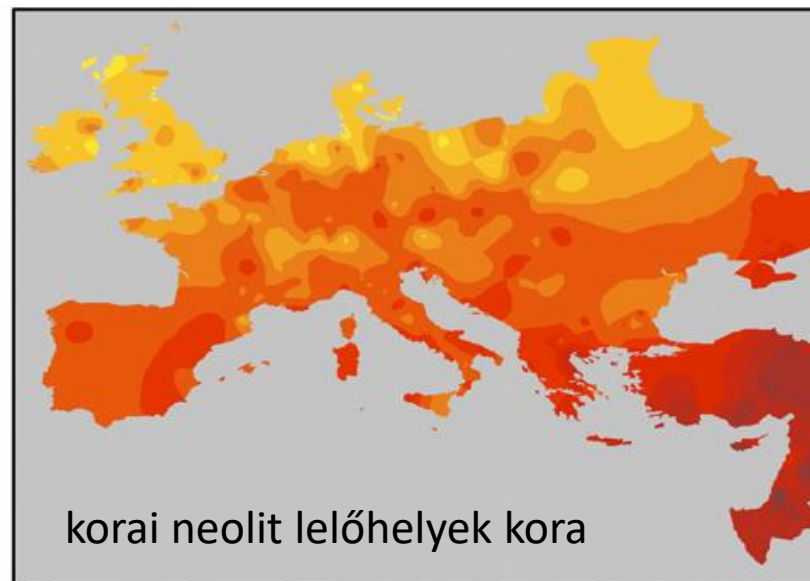


Példa:

Az R1b Y-kromoszóma haplocsoport gyakoriság eloszlása

Keletkezési hely Nyugat-Európa?? (Nem.)

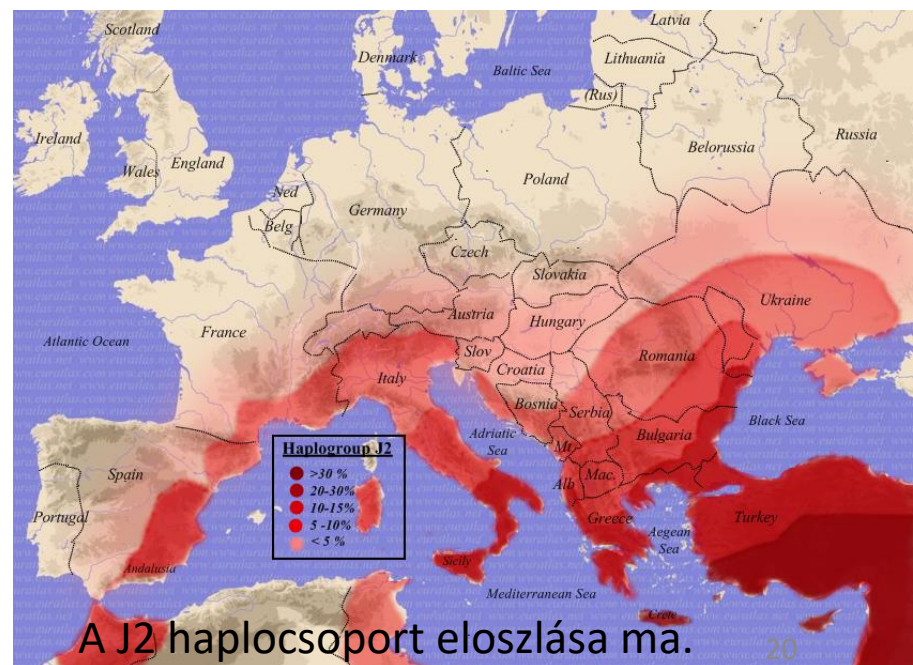
Cavalli-Sforza genetikai és Ammerman régészeti grádiensei 1984



Csupán az összes vizsgált polimorfizmus 27%-a mutat hasonló eloszlást. Később néhány DNS marker is hasonló eloszlást mutatott.

➔ **Népességváltás modell,**
többségünk a neolit
bevándorlótól származik?

Kritika: A gén-grádiensek kialakulásának ideje, valamint leghatározottabb jelenlét.



Gyakoriság grádiensekkel szembeni kritika:

- A gén-grádiensek bármikor, akár Európa első benépesülésekor, vagy később is kialakulhattak
- Egy marker (változat) nem biztos, hogy onnan származik ahol a leggyakoribb, hanem ahol a legpolimorfabb
 - Marker keletkezése után nagyobb csoport elvándorlásával új helyre kerül, ahol nagyobb gyakoriságra tehet szert.
 - A keletkezési helyen eltöltött fixálódáshoz szükséges hosszú idő alatt újabb változatok keletkeznek.
- Pl: R1b1b2 Y-kr. alhaplocsoport gyakorisági eloszlás alapján ibériai eredetű, de mikroszatellita variancia eloszlása alapján anatóliai eredetű.
- Kiderült, hogy az európai népesség mikroszatellita markereinek 40-60%-a közel keleti eredetű, ez a neolit népességváltás modellt támasztja alá

A filogeográfiai módszer ma élő populációkon ellentmondásos eredményekre vezethet

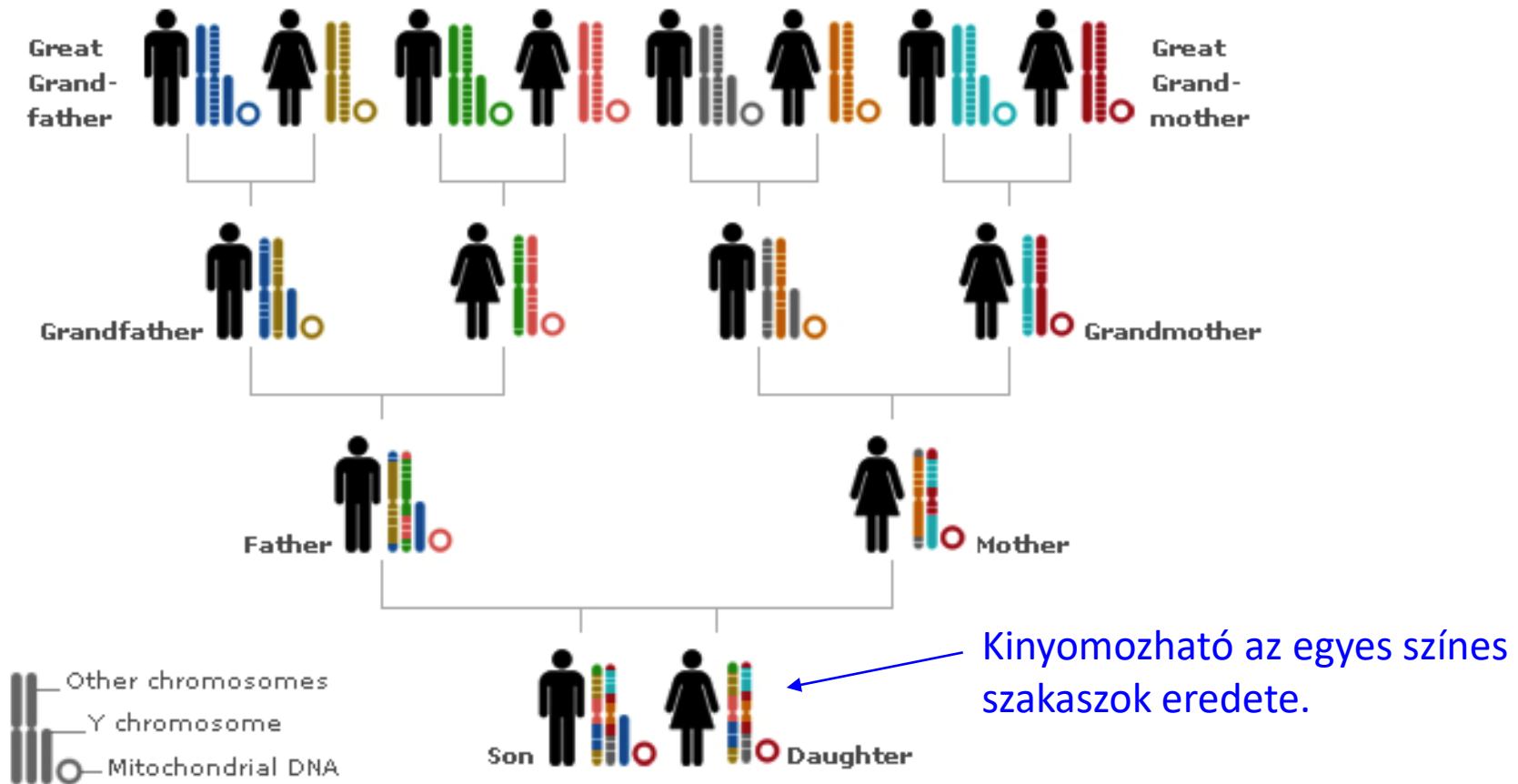
Richards M et al. 1996: Az európai mtDNS haplocsoportok közül csak 20%-nak a közös őse Neolit korú, a többi régebbi eredetű.

Az mtDNS és Y kr. adatokon végzett alapító hatás vizsgálat (founder analysis) egyaránt azt jósolta, hogy a mai európai népesség 20-25% -a származik neolit kori bevándorlótól. Az európai népesség zöme paleolit vadászok leszármazottja.

→ Kúltúra átvétel modellje, mégsem történt neolit népességváltás?

A modern DNS-ből levonható **következtetések korlátozottak** az időbeni felbontás hiánya miatt. Az adatok alkalmasak 10-100 ezer éves nagyságrendű időbeli és nagyléptékű térbeli események rekonstrukciójára (Föld benépesedése), de **az időben egymásra rétegződő népesség mozgásokat nem képes elkülöníteni**, csak a sorozatos keveredések végeredményét érzékeli.

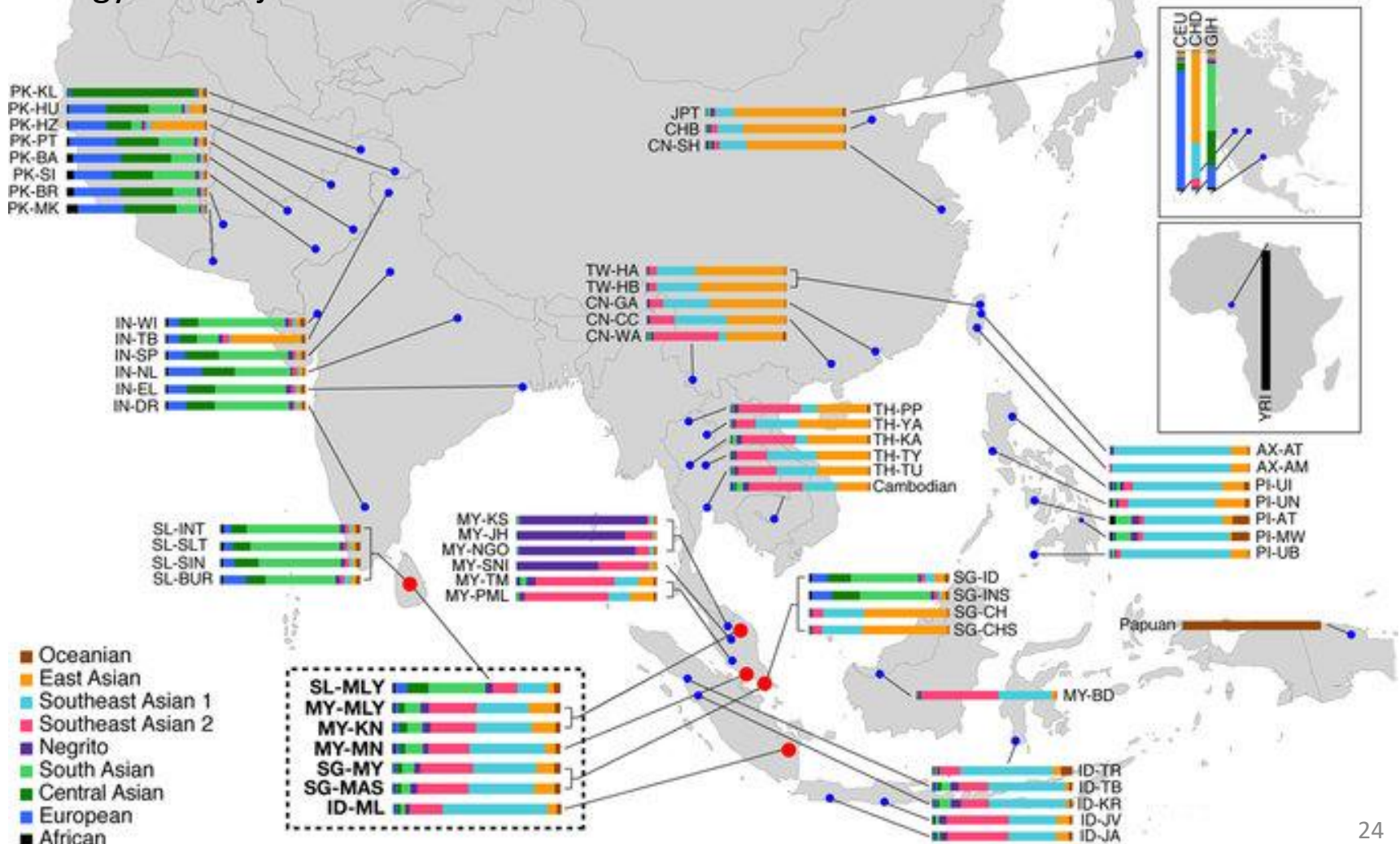
Keveredés mértékének becslése modern DNS-ből teljes genomok összehasonlításával (utóbbi néhány év!)



Ma ~ 5000 teljes emberi genomot ismerünk. Számítógéppel megbecsülhető két népcsoport genetikai hasonlósága, keveredésük mértéke.

