

# GENEALÓGIA, GENETIKA, DEMOGRÁFIA – CSALÁDKUTATÁS A HUMÁNÖKOLÓGIA SZOLGÁLATÁBAN

## Genealógia és humánökológia

Az ökológia az élőlény-együttesek tér- és időbeli eloszlásának okait és a változások hatótényezőit vizsgáló tudomány, amely a biológiai tudományok egy jól körülhatárolt szakterülete. Amikor humánökológiáról beszélünk, akkor látszólag ennek a szűk szaktudománynak egy még szűkebb – a kb. 1,9 millió leírt élőlényfajból kifejezetten csak egygel, az emberi fajjal foglalkozó – részterületét jelöljük meg. Abban az esetben azonban, ha kicsit mélyebben belegondolunk abba, hogy mik lehetnek azok a hatótényezők, amelyek az emberek térbeli eloszlását, elhelyezkedését és ennek hosszú- és rövidtávú változásait meghatározzák, akkor könnyen belátható, hogy itt nem csupán a természeti- és gazdasági földrajz, a környezettudományok, hanem a társadalomtudományok, a nyelvtudományok, a történettudomány, a gazdasági- és jogtörténeti diszciplínák, a hadtörténet, a politikatudomány, de még az agrártudomány, az orvostudományok, valamint a kulturális és biológiai antropológia is nélkülözhetetlen kutatási eszközzé és egyúttal forrássá válik. A humánökológia olyan szaktudományokat átfogó transzdiszciplína, amely szinte az emberiség összes tudásának alkalmazását követeli meg.<sup>1</sup>

Ebben a tanulmányban arra keresünk választ, hogy milyen szerepe és jelentősége lehet e hatalmas szintetizáló tudományban egy olyan látszólag periférikus szakterületnek, mint a családfakutatás.

A humánökológia első lépésben egy leírásból indul ki, amelynek azt kell/kellene megadnia, hogy Földünkön hol, mennyi ember él, s ezek az adatok miként változtak az emberiség története során. A helyzet azonban már a kiinduláskor is bonyolultabb ennél, hiszen nyilvánvaló, hogy az emberek egyedei nem egyformák, nemek, korosztályok, rasszok, anyanyelv, foglalkozás, iskolázottság, vallás és kulturális jellemzők alapján csoportosíthatók. Ezen csoportoknak természetesen teljesen eltérőek a halálzási és születési, valamint ki- és bevándorlási valószínűségeik s az ezeket meghatározó okok, a tényleges kiváltó- és hatótényezők is.

Amikor nagy sokaságok statisztikai adatait vizsgáljuk, akkor ezek a jelenségek olyan módon mosódhatnak össze, hogy az igazi okok felderítése sokszor nagyon nehézé válik. Egy ember halálát, egy gyermek születését, egy család máshová költözését azonban gyakran olyan egyedi, személyes okok motiválják, amelyek a tudományos elemzést lehetetlenné tennék. A genealógia, a családfák és családtörténetek feltárása és összehasonlító elemzése azonban olyan módszertani lehetőségek sorát nyitja meg, amely sem a statisztikai adatok, sem a személyes memoárok vizsgálatával nem volna megközelíthető.

A társadalom jövőjét alapvetően érintő nagy humánökológiai kérdések megválaszolását a genealógia leginkább két úton, egyrészt a humán populációgenetikai kérdé-

<sup>1</sup> *Nánási Irén: A humánökológia mint transzdiszciplína. Bp., 1992; Nánási Irén: Antropológiai ismeretek a humánökológiában. Bp., 1994.*

sek oldaláról, másrészt a humán populációdinamika és demográfia oldaláról segítheti leghatékonyabban és legközvetlenebbül.

### Genealógiai kutatások jelentősége a humán genetikában

Egy újszülött idővel kifejlődő tulajdonságait és ezzel összefüggésben életkilátásait a génjeiben hordozott tulajdonságok és a fejlődése közben őt érő környezeti hatások együttesen fogják meghatározni. Az öröklöttség és a környezeti hatások szerepe különböző szituációkban nagyon eltérő mértékben lehet felismerhető.<sup>2</sup> A súlyos rendellenességekkel járó egyetlen vagy kevés gén hibája által kialakuló betegségeknél a helyzet általában jóval átláthatóbb, mint olyan esetekben, amikor sok gén együttes hatásáról van szó, például a művészi tehetség vagy az intelligencia kialakulása esetén. Mindkét terület kutatásában kiemelkedő jelentősége van azonban a családfák feltárásának.

