

ARCHEOGENETIKA (RÉGÉSZETI GENETIKA)

Raskó István

Összefoglalás

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 fogzatban őrződik meg 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 környezet károsító hatásai.

Történeti előzmények

Azt a tényt, hogy a DNS megőrzi szerkezetét a régi biológiai leletekben is, az a kísérlet bizonyította, amikor Argentínában, egy ásatási területen talált mintegy 550 éves kána (*Canna compacta*) magot sikeresen kikeltettek. Több, mint 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 140 éves kipusztult lófajta, a quagga, múzeumban őrzött bőréből rövid mitokondriális DNS szakaszt izoláltak. Sikeres volt a DNS izolálási kísérlet egy 7000 éves, tőzegben megőrzött 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 ősbövények populáció mozgásának leírását, a kukorica termesztés során a hasznos génekben bekövetkezett változások kimutatását, az új-zélandi kipusztult moa teljes mitokondriális DNS szekvenciájának meghatározását. Van mamut eredmény 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 őstulokok lehettek és a neolitikumban élt vadkecskét fokozatosan háziasították

Az aDNS vizsgálatok nehézségei

A legnagyobb problémát a régészeti mintákból kinyerhető DNS rendkívül kis mennyisége és nagyon károsodott, töredezett volta adta. Ezért a kutatóknak a kinyert aDNS-t a vizsgálatokhoz fel kellett sokszorozni, de itt meg az volt a veszély, hogy az egyéb szervezetekből, baktériumokból, vagy a vizsgálatokat végzőkből származó szennyezettségeket sokszorozzák föl. Ezért a kutatók kiábrándultak az aDNS vizsgálatokból és Európában csak néhány laboratórium maradt ezen a területen. Az utóbbi tíz év jelentős molekuláris biológiai módszertani fejlődése azonban életmentő tudományos vértömlesztést adott az archeogenetikai kutatásoknak. Az új, nagyteljesítményű DNS szekvenálási módszerekről kiderült, hogy legjobban a rövid DNS darabokat képesek szekvenálni, pontosan azokat amilyen formában az aDNS előfordul. Robusztus informatikai módszereket fejlesztettek, új kinyerési technológiát fedeztek föl, és a molekuláris vonalkódos módszerrel szét lehet választani a valódi, vizsgálandó DNS-t a szennyeződésektől.

Ma már egy DNS hibridizációs módszerrel célzottan ki lehet horgászni a kutatók számára érdekes DNS szakaszokat, ezzel tovább csökkentve a szennyeződés veszélyét. Ezáltal nemcsak a mitokondriális, hanem a sejtmagi aDNS vizsgálatára is mód nyílik. Ennek a módszertani fejlődésnek köszönhetően meghatározták a mamut genom DNS építőkö sorrendjét, egy négyezer évvel ezelőtt élt eszkimó genetikai jellegzetességeit, a teljes neandervölgyi emberi genomot és 2010-ben, DNS alapján azonosítottak egy szibériai barlangban talált emberi ujjból egy olyan eddig ismeretlen emberfajtát, amelyik 40 000 évvel ezelőtt Közép Ázsiában élt. (Ezt a hominidát az angol irodalom *Denisovai* emberként ismeri, szerintem az orosz nyelvnek megfelelőbb, ha magyarul *Gyenyiszovai* embernek mondjuk)

A populációs bioinformatikában két fontos előrelépés történt. Eddig a genetikai vizsgálat előtt, a kutató, az egyéneket különböző szempontok alapján, besorolta egy populációba. A rossz besorolás hibás következtetésekhez vezetett. A *nem irányított analízis*ben az egyéneket és nem a populációkat tekintik a vizsgálatok egységének és a genetikai összehasonlítás az egyének összehasonlítását jelenti. Ezekkel az analízisekkel emberi populációk szerkezete és keveredési története jellemezhető. (Két informatikai program, a PCA és a STRUCTURE “tudja” ezt az analízist). Ez a vizsgálat azonban nem tárja föl, hogy a megfigyelt genetikai jellegzetességek milyen történettel alakultak ki az adott populációban. Ennek megfejtésében segít a másik megközelítés, a *modell alapú vizsgálat*. Itt összehasonlítják, hogy a különböző populációtörténeti modellek közül melyiknek felelnek meg leginkább a genomszintű adatok.

