

# ARCHEOGENETIKA ÉS MAGYAR ŐSTÖRTÉNET: HOL TARTUNK 2021 ELEJÉN?

## ARCHAEOGENETICS AND HUNGARIAN PREHISTORY: STATE OF RESEARCH IN EARLY 2021

Szécsényi-Nagy Anna<sup>1</sup>, Szeifert Bea<sup>2</sup>, Csáky Veronika<sup>3</sup>, Mende Balázs Gusztáv<sup>4</sup>

<sup>1–4</sup>Eötvös Loránd Kutatási Hálózat Bölcsészettudományi Kutatóközpont Archeogenomikai Intézet  
(volt Régészeti Intézet Archeogenetikai Laboratórium), Budapest

<sup>1</sup>PhD

szecsényi-nagy.anna@abtk.hu

<sup>2</sup>MSc

szeifert.bea@abtk.hu

<sup>3</sup>PhD

csaky.veronika@abtk.hu

<sup>4</sup>PhD

mende.balazs@abtk.hu

### ÖSSZEFOGLALÁS

Az utóbbi években jelentősen felerősödött az igény a honfoglalás kori magyarság eredetének kutatására. Ebben a tanulmányban a kérdéskör archeogenetikai eredményeinek jelen állását foglaljuk össze. Bemutatjuk a Kárpát-medence honfoglalás kori népességét érintő korábbi tanulmányokat, és kitekintünk a legfrissebb, eurázsiai népmozgásokat feltáró genomikai közlésekre. A honfoglaló népesség etnogenezisének kutatása önmagában a Kárpát-medence 8–10. századi sírjaiból nyert genetikai adatok alapján csupán a találgatások szintjéig juthat el, elengedhetetlen a feltételezett forrásterületek (Volga–Urál-vidék, kelet-európai füves és erdős sztyeppe) vizsgálata és ezek összehasonlító elemzése is. A genomikai módszerek az utóbbi években elérték a hazai archeogenetikai kutatásokat is, ezek használata és az eredmények interpretálása új távlatok mellett azonban új kihívásokat is jelent a kutatóközösség számára.

### ABSTRACT

Recently, there has been a significant upsurge of interest in research on the origin of the ancient Hungarians of the Conquest period. In this study, we summarise the current results of the archaeogenetic analyses conducted as part of ethnogenesis research projects. We present the findings of previous studies focusing on the early Hungarian population of the Carpathian Basin as well as the latest genomic publications exploring Eurasian population movements. Research on the ethnogenesis of the early Hungarian population—based on the genetic data obtained from the 8<sup>th</sup>–10<sup>th</sup>-century burials of the Carpathian Basin—provides no more than educated

guesses and therefore the study and comparative analysis of the data from the assumed source areas (Volga and Ural regions, Eastern European grass and forest steppe area) is indispensable. During the past few years, next generation sequencing and genomic methods have made an impact on Hungarian archaeogenetic research. The use of these methods and the interpretation of the new results provide not only new perspectives, but also new challenges for the academic community.

**Kulcsszavak:** archeogenetika, magyar őstörténet, honfoglalás, Urál-vidék

**Keywords:** archaeogenetics, Hungarian prehistory, Hungarian conquest, Ural region

## BEVEZETÉS

A honfoglaló népesség a 9. század végén hosszú vándorlás után, kelet-európai szállásterületük irányából érkezett a Kárpát-medencébe. A nyelvészeti adatok arra utalnak, hogy az uráli eredetű magyar nyelvet hordozó közösség (melynek önállóvá válását a nyelvészeti kutatás Kr. e. 1000 és Kr. e. 500 közé teszi) az Urál vidékén, annak keleti oldalán alakult ki (Fodor, 2009). A régészeti kutatások az utóbbi években jelentős előrelépéseket tettek a magyarok vándorlása kelet-európai „nyomainak” feltárása terén. Ezt a modern természettudományos módszerek nyújtotta vizsgálatok is kiegészítik.

Az utóbbi évek új régészeti eredményei az eddig vázolt modellek közül azt erősítik, amely a honfoglaló magyarság Volga–Urál térségéből való eredetét és a 9. század eleji európai feltűnését valószínűsíti (Türk–Langó, 2020). Jelenlegi tudásunk szerint az első, magyarokkal kapcsolatba hozható régészeti kultúrák (kuszarenkovói, karajakupovói) nyomai a Közép- és Dél-Urál vidékének a hegység keleti oldalától a Volga középső folyásáig terjedő régióból ismertek. A történeti adatok alapján a Volga–Urál-vidék területét elhagyva a magyarság egy része több ezer km-t vándorolt a Közép-Volga régió át, többnyire a kelet-európai erdős és füves sztyepp határán mozogva, előbb a Fekete-tenger északi előterébe (Szubotci-típusú lelőhelyek), majd a Kárpát-medencébe érkezve (az erre vonatkozó irodalom összefoglalásával Türk–Langó, 2020). A magyarság más csoportjai a Volga–Dél-Urál térségében maradtak. Az ő nyomukat találta meg Julianus barát forrásaink alapján a 13. század középső harmadában (Györffy, 1986). A nyugatra vándorló néprész mozgásának pontos útvonala, szállásterületeik, valamint mindezek időrendi részkérdései azonban ebben az igen forráshiányos időszakban még a mai napig nem tisztázottak, és további kutatásokat igényelnek.

