

NEPARÁCZKI ENDRE

# APAI ÁGÚ (Y-KROMOSZÓMÁS) HAPLOCSOPORTOK A KÁRPÁT- MEDENCÉBEN FELTÁRT HUN, AVAR ÉS HONFOGLALÁS KORI LELETEKBŐL<sup>1</sup>

## Bevezetés

A Kárpát-medence népességének történetét alapjaiban meghatározta az eurázsiai sztyeppéről érkező különböző nomád csoportok inváziója a középkor során. 400–453 között a hunok vették birtokba a régiót, és hatásuk-

---

1 A tanulmány elkészítésében közreműködtek: Maróti Zoltán (MKI Archeogenetikai Kutatóközpont, Budapest; SZTE Gyermekgyógyászati Klinika, Szeged), Török Tibor (MKI Archeogenetikai Kutatóközpont, Budapest; SZTE Genetikai Tanszék, Szeged), Kalmár Tibor (SZTE Gyermekgyógyászati Klinika, Szeged), Maár Kitti (SZTE Genetikai Tanszék, Szeged), Nagy István (SeqOmics Biotechnológia Kft, Mórahalom; SZBK Biokémiai Intézet, Szeged), Latinovics Dóra (SeqOmics Biotechnológia Kft, Mórahalom), Kustár Ágnes (Természettudományi Múzeum Embertani Tár, Budapest), Pálfi György (SZTE Embertani Tanszék, Szeged), Molnár Erika (SZTE Embertani Tanszék, Szeged), Balogh Csilla (Medenyet Egyetem Művészettörténeti Tanszék, Isztambul), Lőrinczy Gábor (Móra Ferenc Múzeum, Szeged), Gál Szilárd Sándor (Maros Megyei Múzeum, Marosvásárhely), Tomka Péter (Rómer Flóris Múzeum, Győr), Kovacsóczy Bernadett (Katona József Múzeum, Kecskemét), Kovács László (MTA Régészeti Intézet, Budapest), Raskó István (SZBK Genetikai Intézet, Szeged).

ra egész Európában komoly népességátrendeződés történt. A legfrissebb genetikai kutatások szerint az európai hunok az ázsiai hunoktól származhattak (De Barros Damgaard és mtsai. 2018), ám a Kárpát-medencéből még nem ismeretesek hun genetikai adatok, mivel a hunok csak rövid ideig voltak itt, és csak néhány elszórt magányos temetkezést hagytak maguk után. Jelen dolgozatban három Y-haplocsoportot (továbbiakban: hcs) különünk olyan hun kori maradványokból, amelyek régészeti és antropológiai értékelésük alapján a hunokhoz tartozhattak.

A térségben 568-tól az avarok hoztak létre egy közel 250 évig fennálló birodalmat. 803-ban a frankok és a bolgárok legyőzték őket, de a keleti sztyeppét még 822-ig uralták. Korai időszakában az Avar Kaganátus fennhatósága a Kárpát-medencétől a Pontuszi–Kaszpi-sztyeppéig nagy területre kiterjedt, és számos népet magába foglalt, köztük az onogur bolgárokat is. Ők a 7. század közepén kivívták függetlenségüket, és megalapították a független Nagy-Bulgáriát. Ezzel az Avar Kaganátus területe jelentősen csökkent, új határai nagyjából a későbbi Magyar Királyságénak feleltek meg. Az avarok több hullámban érkeztek a Kárpát-medencébe (Fóthi 2000), és az avar kor nagyszámú régészeti nyomot hagyott hátra, több mint 80 ezer feltárt sírt ismerünk a mai Magyarország területéről. Az avar kor leletei embertani szempontból rendkívül heterogének, az Alföldön feltárt temetőikben a mongoloid és az europo-mongoloid típusok aránya eléri a 20–30%-ot. Ez azt mutatja, hogy ázsiai típusba tartozó emberek ebben az időszakban költöztek be legnagyobb számban a Kárpát-medencébe. A gazdag melléklettel eltemetett emberek koponyái többnyire erős mongoloid jegyeket mutatnak, s e tény az avar elit első-ázsiai eredetéről árulkodik. Ugyancsak erre utalnak a tárgyi leleteik, az általuk használt tisztségek elnevezései (pl. kagán) és szervezeti felépítésük, amelyek első-ázsiai zsuán-zsuánokra vezethetők vissza. Az avar időszakból csak néhány mitokondriális DNS (továbbiakban: mtDNS) adat áll rendelkezésre két mikrorégióból (Csősz és mtsai. 2016; Šebest és mtsai. 2018), s ezekben 15,3% és 6,52% gyakoriságot mutattak a kelet-eurázsiai elemek. Egy nem-

régiben megjelent kézirat 23 mitogenomot közölt a 7–8. századi avar elit-csoportból (Csáky és mtsai. 2018), s ebben kimutatták, hogy az anyai vonalak 64% -a kelet-ázsiai hcs-okba tartozik (C, D, F, M, R, Y és Z), melyek az archaikus és a ma élő belső-ázsiai populációkkal mutattak kapcsolatot, s ez megfelel a lehetséges zsuán-zsuán származásnak. Az Avar Kaganátus 822 körül megszűnt létezni, de népessége fennmaradt, és beolvadt a későbbi magyar államba (Szádeczky-Kardoss 1990). Fontos megjegyezni, hogy a magyar középkori források egyike sem ismeri az avarokat (Szentpétery 1937), valószínűleg azért nem, mert nemigen voltak megkülönböztethetők a hunoktól; sok külföldi középkori forrás is a hunokkal azonosította az avarokat, például egy 871-ben lejegyzett dokumentum (Herwig Wolfram 1979) szintén hunnak nevezte azokat az avarokat, akik felvették a kereszténységet, és a Keleti-Frank Birodalom adófizetőivé váltak.

Írott források szerint a magyarok már 862-ben megjelentek a Kárpát-medencében, és 895–905 között már annak egész területét irányításuk alá vonták. A magyarok törzsszövetségbe szerveződtek, mindamellet egy erősen központosított sztyeppe birodalom keretei között érkeztek Álmos fejedelem és fia, Árpád vezetésével, akiket a középkori források a nagy hun vezér, Attila egyenes ági leszármazottjainak tartottak. Tőlük származott az első magyar uralkodói dinasztia, az Árpád-ház (Turul-dinasztia), amelybe beletartoznak a későbbi magyar állam alapítói is. A Magyar Nagyfejedelemség Közép-Európában kb. 862-től 1000-ig állt fenn, melyet ezt követően Álmos ötödik leszármazottja, Szent István király keresztény királlyá alakított át (Szabados 2011).

A honfoglaló magyarok (ezentúl: honfoglalók) mitogenomjainak elemzésével korábban kimutattuk, hogy anyai vonalaik eredete az eurázsiai sztyeppe különböző, egymástól távoli területeire vezethető vissza (Neparáczki és mtsai. 2018). Az anyai vonalak egyharmada Belső- és Közép-Ázsiából, feltehetőleg az ázsiai szkítáktól és az ázsiai hunoktól származott, míg többségük a Pontuszi–Kaszipi-sztyeppéről, a bronzkori Potapovka-Poltavka-Srubnaya kultúra utódnépeitől. A populációgenetikai analízis azt mu-

tatta, hogy a honfoglalókhöz leghasonlóbb összetételű népesség a mai volgai tatárok, akikről tudjuk, hogy onogur bolgár felmenőik voltak.

Az anyai vonalakból az is bebizonyosodott, hogy a magyar honfoglalás során nem csupán fiatal harcosok érkeztek a területre, akik helyi nőkkel házasodtak, hanem a férfiak a nőkkel együtt érkeztek (Csőszt és mtsai. 2016). A nomád társadalmak azonban patriarkális alapon szerveződtek, ezért azt várnánk, hogy származásukat az Y-kromoszomális adatokból pontosabban meg lehetne határozni, mint az anyai vonalakból. A honfoglalókból eddig 6 Y-kromoszóma-hcs-ot ismerünk (Csányi és mtsai. 2008), négy vizsgált férfi közül kettőben az N1a1-M46 (korábban Tat vagy N1c néven ismert) hcs jelenlétét mutatták ki, Neparáczi és mtsai. (2017) pedig két R1b-U106 és két I2a-M170 hcs-ot találtak.

Ahhoz, hogy statisztikailag szignifikánsnak tekinthető adat álljon rendelkezésünkre, meghatároztuk a férfiak Y-hcs-jait ugyanazokból a temetőkből, amelyekből korábban az anyai vonalakat vizsgáltuk (Neparáczi és mtsai. 2018). Mivel a legtöbb középkori magyar krónika a honfoglalást a „magyarok második bejövetele”-ként írja le (Szentpétery 1937), lehetséges, hogy az egymást követő nomád csoportok között genetikai kapcsolat létezett, s ez leginkább a vezetőréteg tagjai között feltételezhető.

Mivel az eddig vizsgált temetők elsősorban a honfoglaló elitet képviselik, a lehetséges genetikai kapcsolat kiderítése céljából a megelőző avar hatalmi/katonai elit tagjait is vizsgáltuk, valamint néhány, a hun korszakból rendelkezésre álló mintát. Az avar katonai vezetők sírjait nagy értékű presztízstárgy-mellékletek jellemzik: arany- vagy ezüstveretes övcsatok, díszes kantár, veretes nyereg, kard, íj és tegez nyílhegyekkel, aranylemez díszek, ezüst vagy arany fülbevalók. A honfoglaló vezetők sírjait részleges lótemetés jellemzi: a ló koponyájával és lábszárcsontjaival, vagy szimbolikus lótemetés: díszített kantárral, nyereggel és kengyellel. Az elit sírmellékletek gyakran tartalmaznak nemesfém ékszereket, övre szerelt fém övcsatokat, tarsolylemezt és fegyvereket: nyílhegyeket tegezgel és íjat (Endre Neparáczi és mtsai. 2017; Neparáczi és mtsai. 2018).

A vizsgálatba bevont mintákból olyan autoszomális egy nukleotid polimorfizmusokat (SNP-k) is meghatároztunk, amelyek alapján valószínűsíthető az elhunyt egykori szem-, haj- és bőrszíne, felnőttkori laktózemésztési képessége (laktázperzisztencia), valamint földrajzi származása.

