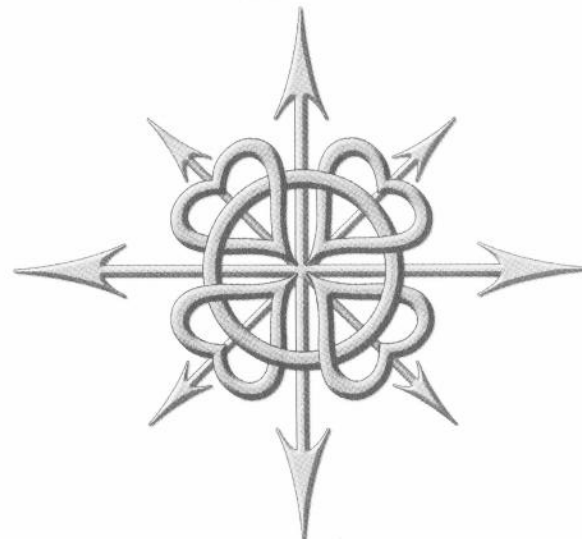


A Fordulat



**A MAGYARSÁG ÉS A KELET
II. ŐSTÖRTÉNETI KONFERENCIA
THE HUNGARIANS AND THE ORIENT
II. CONFERENCE ON ANCESTRAL HISTORY**

TERMÉSZETTUDOMÁNYI SZEKCIÓ

POPULÁCIÓGENETIKA ÉS EMBERTAN

POPULATION GENETICS AND ANTHROPOLOGY

Konferenciaelnök: Dr. Aradi Éva
Az előadások helye: MVSZ-Magyarok Háza
E-mail: ostorteneti.konferencia@m7vk.net

© Magyarok Világszövetsége, 2008

**A Magyarok
VII. Világkongresszusának kötetei
I-VII.**

I.

**A kötetbe szerkesztés, s a nyomdai előkészítés
a HONLEVEL Szerkesztőségének munkája**

*Tekintettel a kötetben foglalt információ jellegére – közlésre küldött tudományos dolgozatok
– a kapott szöveget nem szerkesztettük, csupán a súlyosabb és szembeűnő hibákat javítottuk.*

ISBN 978-963-87998-4-5

*Kiadja a Magyarok Világszövetsége
Budapest, 2008.*

Készült a Mackensen Nyomdában

AJÁNLÁS

**A MAGYAROK VII. VILÁGKONGRESSZUSÁNAK
KÖTETEI ELÉ**

Az alapításának 70. évfordulójához érkező Magyarok Világszövetsége 2008. augusztus 16-20. között megszervezi a Magyarok VII. Világkongresszusát, a legátfogóbb legitimitású magyar köztestületet, amelyen tizenkét konferencia keretében több mint 250 magyar és nem-magyar tudós, kutató és közéleti személyiség ad elő – kiutat keresve – mintegy 230 dolgozatot a magyar nemzet eredetéről, kultúrájáról és drámai sorsáról. Az eddigi Világkongresszusok történetében először, sikerült az előadásra kerülő dolgozatok java részét a nyitónap előtt bekérnünk, és hét kötetben, nyomtatva közzé tennünk. A kedves olvasó e kötetek egyikét tartja most kezében.

A Magyarok VII. Világkongresszusa ezer küldöttének ezeket a köteteket a Nyitókonferencia előtt átadjuk, és kívánjuk, hogy korszakos határozatokat fogadjanak el. Olyan határozatokat, amelyek alkalmasak arra, hogy a magyar nemzet életében kiváltsák azt az erkölcsi valamint szellemi fordulatot, amely elodázhatatlan, ha ez a nemzet élni akar, és amely határozatok méltóak ahhoz a nemzethez, ahhoz a Világkongresszushoz, amelyet a hús-huszonegyedik század két kiemelkedő személyisége nagy odafigyeléssel üdvözölt.

Tisztelt küldött-társak, kedves olvasók! Kérem, fogadják ajánlasként **Mario Alinei** professzor, a talán legismertebb európai nyelvtörténész, a monumentális Atlas Linguarum Europae alapító főszerkesztője és **Őszentsége a Dalai Láma** üzenetét, mely a magyarok számára – fejléces papírjának címerével is – sokatmondó.

Budapest-Kolozsvár, 2008. augusztus 6-án

*Patrubány Miklós,
a Magyarok Világszövetségének
elnöke*

Dear President, dear friends and colleagues of the Organizing Committee, Ladies and Gentlemen.

To my deepest regret I cannot attend this important World Congress, the organizers of which have been so kind as to nominate me Honorary President. Though I feel I do not deserve this honour, I am deeply touched by your conviction that I do.

I have learned to know Hungarian people through my studies, and I have been struck by their creativity, their intelligence and their special qualities, which are also reflected in the complexities of their language and culture.

My discovery that modern Hungarians are the heirs of the Kurgan invaders of Hungary in the Copper Age, and of the ancient founders of the Etruscan civilization, has not yet been accepted by official academies. But I have no doubt that eventually it will, and Hungarians will be recognized as the founders of one of the most original and important Bronze and Iron-Age civilizations of Europe.

I wish a great success to your Congress, and express the conviction that Hungary will occupy an increasingly important place in Europe.

Mario Alinei

Kedves Elnök úr, kedves Szervező bizottsági barátok és kollegák, Hölgyeim és Uraim!

Mélységesen sajnálom, hogy nem vehetek részt ezen a jelentős Világkongresszuson, amelynek szervezői voltak oly kedvesek engem Tiszteletbeli Elnökké (fővédnökké - ford.) kinevezni. Jóllehet úgy érzem, hogy nem érdemeltem ki ezt a megtiszteltetést, mélyen megérint az Önök meggyőződése, mely szerint megérdemlem.

A magyar embereket tanulmányaim révén ismertem meg, és megdöbbenett kreativitásuk, intelligenciájuk valamint különleges képességeik, amelyek ugyancsak tükröződnek nyelvükben és kultúrájukban.

Azt a felfedezésemet, hogy a mai magyarok azon kurgános temetkezésű népek örökösei, akik Magyarországot a bronzkorban árasztották el, és örökösei az ősi etruszk civilizáció megalapítóinak, a hivatalos tudomány még nem fogadta el. Ám nincs kétségem afelől, hogy végül el kell fogadnia, és a magyarokat el fogják ismerni, mint a bronz- és vaskori Európa egyik legeredetibb és legjelentősebb civilizációjának megalapítóit.

Kongresszusuknak nagy sikert kívánok, és annak a meggyőződésemnek adok hangot, hogy Magyarország egyre jelentősebb helyet foglal majd el Európában.

Mario Alinei



THE DALAI LAMA

MESSAGE

I am happy to learn that the 7th Hungarian World Congress entitled "Hungarians and the East" is being held on August 16-20, 2008 in Budapest. I regret my inability to accept your kind invitation owing to my other travel engagements at the time.

The efforts of The Hungarian World Congress, which first assembled in 1929, and The World Federation of Hungarians, which was founded in 1938, to keep the Hungarian nation spiritually and culturally united are highly laudable. We Tibetans can draw inspiration from your efforts as we are also engaged in a similar endeavour.

We have a special connection with Hungary through its pioneer scholar, Alexander Csoma de Koros, who authored the first Tibetan-English dictionary and grammar book in the year 1931. During my earlier visits to Hungary I was very happy to be shown some of the works of Alexander Csoma de Koros and thus becoming familiar with his contributions in bringing Tibet to Hungary over a hundred and fifty years ago. It therefore gives me great pleasure in extending my warm greetings to all the participants and to express my appreciation to the organizers of this conference. I wish you all the success.

2 August 2008



A Dalai Láma

Üzenet

Örömmel értesültem arról, hogy *A magyarság és a Kelet* címmel, 2008. augusztus 16-20. között Budapesten megrendezik a Magyarok VII. Világkongresszusát. Sajnálom, hogy ezzel a rendezvénnyel azonos időpontban zajló egyéb utazásaim miatt nem tudom kedves meghívásukat elfogadni.

Fölöttébb dicséretesnek tartom azokat az erőfeszítéseket, amelyekkel az 1929-ben első ízben üléselő Magyarok Világkongresszusa, és az 1938-ban alapított Magyarok Világszövetsége próbálja a magyar nemzet szellemi és kulturális egységét megőrizni. Minket, tibetieket meghihethetnek az Önök erőfeszítései, miután nekünk is azonosak a törekvéseink.

Különleges kapcsolat jött létre közöttünk az úttörő magyar tudós, Kőrösi Csoma Sándor révén, aki 1831-ben megírta az első Tibeti-Angol szótárt és nyelvtant. Korábbi magyarországi útjaim során nagy örömet okozott, hogy megtekinthettem Kőrösi Csoma Sándor egyéb műveit is, és ekképp megismerhettem abbéli érdemeit, amelyekkel százötven évvel ezelőtt „Magyarországra hozta Tibet-et”. Ezért nagy elégtétel számomra, hogy meleg üdvözlétemet küldhetem valamennyi résztvevőnek, és kifejezhetem nagyrabecsülésemet a konferencia szervezői iránt. Sok sikert kívánok Önöknek.