A Kárpát-medencébe érkező, annak központi területeit 895–907 között birtokba vevő magyarok új hazájukban nagyságrendileg is csak becsült számú, vegyes

etnikumú, leginkább avar, szláv és frank elemekből álló népeiséget találhattak. A honfoglalás kor előtt négy és fél évszázaddal létezett hun birodalom nyomait ekkorra már elsöpörték az utánuk következő népmozgások, Attila birodalmának vegyes késő római (romanizált), szarmata és germán eredetű alaplakossága pedig beolvadt az avar kori népeiségbe.

### A KÁRPÁT-MEDENCEI NÉPESSÉGEK GENETIKAI ADATAIT TÁRGYALÓ TANULMÁNYOK SZEMLÉJE

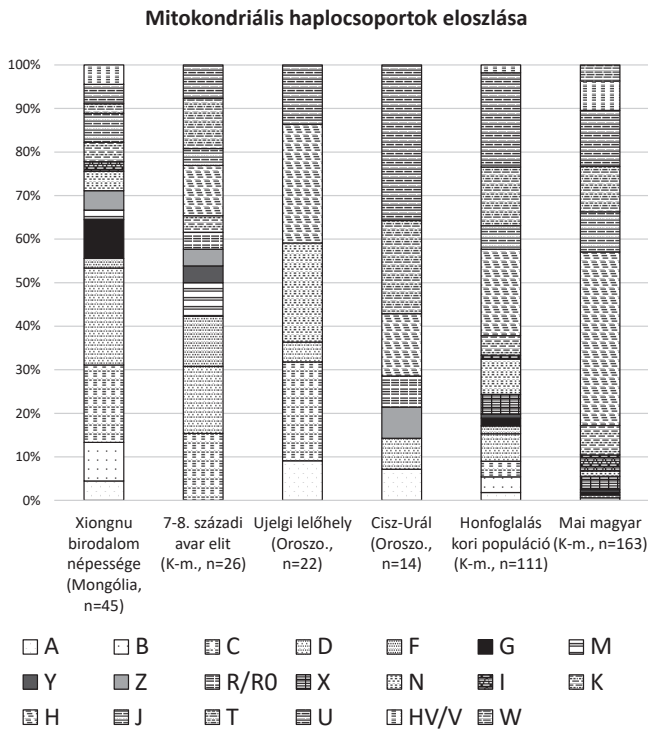
Archeogenetikai vizsgálataink a csont- és fogleletek DNS állományára irányulnak. A sejtekben kétféle DNS található: sejtmagi és mitokondriális DNS (mtDNS). Ez utóbbi minden sejtben százas vagy akár többes nagyságrendű kópiaszámokban van jelen, ezért történeti korú csontokból is hatékonyan kinyerhető és vizsgálható. Kizárólagos anyai öröklődése révén alkalmas az anyai leszármazási vonalak vizsgálatára. Az mtDNS bázissorrendje, az ún. nukleotid szekvencia mintázata adja az egyén haplotípusát. Az egyes haplotípusokat törzsfa alapján haplocsoportokba soroljuk. Az apai vonalak vizsgálata a sejtben található Y-kromoszóma szekvenciamintázata alapján, az mtDNS-hez hasonló módon lehetséges. A későbbiekben is tárgyalt filogenetikai fa az egyik legfontosabb és legszemléletesebb eszköze a filogenetikának (azaz leszármazási kapcsolatok vizsgálatával foglalkozó tudományág). Ez segít például egy-egy anyai vagy apai leszármazási vonal eredetét visszakövetni térben és időben. Míg az apai és az anyai vonalak vizsgálata az adott személy egy-egy ősről árul el adatokat, a sejtmagi genom testi kromoszómái számos őst kombinált eredetinformációját hordozzák.

*Mitokondriális DNS-vizsgálatok.* Az elmúlt években több kutatócsoport is vizsgálta a magyarok eredetét archaikus és modern kori egyének genetikai elemzésével. Az első, úttörő kutatások a mitokondriális DNS hipervariábilis régiójának szekvenciaazonosítására irányultak (például Csősz et al., 2016).<sup>1</sup> Ma már százánál is több, a Kárpát-medencéből előkerült, a magyar honfoglalás kori népeiség temetőiben nyugvó egyén<sup>2</sup> teljes mitokondriális genom szekvenciáját ismerjük (16 569 bázispár a teljes mitogenom, szemben a hipervariábilis régió 300–400 bázispár hosszúságban vizsgált szakaszaival) (Neparáczi et al., 2017; Neparáczi

<sup>1</sup> A kezdeményezés Bálint Csanád és Raskó István nevéhez köthető, vezetésükkel jött létre akadémiai intézetek közötti együttműködés az archeogenetikai kutatásokra a Nemzeti Kutatási Fejlesztési Programok keretében (2001-től).

<sup>2</sup> A tanulmányban a „honfoglalás kori” megnevezés a honfoglaláskor a Kárpát-medencébe érkezett népeiség által zömmel a 10. század mintegy első kétharmadában használt temetőkben nyugvó egyénekre vonatkozik, függetlenül attól, hogy még a Kárpátoktól keletre vagy már a Kárpát-medencében születtek-e, illetve, hogy lehetnek-e köztük esetleg a Kárpát-medencében talált népeiség tagjai közül származó személyek is.

et al., 2018; Csáky et al., 2020b). Az archaikusak mellett több mint 160 recens magyarországi minta teljes mitogenom szekvenciája található meg a nemzetközi adatbázisokban (Batini et al., 2017; Malyarchuk et al., 2018; Tombácz et al., 2019). A figyelem középpontjában álló honfoglalás kor előtti évszázadokról is egyre több információt nyerünk. Az avar kori elit vizsgálata egy jelentős belső-ázsiai magra derített fényt, amelyet apai és anyai vonalakon is igazolni lehetett (Csáky et al., 2020a). A népvándorlás kori előzmények feltárása folytatódik az ERC Synergy HistoGenes program keretében (URL1).