## Eredmények

Kiválasztottunk 168 olyan filogenetikai szempontból fontos Y-kromoszóma-SNP-t, amely alapján meghatározhatók a leggyakoribb eurázsiai hcs-ok (Van Oven és mtsai. 2014), továbbá 61 autoszomális SNP-t, mely közül 25 a szem- és a hajszín kimutatásra alkalmas úgynevezett HirisPlex marker (Walsh és mtsai. 2013), kettő a felnőttkori laktózemésztési képesség (Enattah és mtsai. 2002) meglétét vagy hiányát jelzi, 34 pedig a földrajzi származásról árulkodó úgynevezett Ancestry Informative Marker (AIM) (Phillips és mtsai. 2007); ezeket az S1 és S2 Kiegészítő táblázatban részletesen felsoroljuk. A fenti SNP-ket tartalmazó DNS-darabokat hibridizációs technikával dúsítottuk minden egyes mintának az új generációs szekvenáló könyvtárából. Az embertani vizsgálatok során férfiként meghatározott mintákat választottuk ki a temetőkből, de kontrollként négy nőt is vizsgáltunk, akinél az esetleges Y-kromoszóma-olvasatok idegen DNS-szennyezésre utalhatnak. A női kontrollminták elemzése alacsony szennyezettségi szintet mutatott, mert csak elhanyagolható számú Y-kromoszóma-olvasatot kaptunk, noha autoszomális olvasataik száma megfelelt a férfi mintakénak (S1 és S2 Kiegészítő táblázat) – kivéve egy mintát (KEF1/10936), amely genetikailag férfinak bizonyult, annak ellenére, hogy az antropológusok nőnek határozták meg (S6 Kiegészítő táblázat). A 49 könyvtárból 26-ról már korábban kimutattuk, hogy elhanyagolható szennyeződést tartalmaz (Neparáczi és mtsai. 2018), emellett az is kis mértékű kontaminációra utal, hogy az összes hcs-besorolás egyértelmű volt, csak néhány ellentmondó SNP-t találtunk, s ezek javarészt az archaikus DNS-re jellemző módosulásokból származhattak (S1 Kiegészítő táb-

lázat). A kontamináció mértékét úgy számítottuk ki, hogy a besoroláshoz szükséges pozíciókban meghatároztuk azon olvasatok arányát, amely a többitől eltérő SNP-t tartalmazott (S3 Kiegészítő táblázat). Ezenkívül jelentős számú kelet-eurázsiai hcs-ot határoztunk meg, amelynél kizárható a vizsgálatokat végző, európai kutatókból származó DNS-szennyeződés lehetősége. A vizsgált lókuszekben kis és közepes lefedettséget kaptunk (S1, S2 és S3 Kiegészítő táblázat), és az Y-hcs meghatározása 46 férfi esetben volt megbízható (S1 Kiegészítő táblázat); ezt az 1. ábrán mutatjuk be. A honfoglalók Y-kromoszóma-vonalainak földrajzi származás szerinti megoszlása a 2. ábrán látható.

LabID	Lelőhely/sír vagy leltári szám	Lelet kora	Legbelső Hcs-ot meghatározó marker, amely lefedett	Lehetséges legbelső marker, amely nem volt lefedve	Y- Haplocsoport
<b>Hun kor</b>					
Hun/1	Maroszentgyörgy	V. század	M25	-	Q1a2
Hun/2	Kecskemét	V. század	U106	-	R1b1a1b1a1a1
Hun/3	Árpás-Szérűskert-1	V. század	Z2124	-	R1a1a1b2a2
<b>korai Avar kor</b>					
FGd/4	Fajsz-Garadomb/4	568–650/660	P44/M217	-	C2
Psz/1	Petőfiszállás/1	568–650/660	P15 (xL1259)	L293	G2a
SzO/540	Szegvár-Oromdülő/540	568–650/660	M253 (xL22)	-	I1
SzO/81	Szegvár-Oromdülő/81	568–650/660	M178 (xVL29, xZ1936)	-	N1a1a
Kb/300	Kunbábony/300 ( <b>kagán</b> )	568–650/660	M178	VL29, Z1936, L1034	N1a1a
KFp/6	Kunpeszér-Felsőpeszér/6	568–650/660	M178 (xVL29, xZ1936)	-	N1a1a
KFp/31	Kunpeszér-Felsőpeszér/30B	568–650/660	M178 (xVL29)	Z1936, L1034	N1a1a
MM/58	Makó-Mikócsa/58	568–650/660	M178 (xVL29, xZ1936)	-	N1a1a

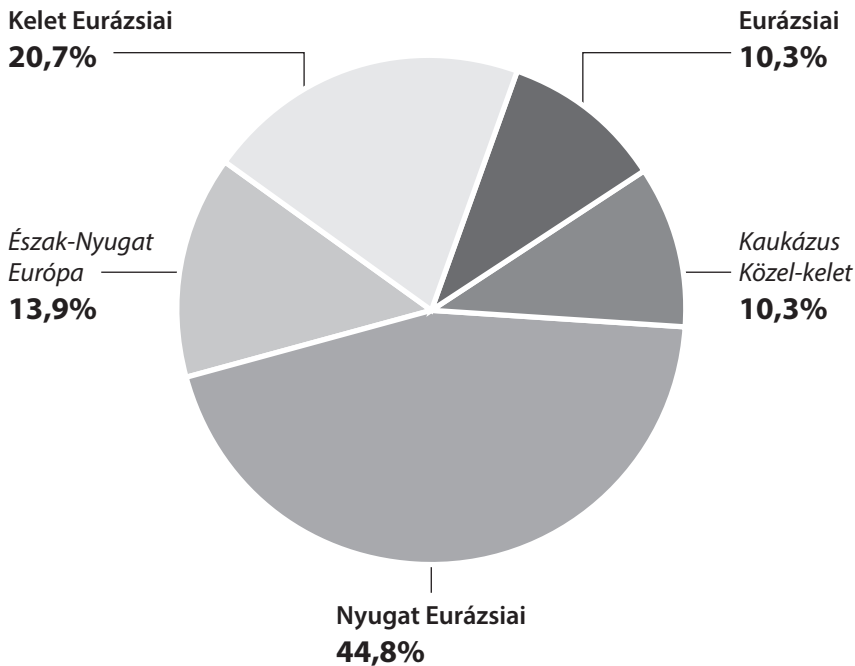
NEPARÁ CZKI EN DRE: AP AI Á GÚ (Y-KROMOSZÓ M Á S) HAPLOCSOPORTOK...

MM/227	Makó-Mikó csa/227	568- 650/660	Z94	Z2124	R1a1a1b2a
DK/701	Dunavecse-Kovacsos dű lő /701	568- 650/660	Z94	Z2124	R1a1a1b2a
<b>késő Avar kor</b>					
Pv/72	Pitvaros/72	650/660- IX. sz.	P44, M217	-	C2
KV/3369	Kiskőrös-Vágóhí di dű lő /3369	650/660- IX. sz.	M178 (xZ1936, XL1034)	VL29	N1a1a
SzK/51	Székkutas-Kápolnadű lő /51	650/660- IX. sz.	M178 (xVL29, xZ1936)	-	N1a1a
SzK/239	Székkutas-Kápolnadű lő /239	650/660- IX. sz.	V13	-	E1b1b1a1b1a
<b>Honfoglalás kora</b>					
K1/13	Karos I/13	895- X. sz. közepe	M215	V13	E1b1b
K1/1438	Karos I/1438	895- X. sz. közepe	M267	-	J1
K1/1	Karos I/1	895- X. sz. közepe	M178 (xVL29, xZ1936)	-	N1a1a
K1/10	Karos I/10	895- X. sz. közepe	CTS1211	-	R1a1a1b1a2b
K1/3286	Karos I/3286	895- X. sz. közepe	Z2124	Z94?	R1a1a1b2a2
K2/6	Karos II/6	895- X. sz. közepe	V13	-	E1b1b1a1b1a
K2/33	Karos II/33	895- X. sz. közepe	L30;U8	-	G2a2b
K2/26	Karosc II/26	895- X. sz. közepe	M253 (xL22)	-	I1
K2/16	Karos II/16	895- X. sz. közepe	L621 (xS17250)	-	I2a1a2b
K2/52	Karos II/52 (vezér)	895- X. sz. közepe	L621 (xS17250)	-	I2a1a2b
K2/51	Karos II/51	895- X. sz. közepe	M178 (xVL29, xZ1936)	-	N1a1a
K2/29	Karos II/29	895- X. sz. közepe	Z1936 (xL1034)	-	N1a1a1a1a2
K2/61	Karos II/61	895- X. sz. közepe	Z2124	-	R1a1a1b2a2
K2/36	Karos II/36	895- X. sz. közepe	Z283	CTS1211	R1a1a1b1
K2/41	Karos II/41	895- X. sz. közepe	Z647 (xZ284, xM458)	Z283, Z91, Z93, Z94, Z2124	R1a1a1b

K2/18	Karos II/18	895- X. sz. közepe	CTS1211	-	R1a1a1b1a2b
K3/12	Karos III/12	895- X. sz. közepe	L621	-	I2a1a2b
K3/1	Karos III/1	895- X. sz. közepe	M412/ U106*	U106	R1b1a1b1a1a1
K3/13	Karos III/13	895- X. sz. közepe	U106	-	R1b1a1b1a1a1
K3/3	Karos III/3	895- X. sz. közepe	M412/ U106*	U106	R1b1a1b1a1a1
KeF1/10936	Kenézlő-Fazekaszug I/10936	895- X. sz. közepe	F1096 (xM25)	-	Q1a
KeF2/1025	Kenézlő-Fazekaszug II/1025	895- X. sz. közepe	M269 (xM412, xU106)	L26	R1b1a1b
KeF2/1027	Kenézlő-Fazekaszug II/1027	895- X. sz. közepe	M178 (xVL29, xL1034)	Z1936	N1a1a
KeF2/1045	Kenézlő-Fazekaszug II/1045	895- X. sz. közepe	Z1936 (xL1034)	-	N1a1a1a1a2
MH/15	Magyarhomorog/15	X. sz.	L621 (xS17250)	-	I2a1a2b
MH/16	Magyarhomorog/16	X. sz.	L621 (xS17250)	-	I2a1a2b
MH/9	Magyarhomorog/9	X. sz.	M423 (xS17250)	L621	I2a1a2
SH/41	Sárrétudvari–Hízóföld/41	X. sz. második fele	U152	-	R1b1a1b1a1a2b
SH/81	Sárrétudvari–Hízóföld/81	X. sz. második fele	L26	-	J2a1a

1. ábra Az általunk meghatározott 46 férfi Y-hcs-ját tartalmazza, a leletek korszakok és temetők szerint vannak csoportosítva. A hcs-elnevezéseket az ISOGG Tree 2019 szerint adtuk meg. Szürke háttérrel emeltük ki az igen gazdag mellékletű sírokat, a hcs-ok filogenetikai eredetét a színkóddal jelöltük, ezt a 2. ábrán összegeztük. A K3/1 és a K3/3 minták esetében a legbelső hcs-ot meghatározó marker, az U106\* nem volt lefedve, de korábban meghatároztuk (Neparáczi és mtsai. 2017).