### Orvosi genetika<sup>3</sup>

A családfák elemzése az orvosi genetikában két szempontból is fontos szerepet játszik. Az egyik, amikor egy ismeretlen háttérű új genetikai betegség jelentkezik, amelynek az öröklődését (a hiba helyét és jellegét) szeretnénk feltárni. Ekkor a családfán való megjelenési mintázatok alapján tisztázódhat, sok esetben teljesen nyilvánvalóvá is válhat a genetikai háttér. A másik eset, ha ismert genetikai háttérű betegséggel terhelt családok gyermekei szeretnék megtudni, hogy leendő közös gyermekeik milyen mértékű kockázatnak vannak kitéve az adott betegség tekintetében. Ha csupán az egy gén által meghatározott legegyszerűbb eseteket tekintjük, akkor az adott gén elhelyezkedhet nemi kromoszómán (tipikusan X kromoszómán, amelyből nőkben 2, férfiakban viszont csak 1 található sejtenként), vagy testi kromoszómán (ún. autoszómán, amelyből mindkét nemből 22 pár található). Az emberi testi sejt 46 kromoszómája úgy tevődik össze, hogy nemtől függetlenül mindenki 22 anyai és 22 apai eredetű autoszómával, emellett a nők egy anyai és egy apai eredetű X kromoszómával, a férfiak pedig egy anyai eredetű X és egy apai eredetű Y kromoszómával rendelkeznek. Egy génnek több változata, allélje lehetséges. Ha autoszómás öröklődésű betegségről van szó, akkor minden génből legalább 2 kópia van a sejtben, egyik az anyai eredetű, másik az apai eredetű kromoszómán. A hibás allél hatása öröklődhet dominánsan vagy recesszíven.

A recesszív öröklés azt jelenti, hogy amennyiben csak az egyik kromoszóma hordozza a hibás allélt, s a másik kromoszómán jó allél van, akkor a betegség az utódon nem fog látszódni, csupán rejtetten örökítheti át. Ilyen jelenséget okozhat például az, ha a betegséget okozó hiba egy enzim hiánya, tehát ha a hibás génről nem tud a megfelelő

<sup>2</sup> *Vida Gábor*: Általános genetika. Bp., 1988; *Vida Gábor*: Genetika. Bp., 1994.

<sup>3</sup> *Steven A. Schroeder et al.*: Korszerű orvosi diagnosztika és terápia. Bp., 1990; *Oláh Éva*: A klinikai genetika alapjai, Bp. 1999; *Papp Zoltán*: Klinikai genetika. Bp., 1995.

fehérje létrejönni, vagy az termelődik ugyan, de működésképtelen. Ezen esetben azért nem észleljük a betegséget, mert a másik kromoszómán meglévő egészséges gén képes a fehérje termelésére így az végül is a szervezetből nem fog hiányozni. Ha viszont mindkét szülő külsőre (fenotípusában) egészséges, de (genotípusában) egy recesszív allél hordozója volt, akkor közös gyermekeik némelyikében elképzelhető, hogy mindkét kromoszómára a hibás allél kerül, így a sejt nem képes a kérdéses enzimet megtermelni, ezért a betegség annak hiánya miatt kialakul a gyermekben. Recesszív gén esetén tehát az egyik szülőtől jó, a másik szülőtől hibás allélt öröklő (heterozigóta) személy fenotípusában egészséges lesz, ugyanúgy mint a mindkét szülőjétől jó géneket öröklő (hibátlan allélre homozigóta) gyermek, csupán a mindkét szülőtől rossz allélt öröklő (hibás allélre homozigóta) gyermek lesz beteg.

Domináns öröklődés esetén viszont a heterozigóta hordozó is mutatja a betegség-tüneteket, mert az már akkor kifejeződik, ha csupán egyetlen kópiában jelen van a sejtben. Ezt a szituációt úgy lehet elképzelni, hogy a hibás génről is termelődik enzim, de az nem csupán működésképtelen, hanem galibát okozó, rendellenes működésű, és ezért ha csak kis mennyiségben jelenik is meg, már akkor is betegséget okoz, a jó enzim jelenléte ellenére is.

A családfaelemzés szempontjából tehát 4 különböző esetet érdemes közelebbről is megvizsgálunk:

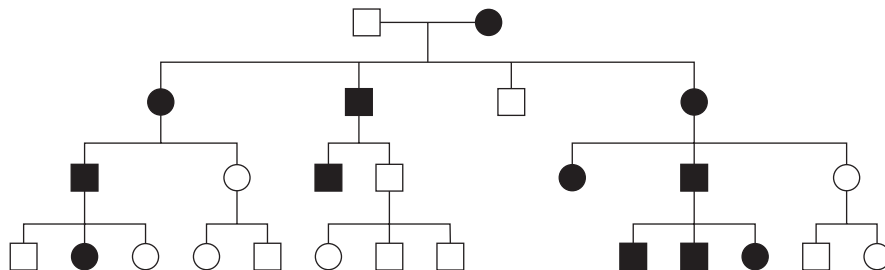
1. Autoszómás domináns öröklésmenet
2. Autoszómás recesszív öröklésmenet
3. Nemhez kötött domináns öröklésmenet
4. Nemhez kötött recesszív öröklésmenet

A genetikai célú családfaelemzéseknél általában úgy járunk el, hogy az ábrázolt családfán a férfiakat négyzettel, a nőket körrel jelöljük. A házaspárok, vagy testvérek egymás mellett, az egyes generációk pedig egymás alatt következnek. Testvérek esetén a születési sorrend balról jobbra követhető. A rokonsági viszonyokat vonalakkal egyértelműen jelölni tudjuk. Az adott betegség szempontjából egészségesnek ismert személyeket üres síkidommal, a betegeket pedig besatírozott síkidomokkal jelöljük.