**1. ábra.** Mitokondriális haplocsoport frekvenciák bemutatása a tanulmányban tárgyalt populációknál. Az ábrán csupán a makrocsoportok szerepelnek, az egyszerűség kedvéért. Az egyes csoportok egyedszáma zárójelben olvasható. A nagy mintaszámbeli eltérés okozhatja az uráli populációk látszólag egyszerű összetételét. Az ábrához felhasznált irodalom: Jeong et al., 2020; Csáky et al., 2020a, 2020b; Neparácki et al., 2017, 2018; Batini et al., 2017; Malyarchuk et al., 2018; Tombácz et al., 2019

A mai magyarság az egyetlen finnugor nyelvet beszélő nép Közép-Európában, ám a nyelvi izoláció ellenére a mai magyarok genetikai összetétele a többi európai népéhez hasonlatos. Ezzel szemben a honfoglalás kori (10. századi) magyarság genetikai képe az eddigi eredmények alapján keletebbre mutat. Az ezzel

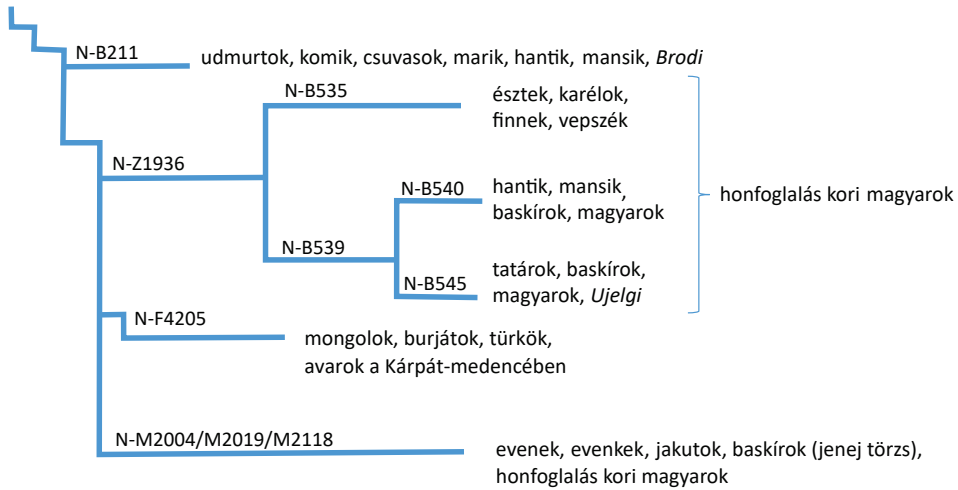
a témakörrel foglalkozó összes tanulmány szerzői azt állapították meg, hogy a honfoglalás kori népesség jelentős hányada (30–40%) kelet-eurázsiai elterjedésű mitokondriális haplocsoportot hordoz, ugyanez az arány a modern magyarokban mindössze 1–5% (l. *ábra*, Csősz et al., 2016; Neparáczki et al., 2018).

A keleti jellegű mitokondriális elemeket a kutatók Közép- és Kelet-Ázsia archaikus és mai népeivel hozták kapcsolatba. Neparáczki Endre és munkatársai kapcsolatot véltek felfedezni a honfoglaló magyarok és a – hunok elődeiként számon tartott (lásd Csiky Gergely írását a jelen kötetben 26–41.) – Hsziungnu Birodalom népessége között a keleti genetikai elemek alapján. 2018-ban ugyanakkor még nem voltak elérhetőek a hsziungnu időszakot reprezentáló DNS-adatok az összehasonlító vizsgálatok számára. Már ekkor is ismert volt azonban a kelet-európai bronzkori Potapovka, Poltavka és Szrubnaja kultúrák népességeiből néhány genetikai vizsgálati eredmény, amelyek alapján a szerzők szerint a nyugati elterjedésű mitokondriális vonalakon keresztül hozzájuk is kapcsolódik a honfoglalás kori magyar népesség anyai génállománya, amely összességében leginkább a mai volgai tatárokra hasonlít (Neparáczki et al., 2018).