2. ábra Az ábrán a 29 honfoglaló apai vonal filogeográfiai eredet szerinti megoszlása látható. Az 1. ábrán szereplő adatokat foglaltuk össze. A hcs-ok színkódja a későbbiekben is megegyeznek ezzel.

### Kelet-eurázsiai haplocsoportok

A Q1a2-M25 hcs nagyon ritka Európában, azon belül a székelyeknél a leggyakoribb a Family Tree DNS-adatbázis szerint. A Q1a2-M25 hcs-ba tartozó archaikus minták a bronzkori Okunevo és Karasuk kultúrákból ismeretesek, valamint a középkori Tien-san hunokból és a hun-szarmatákból (De Barros Damgaard és mtsai. 2018). Ez arra utal, hogy ennek a vonalnak az Európában való megjelenése a hunokkal hozható kapcsolatba. Ezt szintén megerősíti, hogy ezt a hcs-ot egy Erdélyben feltárt hun kori mintából (Hun/1) sikerült kimutatnunk. Az egyik honfoglalómintha, a KEF1/10936 a Q1a-F1096 csoportba tartozik, valószínűleg annak

Q1a1-F746 aláába. Utóbbi a Q1a2-M25 hcs testvérkládja, de ezt nem vizsgáltuk kísérletünkben. A Q1a1 ma Kelet-Ázsiában van jelen Mongólia, Japán, Kína, Korea területén; ennek a hcs-nak a kenézliői (KEF) temetőben való jelenléte arra utal, hogy a hunok és honfoglalók között lehettek ugyanazon egykori populációból származó egyének.

A Hun/3 a R1a1a1b2a2-Z2124 hcs-ba tartozik, mely az R1a1a1b2-Z93 alcsoportja, s ez az R1a-nak a kelet-eurázsiai alágán belül található. Ma a Z2124 legnagyobb gyakorisággal Kirgizisztánban és Afganisztánban fordul elő, de a karacsajok, balkárok és a baskírok körében is igen elterjedt (Underhill és mtsai. 2015). A Z2124 széles körben megtalálható a bronzkori sztyeppén, különösen az Afanaszjevó és a Szintasta kultúrákban (Narasimhan 2018). Az R1a vonal az ázsiai hunokban is jelen volt (Keyser-Tracqui és mtsai. 2003; Kim és mtsai. 2010), akik minden bizonnyal ugyanebbe az aláába tartoznak. A karosi honfoglalótemetőkből származó két minta (K1/3286 és K2/61) szintén az R1a-Z2124-be tartozott, továbbá két avar kori minta (DK/701 és MM/227) is az R1a1a1b2a-Z94 alcsoportba tartozott, de ezeknél a Z2124 marker nem volt lefedve.

Két avar minta a C2-M217 hcs-hoz tartozik, amely elsősorban Közép-Ázsiában és Kelet-Szibériában fordul elő. Ennek a hcs-nak a jelenlétét a honfoglalókban is kimutatták a Karos2/60 leletből (Fóthi és mtsai., nem közölt eredmény).

Az avarokban és a honfoglalókban azonosított minden N-hcs az N1a1a-M178 csoportba tartozott. Az M178-nak a következő hét alcsoportját vizsgáltuk; N1a1a2-B187-et, N1a1a1a2-B211-et, N1a1a1a1a3-B197-et, N1a1a1a1a4-M2118-at, N1a1a1a1a1a-VL29-et, N1a1a1a1a2-Z1936-ot és a Z1936-nak az N1a1a1a1a2a1c1-L1034 aláát. Az európai elterjedtségű VL29 és a Z1936 aláagak jelenlétét a legtöbb esetben ki tudtuk zárni. Az N többi aláaga Szibériában elterjedt (Ilumäe és mtsai. 2016), ahol az M178 keletkezett, és ahonnan ez a hcs Európába is eljutott (Shi és mtsai. 2013). Az MM/58-as avar minta nem volt besorolható az egyik vizsgált M178 alcsoportba sem, továbbá a KB/300 avar kagán

esetén kis lefedettség miatt csak az N1a1a2 alcsoport zárható ki. Az összes többi (5 db) avar minta az N1a1a1a1a3-B197-hez tartozik, amely a mai csukcsokban, burjátokban, eszkimókban, koriakokban a legelterjedtebb, ritkábban fordul elő a tuvaiak és a mongolok körében (Ilumäe és mtsai. 2016). Ezzel szemben két honfoglaló az N1a1a1a1a4-M2118-hoz tartozik, amely Y-vonal jellemző szinte az összes jakut férfira, gyakori az evenekben, evenekben, és ritkábban, de előfordul az osztjákok, vogulok és kazakok között is.

### **Eurázsia-szerte elterjedt haplocsoportok**

Három vizsgált honfoglaló tartozik az N1a1a1a1a2-Z1936 hcs-ba, a finn-permik N1a ágához, amely legnagyobb gyakorisággal az északkelet európai számik, finnek, karéliaiak, valamint a Volga-Ural régióban élő komik, volgai tatárok és baskírok körében fordul elő. Ritkábban ugyan, de ez a hcs előfordul karanogajok, szibériai nyenyecék, osztjákok, vogulok, dolganok, nganaszanok és a szibériai tatárok körében is (Ilumäe és mtsai. 2016).

### **Nyugat-eurázsiai haplocsoportok**

Az R1a nyugat-eurázsiai R1a1a1b1a2b-CTS1211 alcsoportja Kelet-Európában a leggyakoribb, különösen a szlávok körében. Ezt a hcs-ot csak a honfoglalócsoporthoz mutattuk ki (K2/18, K2/41 és K1/10). Bár a CTS1211 marker a K2/36-nál nem volt lefedve, de valószínűleg ez a minta is ide sorolható, mivel ennek egyik aláága a Z283.

Az I2a1a2b-L621 hcs 5 honfoglalómintában volt jelen, és valószínűleg ide tartozik a hatodik minta is, a magyarhomorogi MH/9-es lelet, mivel az MH/9 az MH/16 rokona lehet (lásd alább). Ez az európai eredetű hcs leginkább a Balkánon és Kelet-Európában terjedt el, különösen a szláv nyelvű népcsoportok körében. Lehetséges, hogy a Kukuteni-Tripolje kultúra fő

vonalát képezte, és a Kárpát-medencében már a rézkori badeni kultúra tagjaiban is jelen volt (Lipson és mtsai. 2017).

Az egyik honfoglaló mintájából azonosított I1-M253 hcs jellemzően észak-európai, ezt elsősorban Skandináviában és Finnországban találhatjuk meg, és ebből a régióból származhatott a középső kőkorszak során. Az R1b-U106-hoz kissé hasonló eloszlással rendelkezik, amely germán nyelvű populációkhoz társul.

A kis Karos3 temetőből származó négy mintából három az R1b1a-1b1a1a1-U106 hcs-hoz tartozik, amely ezt a temetőt az összes többitől megkülönbözteti, ezen kívül csak a Hun/2 minta tartozott ugyanebbe a csoportba. Az U106 hcs „germán” ágak tekinthető, mivel napjainkban Németországban, Skandináviában és Nagy-Britanniában elterjedt, Kelet-Európában azonban ritka (S4 Kiegészítő táblázat). Ennek az ősi ága, az R1b1a1b-M262 hcs feltételezhetően a Pontuszi-Kaszpi-sztyeppén jött létre, és a bronzkori vándorlásokkal érkezett Európába (Allentoft és mtsai. 2015). A hun és a honfoglaló mintákban való jelenléte miatt származhat gótokból, gepidákból vagy más, a hunokkal szövetséges germán csoportból.

Az R1b1a1b1a1a2b-U152-et egy mintában fedeztük fel a sárrétudvari honfoglalótemetőben, amely inkább a honfoglaláskori köznépet képviselheti, s nem az elitet. Az U152 egy itáliai-kelta R1b ág, amely az Alpok körül koncentrálódik, és már a honfoglalás előtt jelen volt a Kárpát-medencében, tehát nem feltétlenül a honfoglalókkal érkezett ide.

Az E1b1b1a1b1a-V13 mediterrán hcs, amelyet egy avar (SzK/239) és egy honfoglaló mintában (K2/6) mutattunk ki, míg ez a marker egy másik mintában nem volt lefedve (K1/13, E1b1b-M215). Ez a hcs a Közel-Keletről származik, és a bronzkorban vándorolhatott a Balkánra és Nyugat-Ázsiába.

A PSZ/1 jelzetű avar vezető a G2a-P15 hcs-ba, míg a K2/33 ennek a G2a2b-L30 aláágába tartozik. A G2a hcs anatóliai, illetve iráni eredetű, manapság a kaukázusi térségben leggyakoribb, Európába érkezése pedig

a újkőkori földművelők terjedésével együtt mutatható ki (Lazaridis és mtsai. 2016).

Az egyik honfoglalóminta (K1/1438) a J1-M267 hcs-hoz, egy másik (SH/81) a J2a1a-L26-hoz tartozik. Mind a J1, mind a J2 vonal a Közel-Kelet-Kaukázus környékén a leggyakoribb, valószínűleg ebből a régióból származik (Jones és mtsai. 2015), majd az újkőkort megelőzően a pásztor-kodással terjedt távolabbra.

### **Autoszómás SNP-k**

A szem-, haj- és bőrszín-fenotípusokat 25 HirisPlex SNP-kből állapítottuk meg, melyeknek alapján szintén valószínűsíthető az Európán kívüli származás (Walsh és mtsai. 2013). Ezen eredményeket a 3. és 4. ábra foglalja össze. A minták fenotípus-megoszlása figyelemre méltó összefüggést mutatott a régészeti korszakokkal és temetőkkel. Az összes hun és avar kori mintának alapvetően sötét szem- és hajszíne volt, az egyetlen kivétel a DK/701 (3. ábra). Ezen felül a 14 avar kori mintából hatot  $> 0,7$  fekete haj;  $> 0,99$  barna szem  $p$  érték jellemezett, s 86,5% -os valószínűséggel nem európai származásra utal (Walsh és mtsai. 2013), továbbá mindez összhangban van az antropológiai, régészeti és történelmi adatokkal. Ezzel szemben a honfoglalók a fenotípusok széles skáláját mutatták (4. ábra). A sárrétudvari (SH), a magyarhomorogi (MH) és a kenézlői (KEF) temetők többsége európai fenotípus-mintákat mutatott, kék szemmel, illetőleg világos hajjal, halovány bőrrel. A három karosi temetőben a sötétebb szem- vagy hajszín dominált, húsból 4 minta  $p$  értéke nem európai eredetre utalt, mindazonáltal húsból 5 lelet világos hajszínű, s ez a populáció meglehetősen vegyes eredetét jelzi. Ugyanez olvasható ki az mtDNS-vizsgálatok eredményeiből és az Y-kromoszomális hcs-összetételből is.

