

A populáció- és filogenetikai adatok őstörténeti értelmezésének lehetőségei és korlátai (elméleti és gyakorlati kérdések)

Pamzsav Horolma–Fehér Tibor–Németh Endre–Csáji László Koppány

A DNS alapú filogenetika fiatal tudományág. James D. Watson és Francis Crick 1953-ban fedezte föl a DNS szerkezetét. Kary Mullis 1983-ban dolgozta ki az úgynevezett polimeráz láncreakció technikát, amelynek segítségével mesterségesen másolható és sokszorosítható a DNS laboratóriumi körülmények között. E felfedezések jelzik azokat a főbb állomásokat, amelyek lehetővé tették, hogy a kutatók vizsgálják a mitokondriális DNS és a Y-kromoszóma szerkezetét, és a szerkezetükben bekövetkező változások alapján elinduljon a leginkább meghatározó emberi migrációk feltérképezése. Ez azért volt lehetséges, mert a mitokondriális DNS tisztán anyai vonalon, az Y-kromoszóma tisztán apai vonalon sok generáción keresztül öröklődik.

Míg egy nyelvi közösség régészeti hagyatéka, tárgyi kultúrája néhány nemzedék alatt gyökeresen megváltozhat, az adott populációt alkotó apai és anyai leszármazási vonalak nagy biztonsággal visszakövethetők a távoli múltba. Természetesen a folyamatos keveredés hatására egy nyelvi közösség apai és anyai vonalainak összetétele is jelentősen átalakulhat, de a különböző anyai és apai vonalú szálak nagy pontossággal meghatározhatók maradnak. Ma már a történeti olvasatokat adó szakemberek előszeretettel nyúlnak a filogenetika eszköztárához, mert az évezredek óta tartó folyamatos keveredések, a házassági szokások nemritkán elfednek olyan szempontokat a vizsgálódások előtt, amelyek elemzéséhez a genetika fontos adatokat szolgáltat. Ki gondolná például a külsődleges embertani jegyek alapján, hogy a mai finn népesség apai vonalainak több mint 60%-a közép-szibériai eredetűnek tartott haplocsoportokba tartozik? Ez az észrevétel már átvezet szűkebb kutatási területünkhöz, az ugor apai és anyai vonalak elemzéséhez, illetve az uráli nyelveket beszélő népek eredetének genetikai alapokon nyugvó vizsgálatához.

A magyar őstörténeti kutatások meglehetősen információ- és adathiányosak, így a különböző tudományterületek kutatói nagy reményeket fűztek a magyar népesség anyai és apai vonalainak feltérképezéséhez. Hamar kiderült azonban, hogy a mai magyar népesség anyai és apai vonalainak átfogó képe nem különbözik jelentősen más közép-európai népektől. Egyre többen megkérdőjelezték még azt is, hogy a populációk nyelvi és genetikai viszonyai között egyáltalán

bármilyen összefüggés lehet. A részletesebb vizsgálatok rámutattak, hogy a nyelvek terjedésének, a beszélt nyelvek társadalmi és kulturális hátterének sokféle változási folyamatát, modelljét lehet feltárni. Bizonyos esetekben valóban igen nehezen mutatható ki valamiféle genetika kapcsolat egy adott nyelvcsaládhoz tartozó beszélők között. Ilyenek például a törökségi nyelveket beszélő népek. A török nyelvek expanziójának hátterében a török nyelvek társadalmilag magas presztízse (is) állhatott, amely nagyfokú nyelvi asszimilációt eredményezett. A genetikai adatok tehát újabb kérdéseket vetnek fel, amelyek megválaszolására a társadalomtudományok és a természettudományok képviselőinek párbeszédére, közös gondolkodására van szükség. Ezért tartják ezt az előadást az ISZKI BOI DNS Laboratóriumának vezetője, Pamzsav Horolma által 2012-ben szervezett interdiszciplináris kutatócsoport tagjai közösen. A kutatócsoportban populáció- és filogenetikus szakember (Pamzsav Horolma) mellett a modellezés módszereit ismerő matematikus (Németh Endre), a filogenetikai adatbázisok nemzetközi kapcsolatrendszerét jól ismerő szaktudós (Fehér Tibor) és az etnicitás kérdésével és a közösségkonstrukciós folyamatokkal foglalkozó szociálintropológus (Csáji László Koppány) is helyet kapott.

Van azonban olyan eset, amikor többé kevésbé-egyértelműen beazonosítható egy vagy több genetikai szegmens, ami egyértelműen összeköti az egy nyelvcsaládhoz tartozó népeket (populációkat), annak ellenére, hogy emellett más haplocsoportok és -típusok sokkal szélesebb körű kapcsolatrendszerre utalnak. Érdeemes megvizsgálni, hogy az azonosított „közös” genetikai csoportoknak lehet-e őstörténeti értelmezést elősegítő jelentősége. Például a ma valamely finnugor nyelvet beszélőket az N-Taton belül az N-L708, és az R1a-Z280 alcsoport mindenképpen összekapcsolja filogenetikai szempontból. Az N-L708 közép-szibériai, az R1a-Z280 a szakirodalom szerint kelet-európai eredetű. Az eddigi genetikai adatok összhangban vannak azokkal a társadalom- és nyelvtörténeti modellekkel, amelyek a korai uráli nyelvű közösségeket az uráli embertani (fizikai antropológiai) típussal, a Szaján és Urál közötti europid és mongoloid elemek közti bonyolult keveredési folyamatokkal hozta összefüggésbe. A finnugor (nyelvű) népekben egyértelműen kimutatható közép-szibériai komponens azonban más megvilágításba helyezheti az uráli és az altáji nyelvek terjedésére vonatkozó ismereteinket, és az uráli illetve kelet-szibériai jukagirok közötti nyelvi kapcsolatok kutatását. Ezek az adatok nem átírják az eddigi elképzeléseket, hanem olyan új adatokat adnak a kutatásokhoz, amelyeket a továbbiakban figyelembe lehet venni érvként vagy ellenérvként a tudományos vitában, illetve

egyres hipotéziseket megerősíthetnek, másokat pedig gyengíthetnek. A genetikai adatok nem a „megoldást” nyújtják, hanem új szempontokat adhatnak az eddigi nyelvészeti, régészeti, történettudományi, etnológiai adatok elemzéséhez.