*Y-kromoszomális vizsgálatok.* A magyarok apai leszármazási vonalairól jelenleg kevesebb információ áll rendelkezésünkre, mint az anyai vonalokról. A honfoglalás kori magyarság apai vonalait két, nemrégiben megjelent tanulmány vizsgálta. Fóthi Erzsébet és munkatársai három nagy területről eredeztetik az apai vonalakat, melyek szerintük független törzsek (akár etnikumok) forrásai is lehetnek: 1.) a Bajkál-tótól az Altájig terjedő térség, 2.) a Nyugat-Szibériától a Dél-Uralig húzódó területek és 3.) a Fekete-tenger és az Észak-Kaukázus térsége (Fóthi et al., 2020). Neparáczki és munkatársai szerint az apai vonalak összetétele a jelenleg feldolgozott Y-adatok alapján a mai baskírokéra hasonlít leginkább (Neparáczki et al., 2019). Ezzel szemben a mai magyarok – apai vonalaikat tekintve is – a körülöttünk élő európai népekhez hasonlítanak a legjobban (Tambets et al., 2018). Az Y-vonalak diverzitása ugyanakkor a Neparáczki vezette kutatócsoport értékelése szerint is arra utal, hogy a honfoglalás kori magyarságot több, különböző eredetű csoport alkotta. Köztük a Kelet-Euráziából származó csoportot jellemezték az N1a-M2120, R1a-Z2124 és Q1a-F1096 Y típusokkal (Neparáczki et al., 2019). Az N1a (korábban N-Tat vagy N3 névvel is illetett) Y-haplocsoport potenciális kapcsolatot jelenthet az uráli nyelvcsalád mai képviselői között, ezért több tanulmány is specifikusan a haplocsoport alcsoportjaira irányult. Az N-B540 például összeköti a hantikát, mansikát, mai magyarokat és a baskírokat. Az N-B545 alcsoportot pedig (az N1a N-Z1936 alcsoportján belül) megtalálták a mai magyarok, illetve a török nyelvet beszélő mai baskírok és tatárok vizsgálata során is (Post et al., 2019). Az N1a csoport az eddig vizsgált honfoglalás kori magyarok között jelentős arányban fordul elő (25%) (Neparáczki et al., 2019; Fóthi et al., 2020), ám a mai magyar népesség-

ben mindössze 1–4%-ban van jelen (Post et al., 2019). A honfoglalás kori Kárpát-medencében két főbb N1a változatot is észleltek már: a mai észak-szibériai jakutok és evenek mellett a baskírok egyik törzsére is jellemző N-M2004/M2019/M2118 és a Volga–Urál vidék felé mutató N-Z1936 (Neparáczi et al., 2019; Fóthi et al., 2020). Az archaikus DNS töredékes volta miatt azonban az N1a alcsoportra bontása sok esetben eddig nem volt lehetséges, így jelenleg az N-Z1936 ágon belüli alcsoportok pontos meghatározása sem igazolt a honfoglalás kori mintákban (2. ábra).

### N1a/N-M46/N-Tat



**2. ábra.** Az N1a (N-M46 vagy N-Tat) Y-kromoszomális csoport sematikus, egyszerűsített evolúciós törzsfája, jelölve a legfontosabb recens és archaikus populációkat, melyekben az egyes alcsoportok előfordulnak. Készült Csáky et al., 2020a; Fóthi et al., 2020; Neparáczi et al., 2019; Németh et al., 2019; Post et al., 2019 nyomán, az isogg.org Y törzsfája alapján.

Az N betűt követő kódok egy-egy jellemző polimorfizmust (SNP-t) jelölnek, amelyek az adott alcsoportot meghatározzák

A második, kelet-eurázsiaiaként vélt Q1a-F1096 csoportba sorolt mintáról Kenézli-Fazekaszug temetőjéből szintén túl keveset tudunk ahhoz, hogy eredetét (akár evolúciós értelemben) lokalizálhassuk (Neparáczi et al., 2019). A Q1a csoport rendkívül szerteágazó elterjedéssel és alcsoportrendszerrel bír, a kelet-eurázsiai (altáji) kapcsolatok mellett egyaránt elképzelhető nyugat-szibériai vagy észak-kaukázusi eredő is, például a Q1a-L715 csoporton keresztül (párhuzamok fellelhetők a Damgaard et al., 2018; Narasimhan et al., 2019-es tanulmányokban is). További SNP-vizsgálatokkal elérhető pontosabb Y-haplocsoport-besorolás és teljesebb referencia adatbázis közelebb vihet minket ezen apai vonalak valódi történetéhez.

Egy másik, napjainkban felértékelődött Y-kromoszomális vonal az R1a-Z93 egyik alcsoportja (R-Z2124), melyet egy Árpád-házi király (valószínűleg III. Béla) DNS-mintájából azonosítottak Nagy Péter és munkatársai, akik filogenetikai eszközökkel az alcsoport kialakulását a 4500 évvel ezelőtti Észak-Afganisztán területére vezették vissza (Nagy et al., 2021). Az R1a vonal nyomába induló kutatás 4337 modern férfi Y-kromoszómáját elemezte, a mintákat leginkább Észak-Afganisztánból, a Kaukázus vidékéről és a Baskír Köztársaságból gyűjtve. Véleményünk szerint érdemes volna az Urálon túli és a nyugat-kazahsztáni területek népeiségeit is megvizsgálni, hogy a szelektív mintavételezés véletlenül se torzítsa az eredményeket. Fontos tény, hogy az R-Z2124 csoport már jelen volt a bronzkorban Közép-Ázsiában (a mai Kazahsztán területén) és a Dél-Urál térségében (például a Kr. e. 2. évezredi szintista kultúra Kamennyi Ambar lelőhelye Cseljabinszk területéről, Narasimhan et al., 2019). A Z-2124 Y-kromoszomális vonalnak a mai baskírokkal mutatott közeli (mégis 2000 évesre becsült) kapcsolatai (Nagy et al., 2021) pedig a kérdéses csoport Volga- vagy Dél-Urál-vidéki közvetlen eredetét is elképzelhetővé teszik.