LabID laktáz periszt.	Y Hcs	Szem szín/ p érték	Haj szín/ p érték	Bőr szín/ p érték	multinomális logisztikus regresszió (MLR) átlag érték	naiv Bayesi- an-elosz- lással (H-W) prediktált admix
<b>Hun kor</b>						
Hun/1	Q1a2	barna/ 0,94	sötét/barna 0,88/0,58	sötéttől feke- tig/ 0,8	53% EU, 47% KÁ	55% EU, 45% KÁ
Hun/2	R1b1a1b1a1a1	barna/ 0,87	sötét/barna 0,83/0,6	átmeneti/ 0,78	67% EU, 33% KÁ	99% EU 1% KÁ
Hun/3	R1a1a1b2a2	barna/ 0,87	sötét/fekete 0,93/0,52	átmeneti/ 0,75	52% EU, 48% KÁ	96% EU, 4% KÁ
<b>korai Avar kor</b>						
FGD/4	C2	barna/ 0,99	sötét/fekete 0,99/0,86	sötét/átmeneti 0,57/0,42	9% EU, 91% KÁ	100% KÁ,
PSZ/1	G2a	barna/ 0,91	sötét/barna 0,84/0,63	átmeneti/ 0,91	3% EU, 97% KÁ	11% EU, 89% KÁ
SzO/540	I1	barna/ 0,89	sötét/barna 0,97/0,52	átmeneti/ 0,9	97% EU, 3% KÁ	99% EU, 1% KÁ
SzO/81	N1a1a1a1a3	barna/ 0,99	sötét/fekete 0,99/0,7	átmeneti/sötét 0,48/0,43	100% KÁ	100% KÁ
KFP/6	N1a1a1a1a3	barna/ 0,91	sötét/fekete 0,89/0,48	átmeneti/ 0,83	61% EU, 39% KÁ	50% KÁ, 50% EU
KFP/31	N1a1a1a1a3	NA	NA	átmeneti/ 0,84	100% EU	100% KÁ
SzK/51	N1a1a1a1a3	barna/ 0,99	sötét/fekete 0,98/0,56	átmeneti/ 0,82	32% EU, 68% KÁ	1% EU, 99% KÁ
KB/300	N1a1a	barna/ 0,99	sötét/fekete 0,99/0,75	NA	33% EU, 67% KÁ	100% KÁ
MM/58	N1a1a	barna/ 0,99	sötét/fekete 0,97/0,57	átmeneti/ 0,8	100% KÁ	100% KÁ
MM/227	R1a1a1b2a	barna/ 0,99	sötét/fekete 0,99/0,87	átmeneti/ 0,79	nem lehetett meghatározni	100% KÁ
DK/701	R1a1a1b2a	barna/ 0,51	világos/szőke 0,73/0,34	halvány/ átmeneti 0,56/0,4	67% EU, 33% KÁ	100% EU
<b>közép és késő Avar kor</b>						
PV/72	C2	barna/ 0,91	sötét/barna 0,64/0,7	átmeneti/ 0,62	100% EU	100% EU
KV/3369	N1a1a1a1a3	NA	NA	NA	100% KÁ	100% KÁ
KV/3450	nő	barna/ 0,89	sötét/barna 0,71/0,64	átmeneti/ 0,61	97% EU, 3% KÁ	99% EU, 1% KÁ
SzK/239	E1b1b1a1b1a	barna/ 0,99	sötét/barna 0,99/0,73	sötét/átmeneti 0,4/0,36	100% EU	100% EU

3. ábra A hun és az avar korszakba tartozó leletek fenotípusai és genetikai eredete látható. A HirisPlex-markerekből (S2 Kiegészítő táblázat) becsültük

meg a szem-, haj- és bőrszíneket, s adtuk meg valószínűségi értéküket. A valószínűleg nem európai felmenőkkel rendelkezőket szürke háttérrel emeltük ki. 34 AIM-ből (S2 kiegészítő táblázat) számítottuk ki a minták legvalószínűbb származását két fajta módszerrel: multinomális logisztikus regresszióval (MLR) és naiv Bayesian-eloszlással (Hardy–Weinberg-egyensúlyt feltételezve). A felnőttkori laktózemésztési képességgel (laktázperzisztenciával) összefüggésbe hozott, SNP-variánsokat hordozó leletek nevét dőlt betűtípussal emeltük ki. A rövidítések a következők: NA = nincs adat, EU = Európa, KÁ = Kelet-Ázsia.

Meghatároztunk továbbá 34 AIM-t, amely jelzi az egyének földrajzi eredetét. Ehhez a Snipper App suite 2.5-es verzióját (Phillips és mtsai. 2007) használtuk. A származás prediktálását mind a naiv Bayesian-eloszlással, mind a multinomális logisztikus regressziós (MLR) algoritmussal kiszámítottuk, mivel ezek különböző feltevésekből indulnak ki a genetikai egyensúly szempontjából (McNevin és mtsai. 2013); az eredményeket a 3. és 4. ábrán soroljuk fel. A kétféle számítás többnyire hasonló eredményt hozott, s összhangban volt a fenotípusok alapján megállapított adatokkal. Az összes hun kori lelet európai és kelet-ázsiai ősökre visszavezethető keveredést mutat, azonban az avar kori leletek – mindkét módszerrel való vizsgálat során – túlnyomórészt kelet-ázsiai eredetűnek bizonyultak. Az avar mintákból csak 4 minta mutatkozott európai eredetűnek, míg két-öt ázsiai-európai keveréknek bizonyult. A KFP/31 minta ellentmondásos eredményeket adott, valószínűleg a kis lefedettség miatt.

LabID laktáz perziszt.	Y Hcs	mtDNS Hcs	Szem szín/ p érték	Haj szín/ p érték	Bőr szín/p érték	multino- mális lo- gisztikus regresszió (MLR) átlag érték	naiv Bayesi- an-el- oszlással (H-W) predik- tált ad- mix
<b>Honfoglalás kora</b>							
<b>K1/13</b>	E1b1b	U5b2b3	NA	NA	NA	100% EU	99% EU, 1% EA
<b>K1/1438</b>	J1	U3b1b	NA	NA	NA	100% EU	100% EU
<b>K1/1</b>	N1a1a1a1a4	H1b2	barna/ 0,91	sötét/ barna 0,59/0,51	átmeneti/ 0,99	35% EU, 65% KÁ	97% EU, 3% KÁ
<b>K1/10</b>	R1a1a1b1a2b	U3b1b	barna/ 0,63	sötét/ barna 0,7/0,64	átmeneti/ halovány 0,58/0,39	100% EU	100% EU
<b>K1/3286</b>	R1a1a1b2a2	T2b4h	barna/ 0,91	sötét/ black 0,88/0,56	átmeneti/ 0,99	100% KÁ	76% KÁ, 24% EU
<b>K2/6</b>	E1b1b1a1b1a	H5v	kék/ 0,95	világos/ vörös 0,9/0,51	NA	100% EU	100% EU
<b>K2/33</b>	G2a2b	U4a1b1	barna/ 0,99	sötét/ barna 0,73/0,54	átmeneti/ 0,69	100% EU	100% EU
<b>K2/26</b>	I1	T1a1	barna/ 0,99	sötét/ black 0,99/0,76	átmeneti/ 0,57	33% EU, 67% KÁ	60% KÁ, 40% EU
<b>K2/16</b>	I2a1a2b	X2I	barna/ 0,98	sötét/ barna 0,81/0,72	átmeneti/ 0,58	52% KÁ, 13% EU, 35% AF	98% EU, 2% KÁ
<b>K2/52</b>	I2a1a2b	X2f	barna/ 0,71	világos/ barna 0,64/0,58	átmeneti/ 0,57	2% EU, 98% KÁ	100% EU
<b>K2/51</b>	N1a1a1a1a4	U4d2	barna/ 0,99	sötét/ black 0,99/0,86	sötét/ 0,641	100% EU	100% EU
<b>K2/29</b>	N1a1a1a1a2	J1b1a1e	barna/ 0,77	világos/ blond 0,85/0,5	átmeneti/ halovány 0,5/0,48	37% EU, 30% KÁ, 33% AF	54% KÁ, 46% EU
<b>K2/61</b>	R1a1a1b2a2	U4d2	barna/ 0,99	sötét/ black 0,98/0,73	átmeneti/ 0,98	100% KÁ	100% KÁ
<b>K2/36</b>	R1a1a1b1	D4i2	barna/ 0,63	sötét/ barna 0,72/0,7	átmeneti/ 0,52	94% EU, 6% KÁ	100% EU
<b>K2/41</b>	R1a1a1b1a2b	H35	NA	NA	NA	100% KÁ	100% KÁ



<b>K2/18</b>	R1a1a1b1a2b	T1a1	barna/ 0,84	világos/ barna 0,6/0,6	átmeneti/ 0,69	50% EU, 50% KÁ	85% EU, 15% KÁ
<b>K3/12</b>	I2a1a2b	A12	barna/ 0,99	sötét/ black 0,98/0,53	sötét/ 0,68	7% EU, 93% KÁ	100% EU
<b>K3/1</b>	R1b1a1b1a1a1	B4d1	barna/ 0,74	sötét/ 0,76	NA	67% EU, 33% KÁ	93% EU, 7% KÁ
<b>K3/13</b>	R1b1a1b1a1a1	B4d1	barna/ 0,84	világos/ barna 0,71/0,46	átmeneti/ 0,99	67% KÁ, 33% KÁ	100% KÁ
<b>K3/3</b>	R1b1a1b1a1a1	H6a1b	NA	NA	átmeneti/ 0,55	100% EU	100% EU
<b>K3/6</b>	nő	B4d1	barna/ 0,98	sötét/ barna 0,8/0,66	átmeneti/ 0,77	35% EU, 1% KÁ, 64% AF	99% KÁ, 1% EU
<b>KEF1/10936</b>	Q1a	H6a1b	barna/ 0,67	világos/ vörös 1,0/0,64	átmeneti/ halovány 0,56/0,33	38% EU, 62% KÁ	96% KÁ, 4% EU
<b>KEF2/1025</b>	R1b1a1b	G2a1	barna/ 0,97	sötét/ black 0,97/0,55	átmeneti/ 0,97	100% KÁ	100% KÁ
<b>KEF2/1027</b>	N1a1a1a1a2	N1a1a1a1a	kék/ 0,69	sötét/ barna 0,97/0,53	átmeneti/ 0,62	100% EU	100% EU
<b>KEF2/1045</b>	N1a1a1a1a2	N1a1a1a1a	kék/ 0,64	világos/ barna 1,0/0,51	nagyon halovány/ 0,54	100% EU	100% EU
<b>MH/15</b>	I2a1a2b	NA	barna/ 0,48	sötét/ black 0,91/0,68	halovány/ 0,63	67% EU, 33% KÁ	100% EU
<b>MH/16</b>	I2a1a2b	NA	kék/ 0,91	világos/ blond 0,96/0,37	átmeneti/ halovány 0,57/0,41	67% KÁ, 33% KÁ	100% EU
<b>MH/9</b>	I2a1a2	NA	kék/ 0,95	világos/ 0,95	halovány/ 0,59	67% EU, 33% KÁ	100% EU
<b>SH/41</b>	R1b1a1b1a1a2b	NA	barna/ 0,59	világos/ barna 0,66/0,48	halovány/ átmeneti 0,5/0,45	72% EU, 26% KÁ, 2% AF	96% EU, 4% KÁ
<b>SH/81</b>	J2a1a	H1c	barna/ 0,67	világos/ barna 0,79/0,42	átmeneti/ halovány 0,54/0,43	67% EU, 34% KÁ	100% EU
<b>SH/103</b>	nő	C4a1b	barna/ 0,77	világos/ blond 0,93/0,44	átmeneti/ 0,97	32% EU, 37% KÁ, 31% AF	93% KÁ, 7% EU

