

PAMJAV HOROLMA

A MAGYAR NÉPESSÉG GENETIKAI ÖSSZETÉTELE APAI ÁGON

KIVONAT: Az emberiség történelme szorosan összefügg a népvándorlás történetével. A genetikai sokféleség mintázatai információt nyújtanak a népesség történetéről, mivel minden jelentősebb demográfiai esemény nyomot hagyott a populációk genomiális sokféleségében. Ezek a demográfiai nyomok nemzedékről nemzedékre adódnak át, így a mai emberek genomja demográfiai történetüket tükrözi.

A történelmi és régészeti adatok alapján a honfoglaló magyarok keletről érkeztek – hét törzsből álló szövetségben –, és úgy 895 körül véglegesen letelepedtek a Kárpát-medencében. Jelenlegi tudásunk alapján pontosan nem tudjuk megnevezni, hogy a honfoglaló magyarok magja konkrétan melyik földrajzi régióból indulhatott nyugat felé tartó útjára, azonban bizonyos – dél-szibériai eredetű – anyai és apai leszármazási vonalak jelenléte a recens magyar populációkban és a honfoglalás kori régészeti csontmintákban arra enged következtetni, hogy valahol Dél-Szibéria és a mai Mongólia területére mutat. Foglaljuk el képzeletünk repülő léghajóját, amelyről lepillantva láthatjuk, amint ezen feltételezett népcsoport – bizonyára eléggé szervezeten – családjával élte életét a vagyontárgyat képező állatállománnyal együtt és mindig egy kicsit tovább haladhatott – természetesen nyugat felé – a legfrissebb legelőterület kiválasztása miatt. Ki tudja, hány évszázad alatt tették meg az utat a Kárpát-medencéig... Természetesen útközben békésen kapcsolatba kerülhettek más népcsoportokkal, vagy egyeseket meghódítottak, talán behódoltak mások is. Ezen események következtében genetikai állományukba bekerülhettek azon népek genetikai nyomai, akikkel érintkezésbe kerültek, amellet megtartották az eredeti

génállományt is. Ha a honfoglalók GPS-koordináták alapján cserkészték volna be a Kárpát-medencét éjjel-nappal menetelve, vagy repülőgépre szálltak volna fel, akkor kizárólag csak az eredeti génállományukat hozták volna az új honba. Talán voltak közöttük „felderítők”, akik előre mentek és kifürkészték, hogy hány napnyi vagy hónapnyi távolságra milyen területek vannak és kik laknak ott, ha egyáltalán a hírekkel visszatértek. Elgondolkodtató, hogy a honfoglalók miért pont a Kárpát-medencében maradtak és miért nem mentek tovább. Legészszerűbb válasz erre az lehetett, hogy meglehetősen alkalmasnak vélték az új területet (folyók, völgyek, alföldek és hegyek) az állatok legeltetésére és földművelésre, ugyanakkor valószínűleg olyan körülmények is közrejátszottak, hogy az új jövevényeket nem üldözték el a helybeliek a kiválasztott honból.

Ezzel a kis történettel próbáltam emberközelivé tenni e tudományág szakmai berkeiben esetleg tájékozatlan személyeknek a túl szakmainak tűnő őstörténeti genetikai eredményeket, amelyek a későbbiek során következnek.

KULCSSZAVAK: népvándorlás, ősanynák és ősapák, honfoglalók, recens magyar populáció, genetikai összetétel

Bevezetés

Az emberiség történelme szorosan összefügg a népvándorlás történetével. A genetikai sokféleség mintázatai információt nyújtanak a populáció történetéről, mivel minden jelentősebb demográfiai esemény nyomot hagyott a populációk genomiális sokféleségében. Ezek a demográfiai nyomok nemzedékről nemzedékre adódnak át, így a modern emberek genomja demográfiai történetüket tükrözi. Az evolúciótörténeti tanulmányok eredményét főleg az Y-kromoszóma (NRY) és a mitokondriális DNS (mtDNS) elemzéséből merítik. Mivel az emberi genom ezen részét nem keveri össze a rekombináció, sértetlenül adódik át egyik generációról a másikra, feltárva a populáció apai és anyai leszármazását. Az Y-kromoszóma vagy mtDNS közös leszármazási vonalai a populációk közös eredete vagy génáramlása révén jönnek létre. Az Y-DNS és mtDNS

vizsgálatát széles körben tanulmányozták és alkalmazzák a migrációs vizsgálatokban, valamint a populációtörténet és a leszármazás elemzésében (Wells et al. 2001; Cinnioglu et al. 2004; Nasidze et al. 2005; Pakendorf et al. 2007). Az Y-kromoszomális markerek általában meghatározott regionális eloszlást vagy populációspecifitást mutatnak, így ideálisak egyedi migrációs események feltérképezésére (Hammer et al. 1997). Az Y-kromoszóma és az mtDNS variációi felhasználhatók különböző populációs csoportok közös őstől való leválási idejének becslésére. Jelentős előrelépések történtek a fa topológiák részletes genealógiai elágazási sorrendjének rekonstruálásában mind az Y-kromoszóma, mind az mtDNS alkalmazása során (Jobling és Tyler-Smith 2003; Underhill és Kivisild 2007; Karafet et al. 2008). A 21. század elején új technológiák jelentek meg: a DNS-alapú filogenetika vagy genealógia.

A populációgenetika a populációk genetikai összetételével, valamint a genetikai összetételt változtató mechanizmusok tanulmányozásával foglalkozik. A genetikán belül a DNS-tulajdonságokat az egyes élőlények meghatározott csoportjának (faj), azaz a populációnak a szemszögéből vizsgálja, módszertanilag pedig matematikai modellek alkalmazása jellemzi. Kulcsszerepe van az evolúciobiológiában, mivel az evolúció elemi lépései is populációs szinten valósulnak meg. Tanulmányozza a genetikai változatosságot, mint például az allélgyakoriság eloszlását és változását a négy fő evolúciós mechanizmus keretében: a természetes szelekció, genetikai sodródás, mutáció, migráció (génáramlás).

A genetikai eredetkutatás vagy filogenetika (genealógia) – amely magába foglalja a populációgenetikát is – az élőlények rendszerezésének legelterjedtebb módja. A rendszerezés alapján az evolúció során kialakult rokonsági kapcsolatokat tekintik, az osztályozást pedig az ezen kapcsolatokat kifejező filogenetikai családfa segítségével végzik. Ilyen értelemben az emberi fajt a legközelebbi közös őstől származtatják, vagyis az emberszabású majmoktól, különösen a csimpánz ősétől. Körülbelül 6 millió éve vált le a közös őstől az ember és a csimpánz leszármazási vonala. Amennyire az ember és a csimpánz fenotípusa között égbekiáltó különbség van, annyira hihetetlen, hogy „csak” 2%-nyi különbség van DNS-szinten. Mivel az elmúlt 6 millió év során a DNS-ben keletkezett változások miatt külön-külön fajjá alakult – a változás fele emberben, a másik fele a csimpánzban –, egymás között szaporodni nem képesek. A 1990-es

évek végén, amikor a kutatók elkezdték vizsgálni a férfiak DNS-alapú filogenetikáját, akkor a világ minden tájáról származó férfiak és csimpánzok genomját vizsgálták, és ezen eredmények alapján állították fel az első filogenetikai fát, az úgynevezett YCC2002-t (Y Chromosome Consortium 2002).

