ARCHEOGENETIKA (RÉGÉSZETI GENETIKA)

Raskó István

Mi az archeogenetika?
Az aDNS jellemzői
Az aDNS jellemzői
Mire használható a régészeti genetika?
Az eredetvizsgálat lehetőségei
A föld benépesítésének menetrendje
Emberszabású rokonaink genetikai jellegzetességei
Mikor hasznos az archeogenetika?
Források

Mi az archeogenetika?

Sokan azt gondolják, hogy a DNS tanulmányozásával a jövőnk számára fontos kérdésekre kaphatunk választ. Az archeogenetika vagy génrégészet azért tanulmányozza a DNS-t, hogy a segítségével jobban megérthessük a múltat. A modern molekuláris populációgenetika módszereinek felhasználásával vizsgálják az emberiség múltját, a legfontosabb háziállataink, tápláléknövényeink eredetét.

A vizsgálatokban régészeti leletekben megőrzött vagy ma élő emberekből, állatokból, növényekből származó DNS-t használnak. A régészeti leletek által megőrzött DNS-t archaikus DNS-nek (aDNS) nevezzük.

Az aDNS jellemzői

A régészeti mintákban a DNS az emberi és állati testet felépítő szöveti elemek közül a csöves csontokban és a fogazatban őrződik meg a legtovább. A régészeti mintákban az aDNS kis mennyiségű. Ennek az okai az élőlény elpusztulása után közvetlenül meginduló bomlási folyamatok, a nukleinsavakat bontó enzimek, illetve a leletet körülvevő környezetkárosító hatásai.

Történeti előzmények

Azt a tényt, hogy a DNS megőrzi szerkezetét a régi biológiai leletekben is, egy kísérlet bizonyította, amelynek során egy argentínai ásatási területen talált mintegy 550 éves kánamagot *(Canna compacta)* sikeresen kikeltettek. Majdnem 30 éve egy kínai nyelvű tudományos folyóiratban számoltak be először arról, hogy egy 2000 éves emberi múmia májából sikeresen tisztítottak genetikai örökítő anyagot. Amerikai kutatók egy kipusztult lófajtának, a quaggának múzeumban őrzött 140 éves bőréből rövid mitokondriális DNS-szakaszt izoláltak. Sikeres volt a DNS-izolálási kísérlet egy tőzegben megőrzött, 7000 éves emberi agyból, egy 4000 éves múmia májából és a már kipusztult erszényes farkas bőréből is. Az aDNS-munkák sikerlistája magában foglalja a barlangi medvék és az ősbölények populációmozgásának leírását, a kukoricatermesztés során a hasznos génekben bekövetkezett

változások kimutatását, az új-zélandi kipusztult moa teljes mtDNS-szekvenciájának meghatározását. Van mamuteredmény is. Az állatok háziasításának genetikai történetéből megfejtették, hogy az amerikai kutyák eurázsiai eredetűek, a lovakat pedig több földrajzi régióban párhuzamosan háziasították, hogy a szarvasmarha ősei az őstulkok lehettek, és a neolitikumban élt vadkecskét fokozatosan háziasították.

Mire használható a régészeti genetika?

A legnagyobb kutatói aktivitás a népcsoportok genetikai történetének megfejtésére irányul. Szerencsére őseink nemcsak építészeti, művészeti emlékeket és múzeumokban látható egyéb tárgyakat hagytak ránk, hanem a génjeiket is, mégpedig nemcsak örökített formában, hanem ténylegesen, az ásatásokkal feltárt csontokból kinyerhető DNS anyagi valóságában.

Az eredetvizsgálat lehetőségei

A modern ember földi elterjedésének genetikai rejtvényfejtéséhez a genetikusoknak kétfajta lehetőségük adódott. Az anyai ági eredet vizsgálatára a sejtekben több száz vagy ezer példányban is előforduló sejtrészecske, a mitokondrium DNS-e alkalmazható, míg apai ágon az férfi nemi, azaz az Y-kromoszóma egy különleges szakaszát használják.