A következőkben tekintsük át a fenti négy alapvető öröklésmeneti típust.

### 1. ábra

#### Autoszómás domináns öröklésmenet megjelenési mintázata családfán



*Autoszómás domináns öröklésment*

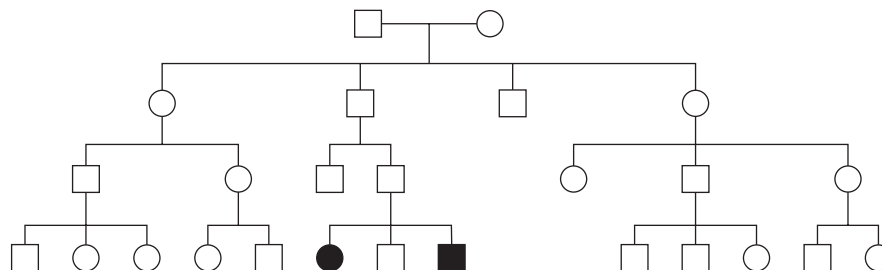
Ilyen esetben a családfát áttekintve (1. ábra) rendszerint megállapíthatjuk, hogy férfiak és nők hasonló arányban érintettek. Minden érintett személynek van érintett szülője, kivéve ha mutáció lépett fel (kis valószínűségű eset), vagy ha a családfán feltüntetett szülők valamelyike nem a tényleges biológiai szülő. Az érintett személy férfi és női utódainak is átadhatja a jellegzetességet, de egészséges gyermekének minden utódja egészséges lesz.

Az autoszómás domináns öröklésmentű betegségek gyakran olyan jellegűek, amelyek inkább késői életkorban mutatkoznak meg és gyakran nem halálos kimenetelűek. Ilyen öröklésmentet követ sok más mellett a retinoblasztóma, a Gilbert-kór, a Rotor-szindróma, a renális glycosuria, a sarlósejtes vérszegénység, a thalassaemia, a C típusú vérzékenység (XI. véralvadási faktor hiánya), az atrófiás myotónia, a periódikus paralysis több esete, a diabetes insipidus, az akut intermittáló porphyria és a hyperuricaemia is.

*Autoszómás recesszív öröklésment*

Ilyen esetben gyakori, hogy a családban a jelleg korábban nem szerepel, de a testvérek között több is érintett lehet, ennek gyakori oka a szülők rokonházassága. A betegséget nemritkán fiatal korban, gyermekeknél figyelik meg. Férfi és női utódok egyaránt lehetnek betegek. Ha a szülők mindketten érintettek a betegséggel is, akkor mindketten homozigóták, tehát minden gyermekük beteg lesz. Ha viszont mindketten csak hordozók (heterozigóták), akkor a gyermekeik 25–25%-os valószínűséggel egészséges nem hordozók (nem hibás allélre homozigóták) vagy betegek (hibás allélre homozigóták) lesznek, 50%-os valószínűséggel pedig egészséges hordozók (szüleikhez hasonló heterozigóták). Ilyen betegségek például az ókori fáraók családjában gyakoriak voltak, ahol számos egymást követő testvérházasság jött létre. Egy jellegzetes családfa (a gyakoribb heterozigóta szülő eset) a 2. ábrán látható.

## 2. ábra

**Autoszómás recesszív öröklésment megjelenési mintázata családfán**

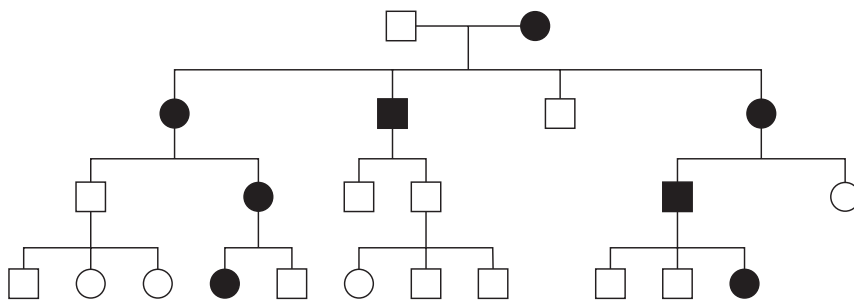
Autoszómás recesszív öröklésmentű betegségek például a hasnyálmirigy cisztás fibrózisa, a Fanconi-szindróma, a közismert albinizmus, a xeroderma pigmentosum bőrbetegség, azok a hemofiliák amelyeket az V., X. vagy XII. véralvadási faktor hiánya okoz, a pajzsmirigy jódfelvételi zavara, a diabetes mellitus, a galactosaemia, a glicogentárolási betegségek több típusa, a Hurler-kór, a fenilketonuria, a homocisztinuria, az erythropoietikus porphyria, és a Wilson-kór.