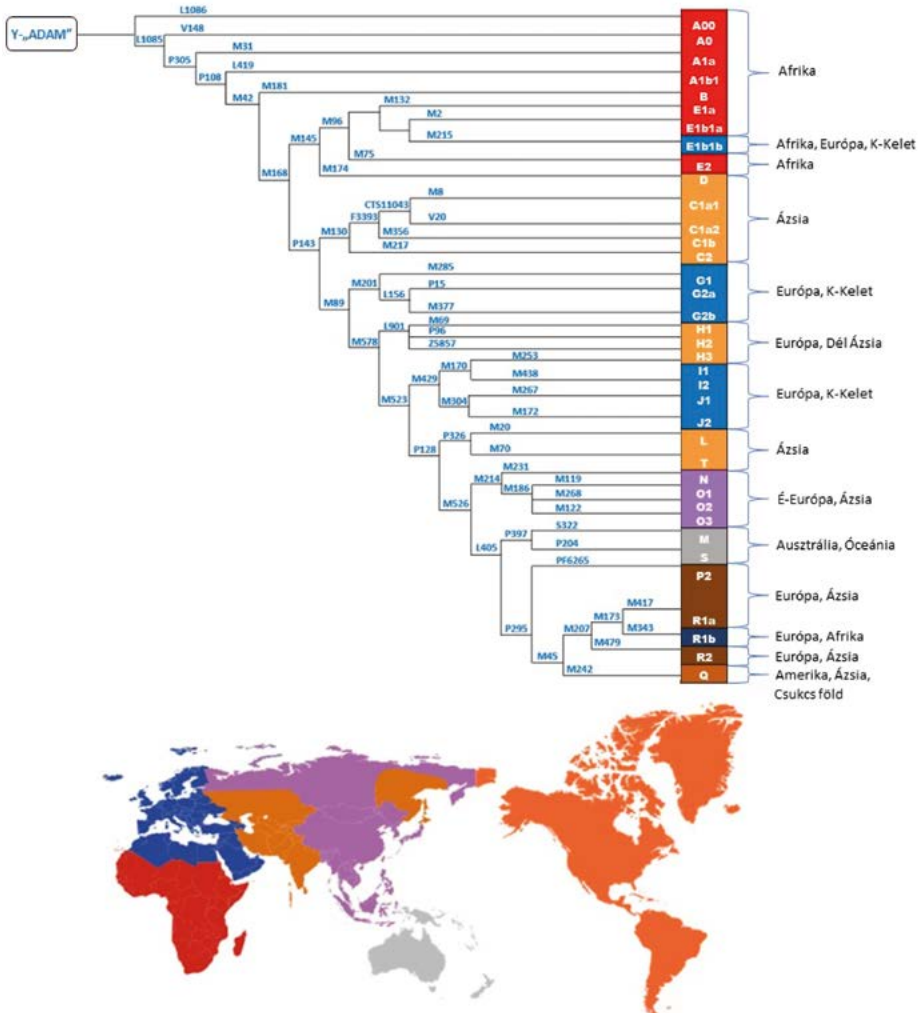
Jelen esetben a ma élő férfiakat nem a csimpánz-ember közös őstől, hanem Afrikából, az „édenkertből” való kirajzásukat követően, a megtett úton haladva az afrikai ősapától, azaz Y-kromoszómás Ádámtól (1. ábra), a nőket pedig az ősanától, a mitokondriális Évától (2. ábra) származtatva a modern embert (*Homo sapiens sapiens*) egyetlen filogenetikai családfára rajzolja, mivel a DNS üzenete azt bizonyítja, hogy az emberiség egyetlen nagy családot alkot.

A modern ember valószínűleg mintegy 60 ezer évvel ezelőtt rajzott ki Afrikából. A modern ember Ázsia meghódítását az Indiai-óceán partja mentén haladva teljesítette, míg Ausztráliát Délkelet-Ázsia felől érte el. Európát Ázsia felől úgy körülbelül 45 ezer éve kezdte benépesíteni, és a *Homo sapiens sapiens* Európába érkezése megpecsételte az addig itt élő neandervölgyi emberek sorsát, akik pár ezer évig együtt élhettek a modern emberrel. Az egyes kutatások szerint a ma élő nem afrikai emberek egy része körülbelül 3-5%-ban hordozza a neandervölgyi ember genetikai nyomait (Green et al. 2010). A közelmúltban megjelent tanulmány szerint egy dél-franciaországi barlangban a modern ember 54 ezer évvel ezelőtti nyomára bukkantak, ez pedig azt jelentheti, hogy a *Homo sapiens* már 10 ezer évvel korábban megjelent Európában, mint azt eddig feltételeztük (Slimak et al. 2022).

Ezt a több ezer éves genetikai történetet vajon mely DNS-üzenetek tárják fel előttünk?

A kutatók az Y-kromoszómán olyan nukleotid pozíciókon (lokuszokon) található bázispárok azonosítására törekszenek, amelyek egy-egy sikeres ősapára utalva, a férfi népességet releváns részekre bontják. Az ilyen lokuszt vagy bázist Y-SNP-nek (Single Nucleotide Polymorphism) nevezzük. Két lényeges kifejezést kell ismerni ezzel kapcsolatban: haplocsoport és haplotípus.

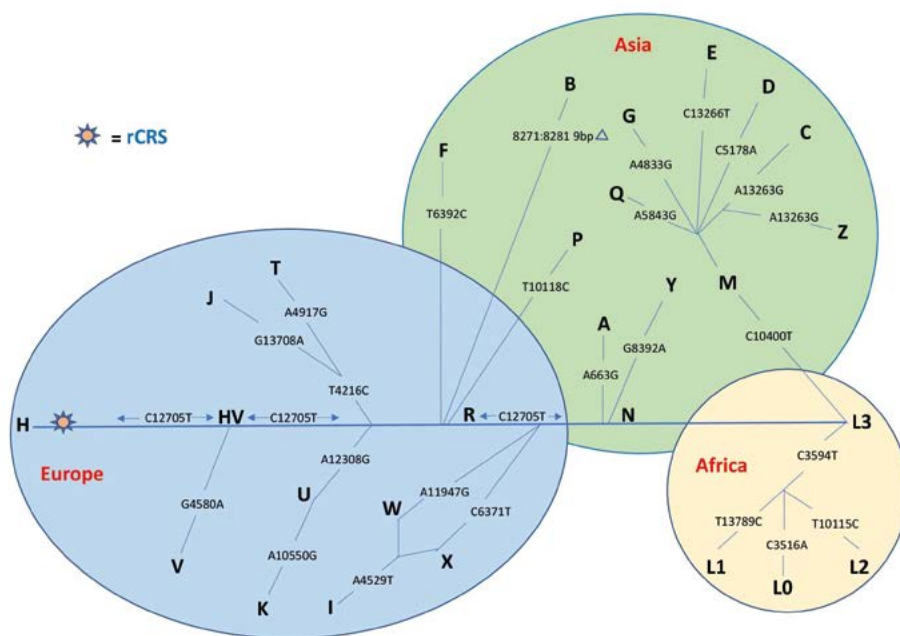
Az ősapákat jellemző SNP-mutációk (például az L-haplocsoportot M20 és T-haplocsoportot M70 jelzésű SNP-mutációk jellemzik) és a haplocsoportok (A–Q) eloszlása a világtérképen (a haplocsoport színe azonos a földrajzi régióval).



1. ábra. Egyszerűsített filogenetikai fa

Haplocsoport: Maga a *haplo* előtag egy kópiás/dózisú előfordulást jelent, tehát a mi esetünkben azt, hogy a vizsgált DNS-tulajdonság az emberi sejtben csak egy példányban található meg, vagyis haploid genomról van szó.

A nem rekombinálandó Y-kromoszóma és mitokondriális DNS egy-egy adott pontján található, rendkívül lassan változó SNP-haplocsoportokat hatá-



2. ábra. A mtDNS-haplocsoportok kialakulása, előfordulása és az adott haplocsoportra jellemző mutációk a kontinenseken.

roznak meg, és ennek alapján minden férfiról és nőről egyértelműen eldönthető, hogy egy adott haplocsoportba tartozik-e vagy sem. A haplocsoportok hús-vér emberekre utalnak, *de facto* sikeres ősapákra, akiknek fiai, unokái és távoli leszármazottjai az apai leszármazottak mentén széles körben elterjedtek. Tehát a haplocsoport az Y-kromoszómán lévő DNS-szekvenciában egy adott pozícióban történő, egy nukleotidnyi eltéréssel definiálható tulajdonság. Természetesen egy haplocsoporton belül is léteznek további alcsoportok, és azon belül is továbbiak, ez pedig azt eredményezi, hogy például a férfiak esetében a haplocsoportok egy, a minden férfi őst reprezentáló „A” haplocsoporttól – az Y-Ádámtól – induló fastruktúrába rendeződnek (1. ábra). Az Y-kromoszómás Ádám, aki a haplocsoportba való hovatartozás miatt „A” ősapának hívható, körülbelül 235 ezer éve született. Az idő múlásával Ádám férfi ági leszármazottjai megszaporodtak, és valamelyik leszármazottja „B” ősapává vált körülbelül 88

ezer éve. Tovább telt az idő, és a „B” ősapá egyik leszármazottja „C” ősapaként jelent meg körülbelül 48 ezer éve. Az idő tovább ketyegésével a jelen időhöz közeledve körülbelül 46 ezer éve a „C” ősapá egyik leszármazottja „D” ősapaként jött világra. Tehát látható, hogy ezen betűváltozatok kialakulása folytatódott, és ily módon a világon létezett összes ősapá A-tól T-ig terjedő betűvel jelölhető (de Knijff 2000). A valaha élt, különböző betűvel jelölt ősapákat egymástól az Y-kromoszómán, egy-egy adott helyen keletkezett mutációk (több alternatív SNP-k) különböztetik meg, amelyeket leszármazottjai is hordoznak további mutációkkal együtt.