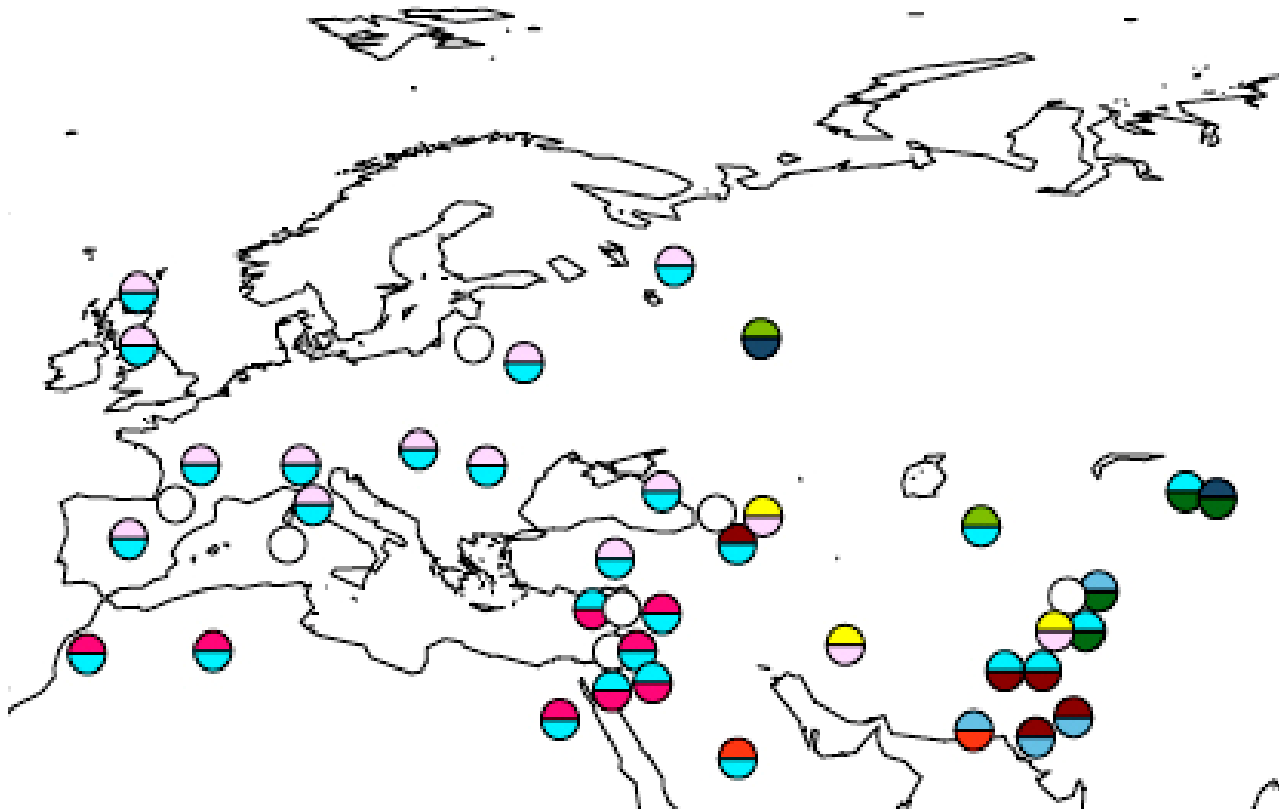
Teljes genom elemzéssel kinyomozható az egyes genom szakaszok eredete

Az egyes populációkból származó teljes genom szekvenciákat párosával hasonlítotják össze. Ehhez a vizsgálathoz kisebb mintaszám is reprezentatív lehet, mert a keveredés miatt egy szekvencia darab előbb utóbb egy populáció minden egyedében jelen lesz.



A világ 103 populációjának genom összehasonlításából számolt keveredési mérték (Pickrell és Reich 2014)

„őslakos”
csoportokhoz
hasonlítva



Sok ellentmondás, hogyan keveredett az európai DNS az amerikai indiánokéval?

A modern DNS-ből levonható következtetések korlátai

A modern DNS adatok alkalmasak 10-100 ezer éves nagyságrendű időbeli és nagyléptékű térbeli események rekonstrukciójára (Föld benépesítése).

Finomabb időbeni felbontásra (100 -1000 éves nagyságrend) kevésbé alkalmas.
A modern DNS vizsgálat az időben egymásra rétegződő népesség mozgásokat nem képes elkülöníteni, csak a sorozatos keveredések végeredményét érzékeli.

A pontosan datált leletekből származó archaikus DNS elemzésével sokkal pontosabban rekonstruálhatók a történeti léptékű populációs változások.
Az archaikus DNS vizsgálatok pontos időbeli felbontást tesznek lehetővé.

Eltérő korokból és lelőhelyekről származó maradványok összehasonlításával következtethetünk a népesség cserékre vagy népesség vándorlásokra.

Minél több korból és lelőhelyről ismerjük a DNS adatokat annál pontosabban rekonstruálhatók a népesség mozgások.

Az aDNS közvetlen adatokkal szolgál, de vannak korlátai

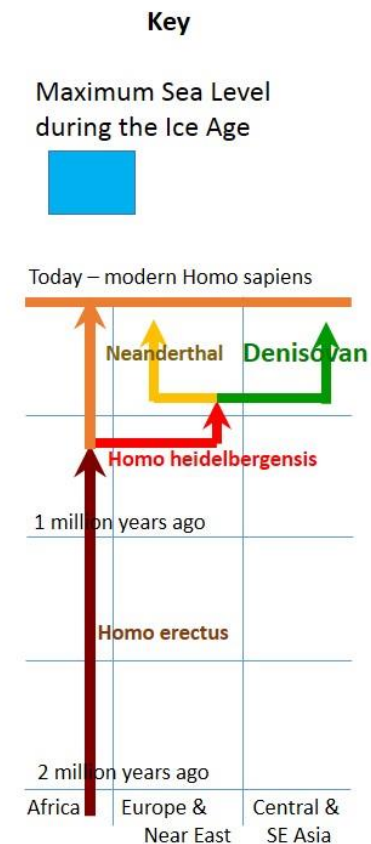
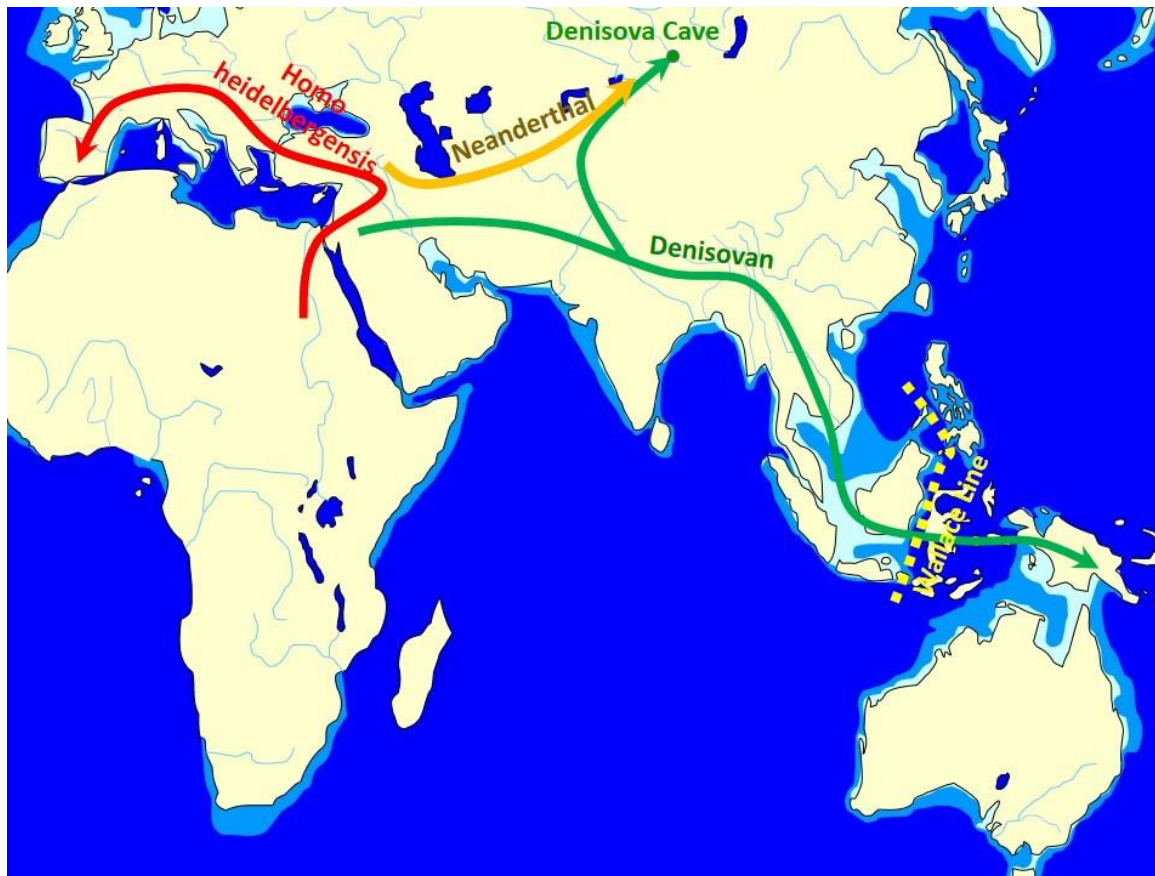
A módszer korlátai: **1.** Kis mintaszám, mintavételi hiba. **2.** Trópusi területeken alig használható. **3.** Szinte minden adat mtDNS, Y kr. és autoszómás markerek nehezebben vizsgálhatók. **4.** Szennyezés veszélye, megbízhatóság??

Európai aDNS adatok	2012	2015	magyar adatok (2015)
Paleolit/Mezolit vadász-gyűjtögető (45000-10000 éve)	40	110	
Neolit földművelő (5500-1500 éve)	109	400	80 (Starcevo, Körös, LBK, Alföld)
Réz/bronzkor	150	450	2
vaskor	100	160	
Középkor (400-1500)	150	250	30 honfoglaló-kun 14 lombard, 3 múmia

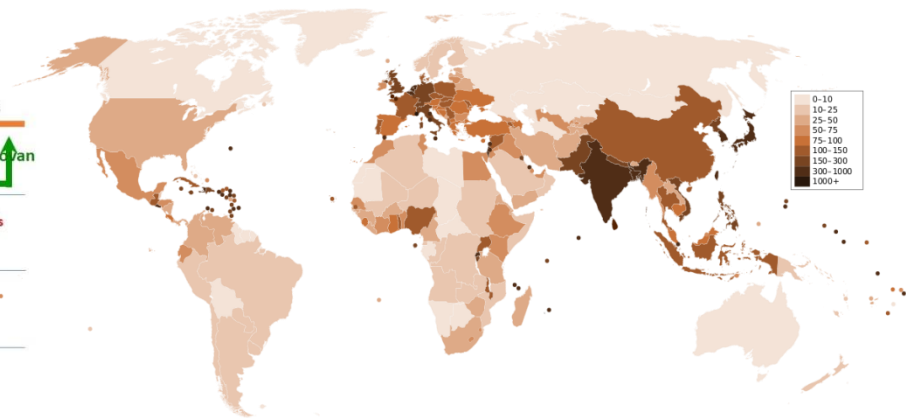
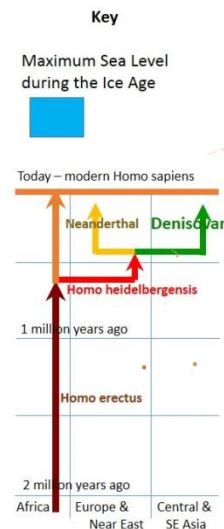
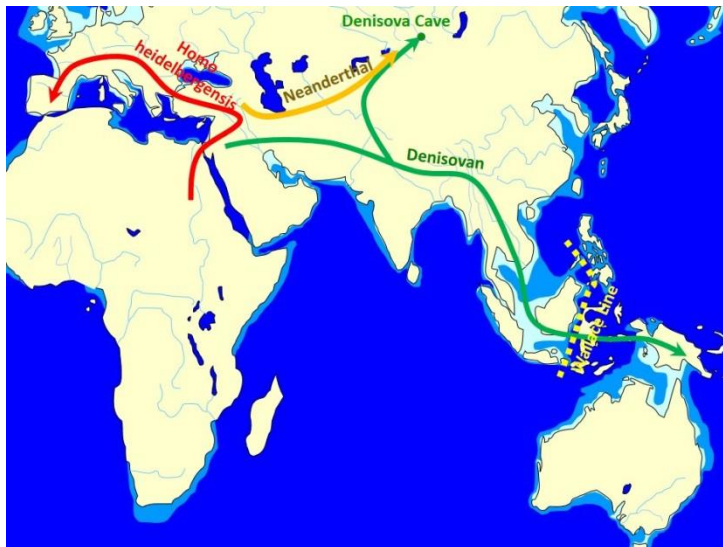
Az utóbbi 15 évben a korlátokat fokozatosan felszámolták. Teljes genom szekvenálások történtek aDNS-ből, az időbeli korlát 100 ezer év fölé került.

Mit tudtunk meg eddig az aDNS adatokból?

A Föld első benépesítése óta (2,5 millió éve a *Homo erectus* korától napjainkig) óriási népesség mozgások, népesség cserék és keveredések történtek. Már az ősi populációk mindegyike is keveredett. A nem afrikai népesség 2% Neandervölgyi géneket, a délkelet-ázsiai 5% Denisova géneket tartalmaz. A Denisova 1% Neandervölgyi, és 8% ismeretlen eredetű humán géneket tartalmaz.