2008. augusztus 2-án

A Dalai Láma

TARTALOMJEGYZÉK

POPULÁCIÓGENETIKA / POPULATION GENETICS

Program 13

Dr. BEGOÑA MARTINEZ-CRUZ, Dr. DAVID COMAS, Dr. JAUME BERTRANPETIT: Genographic: Disentangling the out of Africa and the colonization of the world by Homo sapiens 19

Dr. PAMZSAV HOROLMA, Dr. CHRISTINE KEYSER-TRACGUI, Dr. ERIC CRUBEZY, Dr. BERTRAND LUDES: A hun és a jelenlegi mongol populáció genetikai eredete /Population Origins in Mongolia: Genetic Structure. Analysis of Ancient and Modern DNA..... 21

Dr. ZALÁN ANDREA, Dr. VÖLGYI ANTÓNIA, Dr. PAMZSAV HOROLMA: A magyar populáció Y kromoszómális haplocsoport összetétele / Y chromosomal haplogroup distribution of the Hungarian population 23

Dr. NAGY KÁROLY, Dr. JUHÁSZ EMESE, Dr. GUBA ZSUZSA, Dr. GHIDÁN ÁGOSTON, Dr. PAP ILDIKÓ: Populációgenetikai vizsgálatok XVIII. sz.-i hazai múmiákban /Population genetic analysis of 18th century Hungarian mummies 25

MÉSZÁROS ANITA, Dr. HORVÁTH GÁBOR, Dr. KÖLTŐ LÁSZLÓ, Dr. NÁDASI EDIT, Dr. EMBER ISTVÁN, Dr. BÉRES JUDIT: Európai és ázsiai eredetű mitokondriális DNS haplocsoportok vizsgálata dunántúli populációkban..... 27

Dr. EGYED BALÁZS, Dr. A. BRANDSTÄTTER, Dr. B. ZIMMERMANN, Dr. N. DUFTNER, Dr. PÁDÁR ZS., Dr. W. PARSON: Genetikai struktúráltság a csíki székely és a gyimesi csángó népeességben /Genetic structure of the ethnic groups “Székely” from Csíkszereda and “Csángó” from Gyimes..... 29

Dr. NÁDASI EDIT, Dr. HORVÁTH GÁBOR, Dr. FOTHI ERZSÉBET, Dr. SÁNDOR JÁNOS, Dr. PRANTNER IDA, Dr. EMBER ISTVÁN, GÁSPÁR RÓBERT, MÉSZÁROS ANITA, Dr. BÉRES JUDIT: A székelyek az ősmagyarok legközelebbi genetikai rokonai? /Are the Seklers the closest genetic relatives of the ancient Hungarians? 31

GÁSPÁR RÓBERT, MÉSZÁROS ANITA: A finnugor népek genetikája /The genetics of Finno-Ugrian populations..... 39

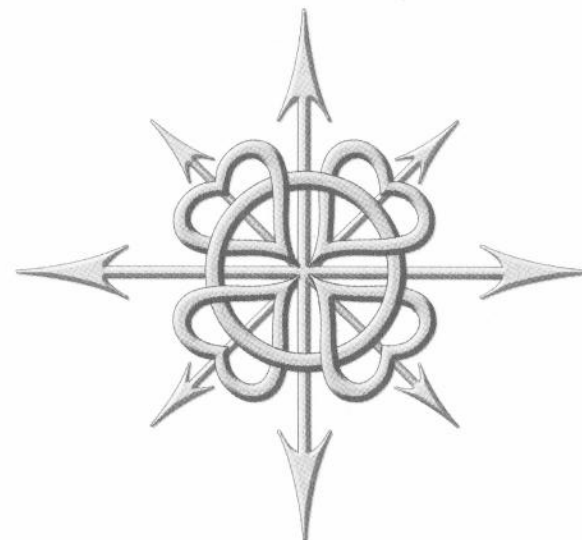
<i>Dr. VÖLGYI ANTÓNIA, Dr. ZALÁN ANDREA, Dr. BÉRES JUDIT,</i> <i>Dr. PAMZSAV HOROLMA: A romák eredetének keresése apai ágon /The Origin of Gypsy population based on Y chromosome polymorphisms.....</i>	61
<i>Dr. ÚJHÁZY KOLOS: Népünk genetikai családfája /„The Genographic Project”: Az emberiség vándorlását tanulmányozó kutatási program hazai szeptem- beri kiállításának bemutatása / The genetic pedigree of the world populations – „The Genographic project” – presentation of the planned exhibition in September, Budapest</i>	63
<i>Dr. MARÓTI ZOLTÁN, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. ENDREFFY EMŐKE: Génszegre- gációs vizsgálatok autoszómális domináns polycystas vesebetegek (ADPKD) csalájaiban. /Gene segregation analysis in Hungarian polycystic kidney diseases (ADPKD) affected families.....</i>	65
<i>Dr. BÉRES JUDIT, Dr. MARÓTI ZOLTÁN, Dr. ENDREFFY EMŐKE: Báthory István erdélyi fejedelem policisztás vesebetegsége / The polycystic kidney disease of Stefan Bathory, Prince of Transylvania and Polish King</i>	67
<i>Dr. ORSÓS ZSUZSA, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. EMBER ISTVÁN, Dr. KISS ISTVÁN: Ha- zai populációk daganatok iránti érzékenységet kimutató metabolizáló enzimek allélpolimorfizmusainak elemzése / The allele polymorphisms of metabolic enzymes concerning the cancer sensitivity in Hungarian populations</i>	69
<i>Dr. BÉRES JUDIT: Hazai népcsoportjaink eredete és eltérő betegségspektruma</i>	71
<i>FEHÉR ÁGNES, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. JUHÁSZ ANNA, Dr. RIMANÓCZY ÁG- NES, Dr. ÁLMOS PÉTER, Dr. JANKA ZOLTÁN, Dr. KÁLMÁN JÁNOS: Dopamin rendszerrel kapcsolatos genetikai polimorfizmusok vizsgálata a hazai popu- lációkban / The genetic polymorphisms of the dopamin system in Hungarian populations.....</i>	73
<i>Mészáros Anita, Dr. BÉRES JUDIT: Hazai etnikumok/populációk genetikai struktúrája.....</i>	75

TERMÉSZETTUDOMÁNYI SZEKCIÓ EMBERTAN / ANTHROPOLOGY

<i>Program</i>	95
<i>Dr. Guba Zsuzsanna: Az archaikus DNS vizsgálatok lehetőségei és nehézségei / The Problems of archaic DNA investigations</i>	99
<i>Dr. Begona Martinez-Cruz: The Genographic Project of Western and Central European Region.....</i>	101
<i>Bíró András Zsolt, Dr. Pamjav Horolma, Dr. Völgyi A., Dr. Zalán A.: A Madjar po- puláció (Kazakisztán) összehasonlító Y-kromoszóma vizsgálata / A comparative Y-chromosome Study on the Madjar Population (Kazakhstan)</i>	103
<i>Dr. Gultekin T, Dr. Gokcumen O, Dr. Gulec E, Dr. Tug A, Dr. Dogan Alakoc Y, Dr. Schurr TG: Using Ancient DNA Studies to Understand Anatolian Genetic History</i>	105
<i>Dr. Józsa László: Betegségeírások középkori krónikáinkban, legendáinkban és szentté avatási iratokban / Description of Illnesses in the Hungarian Medieval Chronicles and Hagiographic Texts</i>	107
<i>Szikossy Ildikó: A honfoglaló magyarok szájpatológiai jellegeinek adatbázisa / Paleostomatological Database of the Conquering Period Hungarians</i>	111
<i>Dr. Kocsis S. Gábor, Dr. Molnár Erika, Dr. Pálfi György: Avar korból, illetve honfoglalás korból származó maradó frontfogak fejlődési rendellenességeinek összehasonlító vizsgálata / Comparative Analysis of Developmental Anomalies of Permanent Frontal Teeth from the Avar Period and the Hungarian Conquest Period.....</i>	113
<i>Dr. Marcsik Antónia, Dr. Molnár Erika, Dr. Pálfi György: Lepra előfordulása a 10-11. századi magyarországi csontvázanyagban / Leprosy in the 10-11th Century Hungarian Skeletal Material</i>	115
<i>Dr. Pálfi György: Aktivitás-indukálta csontváz-elváltozások egy honfoglaló magyar szériában / Activity-Induced Skeletal Lesions in a Series from the Hungarian Conquest Period.....</i>	117