Mire használható a régészeti genetika?

Ha meg akarjuk érteni a jelen és jövőbeli klímaváltozás biodiverzitásra kifejtett hatását, meg kell ismerjünk, hogy az előző klímaváltozások miképpen befolyásolták a Föld élővilágát. Az ilyen vizsgálatok egy modell megalkotásához vezethetnek, aminek a segítségével megjósolhatjuk a fajok klímaváltozásokra adott válaszát a „visszanézve előrenézni” megközelítés alapján. Ezeknek a

kutatásoknak egy fontos tárgya az aDNS. A fauna maradványok mellett az utóbbi években jelentősen nőtt a növényi archeogenetikai munkák száma, ahol a növényi evolúció, az emberiség számára hasznos növények eredetének meghatározása, ökológiai következtetések levonása a fő cél. A vizsgálatokban az egyik legfontosabb korszak a holocén, amely hidat képez a jégkorszak és a modern kor között.

Az elmúlt időszakban egy új tudományterület a paleomikrobiológia (régészeti mikrobiológia; mikrobiális élőlények meghatározása, jellemzése) fejlődött, amely olyan fontos probléma vizsgálatával is foglalkozik, mint a tuberkulózis elterjedésének a megismerése, történelmi fertőző földrajzi gócok feltárása.

A legnagyobb kutatói aktivitás a népcsoportok genetikai történetének megfejtése érdekében van. Szerencsére őseink nemcsak építészeti, művészeti emlékeket és a múzeumokban látható egyéb tárgyakat hagytak ránk, hanem 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 két fajta lehetőségük adódott. Az anyai eredet vizsgálatban, a sejtekben több száz, vagy ezer példányban is előforduló sejtrészecske, a mitokondrium DNS-e alkalmazható, míg az apai ági eredet vizsgálatára a férfi nemi kromoszóma, 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 folyamatában, a DNS-ben mutációk keletkeznek, a mutációk előfordulási gyakorisága és populáció szintű 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 jellemzőek. Így minden populáció hordozza a közösen kialakult ősi mitokondriális mutációkat ill. a vándorlása során kialakult újabb és újabb mutációkat. Belátható, hogy minél inkább eltérő két embercsoportnál a mitokondriális mutációs mintázat, annál régebben történt a csoportok szétválása. Mivel ezek a folyamatok a Föld benépesítésével párhuzamosan történtek, a mtDNS variációk, amelyeket haplocsoportoknak is nevezünk, bizonyos földrajzi helyekhez és az onnan származó populációkhoz köthető. A vizsgált mitokondriális szekvenciában 20000 évenként rögzülő új mutáció keletkezését feltételezve visszamehetünk az időbe és arra a következtetésre juthatunk, hogy a különböző emberi populációk mitokondriumai egyetlen egy ősanjához vezethetők vissza, aki valamikor 120 000 évvel ezelőtt élhetett, valahol Kelet-Afrikában. Ő a mitokondriális Éva.

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 egy nő élt abban az időben, de csak ennek az egynek maradtak fenn a mitokondriumai a

mai napig, míg 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 ma már bizonyított, 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 elsón, a déli tengerparti útvonalon, az első hullám a Közel-Keletre 80-65 ezer évvel ezelőtt érkezett, Ausztrália –Melanéziába a tengerparti “gyorsúton” kb. 60 ezer évvel ezelőtt értek. Ebből a vándorlásból származó ágak elértek Kínába, Japánba. Ázsiába és Európába az első hullám 40 ezer évvel ezelőtt ért, míg az Új Világot, az amerikai kontinentst, az akkor még járható Behring szoroson keresztül 15-10 ezer éve népesítették be. A második vándorlási útvonal az ún. centrális út a Közel-Keleten, Perzsián át vezetett Közép-Ázsiába, majd elérte Európát, Kelet,- Észak-Kelet-Ázsiát.

Ahogy az előzőekben láttuk, a mitokondriális DNS és az Y kromoszóma jelentős mértékben hozzájárult a Föld modern ember által történt benépesedési menetrendjének meghatározásához, mégis vannak limitációik is miután lényegében egyetlen genetikai jellegzetességről van szó és ez olyan, mintha kulcslyukon néznénk vissza a múltba, populációk bonyolultabb rokonsági viszonyai, rétegződésük meghatározásában, genomszintű összehasonlításokra van szükség.