#### KITEKINTÉS KELET FELÉ

Ahhoz, hogy a számos, lehetséges előzményként felmerülő népesség között eligazodjunk, tekintsünk át néhány fontosabb, eurázsiai léptékű archeogenomikai eredményt az elmúlt évekből. A Kr. e. 3. évezred első felében a jamnaja időszak genetikai kirajzása a kelet-európai sztyeppéről elérte nemcsak Európát, hanem az Altáj vidékét is (az afanaszjevói kultúra révén), új típusú génállományt terjesztve keleti és nyugati irányba egyaránt (Allentoft et al., 2015). A „jamnaja” genetikai hatás később, a Kr. e. 2. évezredben megjelent Közép-Ázsiában és az Indus völgyében is (Narasimhan et al., 2019). Az utóbbi években több Közép- és Kelet-Ázsiával foglalkozó archeogenomikai tanulmányt is közöltek, melyek rávilágítottak egyrészt a hatalmas területen elterjedt vaskori szkíták (a szkíta kultúrkörbe sorolható népeiségek), másrészt a Hsziungnu Birodalom (Kr. e. 209 – Kr. u. 98) időszakában a mai Mongólia területén élt népeiségek genetikai változatosságára, számos Euráziát átívelő genetikai keveredési esemény mellett (Narasimhan et al., 2019; Jeong et al., 2020). Míg a szkíta időszakban a magyarországi leletek eltérő genetikai mintázatot adnak keleti, kulturális értelemben vett rokonaikkal összehasonlítva, addig az Altáj vidékén jelentős dél-nyugati (iráni) genetikai kapcsolatok fedezhetők fel (így a szaka és a paziriki kultúrák népeiségeiben, Damgaard et al., 2018; Jeong et al., 2020). A hszüungnu időszakban a kelet-európai sztyeppé és a mai Észak-Írán térségének lakossága is összekapcsolódott genetikailag Belső-Ázsiával. Ezért a Neparáczi és munkatársai által „hun őshazaként” leírt régiót már az évezred első felében egy rendkívül kevert népesség lakta (Jeong et



al., 2020), ami miatt az egyedi – akár anyai, akár apai – kapcsolatok jelentősége sokkal csekélyebb az őskori vizsgálati lehetőségekhez képest.

Jelenleg nincs még közölt honfoglalás kori teljes genom adatsorunk a Kárpát-medencéből, az előzetes eredményeket csak előadásokból és tudománynépszerűsítő cikkekből ismerhetjük. Ahogy azonban egyre újabb genomikai adatokat nyerünk Eurázsia népességtörténetének első évezredéből, úgy bonyolódik a populációgenetikai alapkép. Míg korábban a kutatók őskori populációk között vélték felfedezni egy-egy honfoglaló egyén párhuzamát, ezek a kapcsolatok az újabb eredmények függvényében időben és térben mind közelebbiek lehetnek. Ma már látjuk, hogy bizonyos mitokondriális vagy Y-kromoszomális vonal népességtörténeti értelemben keletiként vagy nyugatiként történő interpretálása szinte értelmetlen. Ebben az új típusú, az újabban előálló adatbőség miatt örömteli „káoszban” már a teljes genomok vizsgálata szintjén is bizonytalan sikerű vállalkozás rendet vágni, ezért az adatok értelmezését kellő óvatossággal kell megközelíteni. A ma leginkább használt populációgenetikai módszerek teljes genom szinten allélfrekvenciák (sok százezer nukleotid változat, SNP) összehasonlításaival foglalkoznak; ezt azonban jelenleg is számos buktató nehezíti. Egy-egy „teljes genom”-eredmény értékelésénél nagyon fontos kérdés, hogy hány darab és mennyire gyakori allélt milyen mélységben sikerül szekvenálni, mennyi és milyen referenciapopulációk vizsgálatával állapították meg az adott kapcsolatot. Előfordul, hogy egyik-másik tanulmány újabb lehetséges forráspopulációk vagy vizsgálati „külcsoportok” bevonásával finomítja vagy éppen cáfolja a korábbi megállapításokat. Ugyanez vonatkozik a privát megrendelésre nyújtott szolgáltatásokra is (Ancestry.com, 23andMe és társaik), melyek „meghatározzák”, hogy hány százalékban szkíta vagy viking a megrendelő, azonban ezen eredmények valóságtartalma jelenleg (még) teljesen bizonytalan, és sokszor „frissül”. Ahogyan a privát igényekre épülő eredettesztelések algoritmusai és alap referenciaadatai is folyamatosan fejlődnek, úgy az archaikus DNS-kutatás is újabb és újabb módszereket dolgoz ki a folyamatosan színesedő adatbázisok elemzéséhez.

### A VOLGA ÉS AZ URÁL VIDÉKÉNEK KUTATÁSA

A tudomány jelen állása szerint mind a szkíták, illetve a hunok és a magyarok összekötése, mind pedig a sztyeppén detektált baktriai genetikai hatás direkt összekapcsolása az Árpád-ház származásával igazolhatatlan. Már csak azért is, mert a genetika/genomika nem alkalmas arra, hogy egy-egy népcsoport vagy dinasztia eredettudatát, nyelvét, etnikai azonosságát, illetve annak folytonosságát ilyen távlatokban igazolja. Az egész eurázsiai népességen végzett nagyfelbontású archeogenomikai vizsgálatok azonban finomíthatják a genetikai eredetre vonatkozó becsléseinket.