Az anyai ági vonal vizsgálata a mitokondriumok segítségével azért lehetséges, mert az utódokba csak az anya mitokondriumai örökítődnek át. A vizsgálatok elméleti alapját az adja, hogy az öröklődés során a DNS-ben mutációk keletkeznek, a mutációk előfordulási gyakorisága és populációszintű rögzülése viszont az idő függvénye. Az emberi populációkban évezredek során kialakult, filogenetikailag fontos mutációk vándorlás útján terjedtek. A populációk közös együttélése alatt kialakult mutációk megmaradnak, míg a népcsoportok szétválása után kialakult új mutációk már csak az adott populációra lesznek jellemzők. Így minden populáció hordozza a közösen kialakult ősi mitokondriális mutációkat, illetve a vándorlása során kialakult újabb és újabb mutációkat. Belátható, hogy minél inkább eltér két embercsoportnál a mitokondriális mutációs mintázat, annál régebben történt a csoportok szétválása. Mivel ezek a folyamatok a föld benépesítésével párhuzamosan történtek, a mtDNS-variációk egy része bizonyos földrajzi helyekhez és az onnan származó populációkhoz köthető. A vizsgált mitokondriális szekvenciában 20 000 évenként rögzülő új mutáció keletkezését feltételezve visszamehetünk az időben, és arra a következtetésre juthatunk, hogy a különböző emberi populációk mitokondriumai egyetlen ősanyához vezethetők vissza, aki valamikor 120 000 évvel ezelőtt élhetett, valahol Kelet-Afrikában.

A „mitokondriális Éva” az a nő, akinek a mitokondriumai az összes ma élő ember mitokondriuma legkorábbi közös ősének számítanak. Ez természetesen nem azt jelenti, hogy csak ez az egyetlen nő élt abban az időben, de csak ennek az egynek maradtak fenn a mitokondriumai a mai napig; a többi mitokondrium azért tűnhetett el, mert a többi nőnek nem születtek lány utódaik, vagy terméketlenek voltak.

Az Y-kromoszóma DNS-szakaszának vizsgálata az apai eredet meghatározására alkalmazható, miután minden fiú utód csakis az apjától örökölheti az Y-kromoszómáját.

A föld benépesítésének menetrendje

A mitokondriális és az Y-kromoszóma-bélyegek vizsgálata alapján mára már bizonyos, hogy Afrikában volt az emberiség bölcsője, és innen indult földfoglaló vándorútjára a modern ember, a *Homo sapiens sapiens*. A vándorlás két irányban indult el. Az elsőn, a déli tengerparti útvonalon az első hullám a Közel-Keletre 80–65 000 évvel ezelőtt érkezett, Ausztrália–Melanéziába a tengerparti „gyorsúton" kb. 60 000 évvel ezelőtt értek. Ebből a vándorlásból származó ágak elértek Kínába, Japánba. Ázsiába és Európába az első hullám 40 000 évvel ezelőtt ért, míg az Újvilágot, az amerikai kontinenst, az akkor még járható Bering-szoroson keresztül 15–10 000 éve népesítették be. A második vándorlási útvonal az ún. centrális út a Közel-Keleten, Perzsián át vezetett Közép-Ázsiába, majd elérte Európát, Kelet-Északkelet-Ázsiát.

Emberszabású rokonaink genetikai jellegzetességei

Van még egy érdekes kérdés, amelyet csak a régészeti genetika válaszolhat meg. Európában, Kelet-Ázsiában és gyakorlatilag mindenütt másutt kb. 40 000 évvel ezelőttig éltek az előemberek, az archaikus hominidák, s ekkor jelentek meg az anatómiailag modern emberek. Egy rövid ideig az előemberek és az anatómiailag modern emberek együtt is éltek. Arra nincs magyarázat, hogy az archaikus hominidák miért tűntek el, és máig sincs tisztázva, hogy hagytak-e genetikai nyomot a modern *Homo sapiens sapiens* génkészletében.

A neandervölgyi és a modern európai ember genomszinten 99,5%-ban azonos. A két embertípus 27 sejtmagi mutációban tért el, ezek az evolúciós szétválásuk után alakulhattak ki. Egy modern technológiát használó kutatócsoport az egyetlen nukleinsavbázisban való eltéréseknél az eltérések 30%-át közösnek találta a két hominidafaj között, ezért ezt a modern ember és a neandervölgyiek közötti szexuális keveredés indirekt bizonyítékának tartja. A mitokondriális DNS szintjén azonban nincs leszármazási rokonság a két emberfajta között. Míg anatómiailag modern embernek az Európában talált legrégebbi maradványai, a mintegy 28 000 évvel ezelőtt élt crô-magnoni emberek csontjaiból nyert mtDNS-szekvenciák megtalálhatók a mai európaiaknál, addig azok lényegesen eltérnek a neandervölgyi szekvenciáktól.