4. ábra A honfoglalás kori leletek fenotípusait és genetikai eredetét tüntettük fel. Az mtDNS hcs-okat Neparáczi és mtsai.-tól (2018) vettük. A 3. ábra képaláírásában megadottakkal azonos az összes rövidítés.

A magyarhomorogi (MH) és a sárrétudvari (SH) temetők honfoglalómintái főként európai ősökre vallottak, összhangban a fenotípusaikkal és Y-hcs-jaikkal, bár az MLR jelentős kelet-ázsiai származási komponenst fedezett fel, és az SH/103 jelzetű nőt szőke haja ellenére a keleti ázsiai kategóriába sorolta. A karosi (K) és kenézlői (KEF) populációkban európai-ázsiai kevert, valamint tisztán kelet-ázsiai és tisztán európai eredetű mintákat találtunk közel azonos arányban, s ez ismét összhangban van az apai és anyai vonalak, valamint a fenotípusos markerek eredményeivel.

A meghatározott autoszomális lókuszek szintén alkalmasak a lehetséges közvetlen (szülő-gyermek, testvér) genetikai rokonság kizárására (Amigo és mtsai. 2008), ennek vizsgálatához összehasonlítottuk minden olyan minta autoszomális genotípusát, amely azonos anyai vagy apai hcs-okat tartalmaz. Nem lehetett kizárni a közvetlen rokonságot az azonos fenotípusú MH/9 és MH/16 leletek között, s ez arra utal, hogy az MH/9 valószínűleg szintén az I2a1a2b-L621 hcs-hoz tartozik, annak ellenére, hogy az L621 markere nincs lefedve. A KEF2/1027 és a KEF2/1045 valószínűleg testvérek voltak, mivel azonos mitogenommal, Y-hcs-tal és kék szemszínnel rendelkeztek, s ezt az autoszomális allélek is megerősítették. Ugyanez vonatkozik a K3/1 és a K3/13 jelű sírokban talált leletekre, akik szintén testvérek lehettek. Nem lehetett kizárni a K2/36, K2/18 és K2/41 leletek közötti közvetlen rokoni kapcsolatot, ám az első két minta lefedettsége túl kevés volt ahhoz, hogy ezt bizonyossággal állíthassuk.

Két olyan SNP-t (rs4988235 és rs182549) teszteltünk, amelynek alapján európaiakban a felnőttkori laktózemésztés képességére következtethetünk (Enattah és mtsai. 2002). Ezekben a lókuszekben a mutáns alléleket hordozó egyének felnőttkorban képesek megemészteni a tejtermékekben lévő laktózt, laktóztolerancia-tünetek nélkül. A perzisztencia-genotípus allélgyakorisága egész Eurázsiaiban változatos (Itan és mtsai. 2010), Északnyugat-Európa egyes részein eléri a 90% -ot, a mai Magyarországon körülbelül a 80%-ot, de Közép-Ázsiában 30% alatti, Kelet-Ázsiában pedig még ennél is alacsonyabb. Az összes vizsgált csoportban jelen volt

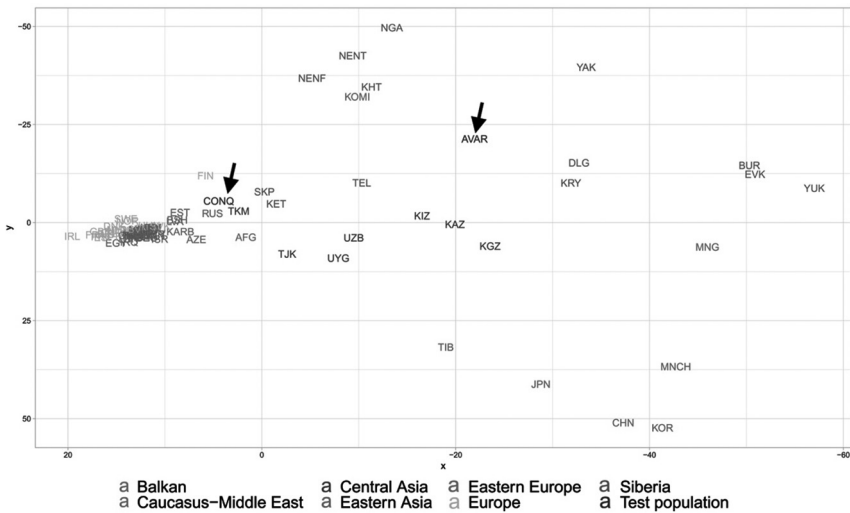
a felnőttkori laktózemésztés képességért felelős változat (3. és 4. ábra, S2 Kiegészítő táblázat); a hun kori leletek egyharmadában, az avarkoriaknál 14-ből kettőben, 31 honfoglaló közül 6-ban. Figyelemre méltó, hogy a perzisztencia-genotípusa összefüggést mutatott az európai eredettel, mivel az összes hordozó túlnyomórészt európai ősökkel rendelkezik. Ez az eredmény megegyezik egy korábbi tanulmány megállapításával (Nagy és mtsai. 2011), amely szerint a honfoglaló minták 11%-a képes laktózt emészteni, és ezek mindegyike az európai eredetű H mitokondriális hcs-ba tartozott. Az általunk vizsgált mintákban az összes perzisztens allélt hordozó egyed heterozigóta volt, ezek közül 6 mindkét lokuszban, három pedig csak az egyikben: (rs182549 (-22018 G> A). Ez arra utal, hogy felmenőik korábban valószínűleg Kelet-Euráziából származó nem-hordozókkal keveredtek.

### **Populációgenetikai vizsgálat**

A vizsgált honfoglalócsoport valószínűleg valós populációt képvisel, mivel a 29 mintából 24 származik 4 közeli temetőből (Karos 1, 2, 3 és Kenézlő), emellett azonos régészeti és antropológiai csoportba tartoznak. A vizsgált magyarhomorogi leleteket szintén ugyanabba a kategóriába sorolták mint korai honfoglaló elitet. Az avar csoportot több különféle temetőből állítottuk össze, amelyek szélesebb időtartamot fednek le, tehát ezek a minták nem reprezentatívak a Kárpát-medencei avar korszak teljes népességére nézve, és nem biztos, hogy egyetlen populációt képviselnek. Azonban viszonylag homogén hcs-eloszlásuk azt jelzi, hogy az avar elit az egész korszak során ugyanazon keleti eurázsiai alpopuláció tagjaiból kerülhetett ki, ezért észszerűnek tűnt őket is bevonni az elemzésbe.

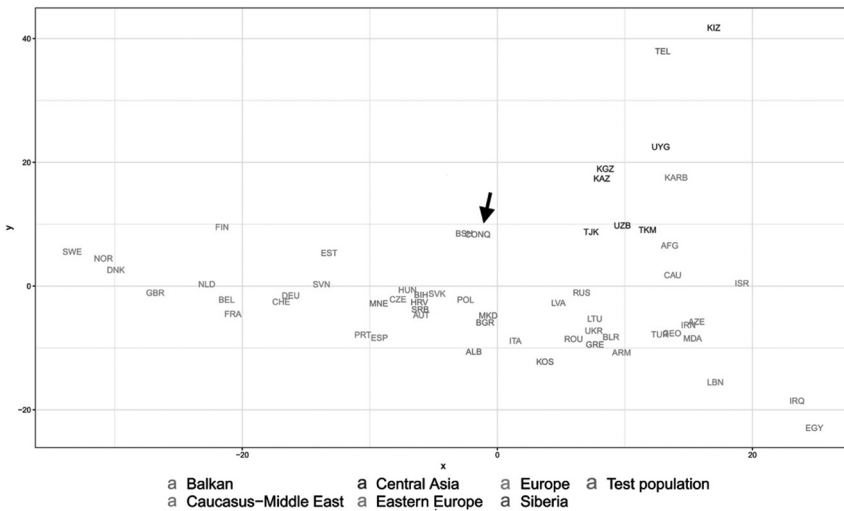
Annak érdekében, hogy megtaláljuk a vizsgált populációkhoz leginkább hasonló népeket, összehasonlítottuk az avar és a honfoglaló elit hcs-eloszlását 78 mai eurázsiai populációéval (S4 Kiegészítő táblázat), ennek eredményét az 5. ábrán MDS-ploton ábrázoltuk. A közvetlen roko-

nokból csak egyetlen egyént vontunk be az elemzésbe. A felbontás növelése érdekében mindegyik populációban külön számoltuk az általunk vizsgált al-hcs-ok gyakoriságát, míg az összes többi alág gyakoriságértékeit egyesítettük, az S4 Kiegészítő táblázatban felsorolt módon. A hasonló hcs-eloszlásúak szomszédos helyekre kerültek az MDS-térképen, mely szembevetően elkülöníti a populációkat földrajzi helyzetük szerint. Az x tengely mentén a kelet-eurázsiai népesség jobb oldalra csoportosul, az európaiak bal oldalon tömörülnek. Az y tengely mentén a szibériai populációk a felső részen, a kelet-ázsiaiak a grafikon alján helyezkednek el. Az avarok kétségtelenül a szibériai oldalon találhatóak, a legkisebb súlyozott euklideszi távolságra a koriaktól (KRY), teleutoktól (TEL), osztjákoktól (KHT), komiktól (KOM) és dolganoktól (DLG). A honfoglalók a kelet-európaiak, közép-ázsiaiak és szibériaiak között helyezkednek el, ám pontos kapcsolatukat nehéz megmondani, az európai oldalon lévő zsúfoltság miatt.