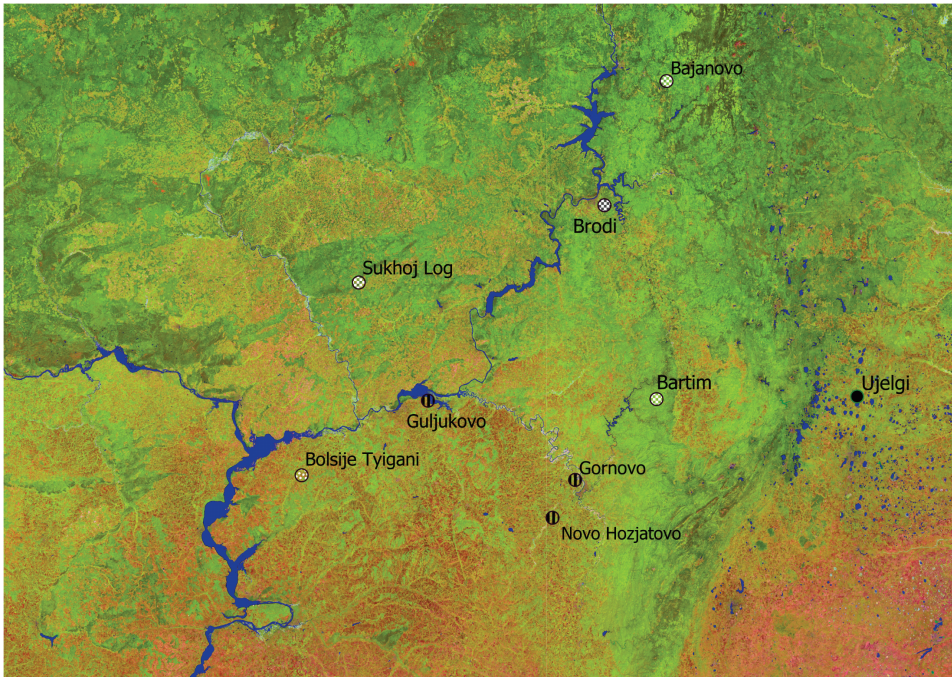
Annak érdekében, hogy a magyarok genetikai eredetéről pontosabb képet kapjunk, a történeti tudományok által feltételezett származási terület és a vándorlási útvonal kronológiailag releváns időszakának közvetlen vizsgálata szükséges. Ez idáig az Urál és a Volga vidéke fehér folt volt az archeogenetikuskok térképén. Csáky Veronika és munkatársai 22, a 9–11. században élt személyt vizsgáltak az Urálon túli Cseljabinszk közelében feltárt Ujelgi temetőből. Ujelgi az Urál keleti oldalán feltételezett magyar szállásterület (feltételezett őshaza) egy kiemelkedő jelentőségű, tárgyi leletek tekintetében a Kárpát-medencei honfoglalás kori régészeti emlékanyaggal kapcsolatba hozható lelőhelye. Munkacsoportunk további 14 egyén maradványát vizsgálta meg az Urál nyugati előterében található négy jelentős lelőhely: Brodi, Szuhaj Log, Bartim, Bajanovo lelőhelyek népességéből (Csáky et al., 2020b). E terület jelentőségét az adja, hogy a lelőhelyek kora középkori (összefoglalóan Kr. u. 3/6–10. századi) hagyatékában a nyevolinói kultúrához, valamint a késő lomovatovói kultúra déli variánsához tartozó bajanovói temetőt a különböző régészeti elképzelések kapcsolatba hozták a magyarok elődeivel és a korai magyarok Urál hegységen való átkelésével (további régészeti szakirodalom a Csáky et al., 2020b; Szeifert et al., 2021 tanulmányokban).

Az egyes lelőhelyekről származó egyének anyai és apai kapcsolatainak felderítése érdekében filogenetikai elemzéseket végeztünk. Eredményeink szerint a vizsgált minták anyai vonalai mind filogenetikai, mind filogeográfiai szempontból már a Volga–Urál-vidéken (keleti és nyugati eredetű) kevert népességre utalnak. Az egyik legfontosabb eredmény, hogy a honfoglalás kori népességben korábban talált „keleti eurázsiai elemek” egy része jelen volt a vizsgált régióban, így ezen elemek már csupán evolúciós értelemben tekinthetők kelet-eurázsiaiak. Ezzel az eredménnyel új megvilágításba kerül a korai magyarok egy jelentős részének „belső-ázsiai” eredete. Mindezek mellett az apai vonalak sokkal homogénebb képet mutatnak, nagy részük a Volga- és Dél-Urál-régióra, azaz a vizsgált lelőhely környezetére jellemző speciális N1a (N-B545) típusba tartozik, mely az N-Z1936-on keresztül kapcsolódik a honfoglalás kori népesség férfitagjainak egy részéhez is, ahogy azt korábban említettük.

Az Urálon túli Ujelgi népessége és a honfoglalás kori népesség között több közvetett vagy közvetlen egyéni filogenetikai kapcsolatot találtunk. Ezek összességükben egyértelmű populációs rokonságról, ugyanakkor összetett népességtörténeti eseményekről árulkodnak. Teljes genom szinten az Ujelgi-populáció jól illeszkedik a mai transzuráli genetikai környezetbe, legszorosabb kapcsolatot a mai szibériai tatárokkal és a mansikkal, archaikus összevetésekben pedig a jelenleg elérhető adatsorok közül a közép-ázsiai vaskori és kora középkori népességgel mutat (Csáky et al., 2020b, 19–20. melléklet).

