

Rokonok a múltban, avagy rokonsági analízis archeogenetikai mintákban

Nyerki Emil

SZTE SZAOK Gyermekgyógyászati Klinika és Gyermekegészségügyi Központ,
Genetikai Diagnosztikai Laboratórium

Magyarságkutató Intézet, Archeogenetikai Kutatóközpont

harmadikemil@gmail.com

Egyre több filmben és számítógépes játékban találkozunk olyan jelenettel/koncepcióval, melyben a genomunk alapján határozzák meg a felmenőinket, esetleg „genetikai memóriánkat”. Utóbbi természetesen tudományos-fantasztikum, viszont genomunk alapján meghatározható származásunk, rokonaink. Mai, jó minőségben szekvenált teljes genomszekvenciákból (WGS) akár 5-6. rokonsági fok felderítésére is van lehetőség. Azonban, amennyiben a régészek által feltárt mintákból szeretnénk ugyanezt tenni, technikai, bioinformatikai akadályokba ütközünk. Az archeogenetika egyre fejlődő tudomány, melynek segítségével megállapítható például népek migrációja, adott dinasztiák felkutatása (mint például a jelenleg is zajló Árpád-ház Program). Régi, akár több ezer éves csontokból való DNS kivonásnak és szekvenálásnak megvannak a hátrányai, hiszen az idő vasfoga a DNS-molekulákat se kíméli. A post mortem sérülések egy része kémiai kezelések segítségével kijavítható, a többihez viszont különböző bioinformatikai módszerekre van szükség.

Kutatómunkám során a munkacsoportunk által használt PCRrelate módszert alkalmaztam, melyet a szakmában közismert ANGSD programcsomagba implementáltak. Ez a módszer archaikus minták esetén alkalmas másodfokú rokonságot (nagyszülő-unoka) megbízhatóan kimutatni, viszont ennél magasabb fok esetén nem megbízható. Szimulációk segítségével vizsgáltam, hogy az adott vizsgálatnál használt átfedő markerek számának, referencia populációknak, random seed-nek és a különböző archaikus DNS-hibákból származó bias-onak milyen hatása van a vizsgálatok eredményeire. A szimulációk alapján létrehoztam egy korrekciós metódust, mellyel az eddigi limit akár negyedfokú rokonság kimutatására is alkalmassá teszi az eredeti algoritmust.