Emberszabású rokonaink genetikai jellegzetességei

Van még egy érdekes kérdés, amit csak a régészeti genetika válaszolhat meg. Európában, Kelet-Ázsiában és gyakorlatilag mindenütt másutt, az előemberek, az archaikus hominidák, kb. 40 ezer évvel ezelőttig éltek, amikor az anatómiailag modern emberek megjelentek. Miután a modern ember, Afrikát elhagyva, biztosan találkozott a Föld eltérő területein élő neandervölgyiekkel és gzenyiszovaiakkal, kérdés, hogy a genomikai adatok alapján, volt e keveredés közöttük. Arra sincs elfogadott magyarázat, hogy az archaikus hominidák miért tűntek el.

A neandervölgyi és a modern európai ember genom szinten 99.5%-ban azonos. Megállapítható, hogy az afrikai népcsoportok kivételével, valamennyi embercsoport genomja a neandervölgyi genom 2-4%-át hordozza. A keveredés jelenleg feltételezett földrajzi helye a Közel-Keleten lehetett. 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 (SNP), az eltérések 30% át közösnek találta a két hominida faj 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 az Európában talált legrégebbi anatómiailag modern emberi maradványok a mintegy 28 ezer évvel ezelőtt

élt Cro-magnoni emberek csontjaiból nyert mitokondriális DNS szekvenciák megtalálhatóak a mai európaiaknál, addig azok lényegesen eltérnek a Neandervölgyi szekvenciáktól.

A *homo sapiens sapiens* és az archaikus hominidák teljes genomszintű összehasonlítása érdekes adatokkal szolgált. Következtetni lehetett arra, hogy a modern ember a neandervölgyi és a gyenyiszovai hominidák genomja 820 ezer évvel ezelőtt, míg a neandervölgyi és a gyenyiszovai genomok 680 ezer évvel ezelőtt válhattak el egymástól. A neandervölgyi és a gyenyiszovai genomok testvérgenomok, kicsit nagyobb eltéréssel, mint a busmanok és a többi modern ember genomja. Azt is megállapították, hogy a modern ember, valamint a neandervölgyi és gyenyiszovai hominidák ősei 350 ezer évvel ezelőtt váltak szét. Ez, az az időpont, amikor a korai hominidák elhagyták Afrikát és neandervölgyiekké és gyenyiszovaiakká fejlődtek, önálló történetük során, míg az Afrikában maradt hominidákból kialakult a modern ember, akiknek egy kis csoportja benépesítette a Földet.

Egyetlen DNS bázis eltérés (SNP) adatok alapján meghatározták a gyenyiszovaiak nyomait a modern emberi genomban és több mint 300 ezer SNP alapján megállapították, hogy a *homo sapiens*, *sapiens* és a gyenyiszovaiak délkelet ázsiában keveredtek, és ennek nyomai ma is megtalálhatók Ausztrália, Új Guinea és a Fülöp szigetek naegrító lakói genomjában, ugyanakkor a kelet ázsiaikban nincsenek keveredés nyomai.

A modern emberi genomba, a túlélés szempontjából funkcionálisan hasznos gének is beépültek a neandervölgyi és gyenyiszovai genomból. Az immunrendszer meghatározó komponensének számító HLA I osztály génjeinek egy része az Eurázsiaikban a neandervölgyiektől, az Óceániaiakban pedig a gyenyiszovaiaktól származik.

A gerincesek genomjában vannak olyan régiók, amelyek alig mutatnak a fajok között változatosságot, de az emberi genomban felgyorsult a szerkezeti változásuk. Ezek közül a régiók közül vannak olyanok is, amelyek kizárólag a modern emberre jellemzőek, de nincsenek jelen sem a neandervölgyi, sem a gyenyiszovai genomokban. Ezek a szakaszok lehetnek azok, amelyek funkcionális szerepet játszhattak a modern emberré válásban.

Mikor hasznos az archeogenetika?