- Bereczki Zsolt, Dr. Marcsik Antónia, Dr. Pálfi György:* A magyarországi koponyatorzítás – keleti örökségünk egy különleges eleme a csontvázletek tükrében / Artificial cranial deformation in Hungary – Traces of artificial cranial deformation, a custom of eastern tradition119
- Dr. Szathmáry László, Dr. Kóvári Ivett:* Helyi népesség – honfoglaló magyarok / Local Populations – Conquering Hungarians121
- Dr. Erksin Güleç, Dr. İsmail Özer, Dr. İsmail Baykara:* The First Modern Humans from Turkey: Early Upper Paleolithic People with Ornaments from Hatay 123
- Dr. Aysen Acikkol, Dr. Mehmet Sağır, Dr. İsmail Özer, Dr. Başak Koca Özer, Dr. Timur Gültekin, Dr. Erksin Güleç:* Brachycephalization in Anatolian Populations: From the Neolithic to the present125
- Dr. Orazak Ismagulov, Dr. Ainagul Ismagulova:* Some thinking about ancient Turks of Altai127
- Dr. Yusupov Rinat:* Ancient stages of ethnogenesis of the Bashkorts and etymology of the word „baskort”129
- Dr. Samaraddin Nustafakulov:* Anthropological Researches in Uzbekistan ..131
- Dr. Omer Gokcumen, Dr. Theodore G Schurr:* Understanding the Expansion of Altaic Speakers – A Genetic Perspective.....131
- Dr. Kustár Ágnes:* Arcok a múltból – a Kárpát-medence történeti népeinek arcreekonstrukciói Faces from the Past – Facial Reconstructions of Historic Populations of the Carpathian Basin133
- Kocsis S Gábor, Molnár Erika és Pálfi György:* Avar korból, illetve honfoglalás korból származó maradék frontfogak fejlődési rendellenességeinek összehasonlító vizsgálata / Comparative Analysis of Developmental Anomalies of Permanent Frontal Teeth from the Avar Period and the Hungarian Conquest Period137
- Dr. Marcsik Antónia, Dr. Molnár Erika, Dr. Pálfi György:* Lepra előfordulása a 10-11. századi magyarországi csontvázanyagban.....149
- Szathmáry László, Kóvári Ivett:* Helyi népesség – honfoglaló magyarok157

A Fordulat



TERMÉSZETTUDOMÁNYI SZEKCIÓ POPULÁCIÓGENETIKA POPULATION GENETICS

Szekcióelnök: Dr. Béres Judit

TERMÉSZETTUDOMÁNYI SZEKCIÓ POPULÁCIÓGENETIKA POPULATION GENETICS

Szekcióelnök / head of the section: *Dr. Béres Judit PhD*

Országos Szakfelügyeleti Módszertani Központ, Veleszületett Rendellenességek Országos Felügyeleti Osztálya / National Center for Healthcare Audit and Inspection, Department of the Hungarian Congenital Abnormality Registry, Budapest

Az előadások helye / Place of section:
MVSZ-Magyarok Háza, Csontváry-terem

2008. AUGUSZTUS 16. (szombat)
16. AUGUST, 2008 (Saturday)

ÜLÉSELNÖK/CHAIRMAN: *PROF. DR. NAGY KÁROLY*
Semmelweis Egyetem, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Budapest
Semmelweis University, Institute of Medical Microbiology, Budapest

- 14:00 – 14:05 MEGNYITÓ/OPENING – *DR. BÉRES JUDIT PhD*
- 14:05 – 14:35 *Dr. BEGOÑA MARTINEZ-CRUZ, Dr. DAVID COMAS, Dr. JAUME BERTRANPETIT*
Genographic: Disentangling the out of Africa and the colonization of the world by *Homo sapiens*
Pompeu Fabra University, Experimental and Health Sciences Department, Barcelona, Spain
- 14:35 – 15:05 *Dr. PAMZSAV HOROLMA¹, Dr. CHRISTINE KEYSER-TRACGUI², Dr. ERIC CRUBEZY³, Dr. BERTRAND LUDES²*
A hun és a jelenlegi mongol populáció genetikai eredete / Population Origins in Mongolia: Genetic Structure. Analysis of Ancient and Modern DNA.
¹Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek, Budapesti Orvosszakértői Intézet / Institutes for Forensic Sciences, Institute of Forensic Medicine, Budapest
²Laboratoire d'Anthropologie Moléculaire, Institut de Médecine Légale, Strasbourg, France
³Université Paul Sabatier, CNRS, Department of Anthropobiology, Toulouse, France

- 15:05 – 15:35 *Dr. ZALÁN ANDREA, Dr. VÖLGYI ANTÓNIA, Dr. PAMZSAV HOROLMA*
A magyar populáció Y kromoszómális haplocsoport összetétele
Y chromosomal haplogroup distribution of the Hungarian population
Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek, Budapesti Orvosszakértői Intézet /
Institutes for Forensic Sciences, Institute of Forensic Medicine, Budapest
- 15:35 – 16:05 *Dr. NAGY KÁROLY¹, Dr. JUHÁSZ EMESE¹, Dr. GUBA ZSUZSA²,
Dr. GHIDÁN ÁGOSTON¹, Dr. PAP ILDIKÓ²*
Populációgenetikai vizsgálatok XVIII. sz.-i hazai múmiákban /
Population genetic analysis of 18th century Hungarian mummies
¹Semmelweis Egyetem, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Budapest / Institute of
Medical Microbiology, Semmelweis University,
²Magyar Természettudományi Múzeum Embertani Tár / Hungarian Natural
History Museum, Department of Anthropology, Budapest
- 16:05–16:30 SZÜNET / INTERVAL

ÜLÉSELNÖK/CHAIRMAN: PROF. DR. EMBER ISTVÁN
Pécsi Tudományegyetem, AOK, Orvosi Népegészségtani Intézet
University of Pécs, Faculty of Medicine,
Department of Public Health and Preventive Medicine, Pécs

- 16:30 – 16:50 *MÉSZÁROS ANITA¹, Dr. HORVÁTHGÁBOR², Dr. KÖLTŐLÁSZLÓ³,
Dr. NÁDASI EDIT⁴, Dr. EMBER ISTVÁN¹, Dr. BÉRES JUDIT⁵*
Európai és ázsiai eredetű mitokondriális DNS haplocsoportok
vizsgálata dunántúli populációkban
¹Pécsi Tudományegyetem, AOK, Orvosi Népegészségtani Intézet / University of
Pécs, Faculty of Medicine, Department of Public Health and Preventive Medicine,
Pécs, Hungary
²Pécsi Tudományegyetem, ETK, Alkalmazott Élettudományi Tanszék /University
of Pécs, Faculty of Health Sciences, Department of Applied Life Sciences, Pécs
³Somogy Megyei Múzeumok Igazgatósága, Kaposvár /County Museum of Somogy,
Kaposvár
⁴Quitiles Magyarország Kft., Budapest
⁵Országos Szakfelügyeleti Módszertani Központ, Vezéreltetett Rendellenessé-
gek Országos Felügyeleti Osztálya / National Center for Healthcare Audit and
Inspection, Department of the Hungarian Congenital Abnormality Registry, Bu-
dapest

- 16:50 – 17:10 *Dr. EGYED BALÁZS¹, Dr. A. BRANDSTÄTTER²,
Dr. B. ZIMMERMANN², Dr. N. DUFTNER², Dr. PÁDÁR ZS.¹,
Dr. W. PARSON²*
Genetikai struktúráltság a csiki székely és a gyimesi csángó né-
pességben /Genetic structure of the ethnic groups “Székely”
from Csíkszereda and “Csángó” from Ghymes
¹Bűnügyi Szakértői és Kutatóintézet, Hemogenetikai Szakértői Osztály / Institute
of Legal Medicine Department of Haemogenetics, Budapest
²Institute of Legal Medicine, Innsbruck Medical University, Innsbruck
- 17:10 – 17:30 *Dr. NÁDASIEDIT¹, Dr. HORVÁTHGÁBOR², Dr. FOTHIERZSÉBET³,
Dr. SÁNDOR JÁNOS¹, Dr. PRANTNER IDA¹, Dr. EMBER ISTVÁN¹,
GÁSPÁR RÓBERT⁴, MÉSZÁROS ANITA¹, Dr. BÉRES JUDIT⁵*
A székelyek az ősmagyarok legközelebbi genetikai rokonai? /
Are the Seklers the closest genetic relatives of the ancient
Hungarians?
¹Pécsi Tudományegyetem, AOK, Orvosi Népegészségtani Intézet /University of
Pécs, Faculty of Medicine, Department of Public Health and Preventive Medicine,
Pécs, Hungary/
²Pécsi Tudományegyetem, ETK, Alkalmazott Élettudományi Tanszék /University
of Pécs, Faculty of Health Sciences, Department of Applied Life Sciences, Pécs
³Magyar Természettudományi Múzeum Embertani Tár / Hungarian Natural
History Museum, Department of Anthropology, Budapest
⁴Zürichi Történelmi Egyesület /Historical Association of Zürich, Pécs
⁵Országos Szakfelügyeleti Módszertani Központ, Vezéreltetett Rendellenességek
Országos Felügyeleti Osztálya, Budapest /National Center for Healthcare Audit
and Inspection, Department of the Hungarian Congenital Abnormality Registry,
Budapest
- 17:30 – 17:50 *GÁSPÁR RÓBERT¹, MÉSZÁROS ANITA²*
A finnugor népek genetikája /The genetics of Finno-Ugrian
populations
¹Zürichi Történelmi Egyesület, Pécs /Historical Association of Zürich, Pécs
²Pécsi Tudományegyetem, AOK, Orvosi Népegészségtani Intézet /University of
Pécs, Faculty of Medicine, Department of Public Health and Preventive Medicine,
Pécs, Hungary
- 17:50 – 18:10 *Dr. VÖLGYI ANTÓNIA¹, Dr. ZALÁN ANDREA¹, Dr. BÉRES JUDIT²,
Dr. PAMZSAV HOROLMA¹*
A romák eredetének keresése apai ágon /The Origin of Gypsy
population based on Y chromosome polymorphisms
¹Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek, Budapesti Orvosszakértői Intézet /
Institutes for Forensic Sciences, Institute of Forensic Medicine, Budapest
²Országos Szakfelügyeleti Módszertani Központ, Vezéreltetett Rendellenessé-
gek Országos Felügyeleti Osztálya / National Center for Healthcare Audit and
Inspection, Department of the Hungarian Congenital Abnormality Registry, Bu-
dapest
- 18:10 – 18:30 SZÜNET / INTERVAL