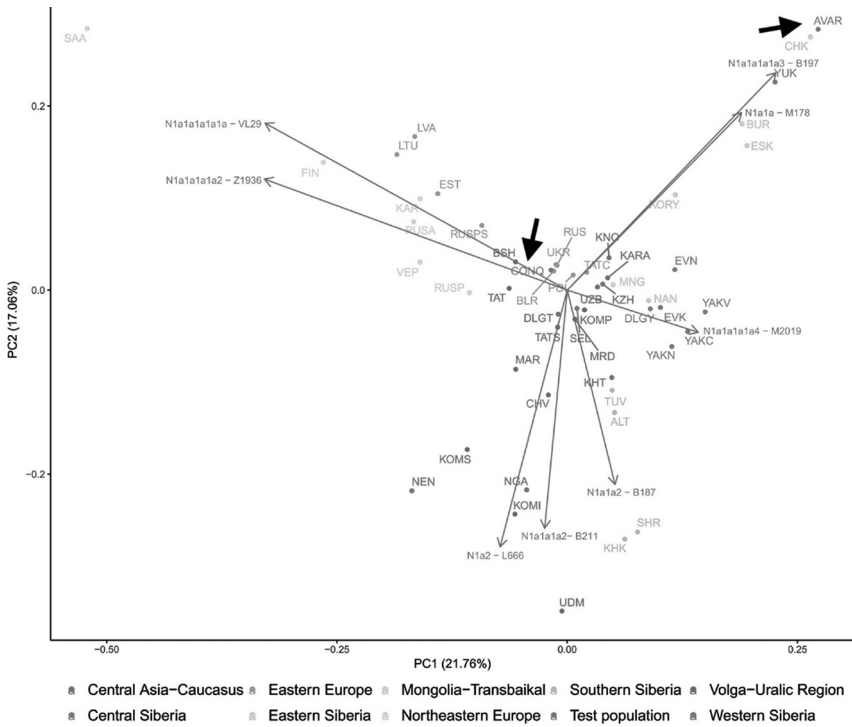
5. ábra 78 eurázsiai populáció Y-kromoszomális hcs-eloszlásának MDS-plotja látható, az avarokat és a honfoglalókat fekete nyíllal emeltük ki. A hárombetűs kódok teljes nevét az S4 Kiegészítő táblázat tartalmazza.

A honfoglalók helyzetének jobb felbontása érdekében elkészítettük az MDS-térképet a kelet-ázsiai és szibériai népesség nélkül (6. ábra). Mivel az adatok egy részhalmozát eltávolítottuk, az MDS-képpalkotás kétdimenziósan elkerülhetetlenül átrendezte a fennmaradó összetevőket, de a népességcsoportok általános szerveződése változatlan maradt: az északnyugat-európaiak balra kerültek, a kelet-közép-európaiak és balkániak közepre, a közép-ázsiaiak a jobb felső sarokba és a kaukázusi-közéleleti népesség a jobb alsó sarokba. A honfoglalók a közép-ázsiaiak és a kelet-európaiak között maradtak, a legkisebb súlyozott euklideszi távolságra a baskiroktól (BSH), a magyaroktól (HUN), a tadzsikoktól (TJK), az esztek-től (EST), a kazakoktól (KAZ), az üzbéektől (UZB) és a szlovákoktól (SVK).



6. ábra 58 európai és közép-ázsiai populáció Y-kromoszómás hcs-eloszlásának MDS-plotja látható, a honfoglalókat fekete nyíllal emeltük ki. A hárombetűs kódok teljes nevét az S4 Kiegészítő táblázatban adtuk meg.

Az N1a hcs számottevő gyakorisága a honfoglalókban és különösen az avarokban lehetővé tesz egy másik fajta elemzést: az N1a alágainak gyakorisági eloszlását hasonlítjuk össze azokban a népegekben, amelyekben ez a hcs jelen van, és amely adatokat Ilumäe és mtsai. 2016-ban közöltek. Emellett az Ilumäe és mtsai (2016) N1a adatbázisában számos olyan releváns eurázsiai populáció is megtalálható, amely nem szerepel az S3 Kiegészítő táblázatban és az 5. ábrán; továbbá az S4 Kiegészítő táblázat Y adattábla alacsony felbontású az N1a alágaira nézve, tehát ez az elemzés várhatóan további fontos információkat szolgáltat. Az S1 Kiegészítő Táblázatban bemutatott adatainkkal egyesítettük az Ilumäe és mtsai által 2016-ban közölt N1a adattáblát, főkomponens-elemzést (PCA) végeztünk, amelynek végeredményét a 7. ábra mutatja be.



7. ábra Az N1a hcs-alcsoportjainak megoszlása 51 populációban PCA-ploton. Az avarokat és a honfoglalókat fekete nyílal emeltük ki. A betűket földrajzi régiók szerint színeztük. A hárombetűs kódok teljes nevét az S5 Kiegészítő táblázatban adtuk meg.

Jól látszik, hogy a főkomponens-elemzés is földrajzi helyzetük szerint választja el a populációkat, mivel a hasonló színek az ábra ugyanazon szegmenseibe esnek. Az avarok a jobb felső sarokban található k, közel a keleti szibériai csukcsokhoz (CHK), jukagírekhez (YUK), eszkimókhöz (ESK) és a transzbajkái burjátokhoz (BUR). A honfoglalók (CONQ) az ábra közepére kerültek, nagyon közel a kelet-európai fehéroroszokhoz (BLR), az ukránokhoz (UKR), az oroszokhoz (RUS) és a lengyelekhez (POL), nem messze a Volga-Ural-régióban élő baskiroktól (BSH), a vol-

gai tatároktól (TAT), a komi permjékóktól (KOMP) és a mordvinóktól (MRD). Közép-ázsiai csoportok veszik körül őket: karanogajok (KNO), karakalpakok (KARA), üzbégek (UZH), valamint krími tatárok (TATC), mongolok (MON), szólkupok (SEL) és taganíri dolganok (DLGT).

## Következtetések

A honfoglalók apai származása és összetétele meglehetősen hasonló az anyai vonalakéhoz (Neparáczi és mtsai. 2018). Az Y-hcs-ok 20,7% -a Kelet-Euráziából származik, ez az érték az mtDNS-nél 30,4%; a nyugat-eurázsiai apai vonalak aránya 69%, szemben az mtDNS 58,8%-ával. Az északnyugat-európai és a kaukázusi-közel-keleti származású férfiak és nők aránya közel azonos. Ez az eredmény szintén a férfiak és nők hasonló származását, tehát a teljes népesség bejövételét mutatja. Az Y-kromoszóma-összetétel, az MDS-vizsgálat és az N1a-vonalak főkomponens-elemzése is arra utal, hogy a honfoglalók eredetét közép-ázsiai és a kelet-európai sztyeppe népcsoportok keveredésével magyarázhatjuk, ahhoz hasonlóan, amit az anyai vonaloknál leírtak (Neparáczi és mtsai. 2018). A honfoglaló apai vonalak összetétele a baskírokéra hasonlít, míg az anyaiak vonalak összetétele a volgai tatárokhoz hasonlított (Neparáczi és mtsai. 2018). Ezen újabb kori populációk egymás mellett élnek, őstörténetük (Frank 1998) és genetikai összetételük hasonló, ugyanazon földrajzi forrásokból származnak, amelyeket a honfoglalókban is észleltünk. Ezenkívül meg kell jegyezni, hogy a baskír adatok hiányoztak a mitogenom-adatbázisból, míg a volgai tatároké az Y-kromoszóma-adatbázisunkból, mert ezek az adatok nem voltak elérhetőek. Azonban a két csoport N1a-eloszlása meglehetősen hasonló, ezért egymás mellé kerültek a 7. ábrán. Kijelenthető, hogy az anyai és apai vonalokból kapott eredmények összhangban vannak egymással.

A honfoglaló-baskír kapcsolatot a történeti források is ismerik, mivel több arab történész (al-Masudi, al-Qazwini, al-Balhi, al-Istahri) a Kár-



pát-medencében élő korai magyarokat a baskírokkal azonosította (Gibb 1986). Abu Hamid al-Garnati 1150 körül mindkét népcsoportot meglátogatta, és a Bashgird kifejezést használta a Kárpát-medence magyarjaira is. További párhuzamokat találtak több honfoglaló és baskír törzs elnevezése között, és Baskíriát a történeti Magna Hungariával, a honfoglalók anyaországával azonosították (Németh 1991).

A honfoglaló-temetőkön belül potenciális rokonokat azonosítottunk, de különböző temetők között ilyeneket nem találtunk. A kevés sírszámú Karos3 (19 sír) és a magyarhomorogi (17 sír) temető apai származása egységesen alátámasztja e közösségek patriarchális szerveződését. A magyarhomorogi leletek azonos I2a1a2b hcs-jai gyakorinak tűnnek a magas rangú honfoglalók körében, mivel a Karos2 és 3 temető kivételes leletanyagú vezéri sírjai is ebbe a vonalba tartoznak. A Karos2 és a Karos3 temető vezérei testvérek voltak, azonos mitogenommal (Neparáczi és mtsai. 2018) és Y-kromoszomális STR-profillal (Fóthi és mtsai., nem közölt eredmény) rendelkeztek. A sárrétudvari köznépi temető különbözőnek tűnik a többitől, mivel eltérő típusú, európai hcs-okat tartalmaz. A temetőből rendelkezésre álló Y-kromoszóma és mtDNS-adatok (Neparáczi és mtsai. 2018) arra utalnak, hogy a 10. századi köznépi temetők inkább a helyben tovább élő lakosságot képviselik, s nem az újonnan érkező honfoglalókat. A honfoglalók apai és anyai vonalai, fenotípusuk, és autoszómás biogeográfiai eredete igen heterogén, egy olyan népesség képét mutatja, amely viszonylag nemrég állt össze, eltérő származású csoportok összeolvadásából.