Azokban az esetekben, amikor egy populációt viszonylag kisszámú bevándorló kulturálisan, nyelvészetileg megváltoztatott, akkor 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 belső Mongóliában található, Kublai kán fővárosának ősi lakói 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 Altáj hegység és a Bajkál-tó környékéről származtak. Mindezek a kiragadott példák azt mutatják, hogy emberi eredetű régészeti leletanyag genetikai vizsgálatával fontos következtetések vonhatók le az adott népcsoport eredetére, rokonsági viszonyaira vonatkozóan.

AJÁNLOTT IRODALOM:

Magyar nyelvű közlemények:

Raskó, I (2002) Populációgenomika *Magyar Tudomány* 5: 589

Raskó, I., Kalmár, T. (2003) Emberi populáció genetikai különbségek emberek között, politika nélkül
In: *A Genom Szerk: Hidvégi E. (Széphalom)* 105.

Szabó, E., Kalmár, T., Horváth, F., Raskó, I. (2003) Régészeti leletek molekuláris biológiai vizsgálata
In: *A Genom Szerk: Hidvégi E. (Széphalom)* 161.

Raskó, I. (2004) Genetikai időutazás- Az emberi populációk eredetének nyomában *Mindentudás Egyeteme* IV. 68

Raskó I. (2006) Genetika- a 20. Századi csodafegyver szerepe a populáció-eredetvizsgálatban *Magyar Tudomány* 4: 402

Bogácsi-Szabó, E., Csányi, B., Tömör, G., Blázsó P., Csósz, A., Kiss, D., Langó, P., Köhler, K.,
Raskó, I. (2008) Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén
Magyar Tudomány 10:1204

Raskó I. (2008) A DNS mint régészeti lelet *Magyar Tudomány* 10 : 1119

Raskó I. (2010) Honfoglaló gének *Medicina Kiadó*

Angol nyelvű közlemények:

Abi-Rachad és mtsai (2011) The shaping of modern human immune systems by multiregional admixture with archaic humans. *Science* 334: 89-94.

Baasner A, és mtsai (1998) Polymorphic sites in human mitochondrial DNA control region sequences: population data and maternal inheritance. *Forensic Sci Int* 98: 169-178.

Bar-Gal, G., és mtsai (2002) Ancient DNA evidence for the transition from wild to domestic status in Neolithic goats: A case study from the site of Abu Gosh, Israel. *Anc. Biomol.* 4: 9-17.

Burbano H.A. és mtsai (2012) Analysis of human accelerated DNA regions using archaic hominin genomes. *PLoS ONE* 7:e32877

Cavalli-Sforza, L.L., Feldman M.W. (2003) The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nature Genetics Supplement* 33: 266-75.

Comas D, és mtsai (1998) Trading genes along the silk road: mtDNA sequences and the origin of central Asian populations. *Am J Hum Genet* 63: 1824-1838.

Csányi B. és mtsai. (2008). Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin *Annals of Hum Genet.* (27 March Epub ahead of print)

Green, R., és mtsai (2006) Analysis of one million base pairs of Neanderthal DNA *Nature* 444: 330-6

Guglielmino, C.R és mtsai (2000) Probable ancestors of Hungarian ethnic groups: an admixture analysis. *Ann Hum Genet* 64: 145-159.