Haplotípus: A férfiak esetében a haplotípus meghatározása az Y-kromoszóma DNS-én adott helyen található, gyorsabban mutálódó, általában 3-5 nukleotidos szakasz ismétlődésének számán alapszik, ezek az úgynevezett STR (Short Tandem Repeat) vagy mikroszatellita lokuszok. Az Y-kromoszóma hosszában ilyen 3-5 betűs ismétlődéseknek a sokasága található például TATA TATA TATA TATA TATA TATA TATA TATA TATA stb., mintha a DNS-lánc elkezdene „dadogni”. Ezen „dadogás” mennyiségét számmal jelölik, az előző esetben ez 10 lenne, ezt 10-es allélnak hívjuk. Minél több ilyen „dadogó szakaszt” vizsgálunk egy Y-kromoszómán a „nagy számok törvénye” alapján, annál precízebben azonosítható és különíthető el genetikailag sok vizsgált férfi. Ezen STR-markertípusok összességét hívják haplotípusnak. Az Y-kromoszóma evolúciójában a molekuláris óra ketyegésével egy-egy lokuszon a „dadogó betűk” száma általában eggyel csökken vagy növekszik. Ezt nevezzük lépésenkénti (step-wise) mutációnak. Ha 2 férfi közeli rokona egymásnak (például apa és fia), akkor szinte majdnem mindig azonosak a haplotípusaik, ellenben, ha a közös őstől történt leválás óta sok idő telt el, akkor több lokuszon eltérhetnek az allélok egymástól annak ellenére, hogy még továbbra is ugyanabba a haplocsoportba tartozhatnak. Az Y-STR-haplotípusok azért különösen fontosak, mert segítségükkel megbecsülhetjük egy adott haplocsoport korát és diverzitását, valamint a haplocsoporton belüli férfiak egymás közötti rokonsági kapcsolatait.

Az Y-DNS és az mtDNS széles körben használt eszköz nemcsak a törvényszéki genetikai alkalmazásokban, hanem az emberi evolúciós és populációgenetikai vizsgálatokban is. Kizárólag apai vagy anyai öröklődése és a rekombináció hiánya lehetőséget kínál az egyének közötti genealógiai kapcsolatok feltárására,

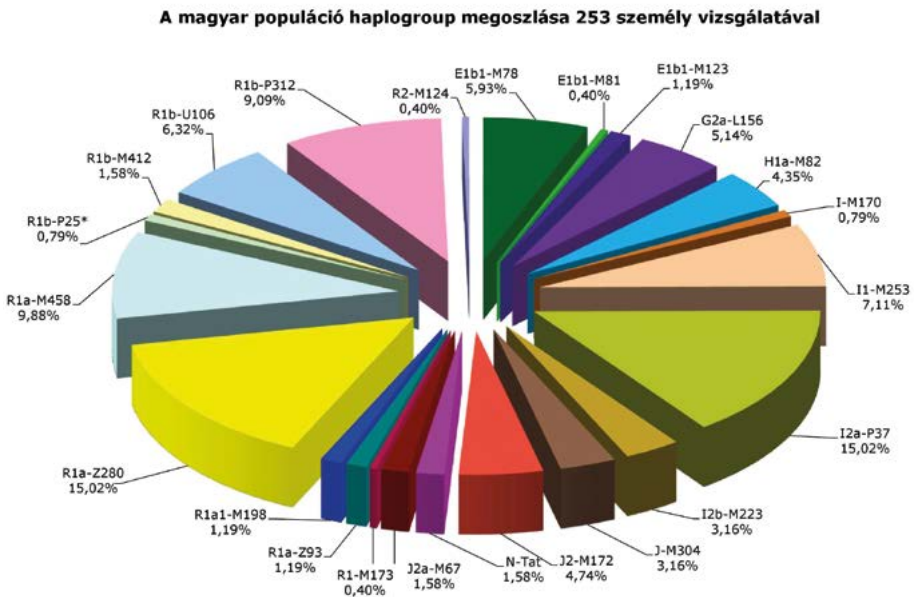
valamint az apai és anyai eredetű leszármazási vonalak gyakorisági különbségeinek tanulmányozására az emberi populációk között kontinentális és regionális szinten. Hihetetlen, de igaz, hogy a törvényszéki genetikai vizsgálatokban az apai és anyai leszármazási ágak hátrányai (a családon belül mindenkinek azonos apai vagy anyai haplotípusa van) előnyökké válnak az evolúciós vizsgálatokban, azaz feltárható az emberiség genetikai története, tehát a sikeres apák és sikeres anyák történelme. A haploid markerek e csodálatos tulajdonságainak köszönhetően lehetőséget biztosítanak az emberi populációk vándorlási útvonalainak feltérképezéséhez a történelem előtti és történelmi időszakokban, külön-külön anyai és apai leszármazási vonalként, valamint együttesen egy populációgenetikai történetként. A kor becslése a filogenetika legvitatottabb része. A különböző mutációs rátákkal történő korbecslések között nagy különbségek vannak, így alapvetően csak relatív kronológiájukról beszélhetünk. Csak azt tudjuk biztosan megmondani, hogy a két haplocsoport közül melyik a régebbi, és mennyi a különbség. A korbecslést (TMRCA: Time Recent Common Ancestor) általában STR-mutációs rátával (evolúciós vagy pedigré) vagy SNP-alapú módszerrel (Next Generation Sequencing) számítják ki az Y-DNS esetében (Pamjav 2018).

2. Haplocsoport-eloszlás a recens magyar populációban

A következő rész a magyar populációk legfontosabb apai haplocsoportjainak – az apai leszármazási vonalak – megoszlását és a haplocsoportokat meghatározó SNP-k legvalószínűbb születési helyeit, valamint a főbb terjeszkedési területeket tartalmazza.

Az első átfogó, komplex Y-kromoszóma STR- és SNP-vizsgálatot 215 magyarországi magyar férfi minta bevonásával 2009-ben publikáltuk. A tanulmányban 11 Y-STR- és 49 Y-SNP-lokuszt vizsgáltunk. Magyarországi területi lefedettséggel később kiegészítve 253, nem rokon magyar férfi vizsgálatát végeztük el (3. ábra). A populáció haplotípus-, valamint haplocsoport-diverzitása 0,99686 és 0,86348 volt. A vizsgált minták alcsoportokkal együtt össze-

sen húszféle haplocsoportba tartoztak, a leggyakoribb haplocsoportok az R1a (27,28%), R1b (17,78%), I2a (15,02%) és I1 (7,11%) (3. ábra). Ezeket a mintákat igazságügyi felhasználás céljából gyűjtöttük, ezért nem szelektáltuk őket etnikumokra nézve. Látható, hogy az indiai eredetű H1a-haplocsoport előfordulása 4,35%, ez a roma kisebbség hazai jelenlétének tudható be. A haplocsoport eloszlását tekintve a legnagyobb két szelet az R1a és R1b, amelyek indoeurópai migrációs markernek tekinthetők (Allentof et al. 2015), a magyar populáció 48,43%-át teszi ki, bár mi az R1a- és R1b-haplocsoportokat lebontottuk további alcsoportokat definiáló SNP segítségével (3. ábra). Egyes becslések szerint (Underhill et al. 2015) a két haplocsoport közös őstől (R1) való leválási idejét 25 ezer évre teszik. Tehát a magyar lakosság 45,06%-a (R1a és R1b együttesen) paleolitikum vadászó és gyűjtögető népeinek leszármazottja, ha az R1 őspapát nézzük. Az I-haplocsoport az európai őslakosságra jellemző, utódjai a magyar lakosság 29,24%-át teszik ki. A J-, G- és E-haplocsoport a neolitikumban, Mezopotámi-

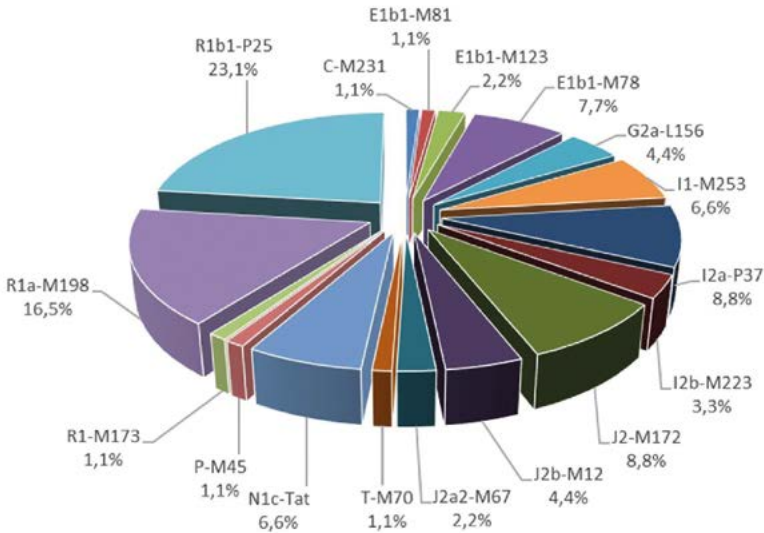


3. ábra. A magyar populáció Y-haplocsoport-eloszlása

aból érkezett Európába, a J és G jelenlegi tudásunk szerint a Közel-Keleten (a G2a lehetséges, hogy a Kaukázusban), az E pedig Kelet-Afrikában keletkezett, a Közel-Keletről Afrikába visszavándorló ősapák között (Battaglia et al. 2009). Ezen ősapák leszármazottjai a recens magyar populáció 18,98%-át teszik ki. A recens Kárpát-medencei magyar populáció genetikai összetétele apai ágon a környező népelemek genetikai összetételétől nemigen különbözik.