Az egyetlen finnugor nyelvű nép, amelyben az N-Tat haplocsoport aránya viszonylag alacsony, a magyar. Kutatócsoportunk ezért részletesebb elemzést kívánt végezni a mai magyarok és obi-ugorok közötti apai és anyai vonalú kapcsolatok vonatkozásában. Két expedíciót szerveztünk Szibériába, amelynek során 90 manysi családtól gyűjtöttünk genetikai mintát. Ezeket a mintákat azonos bázis-szinten a jelenlegi legnagyobb magyar, székely és csángó adatbázissal hasonlítottuk össze. Nem egyszerűen az így kapott „genetikai térképre” voltunk kíváncsiak, hanem azt szerettük volna megállapítani, hogy van-e olyan szegmens, amelyben sajátos kapcsolat feltételezhető a mai magyarok és manysik között. Azt találtuk, hogy arányaiban a kondai manysik között lényegesen nagyobb a magyar-manysi halotípus-egyezések száma, mint az északi manysik között, és ez a kapcsolat elsősorban az R1a-Z280 haplocsoportban ölt testet.

Míg az első tanulmányok azt jelezték, hogy alig van N-Tat a mai magyar génállományban, mi azt találtuk, hogy jelentős regionális különbségek vannak a mai magyar populációkban az N-Tat haplocsoport előfordulása tekintetében. Még nagyon távol vagyunk az ideális, regionális bontású magyar adatbázistól, de azt már most látjuk, hogy például a csíkszeredai székelyekben az N-Tat haplocsoport aránya 6,3%. Továbbá az N-Tat haplocsoporton belül 3 sajátos alcsoport is megtalálható a mai magyarokban. Ebből a legnépesebb az N-L1034 alcsoport, amely potenciális ugor migrációs markernek tűnik, a rendelkezésre álló adatok alapján ugyanis az N-L1034 összeköti a mai manysi és magyar népességet, egyúttal elválasztja más „nem ugor” népektől. Az N-L1034 rendkívül ritka, így komoly támogatást nyújthat az ugor migrációk feltérképezésében. Európában a Kárpát-medencén kívül – ennél kisebb arányban – elsősorban az Urál-vidéken mutatható ki: az Orenburgtól keletre élő déli baskírok között, továbbá az uráli átjárónál és Tatársztánban. Az N-L1034-es alcsoportnak ezen kívül két földrajzi régióban van szignifikáns előfordulása: a Balkánon és Közép-Ázsiában.

A magyar és manysi anyai leszármazási vonalak összevetésével azonosítottuk az N-L1034 valószínűsített anyai vonalú, közép-szibériai „párját”, a C és G2 haplocsoportot. A C és G2a haplocsoport Európában nagyobb arányban egyedül a baskírokban, a komi-permjákokban és a magyar adatbázison belül a csíkszeredai székelyekben fordul elő (itt az előadásunkban felhívjuk a figyelmet a mintavétel módszertani problémáira, nehézségeire is). A két haplocsoport, a C és

G2a maximumát szintén az Orenburgtól keletre élő baskírokban mutathattuk ki. A Szeged-Kiskundorozsma Hosszúhát lelőhelyen feltárt 13 darab, i.sz. 10. századi mintából 3 haplotípusnak volt egyszerre mai obi-ugor és magyar párja is. Így ez az első eset, amikor különböző genetikai kutató műhelyek eredményei egyértelműen átfedésben vannak a magyar őstörténet vonatkozásában. Az archeogenetikai adatok alapján úgy tűnik, hogy a Barabaszyeppén a késő krotovói és a következő fjodorovói korszak között biológiai folytonosság áll fenn az anyai vonalak alapján és úgy tűnik, hogy a két népesség szorosan kapcsolható az ugarsághoz.

Előadásunkban azonban felhívjuk a figyelmet a populáció- és filogenetikai adatok társadalomtörténeti olvasatának nehézségei és korlátaira is. Kiemeljük, hogy a populáció- és filogenetika önmagában nem alkalmas arra, hogy társadalom- és nyelvtörténeti kérdésekben eldöntse a már felmerült problémákat. Azonban olyan adatokat tud szolgáltatni a társadalom- és kultúratudományok számára, amelyek interdiszciplináris szemlélettel árnyaltabb elemzéseket és értelmezéseket tehetnek lehetővé. Ehhez azonban érdemes átgondolni a genetikai mintavétel módszerétől a kiértékelésig a filogenetika eddigi elméleti keretének alkalmazhatóságát. Az elnevezésektől (populáció-besorolási kategóriáktól) a reprezentativitásig, az etnicitás és a genetika viszonyától a genetikai adatgyűjtés és -kezelés módszertanáig sok más metodológiai és etikai kérdést is újra kell értelmeznünk.