Ezzel szemben a vizsgált avar katonai vezetőcsoport sokkal egységesebbnek mutatkozott. Az avar csoport genetikailag túlnyomórészt kelet-eurázsiai származású, s ez összhangban van azzal, amit belső-ázsiai származásukról, a régészeti és antropológiai párhuzamokból, valamint történeti forrásokból tudunk róluk. A rájuk jellemző speciális szibériai N1a hcs-ok azonban új megvilágításba helyezik őstörténetüket. Ha elfogadjuk a feltételezett zsuán-zsuán származást, akkor ez azt jelentheti,

hogy a türk hatalomátvétel előtt Belső-Ázsiában szibériai származású volt az uralkodó réteg. Az N1a1a1a1a3 hcs meglepően gyakori volta rámutat arra, hogy a mai kelet-szibériaiak és burjátok ősei jelentős részét adhatták a zsuán-zsuán és az avar elitnek, de pontos összetételük tisztázása érdekében több avar temetőből származó nagyobb mintaszámra van szükség.

Az avar és a honfoglaló vezetőcsoportok genetikai profilja lényegesen különbözőnek tűnik, mivel az utóbbi csoportot megkülönbözteti az európai hcs-ok, az I2a1a2b-L621, R1b1a1b1a1a1-U106 és a finn permi N1a1a1a1a2-Z1936 ág magas aránya. A honfoglalók szibériai N1a1a1a1a4 alcsoportja szintén eltérő forráspopulációira mutat: a jakutok, evenksek és evenkik őseire. Ennek ellenére a keleti eurázsiai R1a-alcsoport – az R1a1a1b2a-Z94 –, a hun, az avar és a honfoglaló elit összekötő szálának tűnik. Mindhárom hun kori vonal párhuzamát megtaláltuk a honfoglalók között, míg az avarokban csak egyikük volt jelen, de a kevés hun és avar mintaszám miatt még nem vonhatunk le komoly következtetéseket.

Általánosan elfogadott, hogy a magyar nyelvet a honfoglalók hozták a Kárpát-medencébe. Az uráli nyelvű populációkat az N alágába tartozó Y-hcs-ok gyakori volta jellemzi, amelyeket gyakran a közös származás genetikai jeleként értelmeznek. A közelmúltban valóban kimutatták, hogy az uráli nyelvű népeiségeket összeköti egy szibériai eredetű genomkomponens, amely teljesen hiányzik a mai magyarokból (Tambets és mtsai. 2018). A honfoglaló elit jelentős hányadában fordul elő N hcs, mert 7%-uk az N1a1a1a1a4-M2118, 10%-uk pedig az N1a1a1a1a2-Z1936 vonalba tartozik, s ezek jelen vannak az osztjásokban és a vogulokban is (Ilumäe és mtsai. 2016). Ugyanakkor a vizsgált honfoglalók egyike sem tartozott a Z1936-nak az L1034-es alágába, míg a az összes Z1936-os osztják vonal L1034-nek bizonyult (Karafet és mtsai. 2018) – ezt a másik közleményben (Ilumäe és mtsai. 2016) nem vizsgálták. A populációgenetikai adatok a honfoglaló elitet inkább a török népcsoportok közé, a baskírok és a volgai tatárok között helyezik el, összhangban a kortárs történeti beszámolókkal, miszerint a honfoglalókat türk-nek hívták (Kristó 1996). Ez persze nem

zárja ki annak lehetőségét, hogy a magyar nyelv is jelen lehetett ebben a nyilvánvalóan nagyon heterogén összetételű, valószínűleg több nemzeti-ségű törzsszövetségben.

## **Módszerek**

A speciális szakmai módszerek ismertetését az évkönyvben mellőzük, de elérhetők a nemzetközi szakfolyóiratban megjelent publikációban (doi:10.1038/s41598-019-53105-5).

További információk, kiegészítő információk és kiegészítő táblázatok letölthetők innen: [www.nature.com/articles/s41598-019-53105-5](http://www.nature.com/articles/s41598-019-53105-5)

## FELHASZNÁLT IRODALOM

- Allentoft és mtsai.* 2015. Allentoft, M.E., Sikora, M., Sjögren, K.-G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P.B., Schroeder, H., Ahlström, T., Vinner, L., Malaspinas, A.-S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Baron, J., Casa, P. Della, Dąbrowski, P., Duffy, P.R., Ebel, A. V., Epimakhov, A., Frei, K., Furmanek, M., Gralak, T., Gromov, A., Gronkiewicz, S., Grupe, G., Hajdu, T., Jarysz, R., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kiss, V., Kolář, J., Kriiska, A., Lasak, I., Longhi, C., McGlynn, G., Merkevicius, A., Merkyte, I., Metspalu, M., Mkrtychyan, R., Moiseyev, V., Paja, L., Pálfi, G., Pokutta, D., Pospieszny, Ł., Price, T.D., Saag, L., Sablin, M., Shishlina, N., Smrčka, V., Soenov, V.I., Szeverényi, V., Tóth, G., Trifanova, S. V., Varul, L., Vicze, M., Yepiskoposyan, L., Zhitenev, V., Orlando, L., Sicheeritz-Pontén, T., Brunak, S., Nielsen, R., Kristiansen, K., Willerslev, E.: Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522. (2015) 167–172. <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Amigo és mtsai.* 2008. Amigo, J., Phillips, C., Lareu, M., Carracedo, Á.: The SNPforID browser: An online tool for query and display of frequency data from the SNPforID project. *Int. J. Legal Med.* 122. (2008) 435–440. <https://doi.org/10.1007/s00414-008-0233-7>
- Csáky és mtsai.* 2018. Csáky, V., Gerber, D., Koncz, I., Csiky, G., Mende, B.G., Marcsik, A., Molnár, E., Pálfi, G., Gulyás, A., Kovacsóczy, B., Lezsák, G.M., Lőrinczy, G., Szécsényi-Nagy, A., Vida, T.: Inner Asian maternal genetic origin of the Avar period nomadic elite in the 7th century AD Carpathian Basin. *bioRxiv*. (2018) <https://doi.org/https://doi.org/10.1101/415760>
- Csányi és mtsai.* 2008. Csányi, B., Bogácsi-Szabo, E., Tömöry, G., Czi-bula, Á., Priskin, K., Csösz, A., Mende, B., Langó, P., Csete, K., Zsolnai, A., Conant, E.K., Downes, C.S., Raskó, I.: Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations

from the Carpathian Basin. *Ann. Hum. Genet.* 72. (2008) 519–534.  
<https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2008.00440.x>

*Csősz és mtsai.* 2016. Csősz, A., Szécsényi-Nagy, A., Csákyová, V., Langó, P., Bódis, V., Köhler, K., Tömöry, G., Nagy, M., Mende, B.G.: Maternal Genetic Ancestry and Legacy of 10th Century AD Hungarians. *Sci. Rep.* 6. (2016) 33446. <https://doi.org/10.1038/srep33446>

*De Barros Damgaard és mtsai.* 2018. De Barros Damgaard, P., Marchi, N., Rasmussen, S., Peyrot, M., Renaud, G., Korneliussen, T., Moreno-Mayar, J.V., Pedersen, M.W., Goldberg, A., Usmanova, E., Baimukhanov, N., Loman, V., Hedeager, L., Pedersen, A.G., Nielsen, K., Afanasiev, G., Akmatov, K., Aldashev, A., Alpaslan, A., Baimbetov, G., Bazaliiskii, V.I., Beisenov, A., Boldbaatar, B., Boldgiv, B., Dorzhu, C., Ellingvag, S., Erdenebaatar, D., Dajani, R., Dmitriev, E., Evdokimov, V., Frei, K.M., Gromov, A., Goryachev, A., Hakonarson, H., Hegay, T., Khachatryan, Z., Khaskhanov, R., Kitov, E., Kolbina, A., Kubatbek, T., Kukushkin, A., Kukushkin, I., Lau, N., Margaryan, A., Merkyte, I., Mertz, I. V., Mertz, V.K., Mijiddorj, E., Moiyesev, V., Mukhtarova, G., Nurmukhanbetov, B., Orozbekova, Z., Panyushkina, I., Pieta, K., Smrčka, V., Shevnina, I., Logvin, A., Sjögren, K.G., Štolcová, T., Tashbaeva, K., Tkachev, A., Tulegenov, T., Voyakin, D., Yepiskoposyan, L., Undrakhbold, S., Varfolomeev, V., Weber, A., Kradin, N., Allentoft, M.E., Orlando, L., Nielsen, R., Sikora, M., Heyer, E., Kristiansen, K., Willerslev, E.: 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature* 557. (2018) 369–374. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2>

*De Barros Damgaard és mtsai.* 2018. De Barros Damgaard, P., Martiniano, R., Kamm, J., Víctor Moreno-Mayar, J., Kroonen, G., Peyrot, M., Barjamovic, G., Rasmussen, S., Zacho, C., Baimukhanov, N., Zaiibert, V., Merz, V., Biddanda, A., Merz, I., Loman, V., Evdokimov, V., Usmanova, E., Hemphill, B., Seguin-Orlando, A., Yediay, F.E., Ullah, I., Sjögren, K.G., Iversen, K.H., Choin, J., de la Fuente, C., Ilardo, M.,

- Schroeder, H., Moiseyev, V., Gromov, A., Polyakov, A., Omura, S., Senyurt, S.Y., Ahmad, H., McKenzie, C., Margaryan, A., Hameed, A., Samad, A., Gul, N., Khokhar, M.H., Goriunova, O.I., Bazaliiskii, V.I., Novembre, J., Weber, A.W., Orlando, L., Allentoft, M.E., Nielsen, R., Kristiansen, K., Sikora, M., Outram, A.K., Durbin, R., Willerslev, E.: The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia. *Science* (2018) (80-. ). <https://doi.org/10.1126/science.aar7711>
- Enattah és mtsai. 2002.* Enattah, N.S., Sahi, T., Savilahti, E., Terwilliger, J.D., Peltonen, L., Järvelä, I.: Identification of a variant associated with adult-type hypolactasia. *Nat. Genet.* 30. (2002) 233–237. <https://doi.org/10.1038/ng826>
- Fóthi 2000.* Fóthi, E.: Anthropological conclusions of the study of Roman and Migration periods. *Acta Biol.* 44. (2000) . 87–94.
- Frank 1998.* Frank, A. J.: Islamic Historiography and „Bulghar” Identity Among the Tatars and Bashkirs of Russia. Brill, Lieden, 1998.
- Gibb 1986.* Gibb, H. A. R.: The Encyclopaedia of Islam. Brill, Leiden, 1986.
- Ilumäe és mtsai. 2016.* Ilumäe, A.M., Reidla, M., Chukhryaeva, M., Järve, M., Post, H., Karmin, M., Saag, L., Agdzhoyan, A., Kushniarevich, A., Litvinov, S., Ekomasova, N., Tambets, K., Metspalu, E., Khusainova, R., Yunusbayev, B., Khusnutdinova, E.K., Osipova, L.P., Fedorova, S., Utevska, O., Koshel, S., Balanovska, E., Behar, D.M., Balanovsky, O., Kivisild, T., Underhill, P.A., VILLEMS, R., Rootsi, S.: Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *Am. J. Hum. Genet.* 99. (2016) 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- Itan és mtsai. 2010.* Itan, Y., Jones, B.L., Ingram, C.J., Swallow, D.M., Thomas, M.G.: A worldwide correlation of lactase persistence phenotype and genotypes. *BMC Evol. Biol.* (2010) <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-36>