18:30 – 19:30

**POSZTER SZEKCIÓ/POSTER SECTION
NÉPCSOPTOK GENETIKAI BETEGSÉGSPEKTRUMA
/THE GENETIC DISEASES SPECTRUM OF THE ETHNIC
GROUPS**

MODERÁTOR/MODERATOR: PROF. DR. CZEIZEL ENDRE

Genetikai Ártalmak Társadalmi Megelőzése Alapítvány

Foundation for the Community Control of Hereditary Diseases, Budapest

Dr. ÚJHÁZY KOLOS

Népünk genetikai családfája /„The Genographic Project”: Az emberiség vándorlását tanulmányozó kutatási program hazai szeptemberi kiállításának bemutatása

The genetic pedigree of the world populations – „The Genographic project” – presentation of the planned exhibition in September, Budapest

National Geographic Channel Hungary, Budapest

Dr. MARÓTI ZOLTÁN, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. ENDREFFY EMŐKE
Génszegregációs vizsgálatok autoszómális domináns polycystas vesebetegek (ADPKD) csalájaiban. /Gene segregation analysis in Hungarian polycystic kidney diseases (ADPKD) affected families

Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Centrum, Általános Orvostudományi Kar, Szegedi Tudományegyetem, Gyermekklinika

Albert Szent-Györgyi Clinical Center Faculty of Medicine, Department of Pediatrics

Dr. BÉRES JUDIT, Dr. MARÓTI ZOLTÁN, Dr. ENDREFFY EMŐKE
Báthory István erdélyi fejedelem policisztás vesebetegsége / The polycystic kidney disease of Stefan Bathory, Prince of Transylvania and Polish King

Dr. ORSÓS ZSUZSA, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. EMBER ISTVÁN, Dr. KISS ISTVÁN

Hazai populációk daganatok iránti érzékenységet kimutató metabolizáló enzimek allélpolimorfizmusainak elemzése / The allele polymorphisms of metabolic enzymes concerning the cancer sensitivity in Hungarian populations

Pécsi Tudományegyetem Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Népegészségtani Intézet / University of Pécs, Medical and Health Sciences Center, Department of Public Health and Preventive Medicine, Pécs

Dr. MARÓTI ZOLTÁN, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. ENDREFFY EMŐKE, Dr. LÁSZLÓ ARANKA:

Paraoxanáz 1 gén polimorfizmus vizsgálatok a magyar populációkban / Paraoxanase 1 gene polymorphism in Hungarian populations

FEHÉR ÁGNES, Dr. BÉRES JUDIT, Dr. JUHÁSZ ANNA, Dr. RIMANÓCZY ÁGNES, Dr. ÁLMOS PÉTER, Dr. JANKA ZOLTÁN, Dr. KÁLMÁN JÁNOS

Dopamin rendszerrel kapcsolatos genetikai polimorfizmusok vizsgálata a hazai populációkban / The genetic polymorphisms of the dopamin system in Hungarian populations

Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Centrum, Általános Orvostudományi Kar, Szegedi Tudományegyetem, Pszichiátriai Klinika / Albert Szent-Györgyi Clinical Center, Faculty of Medicine, Department of Psychiatry

Dr. Begoña Martínez-Cruz

A Multilocus Genetic Landscape in Central Asian Human Populations

The demographic history of *Homo sapiens* is reflected in a complex pattern of neutral genetic diversity, shaped by multiple range expansions, colonizations and recurrent migration events among populations since the last "Out of Africa" episode. Some regions have played a central role in colonization of the world due to their location at the crossroads of major migration routes. Central Asia is thought to be one such region, although it remains unclear whether it acted as a source or a sink. Despite its importance, few population genetics studies have been carried out in this region. Studies of Y-chromosome DNA indicate that various waves of migration leading to the colonization of Eurasia may have originated in Central Asia, whereas mitochondrial DNA studies suggest that this region comprised an admixture of previously differentiated East and West Eurasian populations. Improvements in our understanding of the demographic history of Central Asian populations would greatly improve our knowledge of world colonization. We present here the first multi-locus survey based on autosomal markers carried out in this region. We used 27 microsatellite markers to genotype 12 populations of Indo-Iranian and Turk-Mongol speakers. We combined our data with published data, to integrate Central Asia into the worldwide genetic landscape. We found that Central Asian populations displayed high levels of genetic diversity and little genetic structure, this limited structure being accounted for primarily by linguistic affiliation. Central Asians did not appear as an independent cluster among human populations: Turk-Mongol populations more closely resembled East Asians and Indo-Iranians more closely resembled Western Eurasians. These results suggest that Central Asia houses a mosaic of admixed populations from Eastern and Western Eurasia, although some populations may be of endogenous origin, dating from the Neolithic Period. However, Central Asia has also been a source of populations for colonization, as shown for the Hazara population.

GENOGRAPHIC: Disentangling the out of Africa and the colonization of the world by *Homo sapiens*

Over the past fifty years, genetics has changed our understanding of human origins. The early work of researchers such as the Hirszfelds (1919), Arthur Mourant (1954), Luca Cavalli-Sforza (Cavalli-Sforza et al. 1994) and others on so-called 'classical' polymorphisms, which paved the way for discoveries such as 'Mitochondrial Eve' in the late 1980s (Cann et al. 1987, Vigilant et al. 1991) and 'Y-chromosome Adam' in the '90s (Hammer 1995, Underhill et al. 2000), allowed genetics to define its role in a field of research traditionally dominated by paleoanthropology and archaeology. Initial scepticism by the anthropological community has been replaced by acceptance of the validity of genetic research. Today, it would be difficult to discuss the origin and spread of our species without drawing on the genetic data produced by laboratories around the world.

However, many gaps remain in our knowledge. At the moment we lack sufficient data to be able to answer some of the most fundamental questions in the field of genetic anthropology. This is particularly true for more recent events in human evolutionary history – those that have occurred over the past 10,000 years. Recent work has focused on specific regions to great success, but many of such studies are still to be done. To trace recent migrations systematically we will need to pool data on the same set of genetic markers from tens of thousands of samples representing global population diversity, a huge research effort that is virtually impossible to envision with current federal funding priorities.

The Genographic Project, starting in the first half of 2005 and continuing for five years, will collect DNA samples and data from approximately 100,000 individuals around the world. These individuals will be chosen primarily from indigenous populations, many of which are now in danger of cultural extinction as their members move to cosmopolitan cities and lose touch with the ways of life followed by their ancestors. When this happens, the geographic and cultural context in which their genetic diversity arose will be lost, thereby devaluing the anthropological utility of the genetic data. At the end of the 5 years, the Genographic Project will have created a public-domain database of human genetic patterns that can be used by generations of scientists, and will serve as an important resource for educating the public on the history of our species.

The proposed studies will yield valuable insights into our past while explicitly underscoring the need to celebrate, and not disenfranchise, the distinct people and cultures that share this world.

Pamzsav Horolma¹, Christine Keyser-Tracqui² Eric Crubezy³ és Bertrand Ludes²

¹Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek, Budapesti Orvoszakértői Intézet

²Laboratoire d'Anthropologie Moléculaire, Institut de Médecine Légale, 67085 Strasbourg, France

³Department of Anthropobiology, Université Paul Sabatier, CNRS, UMR 8555, 31000 Toulouse, France

A hun és jelenlegi mongol populáció genetikai eredete

Az észak Mongólia területén, az Egyin Gol folyó közelében található 2300 éves Hun sírokból feltárt csontmintákból végzett autoszómális és Y-kromoszómális STR vizsgálatok eredményeit, valamint mtDNS (hipervariábilis régió I) szekvencia adatait hasonlítottunk össze két ma élő mongol populációs minta adataival. Az egyik populációs minta az Egyin Gol folyó környékéről (kb. 100 km-es körön belül), a másik minta az ország különböző területéről származott.

Az összehasonlító vizsgálatnak az volt célja, hogy megállapítsa, van-e genetikai folytonosság egy ősi és a ma élő mongol populációk között. Az összehasonlító vizsgálatba bevontuk a ma élő jakut és török populációs adatokat is, mivel az ősi hun minták genetikai jellegei között ugyanúgy előfordulhatott volna ezen populációk őseinek jellege is, történelmi hátterük miatt.

A legfontosabb eredményünk az volt, hogy genetikai hasonlóságot ki lehetett mutatni különböző földrajzi területekről és időből származó mongol minták között. Az eredmény azt a hipotézist támasztja alá, hogy az idők során a mai Mongólia területén egymást váltó különböző türk és mongol törzsek között inkább kulturális csere történt, nem pedig genetikai. Az eredményeink alapján az is feltételezhető, hogy a jakutok ősei nem a hunok közül valók, mint azt korábban gondoltuk.

Az eredmény szintén azt sugallja, hogy a Hunnu leszármazottai ma is élnek a Mongólia területén.