### Nemhez kötött domináns öröklésment

Az X kromoszómához kötött domináns eset tipikus családfája a 3. ábrán látható. Az ilyen genetikai háttérű rendellenességek mindkét nemben előfordulhatnak, de a nők kétszeres kockázatúak, hiszen bármelyik X kromoszóma hibás allélt hordozhat és az ki is fogja váltani a betegséget. A betegség nem hagy ki generációkat és az egészséges utódok gyermekei is egészségesek maradnak. Az érintett férfi csak lányainak adja tovább, az ő lányai mind betegek, az érintett nő gyermekei viszont egészségesek és betegek is lehetnek. Néha az is megfigyelhető, hogy a fiúkban súlyosabb a betegség lefolyása, mint heterozigóta lányokban, homozigóta lányokban viszont még a fiúknál is súlyosabb lehet a nagyobb dózis miatt. Súlyosabb esetekben a családfákon csupán az figyelhető meg, hogy kisebb a fiúgyermek aránya és esetleg általában is kevesebb gyermek születik, vagy sok a gyermektelen ág, mert a jelleg már magzati korban betegséget okozva gyakori vetélésekhez vezet. Ilyen rendellenesség például a glükóz-6-foszfát dehidrogenáz hiány, a D-vitaminra nem reagáló (foszfáthiányos) angolkór, valamint a központi idegrendszer néhány súlyos örökletes defektusa.

### 3. ábra

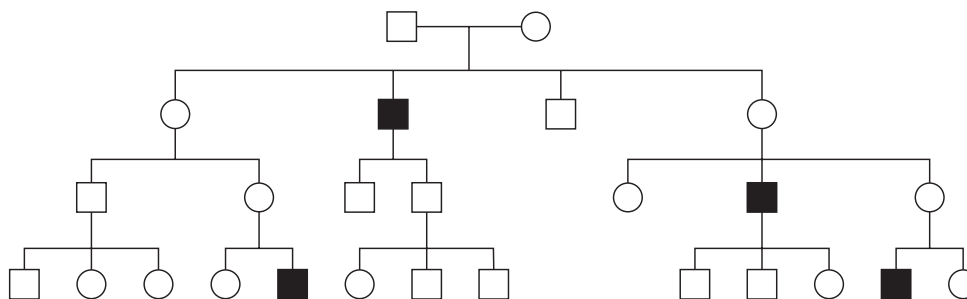
#### Nemhez kötött domináns öröklésment megjelenési mintázata családfán



*Nemhez kötött recesszív öröklésmenet*

Ez az egyik legkönnyebben felismerhető öröklésmenet a családfa alapján (4. ábra). Mivel X kromoszómás betegség, ezért csak az érintett személy anyai ágát kell vizsgálni és egészséges apa esetén csak a fiú utódokban fog megjelenni, a lányok tünetmentes hordozók lehetnek. Ha viszont az apa beteg akkor a fiai egészségesek lesznek a lányai pedig hordozók vagy ritkán betegek (ha az anya egészséges hordozó). Ilyen betegség gyanúja esetén az anyai nagybácsik és férfi unokatestvérek vizsgálata célszerű. A családfán a betegség ugrálva jelenik meg, nemzedékek kimaradhatnak, különösen ha nem nagyon sok a gyermek. Ilyen betegség például a nefrogén Diabetes insipidus, valamint a hemofília A és B típusa (VIII. és IX. véralvadási faktor hiánya).

## 4. ábra

**Nemhez kötött recesszív öröklésmenet megjelenési mintázata családfán****Tehetség, intelligencia, kreativitás megjelenése a családfán**

A családfaelemzések igazi genetikai jelentőségét (az előző fejezetben összefoglalt alapjelenségek ellenére) nem az egyszerű egygénis öröklődések hátterének feltárásában nyújtott szerepe adja, (hiszen ezek előbb-utóbb molekuláris biológiai eszközök segítségével is megismerhetők lesznek), hanem sokkal inkább azoknak a bonyolult, nagyon sok gén és nagyon sokféle környezeti hatás által befolyásolt komplex jelenségeknek a vizsgálatában való felhasználhatósága, amelyek az egyes személyek társadalmi elismertségével, sikerességével függnek össze.

E jelenségeket leggyakrabban a tehetség, intelligencia, kreativitás fogalmaival szokták jellemezni, de valójában ezeket sem közvetlenül érzékeljük vagy mérjük, hanem inkább egy megfigyelt teljesítmény, siker által ismerjük fel és a fogalmakat inkább csak e mögé képzeljük.