A csíkszeredai székely és gyimesi csángó Y-haplocsoport eloszlásai (4. és 5. ábra) közel azonosak a Kárpát-medencei magyarokéval, viszont a székelyek között az N-Tat-haplocsoport közel 6,6%-ban, a csángók között pedig a Q-haplocsoport körülbelül 4%-ban megjelent (Bíró és tsai, 2015). Ebből az következik, hogy egyes zártabb régiókban az előbbi – kelet-ázsiai és dél-szibériai eredetű – haplocsoportok a vártnál nagyobb arányban is jelen vannak. A fent említett két haplocsoport (N1c, Q) nagyon alacsony százalékban jelenik meg

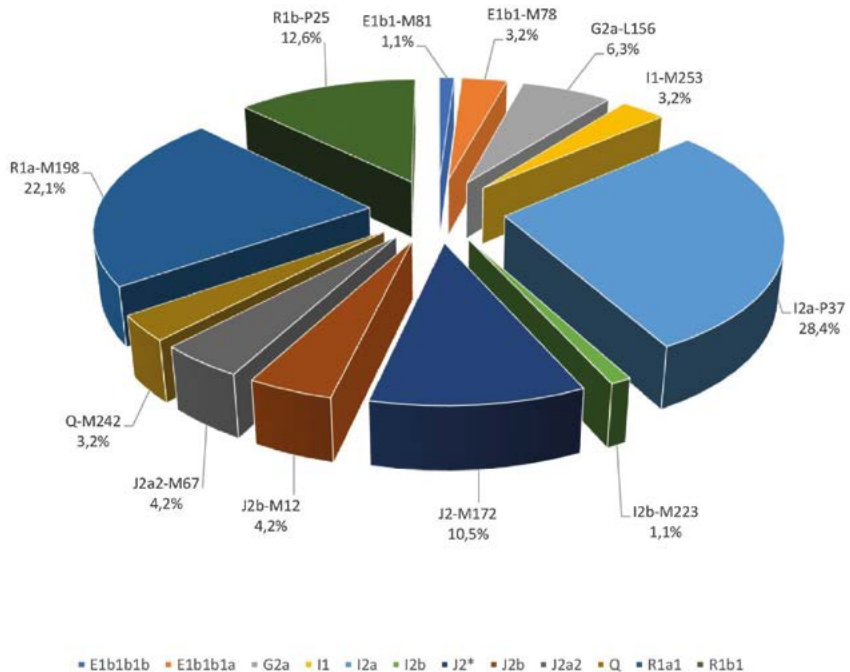
A székely populáció Y kromoszómális haplocsoport megoszlása 91 személy vizsgálatával



4. ábra. A csíkszeredai székely populáció haplocsoport-eloszlása

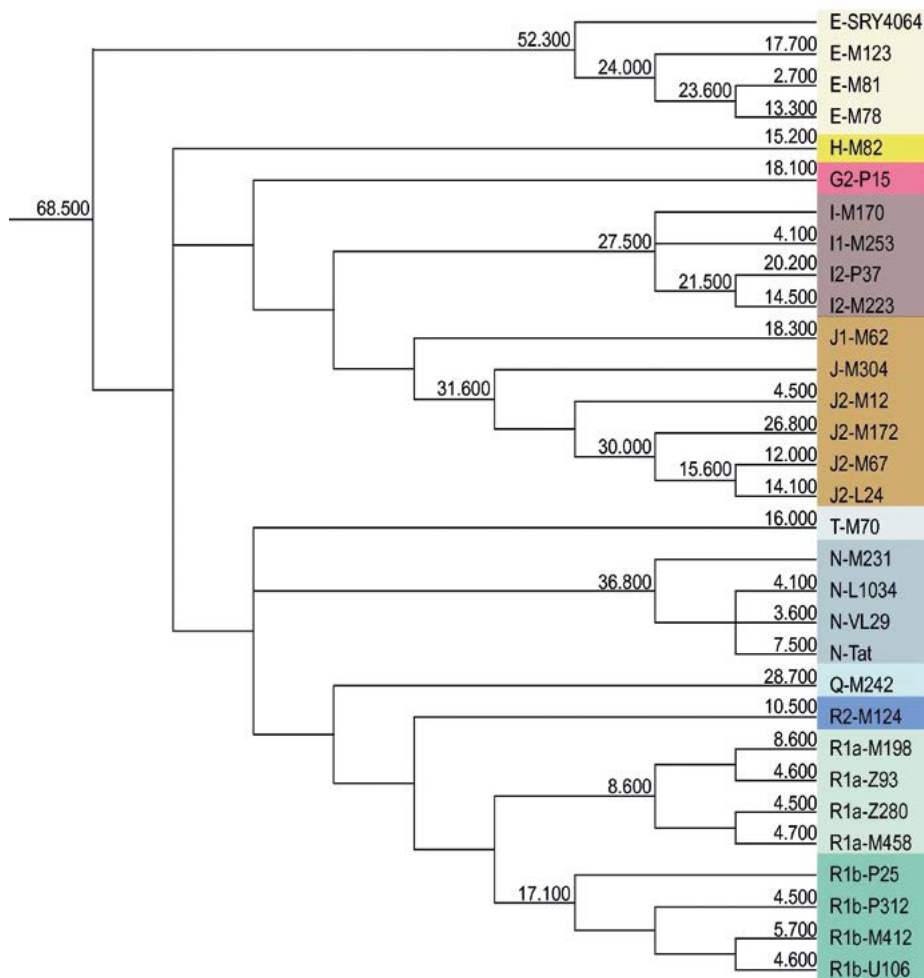
(N1c:1,58%) a Kárpát-medencei magyarokban (bár a mintaszám növekedésével nőhet), ezenfelül a magyarországi magyarokból szintén hiányzó J2b-M12-haplocsoport 4-5%-ban jelen van mindkét magyar etnikumban (4. és 5. ábra). A J2b Görögországban gyakoribb és Nyugat-Törökországban ritkább, ezért a dél-európai neolitikus kolonizáció során tengeri útvonalon érkezett markerként értelmezhető (King et al. 2008).

Csángó populáció Y kromoszómális haplocsoport megoszlása 95 személy vizsgálatával



5. ábra. A gyimesi csángó populáció haplocsoport-eloszlása

A magyar populációkban kimutatott haplocsoportok alapján filogenetikai fát szerkesztettünk, amelyet a 6. ábra mutat.



6. ábra. Filogenetikai fa a magyar populációban előforduló haplocsoportok alapján

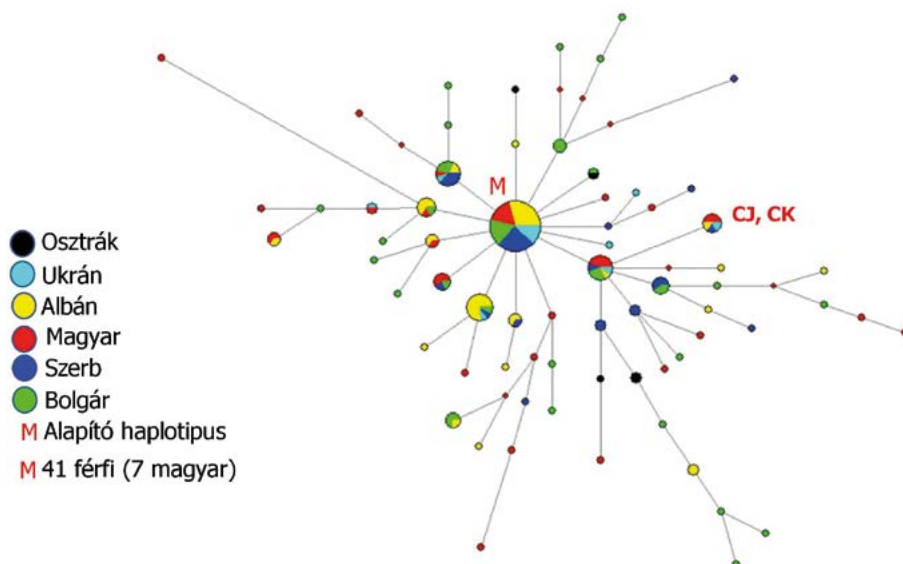
A Median Joining (MJ) Network vagy hálózatanalízis lényege, hogy a vizsgált populációkban detektált apai leszármazási vonalakat, azaz minden egyes sikeres apai vonalat (N, R1a, R1b, E stb.) összevetjük más földrajzi régióban élő, illetve **más populációba tartozó, azonos ősapától származó sze-**

mélyekkel, megkeressük a közös haplotípusokat és kiszámítjuk a legközelebbi közös ős óta eltelt időt. Az azonos haplocsoportba tartozó Y-kromoszómák közötti kapcsolat MJ-hálózat formájában ábrázolható (7. ábra). Az MJ Network ábrázolást példaképpen a neolitikumban 8-10 ezer éve Mezopotámiából Európába érkező földművelők leszármazottjai által elterjedt E-M78 haplocsoporton mutatjuk be, a vizsgált és publikált populációs adatokat bevonva. A körök mérete arányos az adott haplotípust hordozó Y-kromoszómák (férfiak) számával, míg a vonalak hossza az egyes haplotípusokat elválasztó mutációs lépések számával.