Population Origins in Mongolia: Genetic Structure Analysis of Ancient and Modern DNA

In the present study, nuclear (autosomal and Y-chromosome short tandem repeats) and mitochondrial (hypervariable region I) ancient DNA data previously obtained from a 2,300-year-old Xiongnu population of the Egyin Gol Valley (south of Lake Baikal in northern Mongolia) were compared with data from two contemporary Mongolian populations: one from the same location (Egyin Gol Valley plus a perimeter of less than 100 km around the valley), and one from

the whole of Mongolia. The principal objective of this comparative analysis was to assess the likelihood that genetic continuity exists between ancient and present-day Mongolian populations. Since the ancient Xiongnu sample might have been composed of some of the ancestors of the present-day Yakuts, data from a present-day Yakut population, as well as published data from Turkish populations, were also included in the comparative analysis. The main result of our study was the genetic similarity observed among Mongolian samples from different periods and geographic areas. This result supports the hypothesis that the succession over time of different Turkic and Mongolian tribes in the current territory of Mongolia resulted in cultural rather than genetic exchanges. Furthermore, it appears that the Yakuts probably did not find their origin among the Xiongnu tribes, as we previously hypothesized. Our results even suggest that some modern descendants of the Xiongnu might still inhabit the region.

Zalán Andrea, Völgyi Antónia és Pamzsav Horolma
Igazságügyi Szakértői és Kutató Intézetek, Budapesti Orvosszakértői Intézet

A magyar populáció Y kromoszómális haplocsoport összetétele

Absztrakt: Az Y kromoszómán lévő SNP (single nucleotide polymorphism) lokuszok apai ágon öröklődnek, ezért alkalmasak hosszú távú férfiági rokonság vizsgálatára. Az SNP lokuszok alapján lehetséges a haplocsoportba sorolás. 49 Y kromoszómális SNP és 11 Y kromoszómális STR (short tandem repeat) lokuszt vizsgáltunk 215 nem rokon magyar férfi mintában. A leggyakoribb haplocsoportoknak az R1a1, R1b, I1b, I1a és H1 bizonyultak. A haplocsoport gyakoriságok alapján kiszámítottuk a magyar és 23 más európai populáció genetikai távolságát. A genetikai távolságok alapján filogenetikai fát szerkesztettünk. A magyar populációhoz legközelebb a jugoszláv, bolgár, ukrán, szlovén, norvég, cseh, román, görög és török populációk kerültek. A finn, észt, spanyol és belga populációk estek legtávolabb a magyar populációtól.

Y chromosomal haplogroup distribution of the Hungarian population

Abstract: The Y-chromosomal SNP (single nucleotide polymorphism) loci are inherited paternally, therefore these loci are suitable for long time studies of paternal lineages. Based on the SNP loci the studied samples can be divided in haplogroups. 49 Y-chromosomal SNPs and 11 Y chromosomal STR (short tandem repeat) loci were tested in 215 independent Hungarian male samples. The most frequent haplogroups were R1a1, R1b, I1b-P37, I1a and H1. Genetic distances to 23 other European populations were calculated based on haplogroup frequencies. Based on distances phylogenetic tree was constructed. The closest populations to the Hungarian population were the Yugoslavian, Bulgarian, Ukrainian, Slovenian, Norwegian, Czech, Romanian, Greek and Turkish populations. The most distant populations were the Finnish, Spanish, Belgian and Estonian populations.

**Nagy Károly¹, Juhász Emese¹, Guba Zsuzsa²,
Ghidán Ágoston¹, Pap Ildikó²**

Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Semmelweis Egyetem és Természettudományi Múzeum Embertani Tár, / ¹Institute of Medical Microbiology, Semmelweis University, ²Dept. Anthropology, Natural History Museum, Budapest, Hungary

Populációgenetikai vizsgálatok XVIII. sz.-i hazai múmiákban

Az emberiség evolúciójának kezdete óta együtt él a környezetében szaporodó mikroorganizmusokkal, amelyek így maguk is e koevolúció során állandóan változtak. E változások nemcsak a hirtelen mutációkban, hanem hosszabb időt igénylő adaptációkban, alkalmazkodásban, virulencia és pathogenitás változásban is megnyilvánultak. A modern orvostudomány csak akkor képes igazán eredményesen felvenni a harcot a mikrobák támadásaival szemben, ha rendelkezünk az egyes mikroorganizmusok (és az általuk kiváltott fertőző betegségek) evolúciójára, fejlődésére, változására vonatkozó adatokkal is.

Vizsgálataink célja az volt, hogy a váci Fehérek templomának kriptájából feltárt, az 1770-es évek végétől származó, természetes módon mumifikálódott emberi maradványokban kimutassuk a mikrobiális fertőzöttségre való fogékonyság genetikai alapjait populációgenetikai elemzésekkel és molekuláris genetikai módszerekkel. Erre a leletanyag sajátosságai: egy rövid történelmi időszak magyar népességét reprezentáló, viszonylag nagy egyedszám (256) ad lehetőséget.

Elsőként a HIV fertőzés iránti fogékonyságot befolyásoló CCR5 coreceptor gén polimorfizmust térképeztük fel. E gén 32 bp deléciója bizonyos védelemet eredményez a HIV vírussal való fertőződéssel szemben. Munkánk során az archaikus biológiai mintákból való megfelelő minőségű DNS kinyerésének problémáival is meg kellett küzdenünk. A primerek áttervezésével optimalizált génamplifikációs technikával a HIV coreceptor gén legrégebb heterozygota mutációját egy 1766-ban született nő mintáiban tudtuk kimutatni, igazolva, hogy a vírussal szembeni rezisztencia genetikai determinánsai már a XVIII.sz.-ban is léteztek a magyar populációban.

(A kutatások részben az OTKA 61155 támogatásával történtek).

Population genetic analysis of 18th century Hungarian mummies

Mankind coevolved together with surrounding microorganisms, ever changing. These changes manifested not only as form of rapid mutations, but in adaptations, change in pathogenicity and virulence all require longer time. Modern

medicine can cope with the attacks of microorganisms only, when we have exact data about the evolution of microorganisms (as well as infections caused by them). The aim of our study was to detect the genetic basis of susceptibility for microbial infections in naturally mummified human bodies originated from the end of 18th century, recovered from the crypt of the Dominican church of the town of Vác, using population genetical analysis and molecular biological methods. The uniqueness of the findings: the samples representing Hungarian population of a relative short period of time, the great individual number (n=265) made the analysis possible.

First we analyzed polymorphism of CCR5 gene influencing susceptibility for HIV/AIDS virus infection. A 32 bp deletion in this gene results in a certain protection against infection by HIV. DNAs from archaic biological samples go through substantial oxidative and hydrolytic changes resulted in fragmented, degraded DNA. With optimized gene amplification technique

the oldest HIV coreceptor gene mutation in Hungary was detected in the samples of a woman born in 1766, verifying the presence of genetical determinants of the resistance against certain viral infections. (Supported partly by OTKA 61155 research grant).

Mészáros Anita¹, Horváth Gábor², Költő László³, Nádasi Edit⁴, Ember István¹, Béres Judit⁵

¹Pécsi Tudományegyetem, ÁOK, Orvosi Népegészségtani Intézet

²Pécsi Tudományegyetem, ETK, Alkalmazott Élettudományi Tanszék

³Somogy Megyei Múzeumok Igazgatósága, Kaposvár

⁴Quintiles Magyarország Kft., Budapest

⁵OSZMK, Veszélyeztetett Rendellenességek és Ritka Betegségek Országos Felügyelete, Budapest

Európai és ázsiai eredetű mitokondriális DNS haplocsoportok vizsgálata dunántúli populációkban

Az anyai ágon öröklődő mitokondriális DNS megfelelő markereinek tanulmányozásával a humán populációk genetikai diverzitása vizsgálható, eredetük feltérképezhető.

Nemcsak az elszigetelten élő, veszélyeztetett populációk eredetvizsgálata a cél. Lehetőség szerint minél több népcsoport genetikai elemzését el kellene végezni, hogy megismerjük az eltérő genetikai háttérben rejlő különbségek okait.

Három magyarországi településen (Vörs, Siklós, Pécs) élő személyek leszármazási kapcsolatait, mitokondriális DNS haplocsoportjainak meghatározását szeretnénk ismertetni.

A mitokondriális DNS elemzést RFLP (restriction fragment length polymorphism) módszer segítségével hajtottuk végre. A vizsgált személyekben 11 haplocsoport (B, H, I, J, K, M, T, U, V, W, X) jelenlétét vagy hiányát kerestük, melyek között európai és ázsiai eredetűek egyaránt előfordultak.

A leggyakoribb mitokondriális haplocsoportok között leginkább európaiakat találtunk. Ázsiai markereket néhány százalékban találtunk, azonban ezek jelenléte tőlünk nyugatra már ilyen mértékben sem mutatható ki.

Az eredményeket a hidasi székely adatokkal összehasonlítva többek között azt láthattuk, hogy az ázsiai M haplocsoport gyakoribb volt a székelyek között.

Hungarians are unique among the other European populations, since according to history, the ancient Magyars have come from the eastern side of the Ural Mountains and have settled down in the Carpathian basin in the 9th century AD. The origin of the Hungarian-speaking Seklers, today an isolated minority in Transylvania, Romania, is still debated, though all sources agree on the Hungarian origin of this population.