Az Urál nyugati előteréből vizsgálatba vont temetők lelőhelyenként csupán néhány mintából álló adatai alapján a cisz-uráli populáció néhány esetben filogene-

tikai kapcsolatot mutat a Kárpát-medencei honfoglalókkal, és populációs szinten is közel álltak a honfoglalás kori népességhez, ugyanakkor egyértelmű populációs rokonságot nem lehetett kimutatni. A hasonlóság oka főképp az egykori, a magyar és a környező népek cisz-uráli szállásterületeinek közelsége vagy átfedése lehet.



**3. ábra.** Vizsgálataink tárgyát képező lelőhelyek a Volga-Káma és az Urál vidékén. Fekete és sakktábla mintás körökkel a Csáky et al., 2020b tanulmányban közölt transz- és cisz-uráli mintasorok lelőhelyeit jelöltük. A többi négy lelőhely anyaga a Szeifert et al., 2021 tanulmány részét képezi. A térkép GLAD Mosaic 2020 (URL2) felhasználásával készült QGIS programban

Az Eötvös Loránd Kutatási Hálózat Bölcsészettudományi Kutatóközpont Archeogenomikai Intézetében jelenleg is folyik az a kutatás, amelynek középpontjában további, a korai magyarokhoz régészeti vagy földrajzi értelemben köthető oroszországi minták archeogenetikai elemzése áll. A mintacsoportban megtalálhatóak a Volga középső folyása mentén feltárt Bolsije Tigani temetőben eltemetett egyének (a korai volgai bolgárokka keveredett kusnarenkovói/karajakupovói kultúra népessége, Kr. u. 9–10. század). Köztük a temetkezési szokások és a régészeti leletek vizsgálata alapján egy olyan korai magyar közösség jelenlétét is kimutathatónak tartják a kutatók, akik nem vándoroltak nyugatabbi területekre. Guljukovo, Novo Hozjatovo és Gornovo temetőinek (csijaleki kultúra, Kr. u.

11–14. sz.) vizsgált mintái a régészeti/történeti feltételezések szerint a Julianus által megtalált, keleten maradt magyar népességet reprezentálják (3. ábra).

Az elemzések során Szeifert Bea és munkatársaink a lelőhelyeken belül és azok között is több esetben szoros anyai kapcsolatokat detektáltak, amelyek többször is identikus mtDNS-szekvenciában nyilvánulnak meg, ami a vizsgált egyének közötti szoros anyai ági leszármazási kapcsolat markere. Ilyen esetekre derült fény kelet-eurázsiai és nyugat-szibériai elterjedésű alhaplocsoportok filogenetikai fáin is, mely adatok tovább erősítik azt a feltételezést, hogy a Bolsije Tyigani lelőhelyet és a csijaleki kultúrát képviselő populációk között közeli, akár direkt anyai kapcsolatok állhattak fenn, de mindenképpen az anyai vonalak egy része közös forrásának bizonyítéka (Szeifert et al., 2021).

A projekt folytatásaként a kutatócsoportunk a következő időszakban további Volga–Urál-vidéki és az etelközi hagyatékként feltételezett Szubbotci-típusú lelőhelyek (Ukrajna, Moldávia) genetikai elemzését végzi el. Ezek összehasonlítása a Kárpát-medencébe legkorábban érkezett, vagyis a korábbi szállásterületeken született egyének genetikai profiljával fontos történeti és régészeti következtetésekre vezethet. Az újabb temetők archeogenetikai elemzésének bevonásával, illetőleg a nagy felbontású teljes genomok analízisével a fentebb kimutatott kapcsolatok tovább pontosíthatók és részletesebben feltárhatók lesznek.

### KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kézirat véleményezését köszönjük Türk Attilának és Gerber Dánielnek. Az Eötvös Loránd Kutatási Hálózat Bölcsészettudományi Kutatóközpont Régészeti Intézetének szövegben említett kutatásai az Árpád-ház Program IV.2. keretein belül, valamint az Innovációs és Technológiai Minisztérium támogatásával a Tématerületi Kiválósági Program: Magyarország és a Kelet kapcsolatának régészeti kutatása (Keleti Örökségünk PPKÉ Interdiszciplináris Történeti és Régészeti Kutatócsoport (TUDFO/51757-1/2019/ITM) projekt keretében valósul meg. E tanulmányt a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja támogatta.

### IRODALOM

- Allentoft, M. – Sikora, M. – Sjögren, K-G. et al. (2015): Population Genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522, 167–172. DOI: 10.1038/nature14507
- Batini, C. – Hallast, P. – Vågene, Å. et al. (2017): Population Resequencing of European Mitochondrial Genomes Highlights Sex-bias in Bronze Age Demographic Expansions. *Scientific Reports*, 7, 1, 12086. DOI: 10.1038/s41598-017-11307-9
- Csáky V. – Gerber D. – Koncz I. et al. (2020a): Genetic Insights into the Social Organisation of the Avar Period Elite in the 7<sup>th</sup> Century AD Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 10, 948 | DOI: 10.1038/s41598-019-57378-8

- Csáky V. – Gerber D. – Szeifert B. et al. (2020b): Early Medieval Genetic Data from Ural Region Evaluated in the Light of Archaeological Evidence of Ancient Hungarians. *Scientific Reports*, 10, 19137. DOI: 10.1038/s41598-020-75910-z
- Csösz A. – Szécsényi-Nagy A. – Csákyova V. et al. (2016): Maternal Genetic Ancestry and Legacy of 10<sup>th</sup> Century AD Hungarians. *Scientific Reports*, 6, 33446. DOI: 10.1038/srep33446
- Damgaard, P. B. – Marchi, N. – Rasmussen, S. et al. (2018): 137 Ancient Human Genomes from across the Eurasian Steppes. *Nature*, 557, 369–374. DOI: 10.1038/s41586-018-0094-2
- Fodor I. (2009): *Őstörténet és honfoglalás. (Magyarország története 1)* Budapest: Kossuth Kiadó
- Fóthi E. – Gonzalez, A. – Fehér T. et al. (2020): Genetic Analysis of Male Hungarian Conquerors: European and Asian Paternal Lineages of the Conquering Hungarian Tribes. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 12, 1. DOI: 10.1007/s12520-019-00996-0
- Györfly Gy. (1986): *Julianus barát és Napkelet fölfedezése. (Magyar Ritkaságok)* Budapest: Szépirodalmi Könyvkiadó
- Jeong, C. – Wang, K. – Wilkin, S. et al. (2020): A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 183, 4, 12 November 2020, 890904.e29. DOI: 10.1016/j.cell.2020.10.015
- Malyarchuk, B. – Derenko, M. – Denisova, G. et al. (2018): Whole Mitochondrial Genome Diversity in Two Hungarian Populations. *Molecular Genetics and Genomics*, 293, 5, 1255–1263. DOI: 10.1007/s00438-018-1458-x
- Nagy P. L. – Olasz J. – Neparáczki E. et al. (2021): Determination of the Phylogenetic Origins of the Árpád Dynasty Based on Y Chromosome Sequencing of Béla the Third. *European Journal of Human Genetics*, 29, 164–172. DOI: 10.1038/s41431-020-0683-z
- Narasimhan, V. – Patterson, N. – Moorjani, P. et al. (2019): The Formation of Human Populations in South and Central Asia. *Science*, 365, 6457, eaat7487. DOI: 10.1126/science.aat7487
- Németh E. – Kustár Á. – Székely G. et al. (2019): Apai vonalú N haplocsoport szerepe a mai baszkírok, tatárok és magyarok genetikai kapcsolatrendszerében. *Anthropológiai Közlemények*, 60, 43–64. DOI: 10.20330/AnthropKozl.2019.60.43
- Neparáczki E. – Kocsy G. – Tóth G. et al. (2017): Revising mtDNA Haplotypes of the Ancient Hungarian Conquerors with Next Generation Sequencing. *PLOS ONE*, 12, 4, DOI: 10.1371/journal.pone.0174886
- Neparáczki E. – Maróti Z. – Kalmár T. et al. (2018): Mitogenomic Data Indicate Admixture Components of Central-Inner Asian and Srubnaya Origin in the Conquering Hungarians. Caramelli, D. ed. *PLOS ONE*, 13, 1, e0205920. DOI: 10.1371/journal.pone.0205920
- Neparáczki E. – Maróti Z. – Kalmár T. et al. (2019): Y-chromosome Haplogroups from Hun, Avar and Conquering Hungarian Period Nomadic People of the Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 9. DOI: 10.1038/s41598-019-53105-5
- Post, H. – Németh E. – Klima L. et al. (2019): Y-chromosomal Connection between Hungarians and Geographically Distant Populations of the Ural Mountain Region and West Siberia. *Scientific Reports*, 9, 7786. DOI: 10.1038/s41598-019-44272-6
- Szeifert B. – Gerber D. – Csáky V. et al. (2021): Betekintés az Urál és a Volga-Káma vidék genetikai összetételébe a korai magyarsággal kapcsolatba hozható lelőhelyek emberi csontanyagának archeogenetikai vizsgálatával. In: *Hadak útján. A népvándorláskor fiatal kutatóinak XXIX. konferenciája. Budapest, 2019. november 15–16. (29<sup>th</sup> Conference of Young Scholars on the Migration Period, November 15–16, 2019, Budapest)* Tanulmánykötet. Megjelenés alatt
- Tambets, K. – Yunusbayev, G. – Hudjashov, G. et al. (2018): Genes Reveal Traces of Common Recent Demographic History for Most of the Uralic-Speaking Populations. *Genome Biology*, 19, 1, 1–20. DOI: 10.1186/s13059-018-1522-1

- Tombácz D. – Maróti Z. – Kalmár T. et al. (2019): Whole-Exome Sequencing Data of Suicide Victims Who Had Suffered from Major Depressive Disorder. *Scientific Data*, 6, 190010. DOI: 10.1038/sdata.2019.10
- Türk A. – Langó P. (2020): A magyarság korai történetének régészeti emlékei a legfrissebb leletek fényében. In: Neparáczki E. (szerk.): *Magyar őstörténeti műhelybeszélgetés. Tanulmánykötet a Magyarságkutató Intézet Archeogenetikai Kutatóközpontja által 2019. december 7–8-án rendezett konferencián elhangzott előadásokból. (A Magyarságkutató Intézet Kiadványai 20)* Budapest: Magyarságkutató Intézet, 283–308.

URL1: HistoGenes ERC Projekt <https://www.histogenes.org/>

URL2: GLAD Mosaic 2020 <https://qms.nextgis.com/>