Sok esetben még az is vita tárgya, hogy a kérdéses jelenségnek van-e egyáltalán genetikai háttere, vagy inkább más módon örökítődnek át nemzedékről nemzedékre.<sup>4</sup>

Közismertek például a foglalkozási dinasztia, amikor egy mesterség apáról fiúra száll és a kivételesen jó mester fia is kivételesen jó mester lesz. E mögött nyilván ott lehet a mesterségre alkalmassá tevő kedvező genetikai háttér és annak öröklődése is, de a mesterségbe való beletanulás az apró fogások ellesésének lehetősége is nagyobb, mint a szakmát váltók esetén, arról már nem is beszélve, hogy egy jól menő üzletet is könnyebb átvenni, mint egy újat alapítani. Ilyen foglalkozási dinasztia különleges esete a Curie család, ahol kis túlzással az a családi „jellegzetesség”, hogy generációról generációra halmozódnak a kémiai és fizikai Nobel-díjak, vagy a Leakey család, ahol már szinte „elvárás”, hogy minden családtag a sivatagban kutatva felfedezzen egy-két korai emberelődöt. Hazánkból is megemlíthetünk hasonlóan kiemelkedő családokat, például az Entz család, ahol az első ismert ős járványok ellen hősiesen küzdő gyakorló orvos volt, fia Entz Ferenc orvosi végzettsége ellenére a modern kertészeti és szőlészeti tudomány megalapozója, a Kertészeti Egyetem alapítója, s az ő fia idősebb Entz Géza zoológus akadémikus, akinek fia ifjabb Entz Géza a Balaton hidrobiológiai kutatásának nagy alakja.

A kiemelkedő társadalmi-szakmai sikeresség előfeltételei közül legalaposabban és legrégebb óta az intelligenciát vizsgálják. A számtalan különböző intelligenciateszt kétségkívül mér valamit, habár a különböző tesztek nem feltétlenül ugyanazokat a tulajdonságokat. Az intelligencia teszttel mért intelligencia hasonlósága együtt nevelt egyetjű ikreknél lényegesen nagyobb, mint együtt nevelt kétpetjű ikreknél, sőt külön nevelt egyetjű ikreknél is magasabb, mint az együtt nevelt kétpetjűeknél, ami a genetikai háttér egyértelmű szerepére utal. Ugyanakkor az együtt nevelt nem rokon gyerekek intelligenciája nagyobb hasonlóságot mutat, mint a külön nevelt testvéreké, ami viszont a környezeti hatások nagyobb jelentőségére utal.

A férfiak és nők IQ eredményeinek eloszlását összehasonlítva azt láthatjuk, hogy a két nem intelligenciájának átlaga között nincs különbség. A nők IQ értékeinek szórása azonban alacsonyabb, mint a férfiaké, így a férfiak között kevesebb átlagosat és több nagyon gyenge vagy nagyon jó képességűt figyelhetünk meg.

Ennek egyik lehetséges oka az, hogy az X kromoszómán hordozott géneknek szerepük lehet az intelligencia befolyásolásában, az Y kromoszóma viszont ebből a szempontból semleges (üres). A nők esetében tehát több (a nemi kromoszómát tekintve kétszer annyi) működőképes allél vesz részt a jelleg kialakításában, mint férfiak esetében, így a nők megbízhatóbban produkálják az átlagos (megfelelő) teljesítményt, míg férfiak esetében könnyebben előfordulhatnak szélsőségek.

Egy másik lehetséges magyarázat az intelligencia és a szaporodási siker evolúciós kölcsönhatására épít. A nők esetében az utódok száma korlátozott és ennek kihasználása érdekében a férfiak (akiknek utódszáma gyakorlatilag szinte bármennyi lehet) versengenek. A versengésben a legjobbak győznek csak, így átlagosnak lenni nem jó stratégia. A férfi genetikában az az előnyös tehát, ha nagy a szórás, hogy győzhessen az

<sup>4</sup> Atkinson, Rita L. – Hilgard, Ernest Ropiequet: *Pszichológia*. Bp., 2005.

igazán jobbik, míg nők esetében ennek nincs jelentősége. A nemek ezen eltérése szintén inkább a genetikai háttér fontossága mellett szóló érv.

A tehetség és a kreativitás még az intelligenciánál is bonyolultabb (és kevésbé vizsgált) fogalmak, így azoknál még annyit sem mondhatunk, mint amennyit az intelligenciáról megállapítottunk.<sup>5</sup>

A családfa-elemzések módszertanának ezekre a bonyolult sokgénés problémákra való alkalmazását legrészletesebben Czeizel Endre munkásságában figyelhetjük meg.<sup>6</sup> A kiváló genetikus eddig számtalan természettudós, matematikus, költőóriás és festőművész családfáját vizsgálta meg a modern genetika és a történettudományok szemléletét egyesítve és számos érdekes jelenséget figyelt meg, illetve hipotézist is felállított.