Since variations in the human mitochondrial genome (mtDNA) are routinely used to infer the histories of different populations, we examined the distribution of restriction fragment length polymorphism (RFLP) sites of the mtDNA in apparently healthy, unrelated Sekler subjects in order to determine the genetic origin of this population. Among the 64 samples analyzed, the large majority belonged to haplogroups common in other European populations, however, five samples fulfilled the requirements of haplogroup M. Since haplogroup M is classified as a haplogroup characteristic mainly for Asian populations, the presence of haplogroup M suggests that an Asian matrilineal ancestry can be detected among modern Seklers. The genetic structure of the Seklers investigated did not significantly differ from that of the Hungarians, therefore, it is most probable that an intense connection and genetic material interchange existed between the two populations during the past centuries.

Photographs were also taken of each participating subject and have been submitted to anthropological analysis.

Genetical and anthropological characteristics of the investigated Sekler population did not significantly differ from those of the mixed Hungarian population suggesting an intense relationship and exchange of the genetic material until recent times.

Egyed Balázs¹, Anita Brandstätter², Bettina Zimmermann², Nina Duftner², Pádár Zsolt¹, Walther Parson²

¹ Bűnügyi Szakértői és Kutatóintézet, Hemogenetikai Szakértői Osztály / Department of Haemogenetics, Institute for Forensic Sciences, Budapest

² Institute of Legal Medicine, Innsbruck Medical University, Innsbruck / Institute of Legal Medicine, University of Innsbruck, Innsbruck

Genetikai struktúrálttság a csíki székely és a gyimesi csángó népességben

Tanulmányunk során kettő erdélyi magyar nemzetiségű populáció (csíkszeredai székely és gyimesi csángó) 360 személyének mitokondriális DNS teljes kontroll régió szekvenciáját határoztuk meg magas minőségi sztenderdekkel követve. Bemutatásra kerülnek a populációkon belül és a populációk között kalkulált véletlen egyezési valószínűség értékek és a haplotípusok páronkénti összevetése szomszédos és más európai országok népességeinek adataival is összehasonlítva. A mitokondriális DNS szekvenciák haplocsoportosítása filogenetikai alapon történt. A fő nyugat-eurázsiai haplocsoportokba való besorolást kódoló régió SNP-k elemzésével erősítettük meg. A két populáció haplotípus szerkezetének ábrázolására median joining rekonstrukciós eljárást alkalmaztunk. Asszimmetrikus migrációt mutattunk ki a két populáció között, erőteljesebb beáramlással csángó részről a székelységbe, mint fordítva. A filogeográfiai analízis erőteljes genetikai izolációt mutat a csángó populációban, mely genetikai szerkezetét tekintve is szignifikánsan különbözik a székelységtől, bár településeik földrajzi közelsége alapján hasonlóknak tetteleznénk föl. A populációk szekvencia adatai bekerültek az EMPOP nemzetközi on-line mitokondriális DNS adatbázisba (<http://www.empop.org>).

Genetic structure of the ethnic groups “székely” from Csíkszereda and “csángó” from Ghymes

In this study entire mitochondrial DNA control region sequences from 360 individuals of Hungarian ethnicity from two populations (the Csángó of Ghymes and the Székely) from the historical region Transylvania were generated and analyzed following high quality sequencing standards. The random match potential and pairwise comparisons within and between the datasets and with

that of neighbouring countries and other European databases is reported. Phylogenetic analyses were used for haplogroup determination, and median joining reconstructions were used for depicting haplotype structures. The affiliation to the major west Eurasian haplogroups was confirmed using coding region SNPs. Migration rates were shown to be asymmetric between the two populations, with the Csángó showing a higher influx into the Székely than vice versa. Phylogeographic analyses revealed effects of genetic isolation within the Csángó population, which is in its genetic structure clearly different to the Székely population, although the two could be expected to be similar on the basis of the proximity of their respective native homelands. The population data have been incorporated in the EMPOP on-line database (<http://www.empop.org>).

**Nádasi E¹, Gáspár R², Mészáros A², Horváth G³,
Fóthi E⁴, Sándor J⁵, Prantner I¹, Ember I¹, Béres J⁶**

1PTE ÁOK Orvosi Népegészségtani Intézet, Pécs

2Polgármesteri Hivatal, Pécs

3PTE ETK Alkalmazott Élettudományok Tanszék, Pécs

4Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár, Budapest

5PTE ETK Közegészségtani Intézet, Pécs

6Országos Szakfelügyeleti Módszertani Központ, Veszületett Rendellenességek Országos Felügyeleti Osztálya, Budapest

*Quintiles Magyarország Kft, Budapest

Székelyek: a honfoglaló magyarok rokonai?

A magyarok egyedülálló népesség a többi európai populáció körében, hiszen a történeti adatok szerint honfoglaló ősünk az Ural hegység keleti oldaláról érkeztek a Kárpát-medencébe és telepedtek le ott az i.sz. 9. század folyamán. A napjainkban Erdélyben, Romániában jelentős nemzetiséget képező, magyarul beszélő székely populáció eredete egyelőre vitatott, bár abban minden forrás egyetért, hogy a magyarokkal valamilyen rokoni kapcsolatuk létezik.

Mivel a mitokondriális DNS (mtDNS) vizsgálatát manapság rutinszerűen használják a populációk eredetének vizsgálatában, 64 székely eredetű, egészséges, nem rokon egyéntől vett vérmintát vizsgáltunk mitokondriális DNS-polimorfizmusokra, hogy a populáció genetikai érdekeit meghatározhatjuk. A 64 vizsgált minta nagy része az Európában megtalálható haplocsoportok valamelyikébe tartozott, ám 5 minta az M haplocsoport jellegzetességeit mutatta. Mivel az M haplocsoport bizonyítottan ázsiai eredetű, ezért jelenléte a vizsgált székely populációban ázsiai anyai eredetre utal.

A vizsgálatban részt vevő egyénekről készült fényképek segítségével antropológiai elemzést is végeztünk.

Az általunk vizsgált székelyek genetikai és antropológiai jellemzői nem különböztek jelentősen a kevert magyar populációitól, ami valószínűsíti a két népcsoport között egészen a legutóbbi időkig fennálló intenzív kapcsolatot és genetikai anyag cserét.

Néhány évtizeddel ezelőtt talán még senki sem gondolta, hogy a molekuláris biológia és a genetika fejlődése hozzájárulhat a Föld különböző pontjain élő populációk eredetének megfejtéséhez. Jelenleg a Humán Genom Diverzitás Program keretében számos népcsoport eredete megismerhető. Az anyai ágon

öröklődő mtDNS és az apai ágon nyomon követhető Y-kromoszóma segítségével leszármazási fák rajzolhatók fel. Erre a mitokondriális DNS azért alkalmas, mert védő hisztonfehérjék és saját DNS-javító rendszer hiányában a nagyszámú nem kódoló régióban a mutációk betegséget nem okozó polimorfizmus formájában megőrződnek és az utódba továbbadódnak, valamint a mitokondriális DNS mutációs rátája a nukleáris DNS tízszerese és nem jellemző rá a rekombináció.

A mitokondriális DNS származástani szempontból történő vizsgálatával foglalkozó kutatók között két módszer általánosan elfogadott: az egyik szerint a vérből izolált mtDNS-t 9 különböző primerpárral amplifikálják, majd a kapott szakaszokat 17 különböző restriktions enzimmel emésztve bizonyos hasítási helyek meglétét illetve hiányát vizsgálják. Ezen helyek kombinációs mintázata alapján az egyének különböző haplocsoportokba sorolhatók, és a népek genetikai távolsága ez alapján vizsgálható (Torroni-féle módszer). A másik módszer szerint a fossziliákban izolált mitokondriális DNS hipervariábilis régióját (D-loop) amplifikálják, majd a szekvenálásból kapott adatok alapján a populációk genetikai eredetét vizsgálják (Anderson-féle módszer).

Az Y-kromoszóma minden más kromoszómától eltérő egyedi tulajdonságokkal rendelkezik. Kis mérete (60 Mb) miatt viszonylag könnyen lehet szekvencia-adatokat meghatározni. Az Y-kromoszóma jelentős része nem rekombinálódik (ezt a területet NRY-nak - Non Recombining Y- nevezik), ezért a keletkezett mutációkat időrendi sorrendbe lehet állítani. A vizsgált markerek az NRY területen helyezkednek el. Ezek analízise többek között azért lényeges, mert a recens minták vizsgálati eredményei szerint a ma élő magyar férfiak több, mint 90%-a 4 származásvonalból eredeztethető, és 73,3%-a már 30-40.000 éve itt élt férfiak utóda. Az Y-kromoszóma rendkívül alkalmas a migrációk követésére, ezért a fosszilis minták vertikális vizsgálati eredményeit összehasonlítva a jelenben élő népcsoportok horizontális eredményeivel reális képet kaphatunk származásunkról.