Az E-M78 ősapa 175 férfi leszármazottja, akik 6 populációból származnak. Az elkülönülő, központi haplotípus (M) klaszterbe 6 populációból származó 41 férfi teljesen azonos haplotípusa került be. Azonkívül magának a Network ábrának egy csillagszerű mintázata van, amely egy viszonylag fiatal korú haplocsoportot jelent. Kiszámítottuk a 175 mintában felhalmozódott STR-variáció alapján az E-M78-haplocsoport korát (TMRCA = Time to Most Recent Common Ancestor), amely 6200 ± 1300 évnél adódott (4900-7500 év, 95% konfidenciaintervallum mellett), ha feltételezzük, hogy az alapító (közös ős) a központi haplotípus volt (lásd M jelzésű nagykört a 7. ábrán). A korbecsléshez úgynevezett evolúciós mutációs rátát használtuk (6.9×10^{-4} /lokusz/25 év/generáció). Az ábra érdekessége az, hogy Corvin János és Corvin Kristóf (Mátyás király fia és unokája) is az E-M78 ősapától származik. Corvin János és Kristóf az ábra jobb oldalán lévő hat személyből álló körben található (CJ és CK jelzés). Kíváncsiak voltunk arra, hogy a Corvinék haplotípusa vajon mikor válhatott le az alapító haplotípustól (M-től). A Hunyadiakra vonatkozó TMRCA 2500 ± 1800 évnél adódott (700-4300 év, 95% konfidenciaintervallum mellett), amely azt jelenti, hogy Mátyás király születése (1443.02.23.) előtt úgy 200-4300 éve alakulhatott ki a rájuk jellemző apai haplotípus.

Összefoglalva megállapítható, hogy a Kárpát-medencei magyar, székely és csángó populációk Y-kromoszomális haplocsoporteloszlásai közel azonosak egymással, valamint a közép- és kelet-európai országok populációival, viszont elszigeteltebb populációkban (székely, csángó és bodrogi) jobban megőrződnek a dél-szibériai eredetű apai tulajdonságok (N1c- és Q-haplocsoport).

MJ network 175 E-M78 haplotípus alapján



7. ábra. MJ-network 175 E-M78-haplotípus alapján

2.1 Az R1a-haplocsoport keletkezése, terjedése és alcsoportjai

Míg az R1a-M198-haplocsoport az Y-kromoszomális haplocsoportok közül az egyik legjelentősebb, amely 16-27%-os gyakorisággal fordul elő a magyarul beszélő populációkban, addig az R1a- haplocsoport alcsoportjainak (Z93, Y2633 stb.) – a keletet és a nyugattal, illetve a recens magyar populációt a honfoglaló magyarokkal összekötő – vizsgálatát még széles körben szükséges lenne elvégezni.

2012-ig számos erőfeszítés történt a nagyszámú alcsoportjainak SNP-alapú azonosítására és azok migrációs útjának feltérképezésére. Az R1a-kromoszómák őskori és későbbi történelmi eseményeinek mélyebb értelmezése az eurázsiai populációkban nem volt lehetséges az R1a- haplocsoporton belüli

új downstream SNP-k hiánya miatt. Kutatók azon vitakoztak, hogy az R1a ősapa vajon hol születhetett. Az R1a-M198 ősapa születését a jelenlegi Ukrajna területén (Semino et al. 2000) lokalizálták és feltételezték, hogy onnan a kurgán kultúrával és az indoeurópai nyelvek terjedésével együtt vándorolt szerte mind Európában, mind kelet felé (Gimbatus et al. 1970). Egyes kutatók azt sugallták, hogy az R1a-haplocsoport indiai (Sharma et al. 2009; Sengupta et al. 2006) vagy közép-ázsiai eredetű (Wells et al. 2001). 2010-ben jelent meg egy tanulmány (Underhill et al. 2010), amelyben az R1a-M198-haplocsoporton belül sikerült két alcsoportot (R1a-M458, R1a-M434) azonosítani. Az M458 Kelet-Európában, az M434 kisebb gyakorisággal Pakisztánban fordult elő.

Kutatócsoportunknak – 217 R1a-mintát vizsgálva Európából és Ázsiából – nemzetközi szinten elsőként 2012-ben további két alcsoportot sikerült beazonosítania: az R1a-Z280 és R1a-Z93 alcsoportokat. Ez az egyik legjelentősebb tanulmány, amelynek sikerült különbséget tennie az ázsiai és európai R1a-kromoszómák között (Pamjav et al. 2012). A vizsgálat legfontosabb megfigyelése az, hogy az új bináris markerek hatékony eszköznek mutatkoznak az R1a-M198-haplocsoporton belüli alcsoportba sorolására, mivel az elemzett R1a-minták több mint 98%-a három alcsoport egyikébe tartozik. Az R1a-M458-haplocsoport legmagasabb frekvenciája Kelet-Európára korlátozódik, továbbá az R1a-M458 gyakorlatilag hiányzik Ázsiából, ez egybeesik Underhill et al. 2010 eredményével. Belső- és Közép-Ázsia átfedési zóna lehetett az R1a-Z280 és az R1a-Z93 leszármazási vonalak tekintetében. Ezeknek az alcsoportoknak az eloszlási mintázata arra utal, hogy az R1a-M198 korai differenciálódási zónája feltehetően valahol az eurázsiai sztyeppéken, a Közel-Keleten vagy a Kaukázus térségében lehetett, mivel ezek a területek Dél-Ázsia és Kelet-Európa között fekszenek.

Később, 2014-ben Peter Underhill irányításával 126 eurázsiai populációból 16 244 férfi vizsgálatával, nemzetközi kooperációban átfogó tanulmányt készítettek, amely megerősítette eredményeinket, valamint további alcsoportokat írt le (Underhill et al. 2015). A kutatók az R1a ősapa születési helyét a Közel-Keleten, a mai Irán közelében lokalizálták, ahol a parahaplocsoportok* („vad” típusok) változatlanul megmaradtak ősi formájukban.

Összefoglalva az a következtetés vontható le, hogy az R1a-M458- és az R1a-Z280-alcsoportok jellemzők a magyar nyelvű populációkra, míg az R1a-Z93-alcsoport ázsiai populációkra jellemző. Mindenképpen említésre méltó, hogy a magyar kutatók vizsgálták az Árpád-házi király, III. Béla csontmaradványát és megállapították, hogy ő is Z93-haplocsoporttal és azon belül egy speciális alcsoporttal, az Y210231 (R-ARP) SNP-vel rendelkezik (Olasz et al. 2019; Nagy et al. 2021). Ezek az eredmények nagy segítségül szolgálnak a későbbiekben vizsgálandó Árpád-házi családból származó csontmaradványok azonosításában, valamint a regionális recens populációk apai ági leszármazások feltérképezésében.

2.2 Apai leszármazási vonalak összehasonlítása a magyar és manysi népességben

A nyelvészek mind a hagyományos, mind a modern osztályozási próbálkozások alapján az obi-ugor nyelveket (manysi, hanti) tekintik a magyar nyelv legközelebbi rokonainak (Hajdú 1977; Hajdú–Domokos 1980). Nemcsak a szókészlet, hanem az obi-ugor mondavilág szimbólumrendszere, hőseik tettei is jelzik, hogy a hantik és a manysik (vagy elődeik) valaha lovas nép lehettek, akik a tajga övezetbe szorulásukkal térhettek át egyfajta tajgai gazdálkodásra, majd az orosz kolonizáció előre nyomulása miatt a vadászó életmódra. Nem elhanyagolható mennyiségű párhuzam található a manysi folklórkincs és a hazai népmesei motívumok között, például az égig érő fa, az úgynevezett bűvárma-dár-motívum vagy a táltos paripa motívuma. Ez utóbbi kettő mintha ugyanannak kétféle megfogalmazása lenne: a sámán (táltos) segítőt kap és világok között közlekedik. Ezt már a korai folklorisztikától kezdve az egyik legősibb hiedelememünknek tartják a kutatók, Róheim Gézától, Diószegi Vilmoson át Dömötör Tekláig.¹

1 Íme egy folklórpélda: „Két ólujukban vala hószinű hét ló. / Szétomlott ólhoz menj ki, kedvesem: / Valaha itt egy kanca csikót ellik vala, / Társai azt letapossák a föld alá, / Az omladék helyén áss le jó mélyen, / Megleled a csikót egy rófnyi mélyen!» / A holt csikót is hazaviszi,

A manysi nyelv egyike a legveszélyeztetettebb nyelveknek Euráziában. A magát manysinak vallók száma alig több mint tízezer. Azok száma, akik valóban rendszeresen használják is a manysi nyelvet a mindennapokban, még ennél is jóval kevesebb.

Kutatócsoportunk úgy érezte, talán az utolsó pillanatban vagyunk ahhoz, hogy az egyik legdinamikusabban fejlődő tudományág, a filogenetika eszköz-tárával megvizsgálhassuk és feltérképezzük a manysik genetikai megoszlását, továbbá a mai magyarok és a manysik közötti lehetséges genetikai kapcsolatokat felvázoljuk.