*Piramis modell* (Czeizel és Batta 1992<sup>7</sup>): A nagy zeneszerzőkre és képzőművészekre is jellemző, hogy családfáikban a tehetséges személyek ismétlődése, s a tehetség fokának halmozódása jelentkezik. E családi halmozódás egy ideig emelkedő, majd az átlaghoz visszatérő mintázatot mutat.

*Gejzír modell* (Czeizel 2000<sup>8</sup>): A nagy költőgénuszok esetében egészen más jelenség figyelhető meg. Gyakran egyáltalán nincsenek költő rokonaik, vagy ha vannak, tehetségük nem kiemelkedő. A géniusz váratlanul tör fel és el is tűnik az utódokból.

*Búvópatak jelenség* (Czeizel 2002<sup>9</sup>): Nobel-díjas tudósok családfaelemzései mindkét előzötől eltérő mintázatot mutatnak. A jó családi gének a családfa távoli pontjain megmutatkoznak, de sokszor lappangva adódnak át nemzedékről nemzedékre.

A háromféle tehetség jellegzetesen eltérő mintázatai arra utalnak, hogy a háttérben más-más jelenség húzódik meg. A tudósoknál megfigyelhető búvópatak a nagyon sokgénés általános intelligencia és a műveltség, jó iskolázottság családon belüli továbbadhatóságával magyarázható, amely költőóriásoknál nem feltétlenül szükséges, hiszen ott inkább egyetlen speciális képességről és nem is igazán tanulható dologról van szó. A zeneszerzőknél viszont egyrészt lehetőség van a szakmai tudás apáról fiúra hagyományozására, másrészt kisszámú jól meghatározott örökletes készség (jó zenei hallás és ritmusérzék) szükséges hozzá, amely könnyen halmozódhat a zenészcsaládok egymás közötti házasságával (ahogyan az a méltán világhírű magyar zenész cigányoknál is megfigyelhető).

## A genealógia és demográfia<sup>10</sup> kapcsolata

Ha egy család rokonsági hálózatát úgy törekszünk feltárni, hogy egy személy minden őseit és a feltárt ősök minden leszármazottját megkeressük, akkor azt tapasztaljuk, hogy nemzedékekben visszafelé haladva az adott induló személyhez tartozó rokonsági hálózat robbanásszerűen (exponenciálisan) növekszik. Ugyanígy növekszik egy

<sup>5</sup> Czeizel Endre: Sors és tehetség. Bp., 1997.

<sup>6</sup> Czeizel Endre: Családfa. Honnan jövünk, mik vagyunk, hová megyünk? Bp., 1992.

<sup>7</sup> Czeizel Endre–Batta András: A zenei tehetség gyökerei. Bp., 1992.

<sup>8</sup> Czeizel Endre: Költők gének titkok. Bp., 2000.

<sup>9</sup> Czeizel Endre: Tudósok gének dilemmák. Bp., 2002.

<sup>10</sup> Szabady Egon: Bevezetés a demográfiába. Bp., 1964.



adott személy ma élő vérrokonainak száma is, ha a leszármazási lánc elágazásait egyre távolabbi ősöktől vezetjük vissza. Egy bizonyos számú generáció után könnyen belátható lenne, hogy minden ma élő ember rokona egymásnak. Egy ilyen teljes körű családfa feltárása azonban olyan sok időt venne igénybe, hogy erre tényleges lehetőségünk nincs.

Joggal merülhet fel a kérdés, hogy hány generációra kell visszamennünk ahhoz az időben, hogy minden embert egyetlen családfában egyesítsünk? Sokan úgy gondolják, hogy ehhez szinte „Ádámig-Éváig” kellene visszamennünk, pedig ez nyilvánvalóan nem így van.

Egy embernek 2 szülője, 4 nagyszülője, 8 dédszüloje stb. van, ha a generációs időt (emberöltő) átlagosan 20-30 év közöttire becsüljük, akkor könnyen kiszámítható, hogy tőlünk kb. 80 nemzedékyire, (2000 évvel ezelőtt, Krisztus kortársaként), elvileg ezen kiinduló személy  $10^{24}$  számú ősszülojének kellett volna élnie.

Ez egy képtelenül nagy szám. A rendelkezésre álló tudományos adatok alapján az újkőkor kezdetén (Kr. e. 10 000-ben) Földünk mai lakossága mindössze 5 millió fő volt. Bolygónk mai (2012) lakossága pedig kb. 7 milliárd fő.

Ha úgy tekintenénk, hogy a Föld lakossága a történelem során mindig 7 milliárd fő lett volna és a civilizált emberiséget százezer évesnek tekintenénk (amelyet kb. 3000 nemzedékyi időnek tekinthetünk), akkor a földön valaha élt civilizált emberek számát  $2 \times 10^{13}$ -ra becsülnénk, ami meglehetősen durva felülbecslés lenne, a helyes adat ennek töredéke.