A nyelvi rokonság különböző képességeik között általában jól korrelál a genetikai rokonsággal. A magyarok egyedülálló népcsoport Európában, hisz a finneken kívül egy más európai nép sem beszél a finnugor nyelvcsaláddhoz tartozó nyelvet. Ez a nyelv a honfoglaló magyarokkal érkezett a Kárpát-medencébe i.sz. a IX. században, és a magyarok magukba olvasztották az akkor már itt élő egyéb népeket. Y kromoszóma-vizsgálatok szerint a hódító populáció nem volt nagyobb, mint a meghódított, a hódító szerep elsősorban kulturális/nyelvi dominanciára, nem pedig számbeli fölényre szorítkozott. Ez az elmélet azon alapul, hogy az indo-európai népekre jellemző Y kromoszóma markerek nagy gyakorisággal vannak jelen a magyar populációban, míg az ázsiai jellegzetesek vagy teljesen hiányoznak, vagy csak alacsony gyakorisággal mutathatók ki. Y kromoszóma markerek, amelyek a japánok kivételével valamennyi eddig vizsgált ázsiai populációból hiányoznak, az európai átlagnál magasabb gyakorisággal találhatók meg a magyarokban, és még ennél is nagyobb előfordulási gyakorisággal a csángókban. A nyugat-magyarországi Órség lakosai között, akiket manapság a IX. századi honfoglaló magyarok egyenes ági leszármazottainak tartunk, mutathatók ki az ázsiai népekre jellemző Y kromoszóma markerek az uráli populációk között a legnagyobb gyakorisággal.

A honfoglalás után Magyarország több invázióknak is áldozatul esett (tatárok, törökök), és a lakosság békeidőben is keveredett a szomszédos szláv, szlovén, német, szlovák, horvát, szerb és román populációkkal.

Mivel ellentmondás található a magyarok és finnek nyelvrokonsága, valamint a két nép Y kromoszóma vizsgálatokon alapuló genetikai eredete között, a honfoglaló magyarokhoz a mai kevert magyar populációknál közelebb álló népcsoportok széleskörű genetikai vizsgálata értékes információkkal szolgálhat az ősi magyar népesség genetikai eredetéről és rokonságáról.

A manapság Erdélyben, Romániában kisebbséget alkotó, magyar anyanyelvű székelyek eredete még vitatott, bár valamennyi forrás megegyezik a magyar eredetben. Eredetükkel kapcsolatosan napjainkban 4 hipotézis létezik.

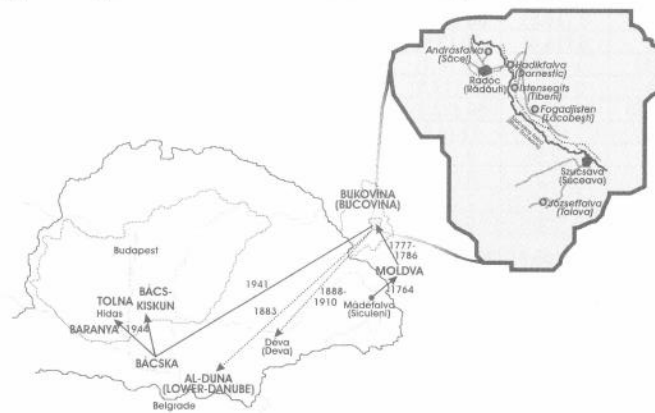
A középkori krónikákon alapuló első szerint (amelyet maguk a székelyek is osztanak), a székelyek Attila hunjainak a leszármazottai, akik csatlakoztak a honfoglaló magyarokhoz, majd folytatták vándorlásukat Erdélybe.

A második nézet szerint a székelyek egy bolgár-török-eszki eredetű népcsoport, akik Kelet-Európa síkságain csatlakoztak a honfoglaló magyarokhoz.

A székelyek magyar eredetét támogató elmélet alapja az, hogy az eddig felhalmozott bizonyítékok szerint a székelyek anyanyelve mindig is a magyar volt. Nyelvészek szerint a magyarországi és az erdélyi székely dialektusok hasonlósága előzetes kapcsolatot igazol, és szerint ez a két székely csoport a 10. század során különült el egymástól.

Végül a negyedik elmélet hívei szerint a Kárpát-medence magyar meghódítása két hullámban történt, és az első hullámot képviselő, magyar nyelven beszélő, a Kárpát-medencébe i.sz. 670 körül érkező népcsoport volt a székelyek őse. Őket követték Árpád magyarjai i.sz. 895-ben.

Baranya, Tolna és Bács-Kiskun megyékben mintegy 25-30 ezer székely él napjainkban. Ez a népesség az erdélyi székelyek egyedülálló képviselője, mivel 1764 óta az eredeti székely népességtől elkülönülten élnek (1. ábra), bár eredetük tudatát, hagyományait és szokásaikat híven megőrizték.



1. ábra

Történelmi adatok alapján a székelyek a magyarság egy ősbibb genetikai összetételét képviselik, mint a jelenkori kevert magyar népesség, mivel történelmi okok miatt a székelyek keveredése egyéb populációkkal viszonylag gátolt volt.

Ezen feltevések alapján vizsgáltuk meg 64, bizonyítottan székely eredetű, nem rokon hidasi személy vérmintáját a genetikai összetétel meghatározása céljából. A mitokondriális haplocsoportokat RPLF vizsgálattal határoztuk meg.

A kaukázusi populációban az először Torroni által meghatározott H, I, J és K haplocsoport fordul elő a leggyakrabban. Ezek a haplocsoportok feltehetően az ősi kaukázusi populációnak az afrikaiaktól és ázsiaiaktól való elkülönülése után, de még a kaukázusiak kirajzása előtt jöttek létre. Torroni és munkacsoportja egy későbbi vizsgálatukban azonosítottak 5 további európaiakra jellemző haplocsoportot (T, U, V, W, X), valamint az ázsiai populációkra jellemző M haplocsoportot.

Az X haplocsoport egy kisebb alapító vonalat képvisel az észak-amerikai indiánok között, és alacsony gyakorisággal ugyan, de a modern európai népességben is megtalálható. Ugyanakkor ázsiai/szibériai populációkban ezt a haplocsoportot egyértelműen kimutatni még nem sikerült. Az X haplocsoport megjelenése a kaukázusi népességben 30-40 ezer évvel ezelőtre tehető, ami összhangban áll az X haplocsoport közel-keleti eredetének és onnan való szétterjedésének elméletével.

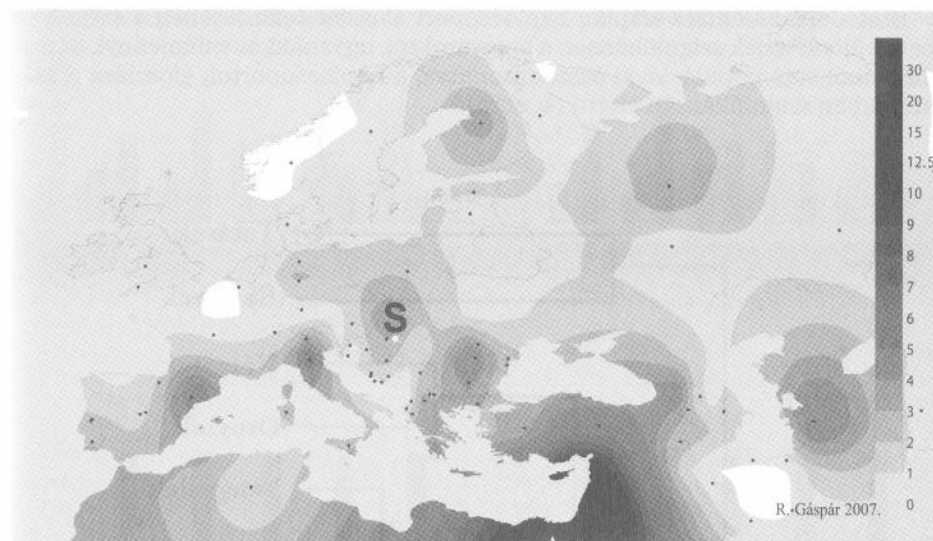
Az M haplocsoport előfordulása eddigi kutatások szerint az ázsiai népekre jellemző.

A vizsgált hidasi személyek közül 57 (89.0%) mutatott európai jellegzetességeket, míg 5 (7.8%) személyben az ázsiai népekre jellegzetes M, 2-ben (3.1%) pedig az X haplocsoport volt megtalálható (1. táblázat).