- Jones és mtsai. 2015.* Jones, E. R., Gonzalez-Fortes, G., Connell, S., Siska, V., Eriksson, A., Martiniano, R., McLaughlin, R.L., Gallego Llorente, M., Cassidy, L.M., Gamba, C., Meshveliani, T., Bar-Yosef, O., Müller, W., Belfer-Cohen, A., Matskevich, Z., Jakeli, N., Higham, T.F.G., Currat, M., Lordkipanidze, D., Hofreiter, M., Manica, A., Pinhasi, R., Bradley, D.G.: Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians. *Nat. Commun.* (2015) <https://doi.org/10.1038/ncomms9912>
- Karafet és mtsai. 2018.* Karafet, T.M., Osipova, L.P., Savina, O. V., Hallmark, B., Hammer, M.F.: Siberian genetic diversity reveals complex origins of the Samoyedic-speaking populations. *Am. J. Hum. Biol.* (2018) <https://doi.org/10.1002/ajhb.23194>
- Keyser-Tracqui és mtsai. 2003.* Keyser-Tracqui, C., Crubézy, E., Ludes, B.: Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000-year-old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *Am. J. Hum. Genet.* 73. (2003) 247–60. <https://doi.org/10.1086/377005>
- Kim és mtsai. 2010.* Kim, K., Brenner, C.H., Mair, V.H., Lee, K.H., Kim, J.H., Gelegdorj, E., Batbold, N., Song, Y.C., Yun, H.W., Chang, E.J., Lkhagvasuren, G., Bazarragchaa, M., Park, A.J., Lim, I., Hong, Y.P., Kim, W., Chung, S.I., Kim, D.J., Chung, Y.H., Kim, S.S., Lee, W.B., Kim, K.Y.: A Western Eurasian male is found in 2000-year-old elite Xiongnu cemetery in Northeast Mongolia. *Am. J. Phys. Anthropol.* 142. (2010) 429–440. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21242>
- Kristó 1996.* Kristó, G.: Hungarian History in the Ninth Century. Szegedi Középkorász Műhely, Szeged, 1996.
- Lazaridis és mtsai. 2016.* Lazaridis, I., Nadel, D., Rollefson, G., Merrett, D.C., Rohland, N., Mallick, S., Fernandes, D., Novak, M., Gamarra, B., Sirak, K., Connell, S., Stewardson, K., Harney, E., Fu, Q., Gonzalez-Fortes, G., Jones, E.R., Roodenberg, S.A., Lengyel, G., Bocquentin, F., Gasparian, B., Monge, J.M., Gregg, M., Eshed, V., Mizrahi, A.-S., Meiklejohn, C., Gerritsen, F., Bejenaru, L., Blüher, M.,

- Campbell, A., Cavalleri, G., Comas, D., Froguel, P., Gilbert, E., Kerr, S.M., Kovacs, P., Krause, J., McGettigan, D., Merrigan, M., Merriwether, D.A., O'Reilly, S., Richards, M.B., Semino, O., Shamoon-Pour, M., Stefanescu, G., Stumvoll, M., Tönjes, A., Torroni, A., Wilson, J.F., Yengo, L., Hovhannisyan, N.A., Patterson, N., Pinhasi, R., Reich, D.: Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature*, 536. (2016) <https://doi.org/10.1038/nature19310>
- Lipson és mtsai. 2017.* Lipson, M., Szécsényi-Nagy, A., Mallick, S., Pósa, A., Stégmár, B., Keerl, V., Rohland, N., Stewardson, K., Ferry, M., Michel, M., Oppenheimer, J., Broomandkoshbacht, N., Harney, E., Nordenfelt, S., Llamas, B., Gusztáv, B.M., Köhler, K., Oross, K., Bondár, M., Marton, T., Osztás, A., Jakucs, J., Paluch, T., Horváth, F., Csengeri, P., Koós, J., Sebok, K., Anders, A., Raczky, P., Regenye, J., Barna, J.P., Fábíán, S., Serlegi, G., Toldi, Z., Nagy, E.G., Dani, J., Molnár, E., Pálfi, G., Márk, L., Melegh, B., Bánfai, Z., Domboróczki, L., Fernández-Eraso, J., Mujika-Alustiza, J.A., Fernández, C.A., Echevarría, J.J., Bollongino, R., Orschiedt, J., Schierhold, K., Meller, H., Cooper, A., Burger, J., Bánffy, E., Alt, K.W., Lalueza-Fox, C., Haak, W., Reich, D.: Parallel palaeogenomic transects reveal complex genetic history of early European farmers. *Nature*, 551. (2017) 368–372. <https://doi.org/10.1038/nature24476>
- McNevin és mtsai. 2013.* McNevin, D., Santos, C., Gómez-Tato, A., Álvarez-Dios, J., de Cal, M.C., Daniel, R., Phillips, C., Lareu, M. V.: An assessment of Bayesian and multinomial logistic regression classification systems to analyse admixed individuals. *Forensic Sci. Int. Genet. Suppl. Ser.* (2013) <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2013.10.032>
- Nagy és mtsai. 2011.* Nagy, D., Tömöry, G., Csányi, B., Bogácsi-Szabó, E., Czibula, Á., Priskin, K., Bede, O., Bartosiewicz, L., Downes, C.S., Raskó, I.: Comparison of lactase persistence polymorphism in ancient and present-day Hungarian populations. *Am. J. Phys. Anthropol.* (2011) <https://doi.org/10.1002/ajpa.21490>



- Narasimhan 2018.* Narasimhan, V. M.: The genomic formation of South and Central Asia. bioRxiv. (2018) <https://doi.org/10.1016/j.jcis.2006.12.070>
- Németh 1991.* Németh, G.: A honfoglaló magyarság kialakulása. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1991.
- Neparáczkai és mtsai. 2017.* Neparáczkai, E., Juhász, Z., Pamjav, H., Fehér, T., Csányi, B., Zink, A., Maixner, F., Pálfi, G., Molnár, E., Pap, I., Kustár, Á., Révész, L., Raskó, I., Török, T.: Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. *Mol. Genet. Genomics* 292. (2017) 201–214. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1267-z>
- Neparáczkai és mtsai. 2018.* Neparáczkai, E., Maróti, Z., Kalmár, T., Kocsy, K., Maár, K., Bihari, P., Nagy, I., Fóthi, E., Pap, I., Kustár, Á., Pálfi, G., Raskó, I., Zink, A., Török, T.: Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLoS One* 13. e0205920. (2018) <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- Phillips és mtsai. 2007.* Phillips, C., Salas, A., Sánchez, J.J., Fondevila, M., Gómez-Tato, A., Álvarez-Dios, J., Calaza, M., de Cal, M.C., Ballard, D., Lareu, M. V., Carracedo, Á.: Inferring ancestral origin using a single multiplex assay of ancestry-informative marker SNPs. *Forensic Sci. Int. Genet.* (2007) <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.06.008>
- Šebest és mtsai. 2018.* Šebest, L., Baldovič, M., Frtús, A., Bognár, C., Kyselíková, K., Kádasi, L., Beňuš, R.: Detection of mitochondrial haplogroups in a small avar-slavic population from the eighth–ninth century AD. *Am. J. Phys. Anthropol.* (2018) <https://doi.org/10.1002/ajpa.23380>
- Shi és mtsai. 2013.* Shi, H., Qi, X., Zhong, H., Peng, Y., Zhang, X., Ma, R.Z., Su, B.: Genetic Evidence of an East Asian Origin and Paleolithic Northward Migration of Y-chromosome Haplogroup N. *PLoS One* 8. (2013) <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066102>

- Szabados 2011.* Szabados, G.: Magyar államalapítások a IX-XI. században. Szegedi Középkorász Műhely, Szeged, 2011.
- Szádeczky-Kardoss 1990.* Szádeczky-Kardoss, S.: The Avars., In: Sinor, D. (Ed.): The Cambridge History of Early Inner Asia. Cambridge University Press, Cambridge, 1990. 206–228. <https://doi.org/10.1017/CHOL9780521243049.009>
- Szentpétery 1937.* Szentpétery, I.: Scriptorum rerum Hungaricarum tempore ducum regnumque stirpis Arpadianae gestarum. Acad. Litter. Hungarica, Budapest, 1937.
- Tambets 2018.* Tambets, K., Yunusbayev, B., Hudjashov, G., Ilumäe, A.M., Rootsi, S., Honkola, T., Vesakoski, O., Atkinson, Q., Skoglund, P., Kushniarevich, A., Litvinov, S., Reidla, M., Metspalu, E., Saag, L., Rantanen, T., Karmin, M., Parik, J., Zhadanov, S.I., Gubina, M., Damba, L.D., Bermisheva, M., Reisberg, T., Dibirova, K., Evseeva, I., Nelis, M., Klovins, J., Metspalu, A., Esko, T., Balanovsky, O., Balanovska, E., Khusnutdinova, E.K., Osipova, L.P., Voevoda, M., VILLEMS, R., Kivisild, T., Metspalu, M.: Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations. *Genome Biol.* (2018) <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>
- Underhill és mtsai. 2015.* Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Järve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Di Cristofaro, J., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Šarac, J., Šaric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., VILLEMS, R.: The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *Eur. J. Hum. Genet.* (2015) <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.50>
- Van Oven és mtsai. 2014.* Van Oven, M., Van Geystelen, A., Kayser, M., Decorte, R., Larmuseau, M.H.: Seeing the wood for the trees: A minimal reference phylogeny for the human Y chromosome. *Hum.*

Mutat. 35. (2014) 187–191. <https://doi.org/10.1002/humu.22468>

*Walsh és mtsai. 2013.* Walsh, S., Liu, F., Wollstein, A., Kovatsi, L., Ralf, A., Kosiniak-Kamysz, A., Branicki, W., Kayser, M.: The HIrisPlex system for simultaneous prediction of hair and eye colour from DNA. *Forensic Sci. Int. Genet.* (2013)<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.07.005>

*Wolfram 1979.* Wolfram, Herwig: *Conversio Bagoariorum et Carantanorum: Das Weissbuch der Salzburger Kirche über die erfolgreiche Mission in Karantänien und Pannonien.* H. Böhlau Nachf, Wien-Köln-Graz, 1979.