Tehát a tudomány jelenlegi állása szerint nincs még meggyőző bizonyítékunk arra, hogy a neandervölgyi ősember genetikai nyomai megvannak-e a modern európai emberekben.

A 2008-ban az Altaj hegységben talált, valószínűleg a neandervölgyiekkel és a modern emberekkel egy korban élő harmadik emberszabású, mitokondriális DNS-ének vizsgálatából azt a következtetést vonhatjuk le, hogy ez a hominida a neandervölgyiekkel és a modern emberrel közös ősön osztozott, aki valamikor egy millió évvel ezelőtt élhetett. Ezek – a mitokondriális DNS mintázatának tanúsága szerint – nem a neandervölgyiekkel vagy az anatómiailag modern emberekkel vándoroltak ki Afrikából.

Mikor hasznos az archeogenetika?

Azokban az esetekben, amelyekben egy populációra viszonylag kisszámú bevándorló kulturális, illetve nyelvi tekintetben elsöprő hatást gyakorolt, a bevándorlók azonosított csontjaiból nyert DNS-mintázatot az adott területen élő modern populációéval összehasonlítva adatokat nyerhetünk a bevándorlók genetikai jellegzetességeiről és génjeik sorsáról. Ilyen vizsgálatokat végeztek többek között a Polinéziát, Izlandot és a honfoglalás kori Magyarországot benépesítők genetikai jellemzésére.

A Kubiláj kán belső-mongóliai ősi fővárosában lakók genetikai jellegzetességeinek meghatározásából arra következtettek, hogy azok a ma élő han kínaiak rokonai voltak. Kuba Kolumbusz előtti őslakosainak anyai genetikai mintázata a dél-amerikai őslakosokhoz volt hasonló, bizonyítva, hogy a karibi szigetvilágot először Dél-Amerikából származó csoportok népesítették be. Izland első telepeseinek mitokondriális DNS-e genetikai rokonságot mutat Skócia, Írország mai lakóinak mintázatával. Koreai csontvázak genetikai vizsgálatából pedig megállapították, hogy a Koreai-félsziget első telepesei Délkelet-Szibériából az Altaj hegység és a Bajkál-tó környékéről származtak. Mindezek a kiragadott példák azt mutatják, hogy emberi eredetű régészeti leletanyag genetikai vizsgálatából fontos következtetések vonhatók le az adott népcsoport eredetére, rokonsági viszonyaira vonatkozóan.

Források

Bogácsi-Szabó Erika et al. (2008): Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén. *Magyar Tudomány* 169: 1204–1216.

Raskó István (2002): Populációgenomika. *Magyar Tudomány* 108: 589–594.

Raskó István (2004/2005): Genetikai időutazás. Az emberi populációk eredetének nyomában. In Hitseker Mária–Szilágyi Zsuzsa (szerk.): *Mindentudás Egyeteme IV.* Kossuth Kiadó, Budapest, 98–109.

Raskó István (2006): Genetika – a 20. századi „csodafegyver” szerepe a populáció-eredetvizsgálatban. *Magyar Tudomány* 167: 402–410.

Raskó István (2008): A DNS mint régészeti lelet. *Magyar Tudomány* 169: 1199–1203.

Raskó István (2010): *Honfoglaló gének.* Medicina Kiadó, Budapest.

Raskó István–Kalmár Tibor (2003): Emberi populáció genetika, különbségek emberek között, politika nélkül. In Hidvégi Egon (szerk.): *A genom.* Széphalom Könyvműhely, Budapest, 105–112.

Szabó Erika–Kalmár Tibor–Horváth Ferenc–Raskó István (2003): Régészeti leletek molekuláris biológiai vizsgálata. In Hidvégi Egon (szerk.): *A genom.* Széphalom Könyvműhely, Budapest, 161–170.