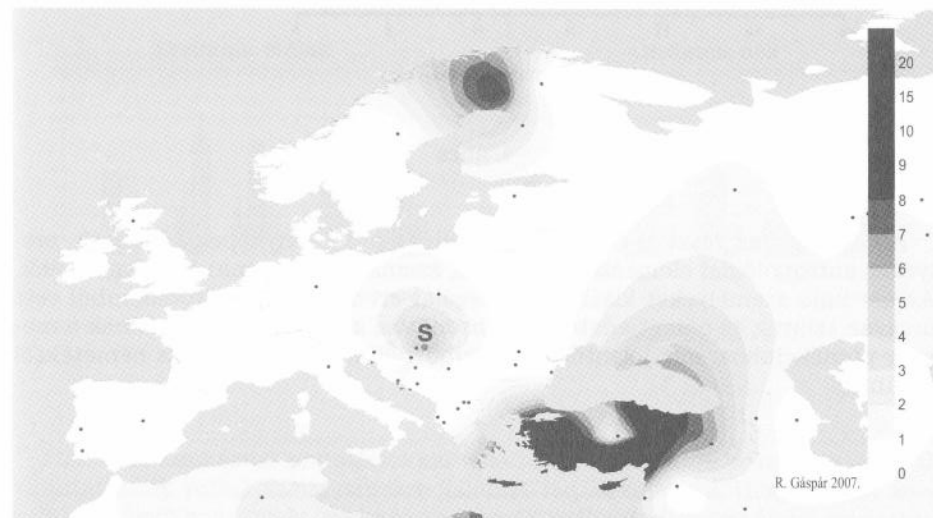
Haplocsoport	Székely (%)	Magyar (%)	Horvát (%)	Német (%)	Baskír (%)	Tatár (%)	Orosz (%)	Lengyel (%)
H	24 (37.6)	18 (32.8)	125 (45.1)	31 (46.0)	27 (12.2)	70 (30.7)	85 (42.3)	197 (45.8)
I	5 (7.8)	1 (1.8)	4 (1.4)	3 (4.0)	3 (1.4)	2 (0.9)	5 (2.5)	8 (1.8)
J	7 (10.9)	9 (16.5)	33 (11.9)	5 (7.0)	7 (3.2)	17 (7.5)	16 (8.0)	34 (7.8)
K	N/A	8 (14.6)	10 (3.6)	3 (4.0)	3 (1.4)	13 (5.7)	6 (3.0)	15 (3.4)
T	2 (3.1)	1 (1.8)	19 (6.7)	8 (12.0)	12 (5.4)	21 (9.2)	22 (16.9)	50 (11.5)
U	N/A	2 (3.6)	49 (17.8)	8 (12.0)	60 (27.3)	54 (29.4)	36 (17.9)	70 (16.0)
K+U	14 (21.9)	10 (19.6)	59 (22.3)	11 (16.0)	63 (34.4)	67 (31.4)	42 (21.1)	85 (19.7)
V	4 (6.2)	1 (1.8)	11 (4.0)	N/A	7 (3.2)	2 (0.9)	15 (7.5)	25 (5.5)
W	1 (1.6)	2 (3.6)	6 (2.2)	4 (6.0)	1 (0.5)	4 (1.8)	4 (2.0)	16 (3.7)
X	2 (3.1)	4 (7.2)	6 (2.2)	4 (6.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	7 (3.5)	8 (1.8)
M	5 (7.8)	3 (5.5)	1 (0.4)	0 (0.0)	61 (27.6)	20 (8.8)	3 (1.5)	8 (1.8)
B	0 (0.0)	2 (3.6)	0 (0.0)	0 (0.0)	2 (0.9)	0 (0.0)	0 (0.0)	0 (0.0)
Összes	64 (100.0)	51 (100.0)	264 (100.0)	66 (100.0)	183 (100.0)	213 (100.0)	199 (100.0)	431 (100.0)

1. táblázat

A tradíciók alapján ázsiai eredetű székelyekben talált alacsony gyakoriságú M és X haplocsoport-előfordulás összhangban áll a hagyományokkal, valamint más európai és ázsiai populációkból származó adatokkal (2. 3a. és 3b. ábra)

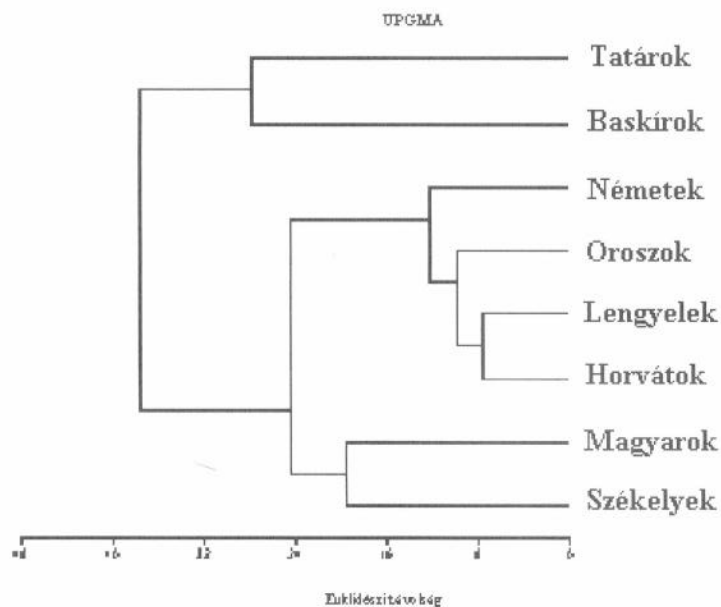


2. ábra



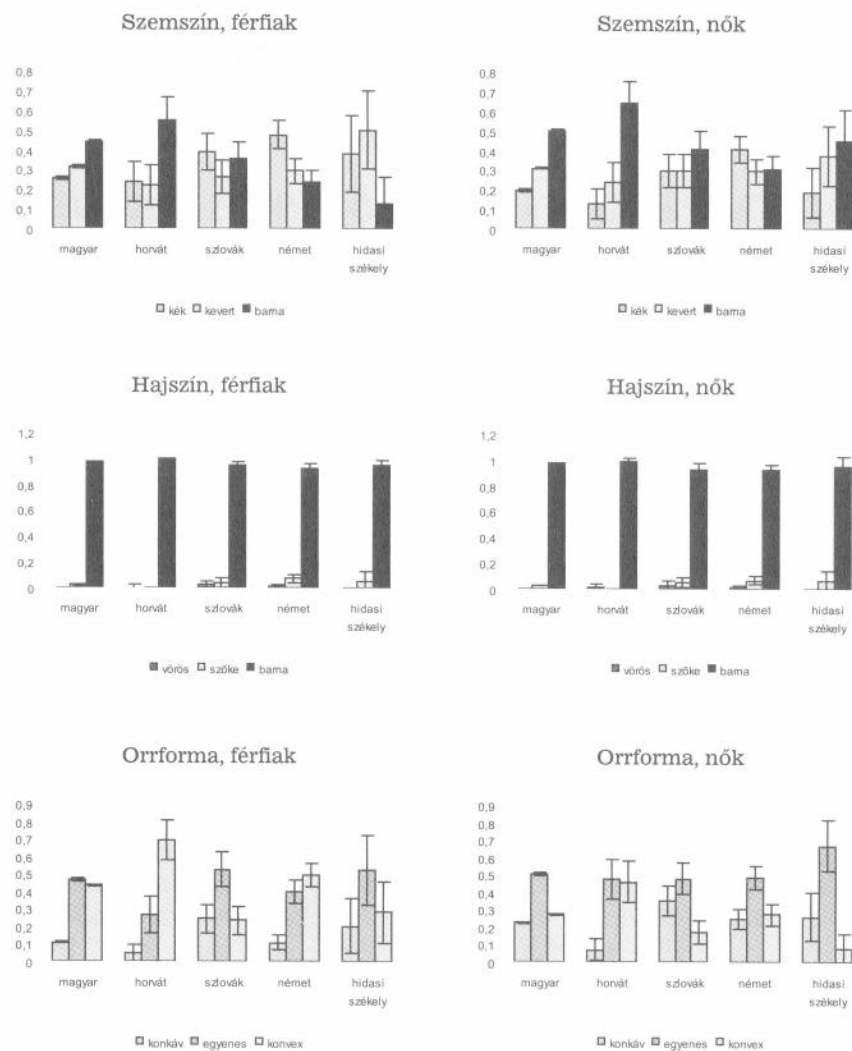
3a. és 3b. ábra

Statisztikai elemzés alapján haplocsoport eloszlás tekintetében a székelyek nem különböznek szignifikánsan a magyaroktól, ugyanakkor valamennyi, az irodalomból vett populációval összehasonlítva, a haplocsoportok eloszlása a székelyekben szignifikánsan eltérő (4. ábra).



4. ábra

A vizsgálatban részt vevőről színes mell- és profil fényképek készültek, melyeket antropológiai elemzésnek (hajszín, szemszín, orrforma) is alávetettünk. Az ősz hajú személyeket kizárva, a vizsgálat eredményeit az irodalomból vett magyar, szlovák és német adatokhoz hasonlítva, a székelyek közel állnak a magyar populációhoz, míg jelentősen különböznek a szlovákoktól és németektől (5. ábra)



5. ábra

Még más kaukázusi populációkkal való több évszázados keveredés után is kimutathatók voltak ázsiai népekre jellemző haplocsoportok vizsgálatunk székely résztvevőiben, amely eredmény a vizsgált székely népesség ázsiai eredetére utal. Ugyanakkor genetikai különbség a vizsgált székely populáció és egy korábban vizsgált kevert magyar populáció között nem volt kimutatható. Így további,

részletesebb, elsősorban honfoglalás kori ásatásokból származó anyagok vizsgálatára van szükség a Kárpát-medencét meghódító magyar népesség genetikai összetételének meghatározásához.

Végül köszönetet mondunk a vizsgálatban részt vevő valamennyi hidasi széky társunknak, akiknek részvétele nélkül ez a munka nem születhetett volna meg.

Gáspár Róbert¹, Mészáros Anita²

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

Az uráli nyelvcsalád népességének genetikája a mitokondriális DNS vizsgálatok alapján

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 megfigyelhetőek-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).

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.