- *H. erectus* 1,1 millió éve jelent meg Európában
- *H. neanderthalensis* 75-30 ezer éve
- *H. sapiens* 45 ezer éve lépett a kontinensre
 - Jég kiterjedésével visszaszorul a refúgiumokba (DNY-Eu: Spanyolország; Közel-Kelet: Szíria, Palesztina, Jordánia, Libanon; Balkán és K-Európa sarkvidéke
 - 25-19,5 ezer éve a pleisztocén végén újra kiáramlás
 - 12,8-11,5 ezer éve holocén elején klímaváltozás – mezolit kultúrkör elterjedése
 - 10,6-6,3 ezer éve a földművelő neolit kultúrák elterjedése a közelkeletről
 - 6300 (rézkor)-maig tartó népmozgások

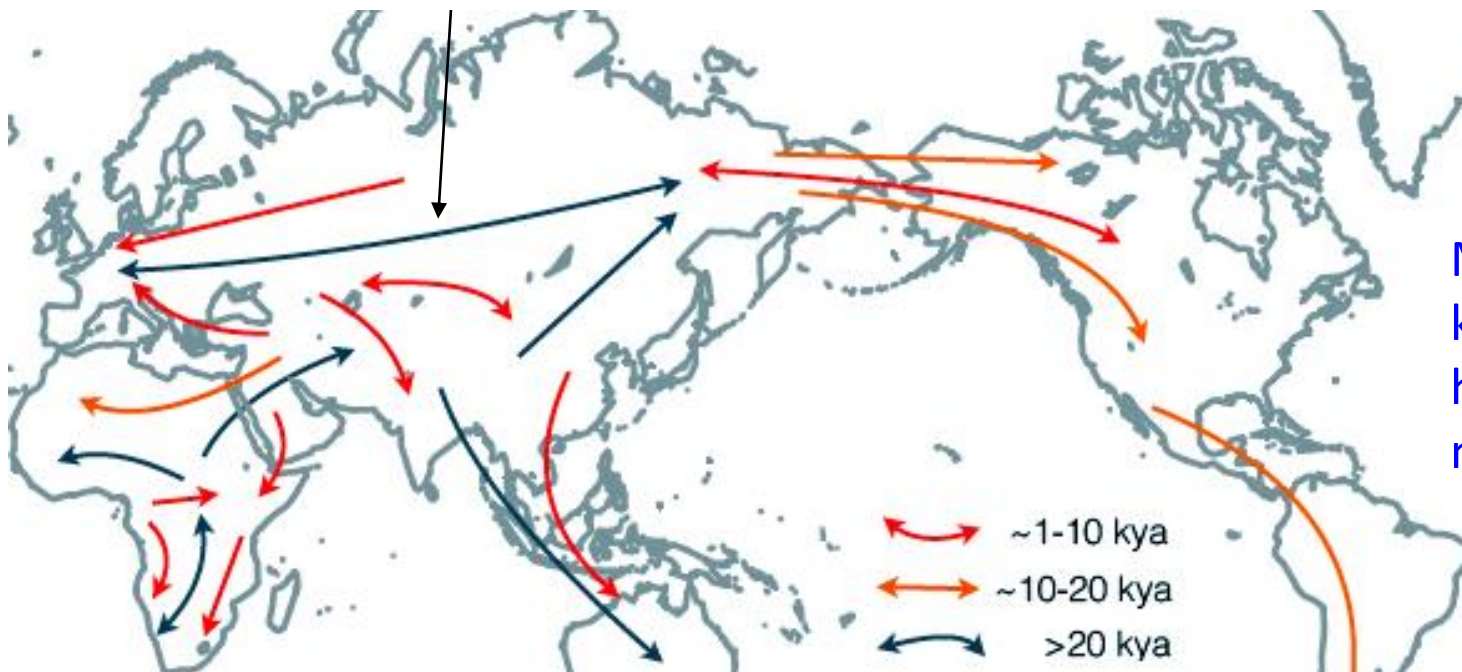


Az aDNS adatok megmutatták, hogy a mai népesség szinte sehol nem az első telepesek leszármazottja

Raghavan, et al. 2013: Európa és Észak-Amerika népessége egy mára kihalt 24-17 000 éves ősi Eurázsiai populáció leszármazottja. Ez Kelet-Ázsiából származó populációkkal keveredett, mielőtt átkelt Amerikába.

Rasmussen, et al. 2010: Grönland őslakói (4000 éve) hasonlóbbak a mai szibériaiakhoz mint az eszkimókhoz. Észak-Amerika 12000 éves őslakosai hasonlóbbak a mai dél-amerikaiakhoz mint az északi indiánokhoz.

Az európai „indián” gének magyarázata



Minden kontinens több hullámban újra népesült.

Neolit kori kultúraváltás Európában (10-6,3 ezer éve)

- A populáció sűrűség 100-szorosára nő (0,05 - >5 fő/km²).
- Gazdasági-társadalomszervezési változások.
- Nyelvi homogenizálódás nagy területeken.

A Közel-Keletről terjedt északnyugati irányban, de hogyan?

Modellek: 1., Népeségváltással 2., Csupán kultúra átvétellel 3., A kettő együtt

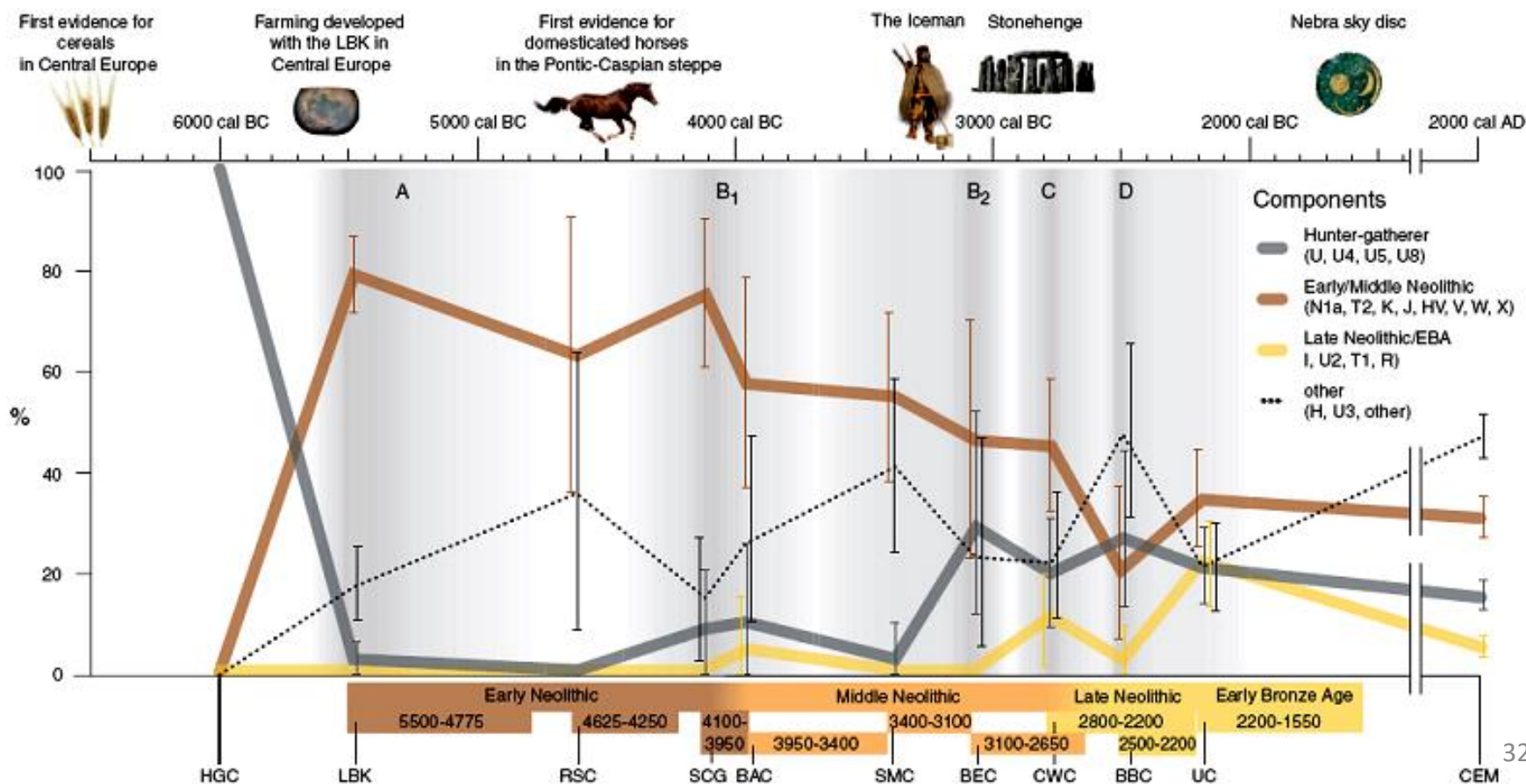


A J1, J2, K, T haplocsoportok ekkor kerülhettek Európába.

Európa lakossága a neolit végéig legalább 3-szor felülrétegződött

Bramanti, et al. 2007: Európa paleolit, neolit, és a mai népessége genetikailag 3 különböző populáció.

Brandt, et al. 2013: 364 mtDNS minta 25 német temetőből (5500-1550 éves): Európa korai neolit telepesei közel-keleti, anatóliai, kaukázusi eredetűek, de ez 3000 éve (késő neolit) lecserélődött a mai Kelet-Európában és Oroszországban élőkhöz hasonló népességgel.



A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján

A neolit kultúrkör terjedésével párhuzamosan kb. 1500 év alatt az egységes mezolit génkészletet jelentős mértékben 70-80%-ban megváltozik.

Ez azt bizonyítja, hogy a kultúra váltás jelentős népességváltással történt.

Viszont újabb 1000 év múlva ismét nő a mezolit eredetű gének gyakorisága. Ez arra utal, hogy a helyben lakók nem haltak ki, hanem jelentős mértékben keveredtek a neolit bevándorlókkal, és átvették a kultúrát.

A genetikai adatok a kevert (leapfrog) modellt támasztják alá. A kultúra váltás azonban nagyméretű populáció mozgással történt. Legkésőbb és legkisebb népességgel Észak-Európába jutott el a neolitikum, itt maradt fenn leginkább az eredeti mezolit génkészlet, legmagasabb az észteknél, litvánoknál 30%.

A legmeglepőbb adat az, hogy a neolit génkészlet nem felel meg a mai európai génkészletnek, annak csupán töredékét adja.

Ez azt jelenti, hogy a későbbi korokban szintén jelentős népesség mozgás történhetett.

A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján



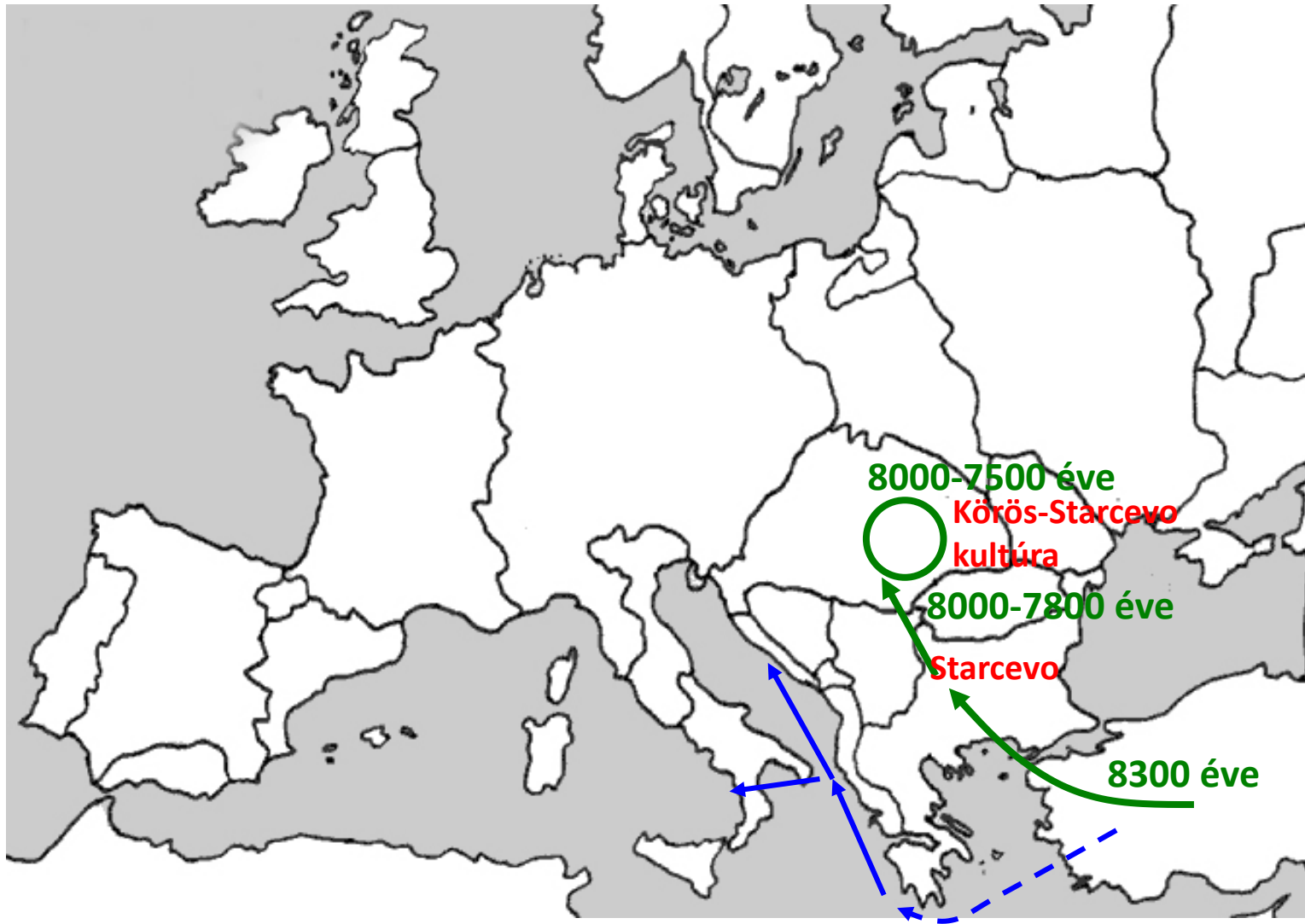
N1a haplocsoport és a neolit kultúra egyaránt közel-keleti eredetű, és a Kárpát-medencéből terjedt el Európa nagyobbik felén.