Az északi manysikra vonatkozó eredmények nem mutattak jelentős eltérést a korábban végzett kutatáshoz képest (Pimenoff et al. 2008), kivéve a korábbi mintában szórványosan fordultak elő az európai I és közel-keleti J-haplocsoportok. Vándor Anna szerzőtársunk és manysikutató által gyűjtött 60 fős mintában 86,7% volt az Észak-Euráziára jellemző N-haplocsoport aránya, azon belül a többség az N-P43 (összesen 63,3%, korábban N1b-P43), a kisebbség az N-Tat (összesen 23,3%, korábban N1c-Tat) alcsoportba tartozott. Minden vizsgált N-Tat-haplocsoportú férfi L708-mutációval is rendelkezik. Más apai vonalú haplocsoport alacsony számmal fordult csak elő, így 6,7% volt a nyugat-európai és dél-kaukázusi jellegű R1b-M269 – a kaukázusi kapcsolat valószínűsíthető –, valamint 5% a fentebb jellemzett R1a-M198 aránya. Egyetlen minta Q-M242-csoportba tartozott. A Q-haplocsoport a Bering-szoros mindkét oldalán, az Újvilágban egészen Dél-Amerikáig markáns csoport (például a navahók 92,3%-a tartozik ebbe), de régészeti csontleletekből az Altáj-hegységből és Kínából is előkerült (Kivisild 2017; Huang et al. 2017).

Vizsgálataink eredménye szerint az N-Tat-haplocsoporton belül elkülöníthető egy alcsoport, az L1034, amely a manysi és magyar/székely N-Tat-minták között jelen volt, míg az ugyancsak vizsgált burját, mongol és finn populációkból hiányzott (Fehér et al. 2015).

*/ Nénje, Arany Kaltes kezébe kapta, /Egyik oldalát tóvízzel mosta, / Másik oldalát Ob-vízzel mosta: / Új életre hozta. / Amerre fordul, fény ragyog arra, / S mind a ketten / Felpattannak rája. / Két ég, két menny közzé / Szállnak, mint a szélvész.” (Részlet a *Szenttűzözön legendája* c. manysi énekből)*

Az N-L1034-alcsoportra egy genetikai alapú családfakutatással foglalkozó, amerikai magán DNS-laboratórium, a FamilyTree DNA hívta fel a figyelmet. Az amerikai laboratóriumhoz beérkezett adatok alapján az N-L1034-alcsoport olyan területeken fordult elő elsősorban, ahol más tudományágak is számolnak ugor történelmi jelenléttel. Így a Kárpát-medencében, az Urál vidéken, pontosabban Baskíriában és Tatár földön, Görögországban és Kelet-Kazahsztánban. Fontos megemlíteni, hogy a legújabb régészeti kutatások szerint éppen Baskíria és Tatár föld területére esik Magna Hungaria (Türk 2011). A szomszédos Kelet-Üzbegisztánból (Fergana-medence) származó üzbégek mintákból szintén volt L1034-es találat.

Az FTDNA szakemberei az N-L1034-alcsoportot a Kárpát-medencében a Csíki-medencében, a Felső-Tisza vidékén, Sárreten és az Őrség burgenlandi részén azonosították, olyan területeken, ahol történelmi okok miatt nagyobb arányban maradhattak meg a honfoglalók leszármazottjai. A fenti észrevételek alapján feltételeztük, hogy az N-L1034-alcsoport ugor kori örökség lehet a magyar és manysi génállományban.

A másik érdekesség az, hogy az N-L1034-alcsoport aránya magasabb a mai csíkszeredai székely populációban, mint a magyarországi magyar populációban. Ez a tény a székelyek eredetéről szóló tudományos vitákat abba az irányba billentheti, hogy a székelyek mindig is magyarok voltak, és nem asszimilálódtak, mint ahogyan a kunok vagy jászok. Számos kutató gondolta úgy idáig, hogy a székely a magyar törzsszövetséghez csatlakozott, eredetileg vélhetően török etnikumú népesség volt. Ezeket az elképzeléseket azonban nagy valószínűséggel újra kell értékelni a genetikai kutatások tükrében. A földrajzi okok miatt igen nehezen megközelíthető kondai manysik² között szignifikánsan magasabb a modellünk szerint az ugor és finnugor etnogenezisben meghatározó szerepet játszó N-L1034-haplocsoport aránya az északi manysikhoz képest. Ez összhangban van az elvárásunkkal, amely szerint a nehezebben megközelíthető, *de facto* endogám területeken élők jobban megőrzik eredeti génállományukat.

2 A déli vagy kondai manysi mintákat is Vándor Anna manysikutató gyűjtötte.

A kondai és északi manysik között hat különböző R1a-Z280 haplotípus azonosítható, amelyből ötnek volt Kárpát-medencei magyar egyezése, amely az R1a-Z280-haplocsoport fontosságára utalhat a magyar és ugor etnogenezisben. A magyarországi magyar adatbázisból az öt haplotípushoz tizenkét egyén tartozik, ez a minták 3,6%-át jelenti. Tehát:

1. A magyar–manysi haplotípus egyezések, ha eltekintünk az N-L1034 alapító haplotípusában található egyezésektől, meglepő földrajzi eloszlásról tanúskodnak. Egyenletes eloszlás helyett a manysi egyezések 80%-a kondai (déli) manysik közül való, és azon belül is az egyező minták nagy része egyetlen régióból, Mezdurecsenszkij körzetéből származik.
2. Ezen felül úgy tűnik, hogy a kondai manysik nem egyszerűen nagyobb arányban őrizték meg az eredeti ugor génállományt, de a diverzitás is magasabb a körükben, mint az északi manysik körében. Érdekes, hogy az alapító N-L1034-haplotípus viszont nem található meg a kondai manysik között.
3. A két kazah alapító N-L1034-haplotípus Kelet-Kazahsztánból származik.
4. Az R1a-Z280 csoporton belül is van finn–magyar–manysi hármas egyezés, és van egy finn–székely–manysi–komi–üzbég egyezés is. Ezek alátámasztják, de nem bizonyítják archeogenetikai adatok hiányában az R1a-Z280 jelenlétét a korai finnugor nyelvű népesség génállományában.
5. Ha összevetjük a haplotípus-egyezéseket, akkor több zavarba ejtő észrevételt fogalmazhatunk meg.
6. Magyar szemszögből nézve az R1a-Z280-haplocsoportban egyértelműen számos magyar–manysi haplotípus egyezés található, akár csak az N1c-L1034-alcsoportban. Ezen felül az obi-ugor találattal rendelkező magyar R1a-Z280-haplotípusok sokkal diverzebbek, mint a teljes magyar nyelvű N1c-L1034-haplotípusoké. De meg kell jegyezni, hogy az R1a-Z280-minták száma jóval több, mint az N-L1034-mintáké.
7. A magyar–üzbég R1a-Z280-egyezések is Kelet-Üzbegisztánban, Taszkentben és a Fergána-medencében találhatóak. Az egyetlen üzbég N-L1034 szintén a Fergána-medencéből származik (Fehér et al. 2015).

Az N-M231-haplocsoport mai tudásunk szerint körülbelül 19-22 ezer éve jelent meg a mai Kína területén – Yunnan tartományban – az utolsó jégkorszak végén. Leszármazottjai elég hosszú utat tettek meg az elmúlt évezredekben Dél-Kínától Észak-Eurázsia legnyugatibb csücskéig, Finnorszáig és Svédorszáig. Az N-Tat-haplocsoport valószínűleg a Bajkál-tó környékén keletkezett úgy 12 ezer éve (Shi et al. 2013).

Összefoglalva elmondható, hogy a mai magyar populációban nagyon alacsony az N-Tat-haplocsoport aránya a többi finnugor nyelvet beszélő népességhez képest. Az N-Tat-haplocsoport egyik alcsoportja, az N-L1034 összeköti a magyar és manysi népességet, és potenciálisan elválasztja őket más népektől.

Az R1a-Z280-haplocsoporton belül számos magyar–manysi haplotípusegyezés detektálható, akárcsak az N1c-L1034-alcsoportban. Ezek alátámasztják, de archeogenetikai adatok hiányában nem bizonyítják az R1a-Z280 ősapa jelenlétét a korai finnugor nyelvű népesség génállományában.

Magyarországon nem sok regionális bontású genetikai felmérés történt. Más országokban készült vizsgálatok tapasztalatai alapján nem elhanyagolható különbségek lehetnek a különböző régiók között egy országon belül is. Mindenesetre FTDNA projektekből úgy tűnik – egyelőre alacsony mintaszám mellett –, hogy a Bihar megyei Sárreuten és az Őrség burgenlandi területein is 6-7% körüli az N-Tat-haplocsoport aránya. Tehát elképzelhető, hogy a kutatók által nem vizsgált régiókban, a székelyhez hasonlóan, magas lehet az N-Tat-haplocsoport aránya.

A székelyek és az északi manysik körében is 60% fölötti az N-L1034-alcsoport aránya az N-Tat-haplocsoporton belül. Ha feltételezzük, hogy az ugor etnogenezisben az N-Tat-haplocsoport meghatározó szereppel bírt, akkor az is valószínű, hogy a korai ugor közösségekben az N-L1034 is fontos szerepet játszhatott. Mivel az N-L1034-alcsoport relatíve fiatal alcsoport (az YFull 3900-4100 évesre teszi, ami megfelel a finnugor közösség nyelvészek által feltételezett felbomlási idejének), feltételezhető, hogy az ugor nyelvi kapcsolatok kialakulásáért felelős társadalmi folyamatok egy jól körülhatárolható területen és viszonylag kis létszámú közösségekben zajlottak le.

Az általunk publikált Bodrogek köz recens populációban az N-Tat 6,2%-ban és L-1034 pedig 0,7%-ban volt jelen, amely alátámasztja, hogy a regionális

populációkban várhatóan magasabb százalékban jelen lesznek az N-Tat és L1034 (Pamjav et al. 2017). Azonkívül a magyar kutatók a honfoglaló csontmintákban is detektáltak N-Tat, L1034, Q-M242 haplocsoportú egyéneket (Neparáczki et al. 2019; Fóthi et al. 2020). Ebből az következik, hogy az N-Tat (L1034) a recens és a honfoglaló magyarokat, valamint a nyelvrokon manysikat összekötő genetikai markerek egyike. A magyar kutatók szerint legújabb teljes genom vizsgálata is alátámasztja nemcsak manysi, hanem az avarok és ázsiai hunok (xiongnu), valamint a honfoglaló magyarok közötti genetikai kapcsolatot (Maróti et al. 2022; preprint bioRxiv). Remélem, hogy ezen kutatások fényt derítenek a több évtizede/évszázada vita tárgyát képező, a honfoglaló magyarok és más eurázsiai népek – kihalt és recens populációk – közötti genetikai kapcsolatainak feltárására. Azonkívül megerősítik azt a tényt, hogy a DNS-vizsgálat távlatokat nyit egyebek mellett az emberiség eredetének és vándorlási útvonalainak felderítésében, és választ adhatnak nemcsak a recens populációk genetikai rokonságára, hanem a múltban elveszett őseinkére is. Így történelmünk a DNS-ben van megírva, és tükrözi genetikai útjainkat. A történelem előtti és a történelmi korszakokra vonatkozó genetikai vizsgálatok még csak fejlődési fázisban vannak, amelyek a főhaplocsoportok alcsoportjaiban vannak elrejtve. Ahogy az újonnan felfedezett SNP-vel alcsoportok alcsoportjait határozzuk meg, közeledünk a jelenhez és reméljük, hogy az alcsoportok bizonyos alcsoportjai is „populáció-specifikusak” lesznek, mint például az N-F4205, amelyet eddig csak mongol, burját és kazah populációban észleltek (Ilumae et al. 2016). A régészeti csontminták és a recens populációk elemzésével, valamint az új alcsoportokat meghatározó mély felbontású downstream SNP-k bevezetésével, továbbá a teljes genom vizsgálatával csak idő kérdése, hogy megfejtjük azokat a genetikai üzeneteket, amelyek az elmúlt 2000 év népvándorlása (hunok, avarok, honfoglaló magyarok és mások) nyomán részévé váltak genetikai örökségünknek.

IRODALOMJEGYZÉK

- Allentoft et al. 2015.** Allentoft ME – Sikora M – Sjögren KG – Rasmussen S – Rasmussen M – Stenderup J – Damgaard PB – Schroeder H – Ahlström T – Vinner L – Malaspinas AS – Margaryan A – Higham T – Chivall D – Lynnerup N – Harvig L – Baron J – Della Casa P – Dąbrowski P – Duffy PR – Ebel AV – 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 – Merkevičius A – Merkyte I – Metspalu M – Mkrtychyan R – Moiseyev V – Paja L – Pálfi G – Pokutta D – Pospieszny Ł – Price TD – Saag L – Sablin M – Shishlina N – Smrčka V – Soenov VI – Szeverényi V – Tóth G – Trifanov SV – Varul L – Vicze M – Yepiskoposyan L – Zhitenev V – Orlando L – Sicheritz-Pontén T – Brunak S – Nielsen R – Kristiansen K – Willerslev E: Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522. (2015) 167–172.
- Battaglia et al. 2009.** Battaglia V – Fornarino S – Al-Zahery N – Olivieri A – Pala M – Myres NM – King RJ – Rootsi S – Marjanovic D – Primorac D – Hadziselimovic R – Vidovic S – Drobic K – Durmishi N – Torroni A – Santachiara-Benerecetti AS – Underhill PA – Semino O: Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in Southeast Europe. *European Journal of Human Genetics*, 17. (2009) 6. sz. 820–830.
- Bíró et al. 2019.** Bíró A – Fehér T – Bárány G – Pamjav H: Testing Central and Inner Asian admixture among contemporary Hungarians. *Forensic Science International: Genetics*, 15. (2019) 121–126.
- Cinnioglu et al. 2004.** Cinnioglu C – King R – Kivisild T – Kalfoğlu E – Atasoy S – Cavalleri GL – Lillie AS – Roseman CC – Lin AA – Prince K – Oefner PJ – Shen P – Semino O – Cavalli-Sforza LL – Underhill PA: Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Human Genetics*, 114. (2004) 127–148.
- Fehér et al. 2015.** Fehér T – Németh E – Vándor A – Kornienko IV – Csáji LK – Pamjav H: Y-SNP L1034: limited genetic link between Mansi and Hungarian-speaking populations. *Molecular Genetics and Genomics*, 290. (2015) 1. sz. 377–386.

- Fóthi et al. 2020.** Fóthi E – Gonzales A – Fehér T – Gugora A – Fóthi Á – Bíró O – Keyser C: Genetic analysis of male Hungarian Conquerors: European and Asian paternal lineages of the conquering Hungarian tribes. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 12. (2020) 31.
- Gimbatus 1970.** Gimbatus M: Proto-Indo-European culture: the Kurgan culture during the 5th to the 3rd millennia BC. In: Cardona G – Koenigswald HM – Senn A (szerk.): *Indo-European and Indo-Europeans*. University of Pennsylvania Press, Philadelphia, 1970. 155–198.
- Greene et al. 2010.** Greene RE – Krause J – Briggs AW – Maricic T – Stenzel U – Kircher M – Patterson N – Li H – Zhai W – Fritz MH – Hansen NF – Durand EY – Malaspina AS – Jensen JD – Marques-Bonet T – Alkan C – Prüfer K – Meyer M – Burbano HA – Good JM – Schultz R – Aximu-Petri A – Butthof A – Höber B – Höffner B – Siegemund M – Weihmann A – Nusbaum C – Lander ES – Russ C – Novod N – Affourtit J – Egholm M – Verna C – Rudan P – Brajkovic D – Kucan Ž – Gušić I – Doronichev VB – Golovanova LV – Lalueza-Fox C – de la Rasilla M – Fortea J – Rosas A – Schmitz RW – Johnson PLF – Eichler EE – Falush D – Birney E – Mullikin JC – Slatkin M – Nielsen R – Kelso J – Lachmann M – Reich D – Pääbo S: A draft sequence of the Neandertal genome. *Science*, 328. (2010) 710–722.
- Hajdú 1977.** Hajdú Péter: *Preuráli nyelvi kapcsolatok. Magyar őstörténeti tanulmányok*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1977.
- Hajdú-Domonkos 1980.** Hajdú Péter – Domonkos Péter: *Uráli nyelvrokonaink*. Tankönyv Kiadó, Budapest, 1980.
- Hammer et al. 1997.** Hammer MF – Spurdle AB – Karafet T – Bonner MR – Wood ET – Novelletto A – Malaspina P – Mitchell RJ – Hora S – Jenkins T – Zegura SL. The geographic distribution of human Y-chromosome variation. *Genetics*, 145. (1997) 3. sz. 787–805.
- Huang et al. 2017.** Huang YZ – Pamjav H – Flegontov P – Stenzl V – Wen SQ – Tong XZ – Wang CC – Wang LX – Wei LH – Gao JY – Jin L – Li H: Dispersals of the Siberian Y-chromosome haplogroup Q in Eurasia. *Molecular Genetics and Genomics*, 293. (2017) 1. sz. 107–117.
- Ilumäe et al. 2016.** Ilumäe AM – 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 EK – Osipova LP – Fedorova S – Utevska O – Koshel S – Balanovska E – Behar DM – Balanovsky O – Kivisild T – Underhill PA – VILLEMS R – ROOTSI S: Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography That Cuts Across Language Families. *American Journal of Human Genetics*, 99. (2016) 1. sz. 163–173.
- Jobling–Tyler-Smith 2003.** Jobling MA – Tyler-Smith C: The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Review Genetics*, 4. (2003) 598–612.
- King et al. 2008.** King RJ – Ozcan SS – Carter T – Kalfoğlu E – Atasoy S – Triantaphyllidis C – Kouvatsi A – Zhivotovsky L – Michalodimitrakis M – Underhill PA. Differential Y-chromosome Anatolian influences on the Greek and Cretan Neolithic. *Annals of Human Genetics*, 72. (2008) 2. sz. 205–214.
- de Knijff 2000.** de Knijff P: Messages through Bottlenecks: On the Combined Use of Slow and Fast Evolving Polymorphic Markers on the Human Y Chromosome. *American Journal of Human Genetics*, 67. (2000) 5. sz. 1055–1061.
- Karafet et al. 2008.** Karafet TM – Mendez FL – Meilerman MB – Underhill PA – Zegura SL – Hammer MF: New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Research*, 18. (2008) 830–838.
- Kivisild 2017.** Kivisild T: The study of human Y chromosome variation through ancient DNA. *Human Genetics*, 136. (2017) 5. sz. 529–546.
- Maróti et al. 2022.** Zoltán Maróti – Endre Neparáczki – Oszkár Schütz – Kitti Maár – Gergely I. B. Varga – Bence Kovács – Tibor Kalmár – Emil Nyerkő – István Nagy – Dóra Latinovics – Balázs Tihanyi – Antónia Marcsik – György Pálfi – Zsolt Bernert – Zsolt Gallina – Ciprián Horváth – Sándor Varga – László Költő – István Raskó – Péter L. Nagy – Csilla Balogh – Albert Zink – Frank Maixner – Anders Götherström – Robert George – Csaba Szalontai – Gergely Szenthe – Erwin Gáll – Attila P. Kiss – Bence Gulyás – Bernadett Ny. Kovacsóczy – Szilárd Sándor Gál – Péter Tomka – Tibor Török: The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 32 (2022). 1–13.

- Nagy et al. 2021.** Péter L. Nagy – Judit Olasz – Endre Neparáczki – Nicholas Rouse – Karan Kapuria – Samantha Cano – Huijie Chen – Julie Di Cristofaro – Goran Runfeldt – Natalia Ekomasova – Zoltán Maróti – János Jeney – Sergey Litvinov – Murat Dzhaubermezov – Lilya Gabidullina – Zoltán Szentirmay – György Szabados – Dragana Zgonjanin – Jacques Chiaroni – Doron M. Behar – Elza Khusnutdinova – Peter A. Underhill – Miklós Kásler: Determination of the phylogenetic origins of the Árpád Dynasty based on Y chromosome sequencing of Béla the Third. *European Journal of Human Genetics*, 29. (2021) 164–172.
- Nasidze et al. 2005.** Nasidze I – Quinque D – Ozturk M – Bendukidze N – Stoneking M: MtDNA and Y-chromosome variation in Kurdish groups. *Annals of Human Genetics*, 69. (2005) 401–412.
- Neparáczki et al. 2019.** Endre Neparáczki – Zoltán Maróti – Tibor Kalmár – Kitti Maár – István Nagy – Dóra Latinovics – Ágnes Kustár – György Pálfi – Erika Molnár – Antónia Marcsik – Csilla Balogh – Gábor Lőrinczy – Szilárd Sándor Gál – Péter Tomka – Bernadett Kovacsóczy – László Kovács – István Raskó – Tibor Török: Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 9. (2019) 16569.
- Olasz et al. 2019.** Judit Olasz – Verena Seidenberg – Susanne Hummel – Zoltán Szentirmay – György Szabados – Béla Melegh – Miklós Kásler: DNA profiling of Hungarian King Béla III and other skeletal remains originating from the Royal Basilica of Székesfehérvár. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 11. (2019) 1345–1357.
- Pakendorf et al. 2007.** Pakendorf B – Novgorod IN – Osakovskij VL – Stoneking M: Mating patterns amongst Siberian reindeer herders: inferences from mtDNA and Y-chromosomal analyses. *American Journal of Physical Anthropology*, 133. (2007) 1013–1027.
- Pamjav 2018.** Pamjav Horolma: *Géneken vésett vallomások: DNS ujjlenyomat és őstörténet*. MTA doktori értekezés, Budapest, 2018.
- Pamjav et al. 2012.** Pamjav H – Fehér T – Németh E – Pádár Z: Brief communication: new Y-chromosome binary markers improve phylogenetic reso-

- lution within haplogroup R1a1. *American Journal of Physical Anthropology*, 149. (2012) 4. sz. 611–615.
- Pamjav et al. 2017.** Pamjav H – Fóthi Á – Fehér T – Fóthi E: A study of the Bodrogköz population in north-eastern Hungary by Y chromosomal haplotypes and haplogroups. *Molecular Genetics and Genomics*, 292. (2017) 4. sz. 883–894.
- Pimenoff et al. 2008.** Pimenoff VN – Comas D – Palo JU – Vershubsky G – Kozlov A – Sajantila A: Northwest Siberian Khanty and Mansi in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. *European Journal of Human Genetics*, 16. (2008) 10. sz. 1254–1264.
- Semino et al. 2000.** Semino O – Passarino G – Oefner PJ – Lin AA – Arbuzova S – Beckman LE – De Benedictis G – Francalacci P – Kouvatsi A – Limborska S – Marcikiae M – Mika A – Mika B – Primorac D – Santachiara-Benerecetti AS – Cavalli-Sforza LL – Underhill PA: The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science*, 90. (2000) 1155–1159.
- Sengupta et al. 2006.** Sengupta S – Zhivotovsky LA – King R – Mehdi SQ – Edmonds CA – Chow CE – Lin AA – Mitra M – Sil SK – Ramesh A – Usha Rani MV – Thakur CM – Cavalli-Sforza LL – Majumder PP – Underhill PA: Polarity and Temporality of High-Resolution Y-Chromosome Distributions in India identify Both Indigenous and Exogenous Expansions and Reveal Minor Genetic Influence of Central Asian Pastoralists. *American Journal of Human Genetics*, 78. (2006) 202–221.
- Sharma et al. 2009.** Sharma S – Rai E – Sharma P – Jena M – Singh S – Darvishi K – Bhat AK – Bhanwer AJ – Tiwari PK – Bamezai RN: The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *Journal of Human Genetics*, 54. (2009) 47–55.
- Shi et al. 2013.** Shi H – Qi X – Zhong H – Peng Y – Zhang X – Ma RZ – Su B: Genetic evidence of an East Asian origin and paleolithic northward migration of Y-chromosome haplogroup N. *PLoS One*, 30. (2013) 8. sz. 1761–1778.
- Slimak et al. 2022.** Slimak L – Zanolli C – Higham T – Frouin M – Schwenninger JL – Arnold LJ – Demuro M – Douka K – Mercier N – Guérin G –

- Valladas H – Yvorra P – Giraud Y – Seguin-Orlando A – Orlando L – Lewis JE – Muth X – Camus H – Vandevelde S – Buckley M – Mallol C – Stringer C – Metz L: Modern human incursion into Neanderthal territories 54,000 years ago at Mandrin, France. *Science Advances*, 11. (2022) 8/6. sz. eabj9496.
- Türk 2011.** Türk Attila: *A magyar őstörténet és a szaltovói régészeti kultúrkör.* Doktori értekezés, Szeged, 2011.
- Underhill–Kivisild 2007.** Underhill PA – Kivisild T: Use of Y chromosome and mitochondrial DNA population structure in tracing human migrations. *Annual Review of Genetics*, 41. (2007). 539–564.
- Underhill et al. 2010.** Underhill PA – Myres NM – Rootsi S – Metspalu M – Zhivotovsky LA – King RJ – Lin AA – Chow CE – Semino O – Battaglia V – Kutuev I – Järve M – Chaubey G – Ayub Q – Mohyuddin A – Mehdi SQ – Sengupta S – Rogaev EI – Khusnutdinova EK – Pshenichnov A – Balanovsky O – Balanovska E – Jeran N – Augustin DH – Baldovic M – Herrera RJ – Thangaraj K – Singh V – Singh L – Majumder P – Rudan P – Primorac D – Vilems R – Kivisild T. Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, 18. (2010) 479–484.
- Underhill et al. 2015.** Underhill PA – Poznik GD – Rootsi S – Järve M – Lin AA – Wang J – Passarelli B – Kanbar J – Myres NM – King RJ – Di Cristofaro J – Sahakyan H – Behar DM – Kushniarevich A – Sarac J – Saric T – Rudan P – Pathak AK – Chaubey G – Grugni V – Semino O – Yepiskoposyan L – Bahmanimehr A – Farjadian S – Balanovsky O – Khusnutdinova EK – Herrera RJ – Chiaroni J – Bustamante CD – Quake SR – Kivisild T – Vilems R: The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, 23. (2015) 1. sz. 124–131.
- Wells et al. 2001.** Well RS – Yuldasheva N – Ruzibakiev R – Underhill PA – Evseeva I – Blue-Smith J – Jin L – Su B – Pitchappan R – Shanmugalakshmi S – Balakrishnan K – Read M – Pearson NM – Zerjal T – Webster MT – Zholoshvili I – Jamarjashvili E – Gambarov S – Nikbin B – Dostiev A – Aknazarov O – Zalloua P – Tsoy I – Kitaev M – Mirrakhimov M – Chariev

A – Bodmer WF: The Eurasian Heartland: A continental perspective on Y-chromosome diversity. *PNAS*, 98. (2001) 10244–10249.

Y Chromosome Consortium. The Y Chromosome Consortium: A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Genome Research*, 12. (2002) 2. sz. 339–348.