Egyetlen ma élő személy Krisztus korában élt ősszüloinek elvi száma ( $10^{24}$ ) kb. 100 milliárdszor nagyobb, mint a Földön valaha is élt civilizált emberek lehető legdurvább felülbecslése.

Ezzel szemben ismert tény, hogy Krisztus idejében bolygónk lakossága legfeljebb 300 millió főt ( $3 \times 10^8$ ) tehetett ki. (A legelfogadottabb becslés szerint 160 millióan éltek akkor.)<sup>11</sup>

Ez azt jelenti, hogy még ha minden Krisztus idejében élt személynek lenne is ma élő leszármazottja (ami nyilvánvaló képtelenség, hiszen számosan csecsemőként, vagy kisgyermekként haltak meg akkoriban), akkor is minden akkor élő személy átlagosan  $10^{16}$  szorososan lenne bármely ma élő személy őse, vagyis a családfa tízmilliószor egymilliárd különböző ágán jelenne meg ugyanaz az egykor élt személy ősszüloként. Mindez kivétel nélkül minden ma élő emberre igaz.

Mintegy 700 évvel ezelőtt, az 1300-as években élt bolygónkon kb. annyi ember (300–400 millió), amennyi ahhoz szükséges, hogy egy ma élő ember minden akkori ősszüloje különálló személy lehessen.

Ez azt jelenti, hogy ha bármely ma élő ember családfájának minden 1300-as években élt ősszüloje különálló személy lenne, akkor ez körülbelül annyi főt jelentene, ahány akkoriban a Földünkön élt, vagyis (mivel ez minden ma élő emberre igaz) minden ma élő ember egy családba tartozna (a mai emberiség egyetlen családfába foglalható lenne), s ehhez csak 1300-ig kellene visszafejteni a családfákat.

<sup>11</sup> *Sárfalvi Béla: A világnépesség növekedése. Bp., 1992.*

A valóságot tekintve ebből több dolog is következik:

1. A tényleges családfákon nyilvánvalóan már 1300 előtt is többször (a családfa több ágán) kellett szerepelnie ugyanazon személynek, a családfákon tehát ciklusok lesznek.

2. A ciklusok száma az elméletileg vártnál magasabb lesz a tényleges családfákon, hiszen a rokonságba kerülés valószínűsége földrajzilag közelebb (azonos kontinens, azonos nagyrassz, azonos nyelvetületen) élő vagy társadalmi rétegződésben hasonlóbb (egyaránt nemes, értelmiségi, polgár, paraszt) személyek esetén nagyobb a véletlenszerűsége.

3. Az emberiség teljes családfájának hálózatán ún. kompartmentek (ciklusokkal szorosabban összekötött, erősebben rokon sűrűsödések) és a kompartmenteket ritkábban összekötő laza hálózati részek lesznek. A kompartmenteket a társadalom kevésbé mobilis rétegei tartják szorosan össze (gondoljunk olyan falvainkra ahol a lakosok többségének azonos a vezetékneve) és a mobilisabb (magasabb társadalmi osztályú) rétegek kötik össze a távoli kompartmenteket (gondoljunk a nagy uralkodóházakra, arisztokrata világ-családokra, vagy akár az egyetemek között vándorló diákokra és a céhlegények mesterré válását megelőző peregrinációjára).

4. Az emberiség minden ma élő tagját összekötő egyetlen családfa elkészítése nem irreális feladat. A családfák digitalizálásával, indexálásával (ld. kézikönyvünk Anyakönyvek mikrofilmen, digitálisan című fejezete) és tudatos összeszerkesztésével foglalkozó munka (pl. newfamilysearch project) akár még századunk vége előtt eredményesen befejeződhet (a múlt rekonstruálására nézve), ezzel új korszakot, tudományos perspektívákat nyitva a humánökológiai, humángenetikai és a történettudomány számára.

### Genealógia a demográfia szolgálatában

Korunk egyik legsúlyosabb humánökológiai problémája a népességrobbanás és Földünk túlnépesedése. Ennek a folyamatnak több, önmagában is súlyos következménye van, amelyeket természetesen más tényezők is befolyásolnak:<sup>12</sup>

1. A túlnépesedés a természeti erőforrások, nyersanyagok, termőföld, túlzott használatát és azok kimerülését eredményezi, amely (következményként) tömeges elszegényedést, társadalmi konfliktusokat és környezeti károsodásokat is szül.

2. A túlnépesedés következményeiben a globális biodiverzitás egyre rohamosabb csökkenését, a bioszféra számára fontos kulcsfajok kihalását, az ökoszisztémák önszabályozási folyamatainak<sup>13</sup> felborulását eredményezi.<sup>14</sup>

3. A túlnépesedés szoros összefüggésben van a túlzott széndioxid kibocsátással, ami a globális klímaváltozás egyik kulcstényezője.<sup>15</sup>

<sup>12</sup> Lester R. Brown: *A Világ helyzete* 1991, Bp., 1991.