- Helgason A, és mtsai (2000) mtDNA and the origin of the Icelanders: deciphering signals of recent population history. *Am J Hum Genet* 66: 999- 1016.
- Higuchi, R., és mtsai (1984) DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312: 282-84.
- Höss, M. (2000) Neanderthal population genetics. *Nature* 404: 453-54.
- Jaenicke-Despres, V., és mtsai (2003) Early allelic selection in maize as revealed by ancient DNA *Science* 302:1206-8
- Jobling, MA., Tyler-Smith C. (2003) The human Y chromosome: An evolutionary marker comes of age. *Nat Rev Genet.* 4: 598-612.
- Kaessmann H, és mtsai (2002) Extensive linkage disequilibrium in small human populations in Eurasia. *Am J Hum Genet* 70: 673-685.
- Karafet, T., és mtsai (2001) Paternal population history of East Asia: sources, patterns, and microevolutionary processes. *Am J Hum Genet* 69: 615-628.
- Kayser,M., és mtsai (2006) Melanesian and Asian origins of Polynesians:mtDNA and Y-chromosome gradients across the pacific *Mol.Biol.Evol.* 11: 2234-44
- Kolman CJ, és mtsai (1996) Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders. *Genetics* 142: 1321-34.
- Lahermo P, és mtsai (2000) MtDNA polymorphism in the Hungarians: comparison to three other Finno-Ugric-speaking populations. *Hereditas* 132: 35-42.
- Leonard, J. és mtsai (2000) Population genetics of ice age brown bears *PNAS* 97: 1651-54
- Leonard, J. és mtsai (2002) Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs *Science* 298: 1613-16
- Millar, C., és mtsai (2008) New developments in ancient genomics *Trends Ecol.Evol* 23:386-93
- Miller, W.,és mtsai (2008) Sequencing the nuclear genome of the extinct woolly mammoth *Nature* 456: 387-92
- Noonan, J., és mtsai (2005) Genomic sequencing of Pleistocene cave bears *Science* 309:597-9
- Noonan, J (2010) Neanderthal genomics and the evolution of modern humans *Gen.Res.*20:547-553.
- Pääbo, S. (1985) Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA. *Nature* 314: 644-5.
- Pääbo, S., Poinar, H., Serre, D.,és mtsai. (2004) Genetic analyses from ancient DNA. *Annu. Rev. Genet.* 38: 645-79.
- Poinar, H., és mtsai (2006) Metagenomics to paleogenomics: Large scale sequencing of mammoth DNA *Science* 311:392-4
- Quintana-Murci L, (1999) Genetic evidence of an early exit of *Homo sapiens sapiens* from Africa through eastern Africa. *Nat Genet* 23: 437-441.

- Reich, D. és Mtsai (2010) Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia
Nature 468:1053-1060
- Reich, D. és Mtsai (2011) Denisova admixture and the first modern human dispersals into Southeast Asia and Oceania Am.J.Hum.Genet. 89:516-528.
- Semino, O. és Mtsai. (2000) MtDNA and Y chromosome polymorphisms in Hungary: inferences from the palaeolithic, neolithic and Uralic influences on the modern Hungarian gene pool. Eur J Hum Genet 8: 339-46.
- Serre, D., Pääbo, S. (2004) Evidence for gradients of human genetic diversity within and among continents. Genome Res. 14: 1679-85.
- Shapiro, B., és Mtsai (2004) Rise and fall of the Beringian steppe bison. Science 306: 1561-65
- Stoneking, M. and Wilson, A.C. (1987) Mitochondrial DNA and human evolution. Nature, 325, 31-36.
- Stoneking, M., Krause, J. (2011) Learning about human population history from ancient and modern genomes Nat.Rev.Gen. 12:603-614.
- Tömöry, Gy., és Mtsai. (2007). Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. Am J Physic Anthrop. Volume 134, Issue 3, p.354-368.
- Underhill, P., Kivisild, T. (2007) Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations Annu. Rev. Genet. 41: 539-64
- Vila, C., és Mtsai Widespread origins of domestic horse lineages Science 291:474-77.
- Wang, G.H., Lu, C.L. (1981) Isolation and identification of nucleic acids of the liver from a corpse from the Changsha Han tomb. Shen Wu Hua Hsueh Yu Sheng Wu Li Chin Chan 17: 70-5.
- [Wakefield MJ.](#) (2006) Genomics--from Neanderthals to high-throughput sequencing. Genome Biol)7:326
- Zerjal, T. és Mtsai (2003) The genetic legacy of the Mongols. Am J Hum Genet 72: 717-21.

Hasznos web oldalak:

www.genome.gov/20519692

www.nationalgeographic.com/genographic

SZÓSZEDET

Emberi populációnak az azonos földrajzi környezetben élő, azonos nyelvet beszélő közösségeket tekintik, azonban ebben a meghatározásban a genetikai hasonlóság mellett jelentős kultúrtörténeti elem is van.

Haplocsoport: az azonos mutációkat tartalmazó mtDNS-szakaszok a polimorfizmusok elhelyezkedése alapján típust alkotnak, ezt az egyedi szekvenciák alapján haplotípusnak nevezzük. A legősibb mutációk alapján a haplotípusok nagyobb egységekbe, a földrajzilag jól behatárolható haplocsoportba sorolhatók.

Mutációs ráta: egy genetikai lokuszban generációnként bekövetkező öröklődő elváltozás frekvenciája

Paleomikrobiológia: régészeti mikrobiológia; mikrobiális élőlények meghatározása, jellemzése