A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján



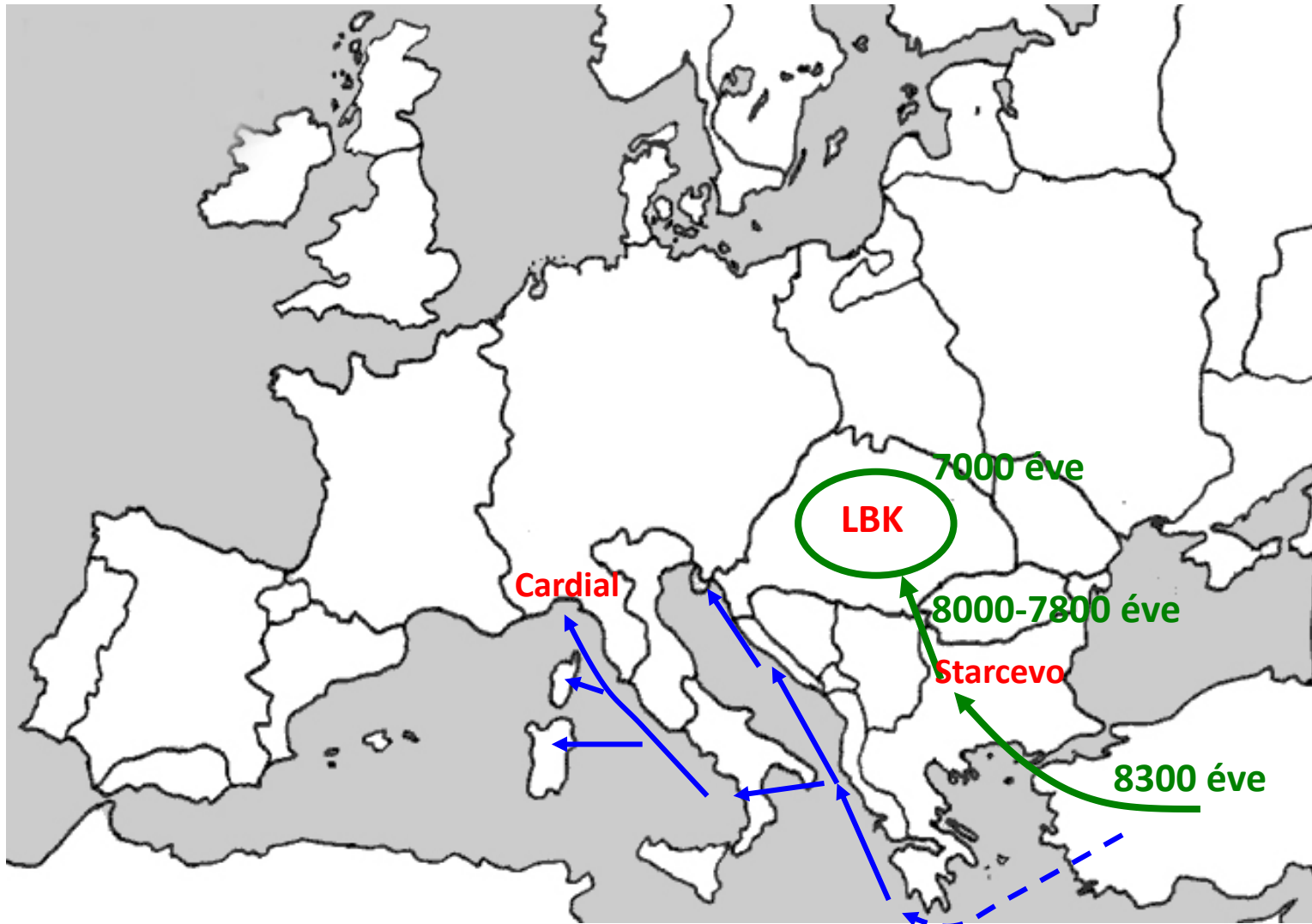
8000-7800 éve neolit csoportok léptek a Duna völgybe (Sztárcsevó kultúra fehér-kerámia szakasza),

A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján



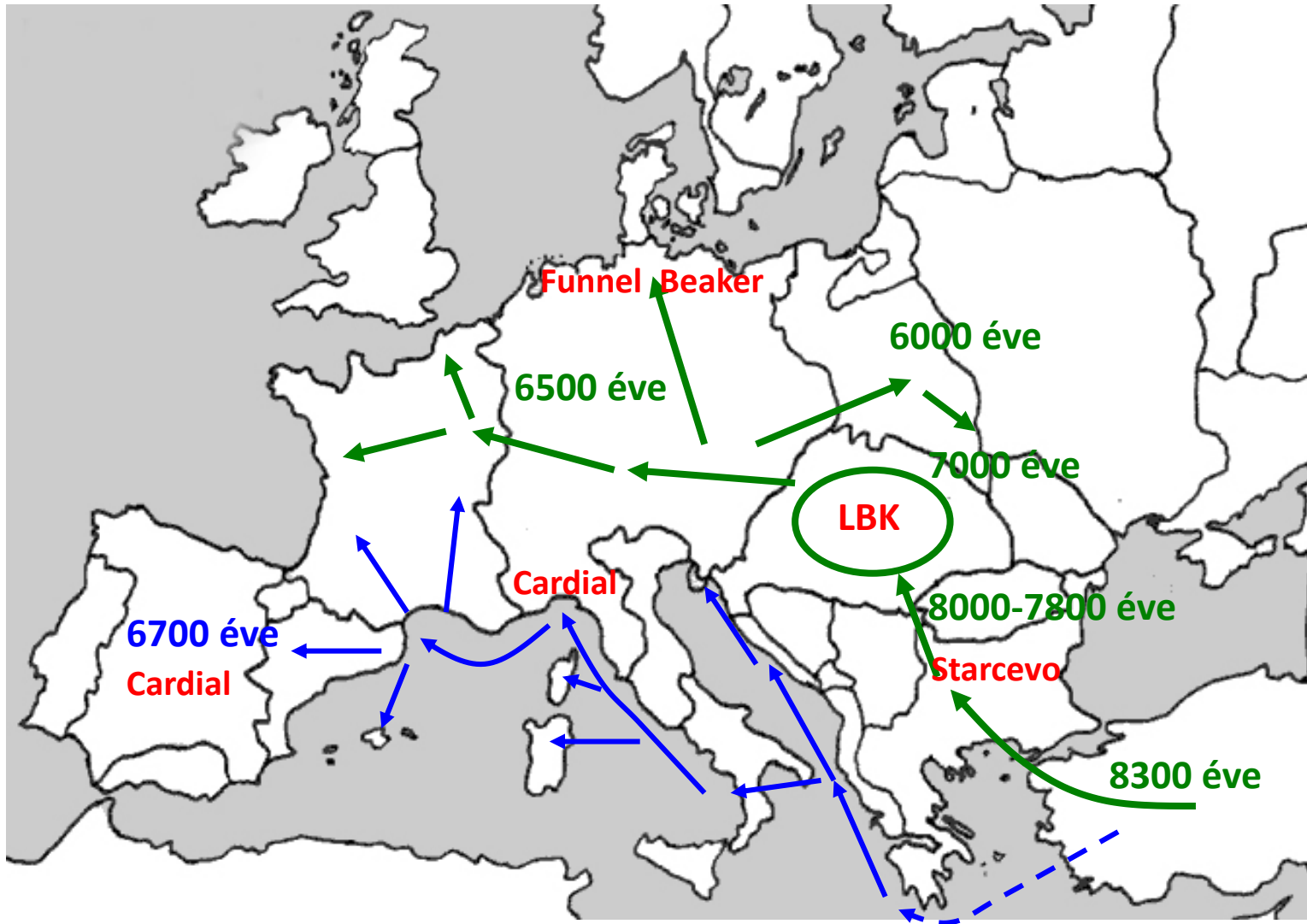
8000-7500 éve a neolit létforma elterjedt a Kárpát-medence keleti és déli részén (Körös-Sztarcsevó kultúra).

A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján



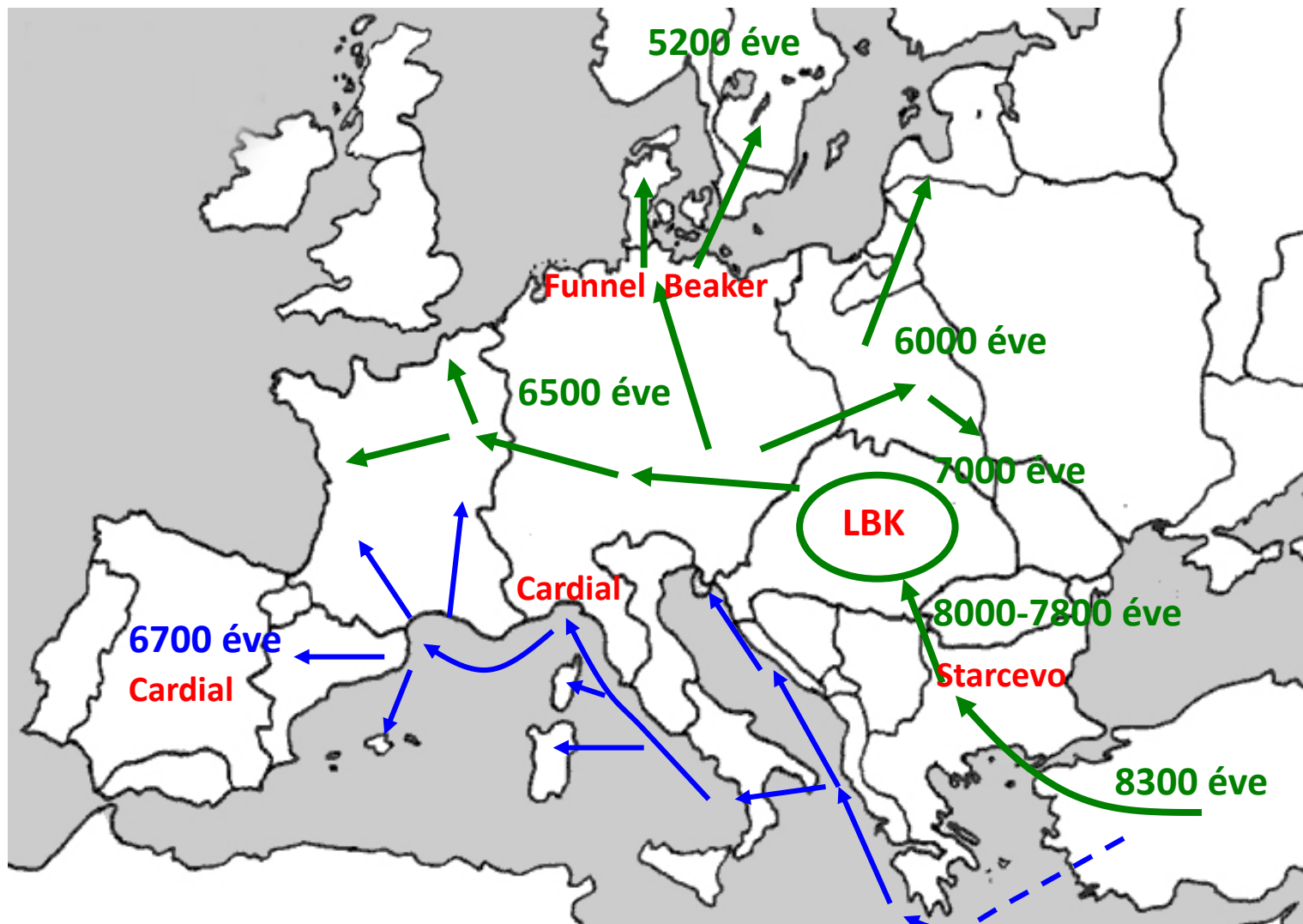
Ökológiai gát akadályozta 300-400 évig a továbbterjedést, ezalatt a neolit Sztarcsevó és a helyi mezolit Körös kultúra egymásra hatásából megszületett az Alföldi Vonaldíszes Kerámia (AVK = LBK) kultúra.

A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján



Az LBK egységes kultúraként 500 év alatt igen gyorsan szétterjedt Európa közepén, T, N1a, K, és W mtDNS haplocs. népeiséggel. A tenger melléken ezzel párhuzamosan Cardial kultúraként terjedt a neolit (földművelő-állattenyésztő) életforma.

A Neolit európai terjedése aDNS és régészeti adatok alapján



Az 5200 évesre datált észak-lengyel, észak-német, dán, dél-norvég és svéd Funnel Beaker kultúra volt a neolit végállomása. Ezek a neolit közösségek intenzív cserekapcsolatban álltak a helyi halász-vadász-gyűjtögetőkkel.

Mit tudunk az ősi népesség fenotípusáról?

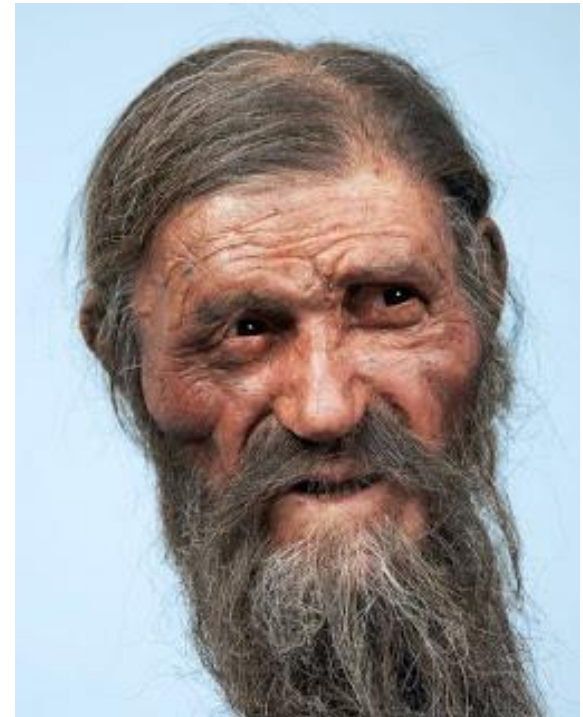
Morelle et al., 2014

A 7000 éve élt halász-vadászok genetikailag a mai skandinávokra hasonlítottak, de sötét bőrük és kék szemük volt



A neolit bevándorlók sötét hajúak és szeműek voltak világos bőrszínnel. Genetikailag a mai Szardíniaiakhoz álltak legközelebb, akik a későbbi migrációktól elszigetelődve megőrizték az ősi neolit géneket.

A világos bőrszín elterjedése nem adaptáció, hanem intenzív szexuális szelekció eredménye lehetett, amely kb. 3000 éve, a bronzkorban érte el mai gyakoriságát.



A mai közel-keleti népesség genetikailag már távol áll a 10 ezer éve onnan kiáramló neolit népességtől, mivel a későbbi bevándorlások jelentősen átalakították.

4500 éve, a neolit végén újabb népesség beáramláshoz kapcsolható kultúra váltás történt.

Haak, et al. 2015: 69 minta (800-3000 éves) genom szekvencia alapján

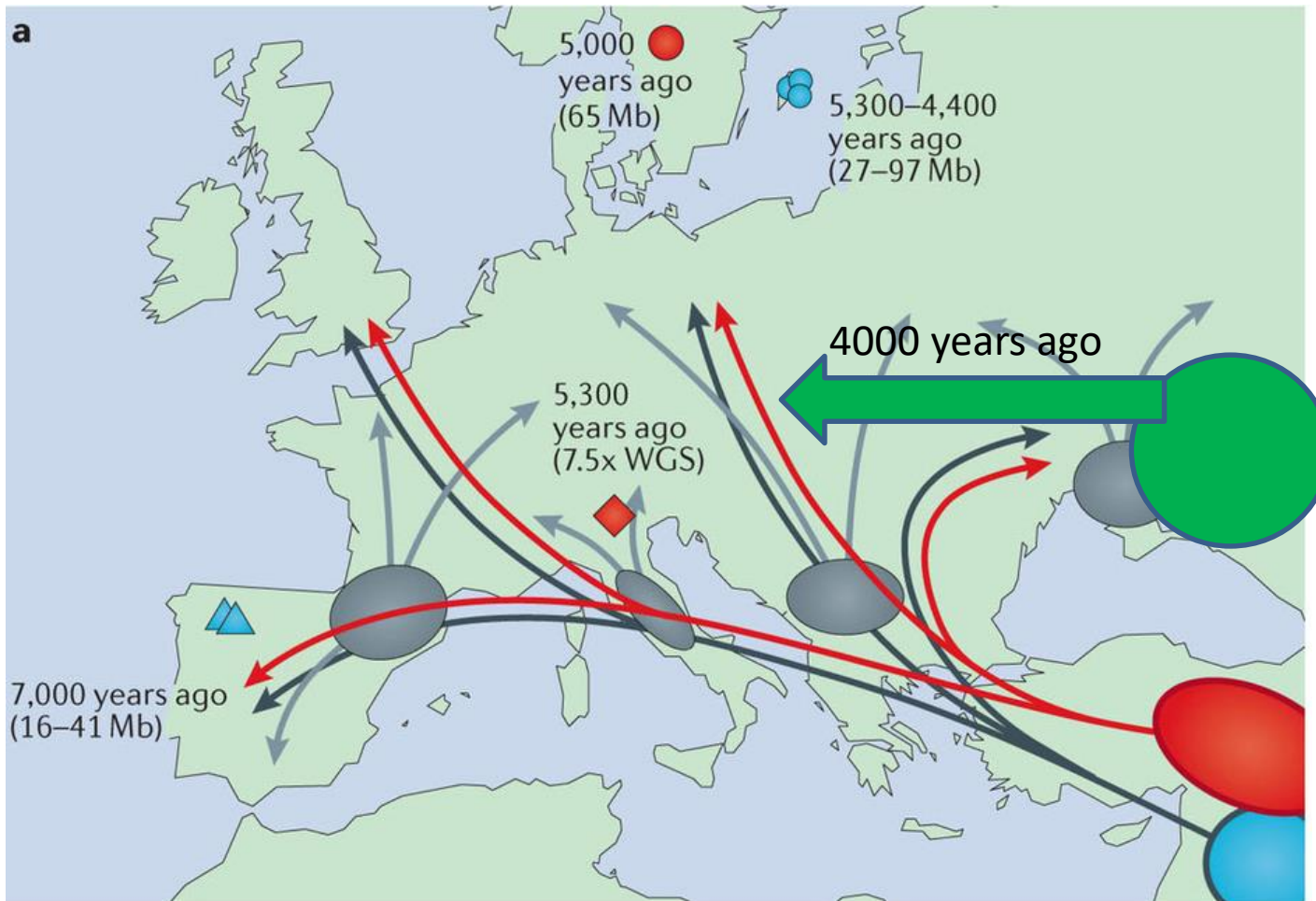
Allentoft, et al. 2015: 100 minta 900-6000 éves genom szekvencia alapján



A zsinórdíszes kerámia nomád népessége 500 éven belül 75%-ban lecserélte Európa génkészletét. Ebből a bevándorlásból származhatnak az indoeurópai nyelvek.

Európa mai népessége genetikailag 3 fő összetevőre vezethető vissza: Mezolit vadászok, **Neolit földművesek**, és **Késő Neolit nomádok**.

A mai Európai népesség alapja 4500 – 2300 éve a mai Ukrajna területéről vándorolt Európába. Ekkor jelennek meg a ma leggyakoribb európai haplotípusok (R1a, R1b)



Viszont újabb 1000 év múlva ismét gyakoribbá válik az eredeti mezolit-neolit génkészlet. Vagyis az újabb bevándorlók ismét intenzíven keveredtek a helyiekkel.

A Yamnaya (gödörsíros) kurgán kultúra genetikailag két fő összetevőből áll

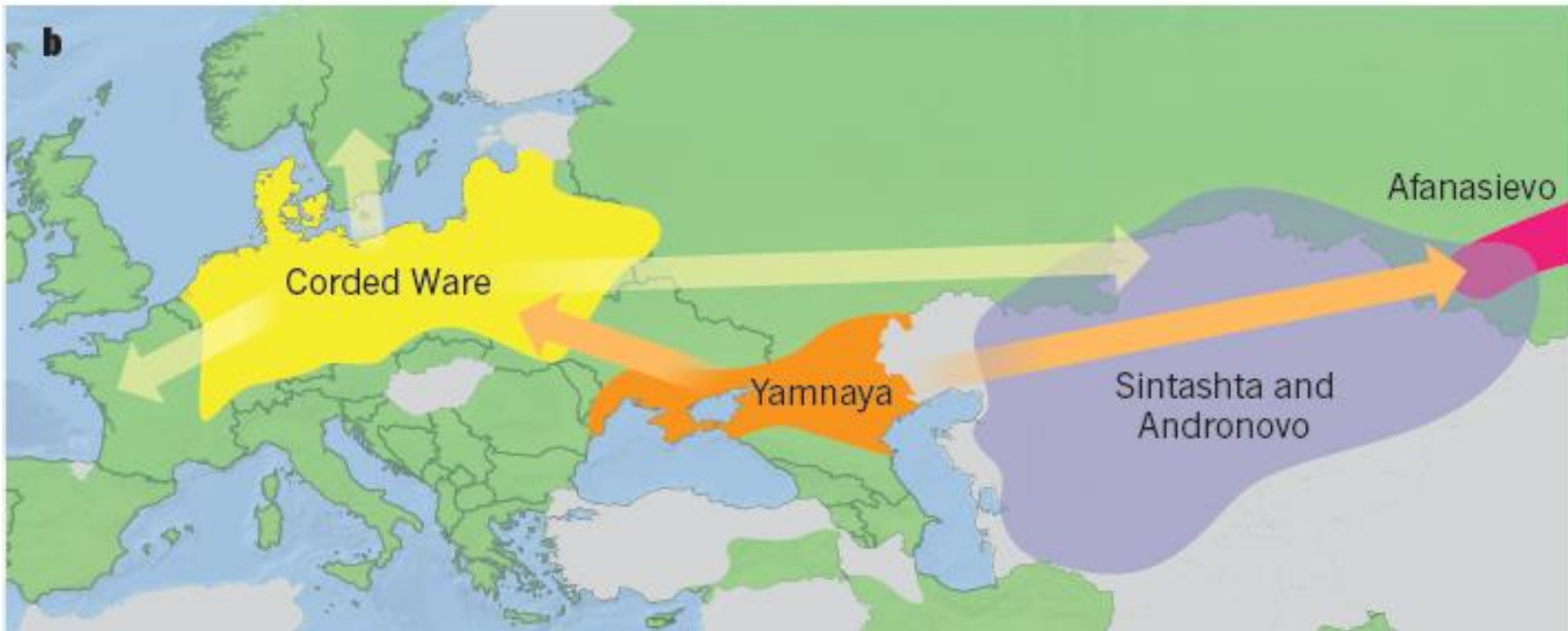
Egy ősi eurázsiai mezolitik génkészletből (amely átkelt Amerikába is), egy kismértékű közel-keleti beáramlásból, (melyből később az ottani Neolit génkészlet kialakult).



13 300 és 9,700 éves grúz leletek genom szekvenciája arra utal, hogy ők a Yamnayák ősei. 25 ezer éve a Kaukázusban elszigetelődtek a déli szomszédoktól, majd a jégkorszak után keveredtek az északi vadászokkal.

A Yamnaya kultúra keletre és nyugatra is kiáramlott

Leszármazottaik hozták létre az Afanasievo bronzkori szkíta kultúrát, míg a Corded Ware keleti kiáramlása eredményezte a Sintashta, Andronovo ázsiai lovas kultúrákat.



Az Altáj lábainál 2000 évvel ezelőttig létező bronzkori Afanasievo szkíta kultúra tagjai genetikailag megkülönböztethetetlenek a Yamnayáktól, és kultúrálisan is hasonlóak, kurgánokba temetkeztek. Az ő leszármazottaik a Tarim-medence ujgur területén talált europid múmiák.

A Kelet-Európából származó lovas-nomád kultúra döntő hatást gyakorolt Európa és Közép-Ázsia genetikai arculatára.



A Yamnaya (gödörsíros kultúra) népessége genetikailag a Kaukázusi és nyugat-Ázsiai (sztyeppe) mezolit népesség keveredésével jött létre (Jones et al., 2015). A Yamnaya lovas nomád kultúra volt ökrös szekerekkel, jellegzetes kurgán temetkezéssel. **A 40 000 alföldi kunhalmok (Kr.e. 4500-1500) ettől a kultúrától származik.** Ez a kultúra kelet felé Közép-Ázsiáig (Altáj, Tarim-medence) terjedt.

A mai Észak- és Dél-Európa közötti embertani (genetikai) különbség elsősorban a Yamnaya bevándorlásnak köszönhető. A Norvégok kb. 50% Yamnaya leszármazott, és a Yamnaya gének aránya dél fele csökken.

A Baszkok eredete

Kultúrálisan, nyelvileg és genetikailag elkülönülnek környezetüktől, ősi népcsoport. A Cardial (kagyló benyomatos) neolit kultúra 6700 éve jelent meg a területen.



Günther et al., 2015:

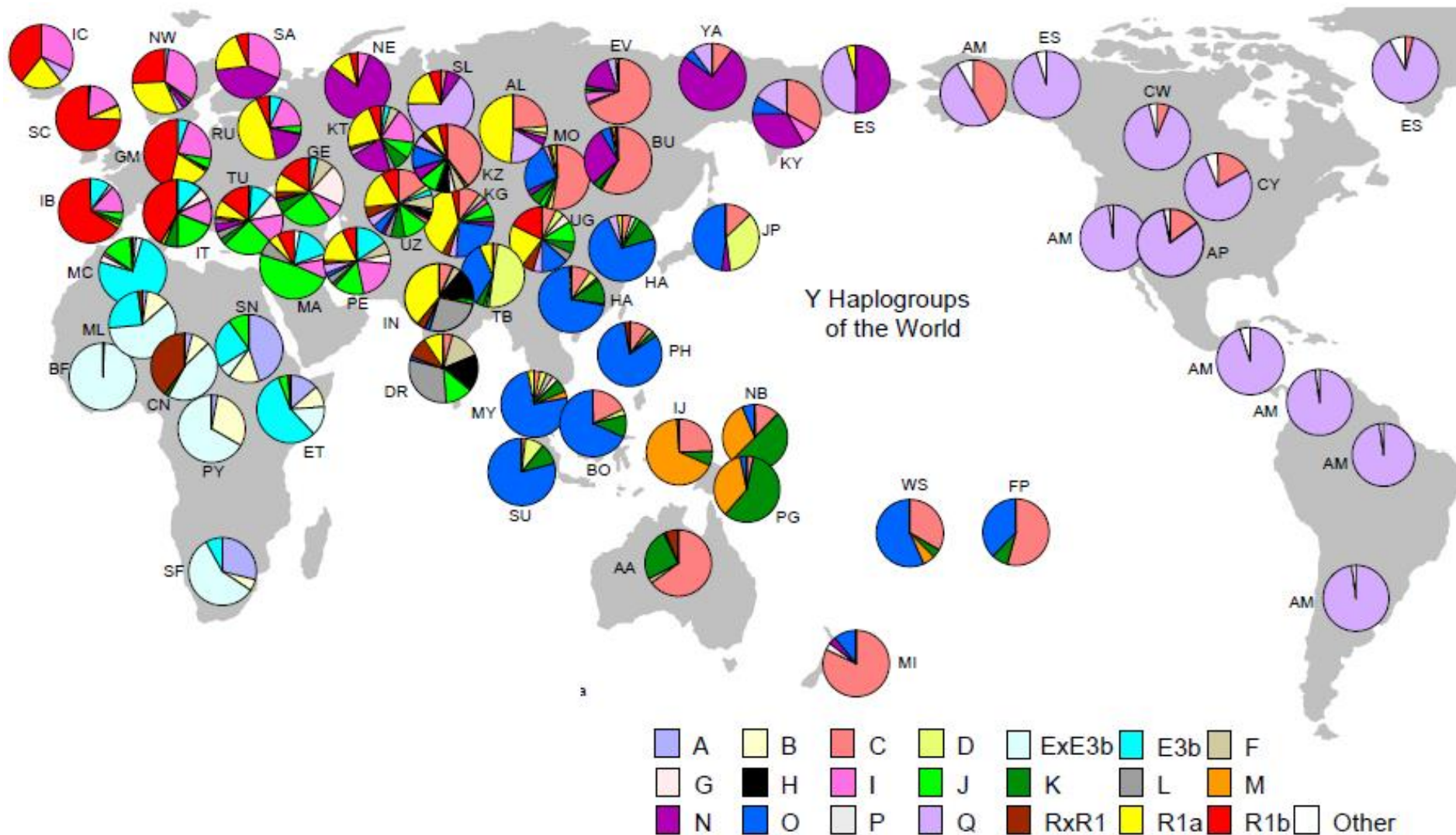
Két 3,500 and 5,500 éves maradvány teljes genom szekvenciája a mai baszkokéra hasonlít legjobban. A genomjuk ősi mezolit és neolit szekvenciák keveréke.

A Baszk kultúra és nyelv tehát több ezer éves. **Miután a neolit földművesek keveredtek a helyi vadászokkal nyelvileg és kultúrálisan izolálódtak.**

A baszk területet a későbbi bevándorlások és hódítások nem érintették. Sem a Yamnaya (zsinór díszes kultúra) bevándorlókkal, sem a későbbi arab hódítókkal nem keveredtek.

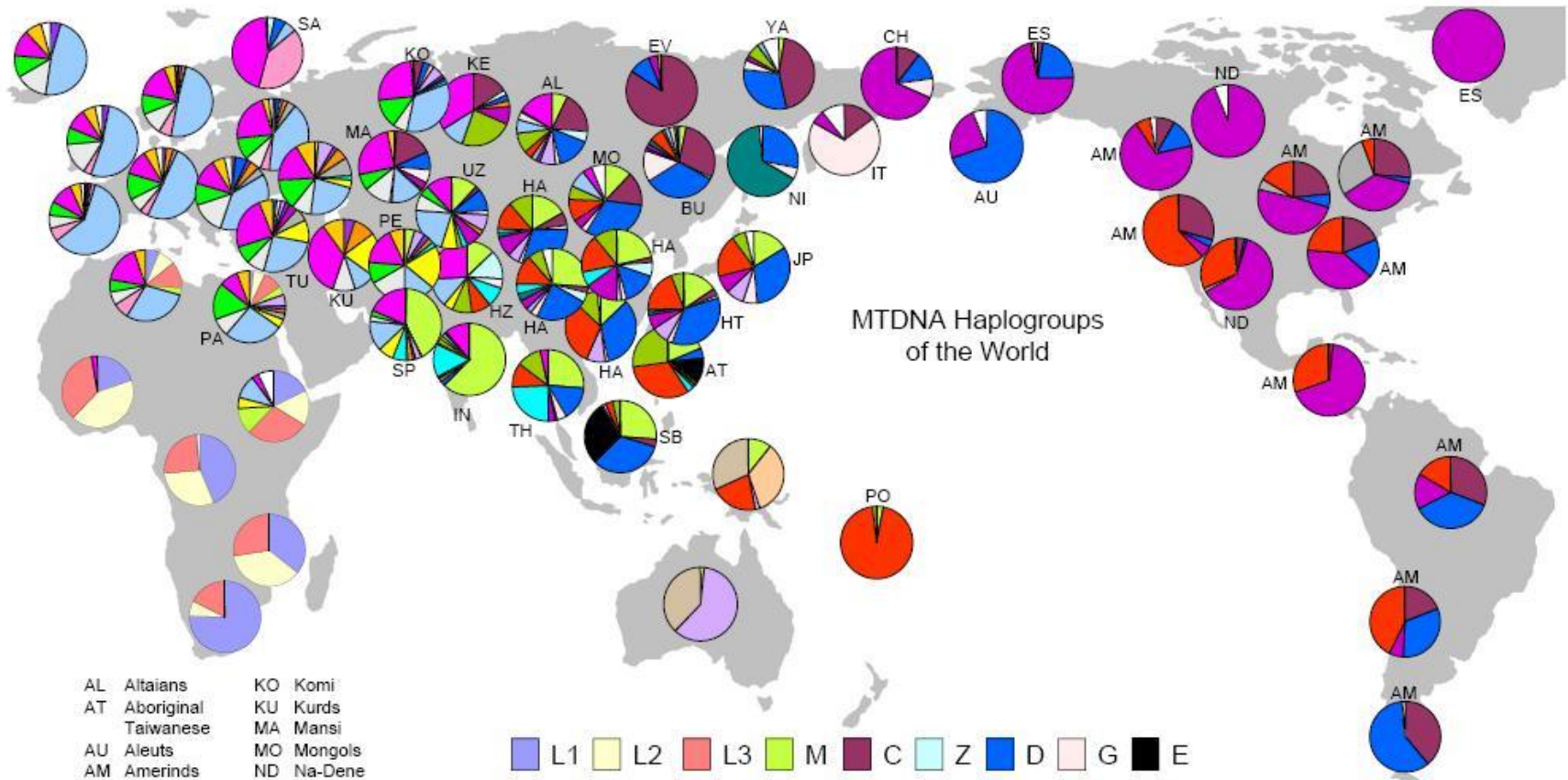
Amerika benépesedése Y kr.

Kevés Y-haplocsoport, főként C és Q, melyek ázsiai eredetűek.



Amerika benépesedése mtDNS

Kevés mtDNS haplocsoport, főként A, B, C, D, X melyek ázsiai eredetűek.



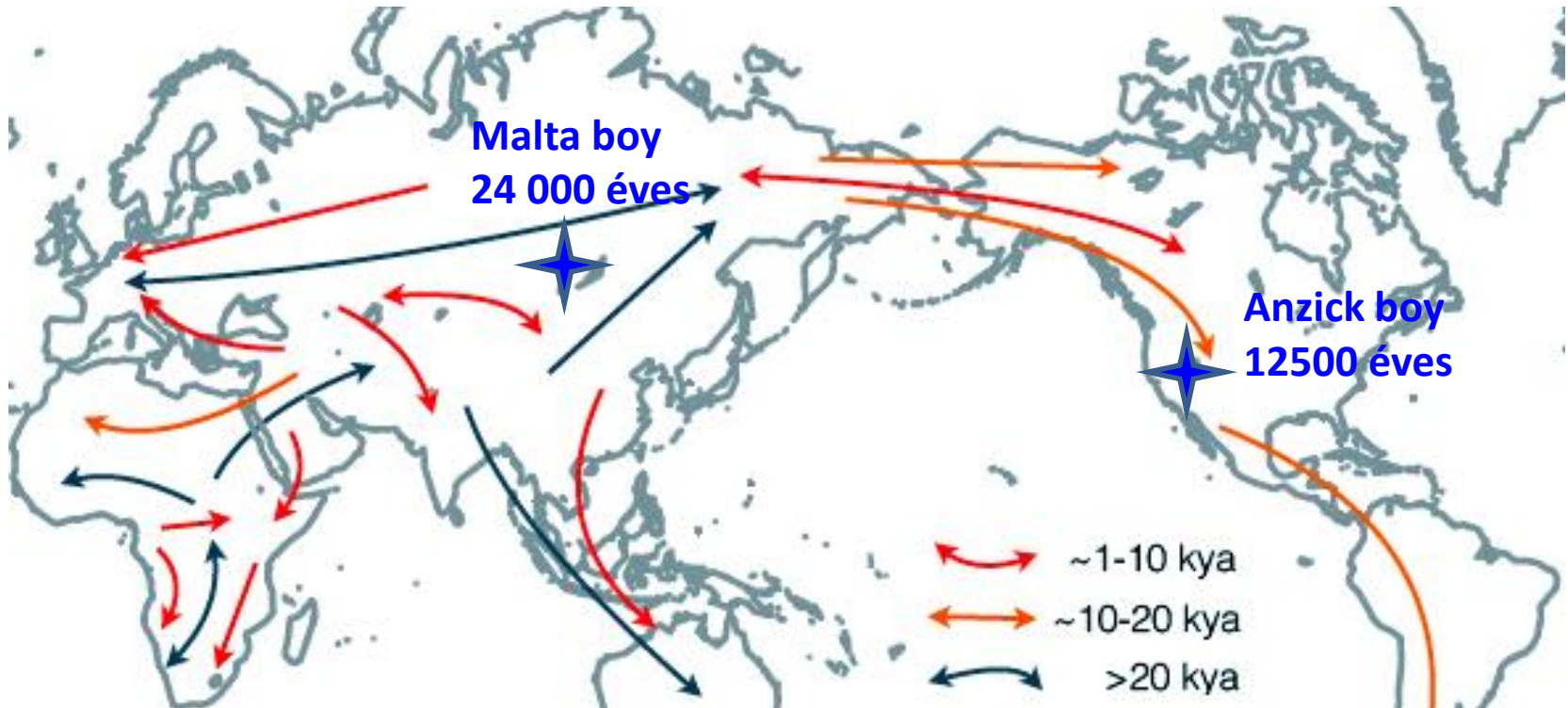
AL	Altaians	KO	Komi
AT	Aboriginal Taiwanese	KU	Kurds
AU	Aleuts	MA	Mansi
AM	Amerinds	MO	Mongols
BU	Buryats	ND	Na-Dene
CH	Chukchi	NI	Nivkhs
ES	Eskimo	PA	Palestine+Egypt
EV	Evenks	PE	Persians (Iran)
HA	Han Chinese	PO	Polynesians
HT	Han Taiwanese	SA	Saami
HZ	Hazara	SB	Sabah (Borneo)
IN	India	SP	South Pakistan
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.

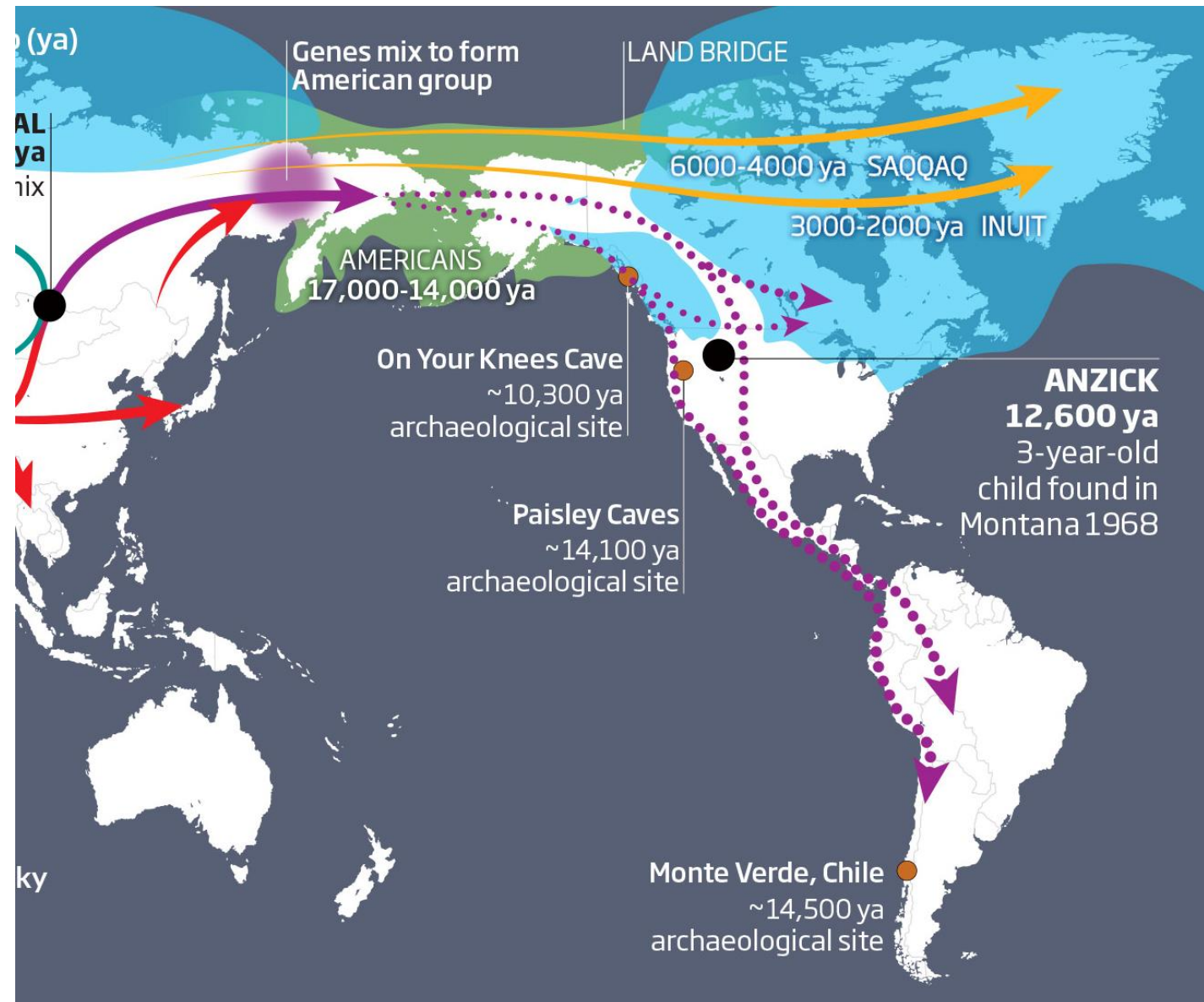
Amerika benépesedése genom adatok

Mindegyik indián mtDNS és Y-kr. haplocsoport Közép-Ázsiában keletkezett. A teljes genom szekvenciák arra utalnak, hogy 30 ezer éve egy eurázsiai és egy délkelet-ázsiai vonal egyesült mielőtt 15 ezer éve átkelt a Bering-szoroson.



Ezt követően ezer éven belül benépesítették az egész kontinenst.

Amerika benépesedése 2 (3) hullámban történt



Az amerikai őslakosok genomja sokkal kevésbé hasonlít a mai kelet-ázsiaiakhoz (japán, kína, korea), sokkal jobban az európaiakhoz.

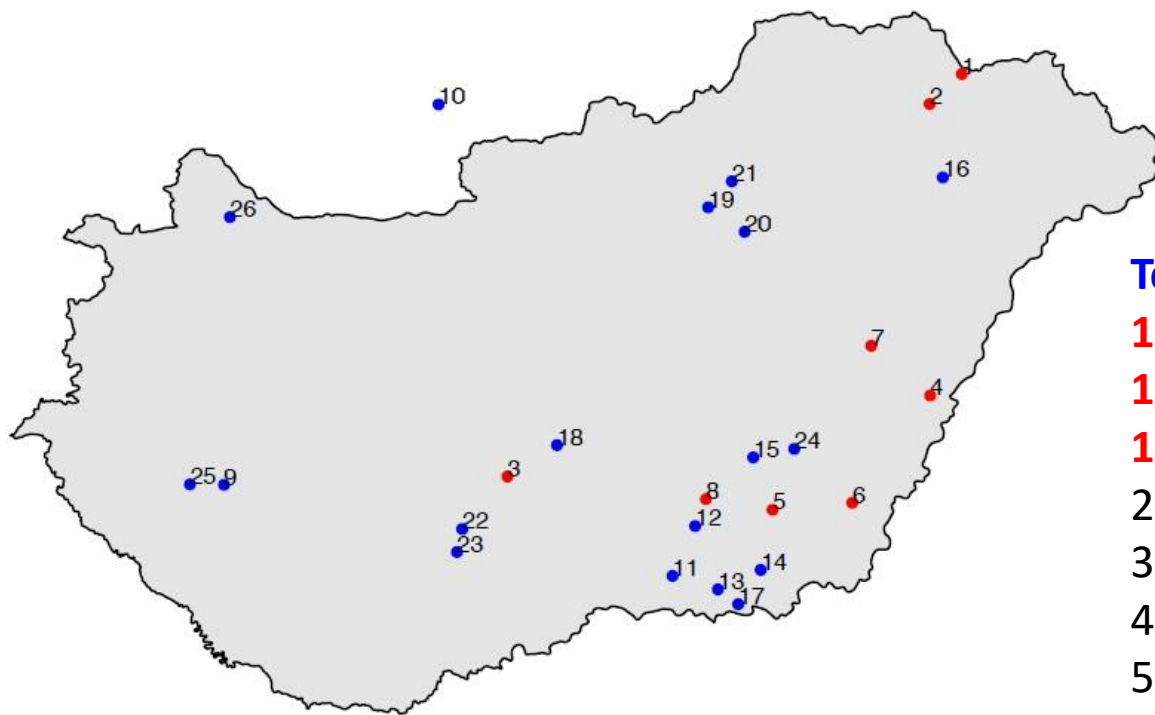
Az eszkimók egy esetleg 2 hullámban utólag vándoroltak át Amerikába 5000 éve.

A honfoglalók genetikai származása nagy felbontású mtDNS genom vizsgálatok alapján



Török Tibor, Neparáczki Endre, Maróti Zoltán,
Kocsy Klaudia, Maár Kitty, Kalmár Tibor, Bihari Péter, Nagy István

Nagyszámú mintát vizsgáltunk a legkorábbi temetőkből



Temető	mintaszám
1., Karos-I	11/11
1., Karos-II	49/69
1., Karos-III	18/19
2., Kenézlő-F-II	10
3., Harta-Freifelt	1
4., Magyarhomoróg	1
5., Orosháza-Görb.	1
6., Szabadkígyós-P.	1
7., Sárrétudvari-H	8
8., Szegvár-Oromd.	2
Összesen:	102



A felső tiszai Bodroghözben a honfoglalók első generációjának eddig ismert leggazdagabb leletanyagú temetőcsoportja. Leletanyaguk összetétele egyedi, nagyszámú fegyveres férfival.

Filogenetikai-filogeográfiai elemzés

Feltételezzük, hogy minden egyén egymástól független származású, ezért mindegyik minta származását külön-külön vizsgáltuk.

**A 102 minta 67
al-haplocsoportba
tartozik.**



**Vizsgáljuk meg mind a 67
egyedi leszármazási
vonalat!**

- Az összes ismert mitogenom letöltése (32683 modern, 420 archaikus).
- Szekvenciák rendezése Haplocsoport szerint.
- Az egyedi honfoglaló szekvenciákkal megegyező haplocsoportba tartozók kiválasztása.
- Szekvencia illesztések, 67 filogenetikai fa elkészítése.
- Adatbázisból kikerestük a legközelebb eső szekvenciák földrajzi származását.

Az A12 csoportba tartozó minták filogenetikai fája

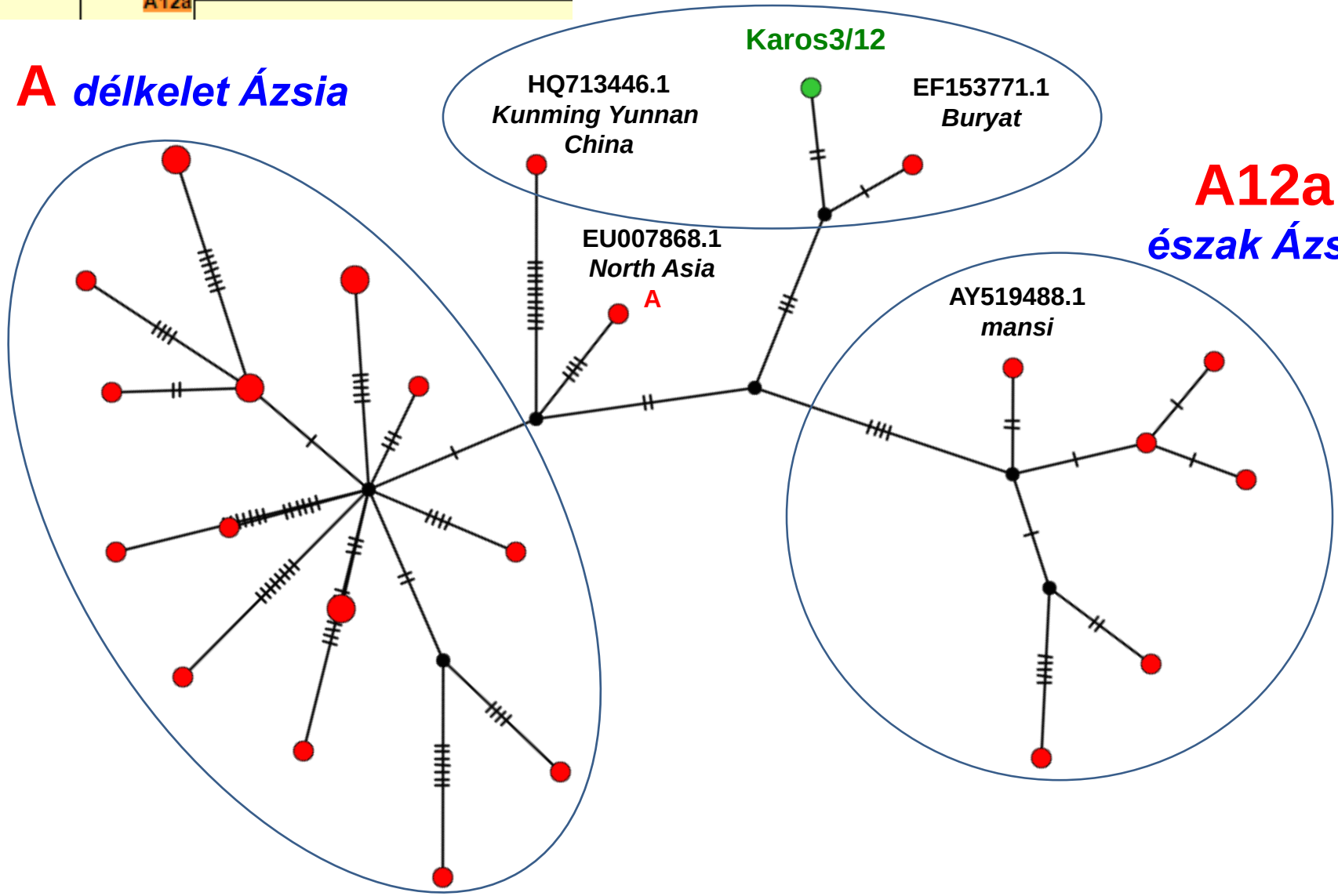
A	T16189C	
	A12	A12720G T14290C
	A12a	G1709A A9754G G16039A T16356C

A12 *belső Ázsia*

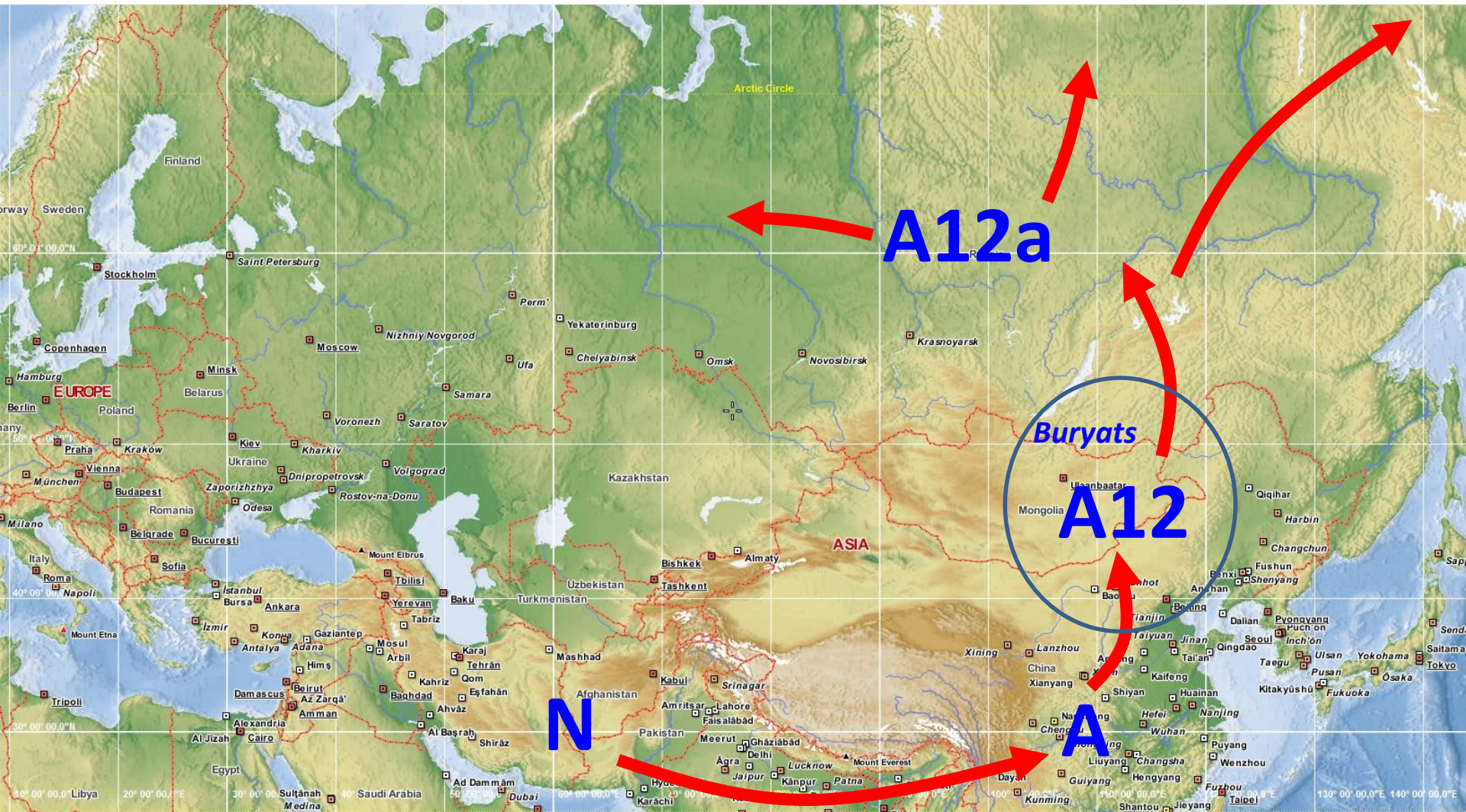
Karos3/12

A *délkelet Ázsia*

A12a
észak Ázsia



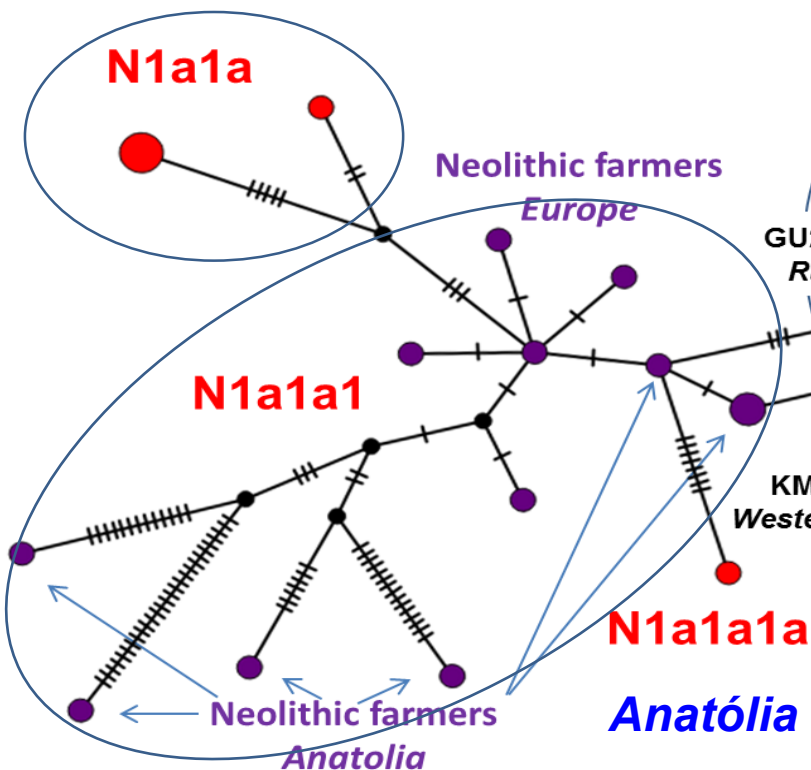
Az A12 haplocsoport filogeográfiai elterjedtsége



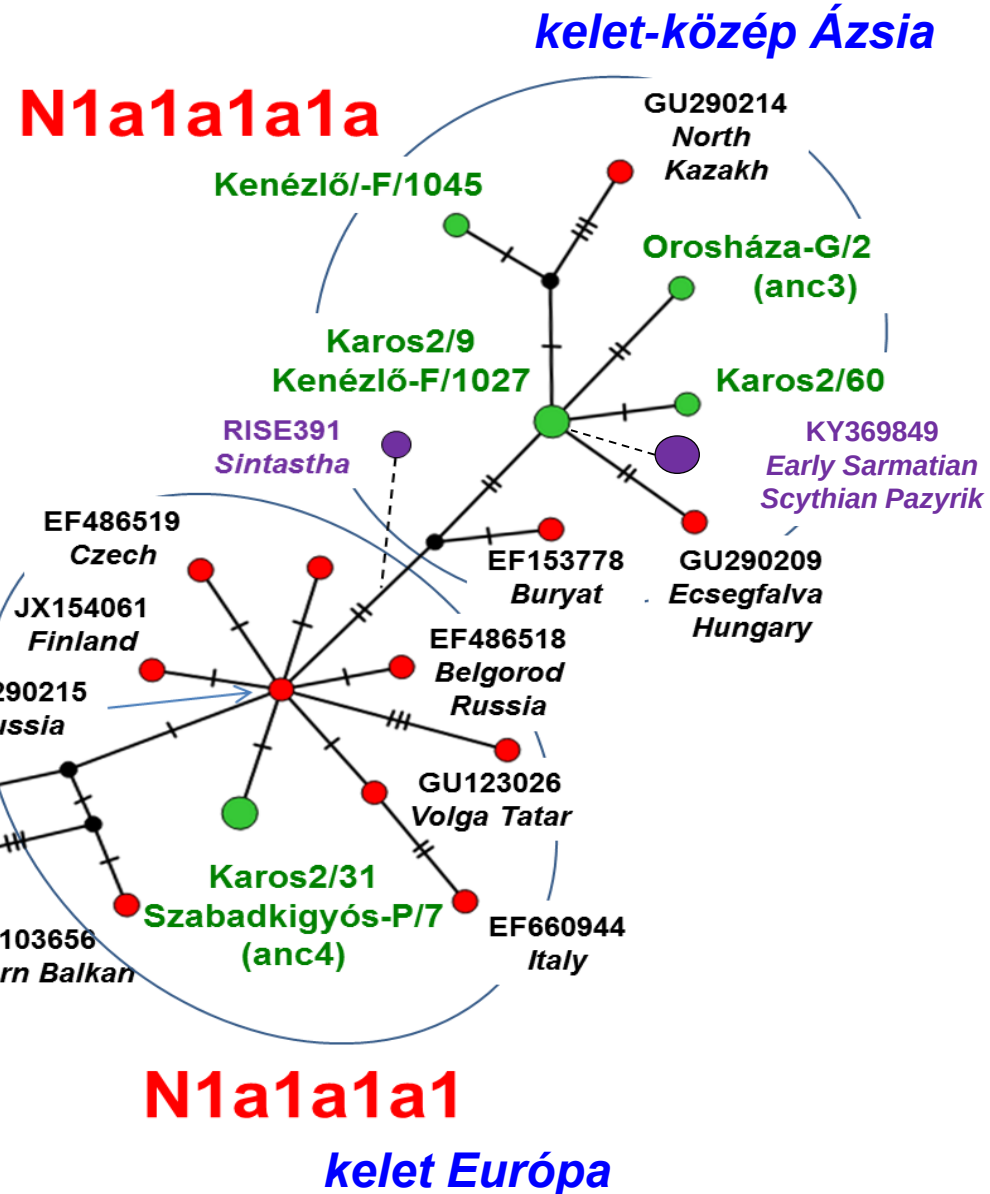
Az N1a1a csoportba tartozó minták filogenetikai fája

N1a1a	T669C	G2702A	A5315G	A8901G	C16147g	T16172C	C16248T	C16355T
	T152C!							
	N1a1a1	T3336C G16147A						
		N1a1a1a	C16320T					
			N1a1a1a1	A2702G! C8164T G9300A				
				N1a1a1a1a	T6641C T16189C!			

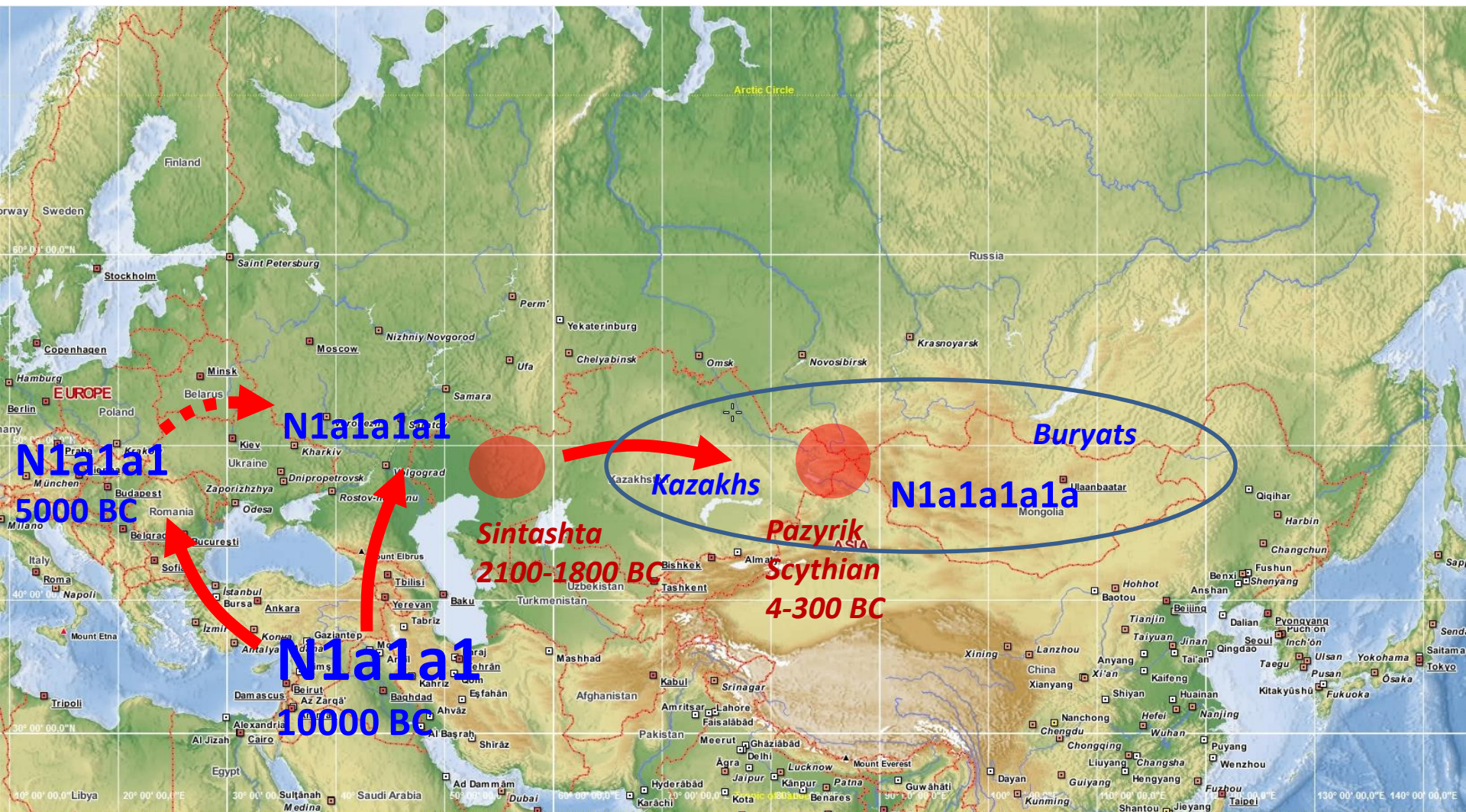
nyugat Európa



N1a1a1a1a

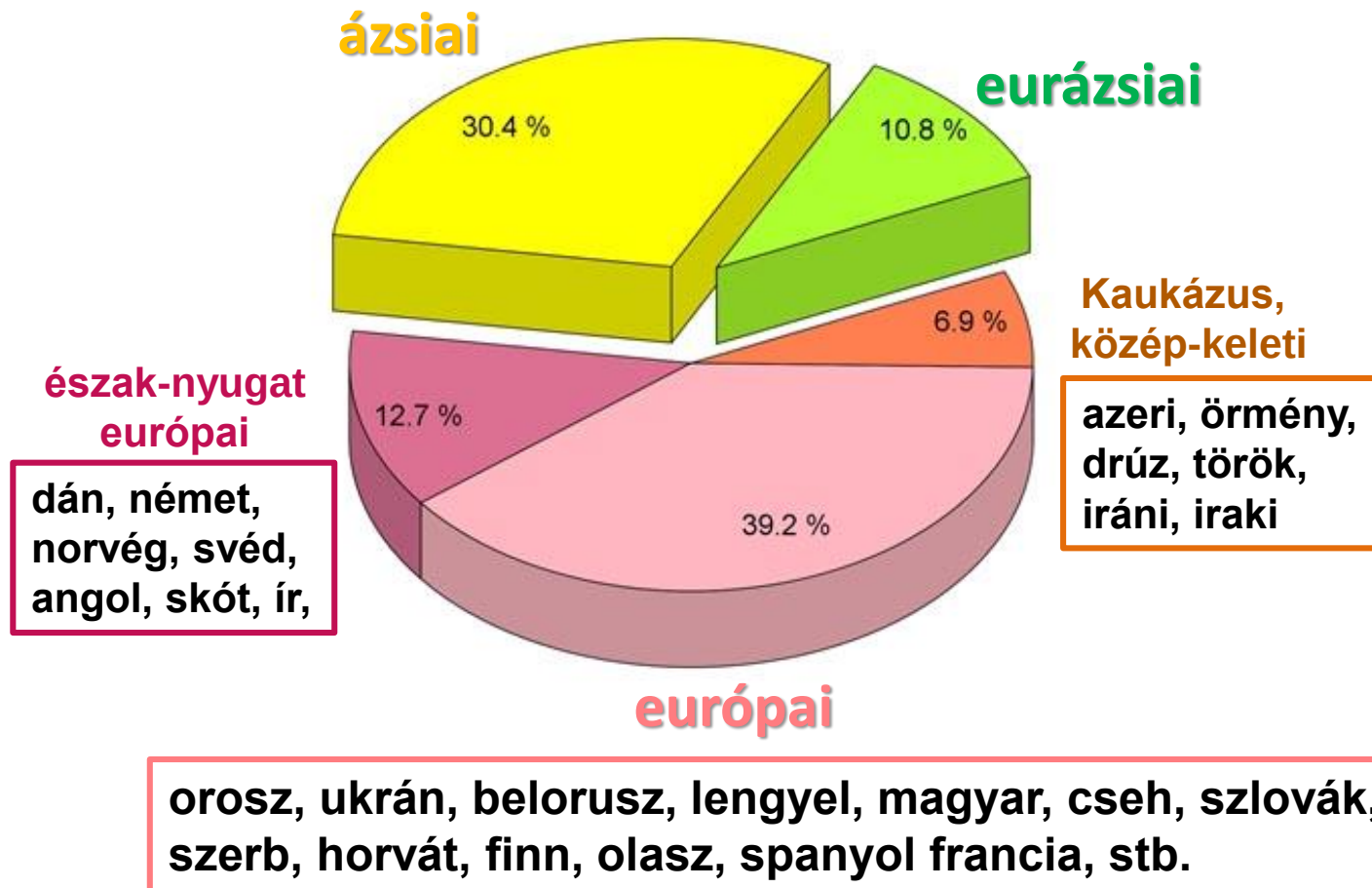


Az *N1a1a1* haplocsoport filogeográfiai elterjedtsége

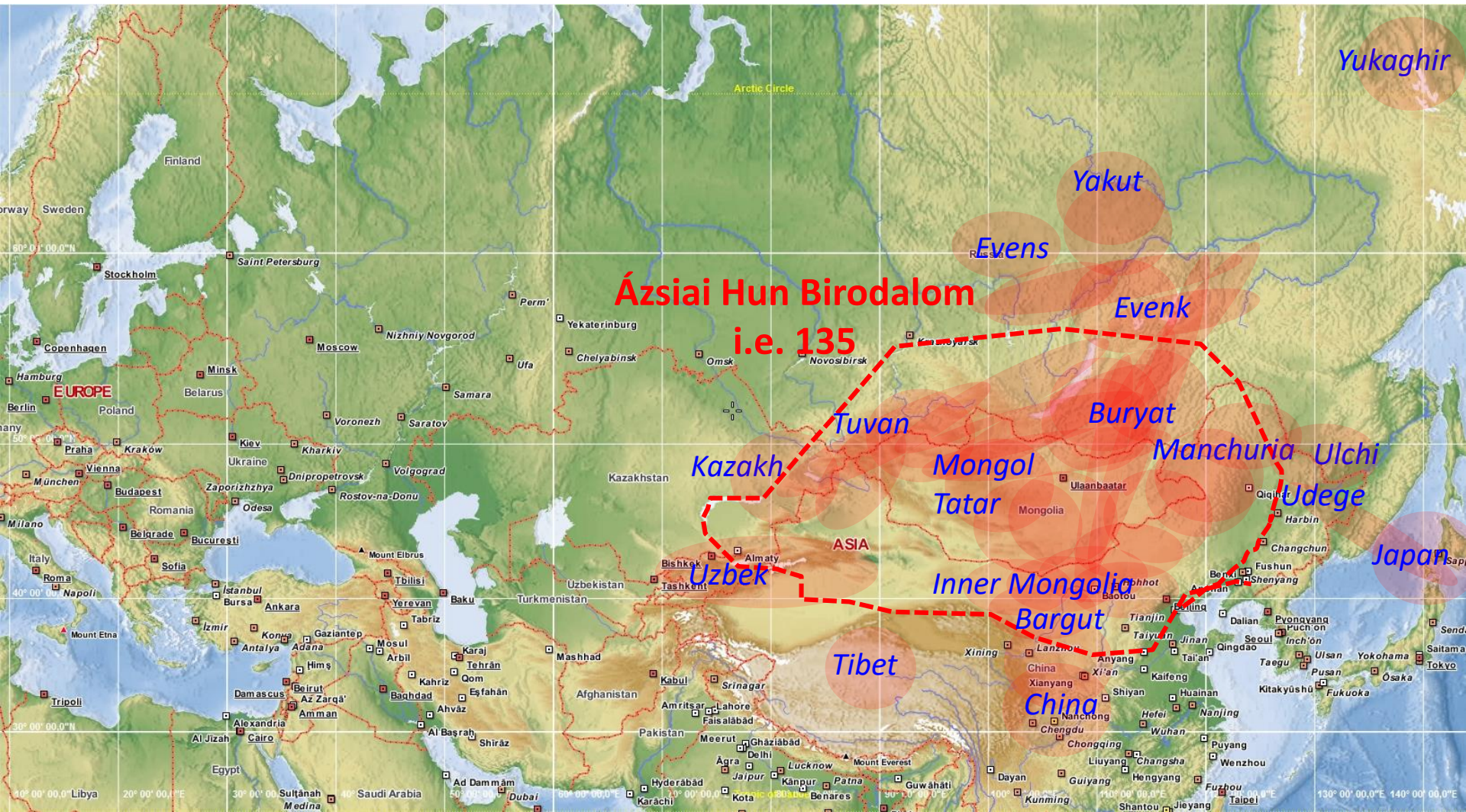


Összegzés: a 102 honfoglaló anyai vonalainak származás szerinti megoszlása

burját, kínai (főként Belső Mongólia!), mongol, kazah, tatár, bargut, jakut, even, evenk, mandzsu, tuvai, japán, kirgiz, tibeti, üzbég, udege, ulcsi, jukagír



A kelet-belső-ázsiai találatok földrajzi eloszlása



A ma élő magyarok genomi admixture analízise ugyanezen összetevőket találta (Hellenthal 2014)



Bár eltérő arányban: csak 4% a kelet-belső ázsia komponens, amely i.sz. 400-1000 között került be a magyar génkészletbe.

KÖSZÖNÖM A FIGYELMET!

SZÉCHENYI 2020



MAGYARORSZÁG
KORMÁNYA

Európai Unió
Európai Szociális
Alap



BEFEKTETÉS A JÖVŐBE