<sup>13</sup> Lovelock J. E.: *Gaia*. Bp., 1990.

<sup>14</sup> Drégelyi-Kiss, Á., Drégelyi-Kiss, G., Hufnagel, L.: Ecosystems as climate controllers – biotic feedbacks (a review) – *Applied Ecology and Environmental Research* 2008 6(2): 111–135.

<sup>15</sup> Harnos Zsolt, Gaál Márta, Hufnagel Levente: *Klímaváltozásról mindenkinek*, Bp., 2008.

4. A túlnépesedés zsúfoltsághoz vezet, amelyről közismert, hogy önmagában is fokozza az agressziót.<sup>16</sup>

5. A túlnépesedés önmagában és a zsúfoltság révén is fokozza a járványok kialakulásának kockázatát és a kirobbanó járványok súlyosságát is.

Ha a populációdinamikában szokásos összesített statisztikai adatokat szemléljük, akkor a növekedési rátának egyfajta átlagát, átlagos viselkedését látjuk csupán. A lényeges humánökológiai információk jelentős része azonban nem az átlagban, hanem inkább a szórásban vagy még inkább az eltérő csoportok, eltérő viselkedésében nyilvánul meg. A Föld globális népessége robbanásszerűen emelkedik, koreloszlása felfelé rohamosan csökkenő piramis alakzatot mutat. Ha azonban csak az európai és észak-amerikai adatokat nézzük, akkor ezzel szöges ellentétben álló mintázatot, csökkenő vagy stagnáló népességet és előregedő (felfelé egyenletes vagy kihasasodó) koreloszlásokat figyelhetünk meg. Még tovább bontva, nagyítva a képet észrevehetjük, hogy az egyes társadalmi csoportok demográfiai helyzete is alapvetően különböző. Az elszegényedő, alacsony iskolázottságú népesség rövidebb várható életkor mellett gyorsabb szaporodási ütemet mutat, mint a jómódú, iskolázottabb rétegek.

A különböző társadalmi osztályú, vallási hovatartozású, nemzetiségű családok lezármasági fájának feltárásával és a családfák ágszerkezetének összehasonlításával képesek lehetünk a legfontosabb törvényszerűségek felismerésére és talán a problémák megoldásához vezető utak megtalálására is.

Az ágszerkezet vizsgálatában a következő lényeges mutatók figyelembevétele bizonyulhat informatívnak:

A gráfban felismerhető ciklusok (közelebbi vagy távolabbi rokonházasságok száma), jellege. (Mennyire erősek a közösségi kapcsolatok, illetve a csoportok csoport jellege.)

Az elágazások gazdagságának aszimmetriája, vagyis, hogy mennyire erős a versengés, szelekció az ágak között.

A születési sorrend szerepe a későbbi elágazások számában.

A szakaszok hosszának (generációs idő, emberöltő) alakulása.

A megszakadó és folytatódó ágak aránya.

A férfi ágon és női ágon folytatódó láncok hossza, elágazásainak száma.

A fenti mutatók időbeli változásai generációról generációra.

A feltárt családfákat ilyen és ehhez hasonló mutatók alapján összehasonlíthatjuk, osztályozhatjuk vagy hasonlósági mintázataikat ordinációs módszerekkel is feltárhatjuk. Az összehasonlítás első lépése távolsági, hasonlósági vagy különbözőségi függvények kiszámítása az egyes családfák között, majd az így kapott távolságmátrixok felhasználásával hierarchikus osztályozásokat (dendrogramokat) kaphatunk clusteranalízis segítségével.

A cluster-analízissel kapott hasonlósági fákat legegyszerűbben NMDS (nem metrikus többdimenziós skálázás) révén ellenőrizhetjük, úgy, hogy az ordinációs plotokra

<sup>16</sup> *Konrad Lorenz: A civilizált emberiség nyolc halálos bűne. Sopron, 1988.*

minimális feszítőfákat is illesztünk, amelyek a dendrogramokkal közvetlenül összevet-  
hetők.<sup>17</sup>

Ezek az elemzések leginkább felhasználóbarát módon az ingyenesen elérhető és  
letölthető PAST statisztikai programcsomag<sup>18</sup> segítségével készíthetők el. (<http://folk.uio.no/ohammer/past>)

A kapott eredmények közvetlenül felhasználhatók az adott családfákkal jellemzett  
társadalmi csoportok, földrajzi területek, vagy történelmi korszakok demográfiai érté-  
keléséhez.

*Hufnagel Levente*

<sup>17</sup> Podani János: Bevezetés a többváltozós biológiai adatfeltárás rejtelseibe. Bp., 1997.

<sup>18</sup> Hammer, R., Harper, D.A.T., and P. D. Ryan: PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica* 2001. 4(1): 9pp. [http://palaeo-electronica.org/2001\\_1/past/issue1\\_01.htm](http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm)