

VARGA GERGELY ISTVÁN

KÖZÉPKORI MAGYAR URALKODÓK ARCHEOGENETIKAI VIZSGÁLATA

KIVONAT: Középkori uralkodóink sírjai a történelem viharáiban elvesztek, maradványaik ismeretlen helyen, azonosítatlanul nyugszanak. Máig egyedül III. Béla maradványai kerültek elő, valamint szent királyaink ereklyéi maradtak meg az utókornak, melyek eredetiségét azonban sokan kétségbe vonják. Munkánk során a legtöbb királyunk temetkezési helyéül szolgált székesfehérvári királyi bazilika területén feltárt maradványok archeogenetikai vizsgálatát végezzük el, és azonosítjuk uralkodóink csontvázait. Emellett a Szent László-herma koponyaereklyéjét is megvizsgáltuk, hogy valódiságát igazoljuk. Míg a székesfehérvári vizsgálatokból csak részeredményeket közlünk, lévén a munka még nem fejeződött be, addig a herma vizsgálata lezajlott, bemutatjuk, hogy eredetisége igazolást nyert, valóban Szent László koponyáját rejt. Mi több, azt is ismertetjük, hogyan járult hozzá Szent László genomvizsgálata az Árpád-házi maradványok személyazonosításához, és kimutatjuk a honfoglalók genetikai örökségét a Szent Király örökítőanyagában.

KULCSSZAVAK: archeogenomika, ásatag DNS, teljes genomszekvenálás, rokonságifok-becslés, főkomponens-elemzés, qpAdm-elemzés, filogenetikai elemzés

Bevezetés

A középkori Magyar Királyság uralkodói a kor szokásának megfelelően templomokba temetkeztek, melyeket nem ritkán korábban ők is alapítottak. A történelem során azonban ezek közül a templomok közül sok lepusztult, a sírok nagy része eltűnt. Az összes középkori uralkodónk közül máig csak egyetlen királyunk, III. Béla sírja és maradványai kerültek elő.

A királyi temetkezőhelyek közül fontosságában egyértelműen kiemelkedik a székesfehérvári bazilika, melyben összesen 15 uralkodónkat helyezték végső nyugalomra. A székesfehérvári királyi bazilika építése Szent István uralkodása alatt kezdődött a XI. század elején. Az épületet később több alkalommal átépítették, új épületrészekkel bővítették (Szabó 2010; Szabó 2018; Buzás 2019, 263–265.). A bazilika hagyományosan a magyar királyok koronázótemploma volt, emellett sok király, királyi családtag és kiemelkedő nemesi család számára temetkezési helyül is szolgált a templom és a körülötte lévő terület. Többek között nyolc Árpád-házi király, két Árpád-házi herceg, valamint hét vegyesházi király temetkezett a templomba (1. táblázat). A XVI-XVII. században a várost elfoglalták a törökök, majd a keresztény hadak több alkalommal is megostromolták, ezek során a templom épülete megrongálódott, robbanás, tűzvész pusztította, a sírokat feldúlták és kirabolták, a csontokat kidobálták belőlük. A város visszafoglalása (AD 1688.) után az épület köveit elhordták és felhasználták a város újjáépítéséhez (Hankó 2004, 9–24; Éry 2008, 13.). A bazilika falainak romjait, közöttük a királyi sírokat és maradványokat beborították és elfedték az újjáépült város épületei és utcái.

Ezek után igazán meglepő, de 1848-ban a bazilika egykori területén csatornájavitási munkálatok során bolygatatlan királyi sírokat találtak. A sírokban lévő csontvázakat III. Bélával és feleségével, Antiochiai Anna királynéval azonosították, bár később ezt az azonosságot többen megkérdőjelezték (Tóth 2006; Szabados 2016). A következő mintegy másfél évszázad során számos ásatást végeztek az egykori bazilika területén (1848, 1862, 1874, 1936–37, 1967–2002), melyek során összesen majdnem ezer ember maradványait tárták fel, több ezer szórványos emberi csontvázrészlettel egyetemben. Sajnos a régészek azzal szembesültek, hogy mind a törökök, mind a keresztény katonák feldúlták és kirabolták a sírokat, eköz-

ben elmozdították az ott talált emberi maradványokat, így a megtalált csontvázat nem tudták a sírok helyzete vagy a mellékletek alapján azonosítani. Ráadásul a maradványok tárolása és szállítása során is történtek balszerencsés események, amelyek tovább nehezítették a csontok egyéni azonosítását. A XX. század végén egy antropológiai vizsgálat kezdődött, melynek során a lehetőségekhez mérten szétválogatták a különböző egyének csontvágrészleteit, de nem állt még a kutatók rendelkezésére a személyazonosságok meghatározására alkalmas tudományos módszer (Éry 2008). 2000-ben a feltárt csontvázat rozsdamentesacél ládába helyezték, és a székesfehérvári Romkertben kialakított osszáriumban helyezték el. Kivételt csupán III. Béla, felesége és még néhány, a XIX. században megtalált egyén csontváza képeztek, amelyeket a Mátyás-templom oldalhajójában, valamint altemplomában helyeztek nyugalomra (Hankó 2004, 46–51, 98.).

Név	Uralkodóház	Születési idő	Uralkodás	Halál ideje
Imre herceg	Árpád-ház	1000/1007	-	1031
I. Szent István	Árpád-ház	c. 980	997–1038	1038
I. Könyves Kálmán	Árpád-ház	c. 1070	1095–1116	1116
Álmos herceg	Árpád-ház	c. 1071	-	1127
II. Vak Béla	Árpád-ház	c. 1108	1131–1141	1141
II. Géza	Árpád-ház	c. 1130	1141–1162	1162
II. László (ellenkirály)	Árpád-ház	c. 1131	1162–1163	1163
IV. István (ellenkirály)	Árpád-ház	c. 1133	1163	1165
III. Nagy Béla	Árpád-ház	c. 1148	1172–1196	1196
III. László	Árpád-ház	c. 1200	1204–1205	1205
I. Károly Róbert	Anjou-ház	1288	1301/1308–1342	1342
I. Nagy Lajos	Anjou-ház	1326	1342–1382	1382
I. Albert	Habsburg-ház	1397	1437–1439	1439
I. Mátyás	Hunyadi-ház	1443	1458–1490	1490
II. Ulászló	Jagelló-ház	1456	1490–1516	1516
II. Lajos	Jagelló-ház	1506	1516–1526	1526
I. János	Szapolyai-ház	1490/1491	1526–1540	1540

1. táblázat. A székesfehérvári bazilikában eltemetett magyar uralkodók és hercegek történelmi adatokból rekonstruálható listája.

A személyazonosítás problémájára a megoldást egy új tudományág, az archeogenetika jelentheti, amely a gyors és hatékony molekuláris biológiai módszerek, valamint új populációgenetikai megközelítések kifejlesztésének köszönhetően rohamos fejlődésnek indult (Rizzi et al. 2012; Pickrell – Reich 2014). Ennek az új tudományágnak az eszköztára többek között lehetővé teszi az egykor élt egyének vagy népelemek származásának és rokonsági viszonyainak meghatározását (Neparáczi et al. 2018 és 2019; Maár et al. 2021; Maróti et al. 2022). Mára a genetikai adatok alapján lehetségessé vált a történeti, történelem előtti és modern populációk származásának, keveredésének és vándorlásának leírása (Haak et al. 2015; Järve et al. 2019; Narasimhan et al. 2019), anyai és apai leszármazási vonalak azonosítása (Csáky et al. 2020; Neparáczi et al. 2018 és 2019; Maár et al. 2021), valamint rokoni kapcsolatok feltárása és családfák rekonstrukciója (Keller et al. 2015; Kuhn et al. 2018; O’Sullivan et al. 2018; Vai et al. 2020; Keyser et al. 2021; Nyerki et al. 2022). Ami számunkra még fontosabb, több példát is találhatunk arra, hogy az archeogenetikai megközelítést sikeresen alkalmazták híres történelmi személyek maradványainak azonosítására (pl. Rogaev et al. 2009; King et al. 2014). Ezek az esetek rámutattak, hogy igazolt rokonoktól származó genomszekvencia-információk szükségesek a történelmi maradványok pontos személyazonosságának megállapításához, ezért elengedhetetlenül szükségesek a magyar királyok maradványainak azonosításához a rokonaiktól származó genetikai adatok.

A magyar királyi maradványok genetikai vizsgálata 2013-ban kezdődött az Árpád-ház Program keretében III. Béla király és néhány további, a Mátyás-templomban elhelyezett csontváz alacsony felbontású vizsgálatával. Az Y-kromoszomális STR-analízis alapján megállapították, hogy III. Béla és az Árpád-ház az R1a apai leszármazási vonalba (haplocsoport) tartozott, ráadásul egy további Árpád-házi személy maradványait is azonosították (Olasz et al. 2019). Az Árpádok teljes Y-kromoszóma-szekvenciájának nagy felbontású elemzése révén kiderült, hogy az első magyar uralkodódinasztia Y-kromoszóma-szekvenciája az R1a-Z2125 alhaplocsoportba tartozik. Megállapították, hogy kilenc egyedi egyponos nukleotid polimorfizmus (single nucleotide polymorphism, SNP) marker alapján az Árpád-ház tagjai a kizárólag rájuk jellemző R-ARP alhaplocsoportot alkotják (Nagy et al. 2021).

Ezen vizsgálatoknak köszönhetően hozzáférhetővé vált az Árpád-házi maradványok azonosításának kulcsfontosságú eszköze, az Árpádok Y-kromoszóma-szekvenciája (Olasz et al. 2019; Nagy et al. 2021). Ezért célul tűztük ki a székesfehérvári osszáríum csontvázainak újgenerációs szekvenálási (next generation sequencing, NGS) módszerre épülő archeogenetikai és -genomikai vizsgálatát a magyar királyok csontmaradványainak azonosítása érdekében. Vizsgálatainkba bevontuk Szent László Győrben őrzött koponyaereklyéjét is, így nemcsak az ereklye eredetiségének igazolására volt lehetőségünk, hanem egy biztos pontot is szereztünk a maradványok személyazonosításához.

Eredmények és értékelésük

A székesfehérvári osszáríum maradványainak vizsgálata

A vizsgálat első lépéseként beszereztük a szükséges engedélyeket a Székesfehérvári Egyházmegyétől, a Szent István Király Múzeumtól és Székesfehérvár Város Önkormányzatától, felnyitottuk az osszáríumot, és genetikai vizsgálatra alkalmas mintákat válogattunk az ott őrzött csontvázakból. Az archeogenetikai analízishez legjobb minőségű DNS a sziklacsontban, valamint a foggyökér cementum rétegében őrződik meg (Hansen et al. 2017), ezért elsősorban a csontkamrában rendelkezésre álló koponyákra koncentráltunk. A maradványok megőrzési állapota széles skálán mozog: előfordultak teljes vagy csaknem teljes koponyák, valamint hiányosak vagy töredékesek és szórványok egyaránt. Több koponyán is megfigyeltük a genetikai elemzéshez szükséges korábbi mintavételek nyomait (Éry 2008, 170). Számos csontvázon találtunk különféle betegségekre utaló jeleket. A koponya nélküli maradványok esetében különböző vázcsontokat jelöltünk ki. Meglepő módon lényegesen több csontot találtunk az osszáríumban, mint amennyit a korábbi antropológiai munkajelentés alapján várni lehetett (Éry 2008, 281). Összesen 633 korábban szétválogatott maradvány koponyáját és koponyatöredékét, 34 vázcsontmintát és 1222 válogatatlan

koponyatöredéket választottunk ki. Az osszáriumi csontanyag sokszínűségét az 1. ábrán szemléltetjük.

A székesfehérvári minták feldolgozása folyamatban van. A DNS-kivonást és szekvenáló könyvtárépítést követően több lépésben ellenőrizzük a minták minőségét, majd ennek eredményétől függően küldjük a követelményeknek megfelelő könyvtárakat teljes genomszekvenálásra vagy uniparentális markerrelemzésre. Az egyes munkalépéseken átesett minták statisztikai adatait a 2. táblázatban közöljük.



1. ábra. Az osszáriumban őrzött csontanyag: a) ép koponya; b) hiányos koponya; c) korábbi genetikai mintavétel nyoma egy koponyán; d) töredékes koponya; e) sziklacsont és fog nélküli koponyatöredék, mely genetikai vizsgálatra nem alkalmas; f) koponyatöredékeket tartalmazó csomag; g) abnormalis gerincoszlop; h) csontváztöredékeket tartalmazó csomag. (Fényképek: Kis Luca)

Munkafolyamat lépése:	Teljesített mintaszám:
Mintavétel:	576
DNS-kivonat:	500
Könyvtár:	456
Minőségellenőrzés:	442
Teljes genomszekvenálásra kiküldött:	314
Y-STR-vizsgálatra kiküldött:	39

2. táblázat. Az egyes munkafolyamati lépéseken átesett székesfehérvári minták száma.

A Szent László-herma koponyaereklyéjének vizsgálata

A Szent László-herma kinyitásához és a koponyaereklye vizsgálatához az engedélyt a Győri Egyházmegyétől, Veres András püspöktől és Reisner Ferenc püspöki helynöktől kaptuk (iktatószám: MKI/604-1/2021). A hermáról és a koponyaereklyéről készült felvételeinket a 2. ábrán mutatjuk be. A helyszínen vettünk sziklacsont por- és foggyökérmintát.

A DNS-kivonást mind a két mintán elvégeztük, szekvenáló könyvtárakat építettünk, majd a minőségellenőrzés során kiderült, hogy míg a sziklacsontból kinyert DNS csak nagyon kevés emberi szekvenciát tartalmazott (0,3%),



2. ábra. A Szent László-herma. A) A Luxemburgi Zsigmond uralkodása alatt készült ereklyetartó. B–C) A koponyaereklye különböző nézőpontokból. (Fényképek: Kis Luca)

addig a foggyökérből kinyert minta kiváló minőségű volt, 72% endogén DNS-tartalommal. A könyvtár kiemelkedő minőségének köszönhetően a teljes genomra vonatkozóan átlagosan 32-szeres (21-50-szeres), míg az Y-kromoszómára vonatkozóan 14,5-szeres technikai lefedettségét tudtunk elérni, amely megfelel egy ma élő ember mintájából elérhető lefedettségi értéknek. Ez lehetővé tette az Árpád-házi apai leszármazási vonal nagy pontosságú filogenetikai elemzését.

A koponya Y-kromoszóma-sorrendjét III. Béla király, az Árpád-ház egyetlen ismert és azonosított maradványaival rendelkező királyának szekvenciájával hasonlítottuk össze (Olasz et al. 2019; Nagy et al. 2021).

Az ereklye Y-kromoszóma-szekvenciájának haplocsoportját Yleaf szoftverrel határoztuk meg, az ISOGG 2020-as SNP adatbázisa alapján. Szent László Y-kromoszóma-szekvenciáját az R1a1a1b2a2a1c3~ alhaplocsoportba soroltuk az R-Y2632 marker alapján. A szekvencia manuális elemzését követően az ARP1, ARP2, ARP3, ARP4, ARP5, ARP6, ARP7, ARP8 és ARP9.1 SNP-k alapján megállapítottuk, hogy az ereklye Y-kromoszómája az Árpád-ház alhaplocsoportjába, az R-ARP-ba (R1a1a1b2a2a1c3a3b) tartozik (Nagy et al. 2021) (3. táblázat). Ez az eredmény igazolta Szent László ereklyéjének eredetiségét.

R-ARP SNP marker	Genomi pozíció (hg19)	Ősi allél	Leszármaztatott allél	III. Béla	Szent László
ARP1	7984982	C	T	T (4)	T (6)
ARP2	16029270	T	C	C (4)	C (21)
ARP3	17396294	T	DelT	DelT (4)	DelT (36)
ARP4	18109049	C	T	T (8)	T (23)
ARP5	18224864	G	C	C (3)	C (14)
ARP6	19228895	C	A	n.a.	A (12)
ARP7	19318466	G	A	A (1)	A (13)
ARP8	21952638	T	A	n.a.	A (18)
ARP9.1	22471532	A	C	C (2)	C (8)

3. táblázat. Szent László Y-kromoszóma-szekvenciája manuális elemzésének eredménye. III. Béla és Szent László SNP-alléljai melletti zárójelben az adott genomi pozícióra vonatkozó lefedettség adatok láthatók.

Nagy és munkatársai (2021) leközölték egy további, az Árpád-házhoz tartozónak bizonyult csontváz (HU52) Y-kromoszóma-szekvenciáját, amelyet szintén a székesfehérvári királyi bazilika területén tártak fel és a Mátyás-templomban őriznek. Mivel korábban csak egyetlen másik Árpád-házi személy, III. Béla (HU3B) genetikai adatai álltak rendelkezésre, a HU52 egyén személyazonosságát nem lehetett megállapítani (Olasz et al. 2019; Nagy et al. 2021). Még a HU3B maradványok személyazonosságát is több történész megkérdőjelezte, azt állítva, hogy a csontváz inkább Könyves Kálmán királyé, mint III. Béláé (Tóth 2006), ezért megvizsgáltuk a rendelkezésre álló Árpád-házi genomok rokonsági viszonyait, hogy meghatározzuk az egyének pontos helyzetét a családfán (3. ábra). A rokonsági elemzéshez elvégeztük az Olasz és munkatársai (2019) által vizsgált Árpád-házi maradványok teljes genomszekvenálását, valamint továbbfejlesztettünk egy rokonságifok-becslő módszert, amely így képes lett nagy biztonsággal azonosítani a rokonsági kapcsolatokat egészen negyedik fokig, még alacsony lefedettségű ősi genomok esetén is (Nyerki et al. 2022). A vizsgálat ötödik fokú rokonságot jelzett Szent László és HU3B között (4. táblázat), amely pontosan megfelel Szent László és III. Béla ismert családi kapcsolatainak. Bár még az új módszer rokonsági becslése is bizonytalanná válik negyedik fok felett, az azonban egyértelmű, hogy a HU3B maradványok nem tartozhattak Könyves Kálmánhoz, aki Szent László másodfokú rokona (unokaöccse) volt (3. ábra). Eredményeink tehát alátámasztják a HU3B maradványok III. Bélával történő azonosítását.

Azonosító	III. Béla	HU52	Antiochiai Anna	Szent László
III. Béla	azonos	2. fok	nem rokon	~5. fok
HU52	2. fok	azonos	2. fok	≥5. fok
Antiochiai Anna	nem rokon	2. fok	azonos	nem rokon
Szent László	~5. fok	≥5. fok	nem rokon	azonos

4. táblázat. A rokonsági vizsgálat eredményeit összefoglaló táblázat.

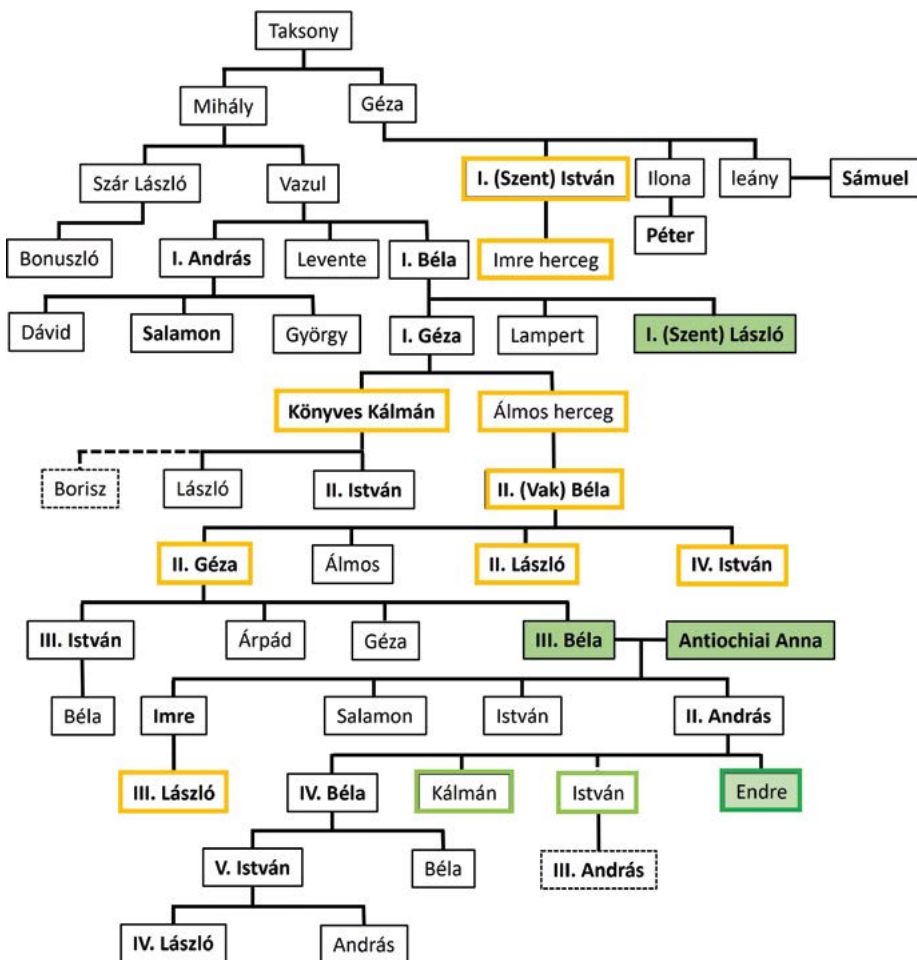
A HU52 egyént III. Béla és felesége mellé temették (Olasz et al. 2019), és bár Y-kromoszómája egyértelműen az Árpád-ház tagjaként azonosította (Nagy et al. 2021), személyazonossága azonban ismeretlen maradt. Rokonsági elem-

zésünk másodfokú kapcsolatot mutatott ki HU52 és III. Béla között, míg Szent Lászlótól távolabbi, legalább ötödik fokú rokonságot detektáltunk (4. táblázat). HU52 családfán való elhelyezkedésének további pontosítása érdekében a rokonsági elemzésbe bevontuk Antiochiai Anna királyné (HUAA), III. Béla feleségének genomszekvenciáját is. Az elemzés másodfokú rokonságot mutatott ki a királynő és HU52 között is (4. táblázat). Az egyén egyenlő távolsága a királytól és a királynőtől megcáfolja azt a korábbi feltételezést, hogy a HU52 egyén II. Béla király (III. Béla nagyapja) lehetne (Olasz et al. 2019), éppen ellenkezőleg, egyértelműen azt mutatja, hogy az azonosítatlan férfi egyike lehetett a királyi pár öt unokájának (3. ábra).

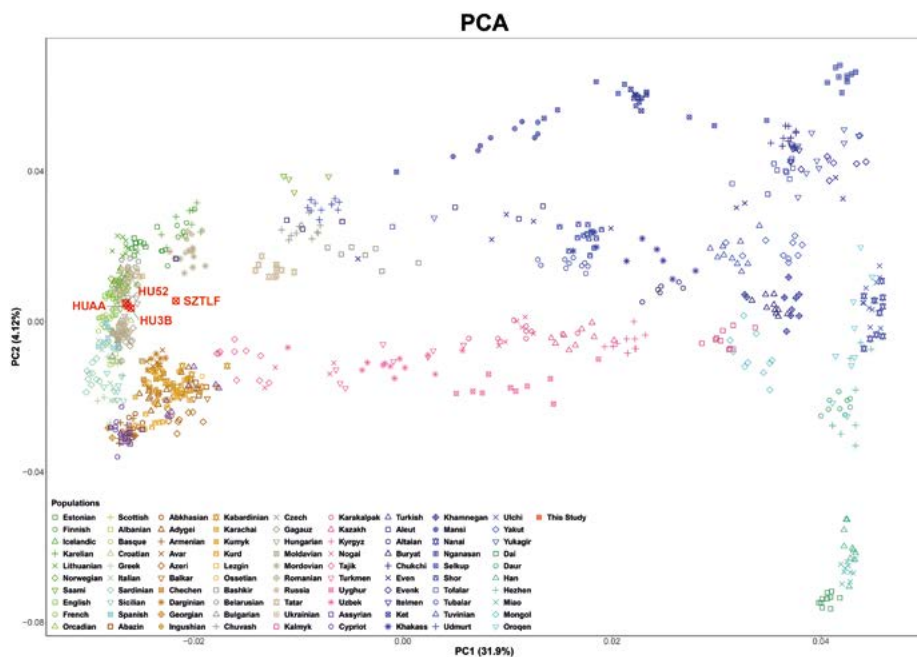
Ismeretes, hogy HU52-t a székesfehérvári királyi bazilikában temették el, halálzási életkorát pedig többször vizsgálták, és antropológiai módszerekkel 20-30 év közöttire becsülték (Olasz et al. 2019, 3), így a dinasztia temetkezéseiről szóló történeti adatok alapján a potenciális unokák köre tovább szűkíthető volt. III. László király gyermekkorában hunyt el (Hankó 2004, 194), IV. Béla pedig a hatvanas éveiben halt meg, és Esztergomban temették el (Hankó 2004, 195), így mindkettőjüket kizártuk a lehetséges jelöltek közül. IV. Béla mindhárom fivérének halálzási kora nagyjából megfeleltethető HU52 becsült antropológiai életkorának, Kálmán herceget azonban a horvátországi Kloštar Ivanićban helyezték örök nyugalomra (Kanyó Géza 1895), míg Utószülött Istvánt a velencei San Michele in Isola templomban temették el, Olaszországban (Kádár 2012, 102). A negyedik testvér, András herceg Halicsban halt meg, de mivel végső nyughelye nem ismert, így ő a legjobb jelölt HU52 személyazonosításához.

Az Árpád-háziak genetikai származásának további jellemzésére főkomponens-elemzést (principal component analysis, PCA) végeztünk. Ennek során a genomtávolságok alapján egy genetikai térképre visszük fel a mintákat, melyen az egymáshoz leginkább hasonló genomok kerülnek egymás közelébe. A vizsgálat háttérét egy mai eurázsiai genomokból felrajzolt térkép adta, melyen a minták elhelyezkedése megfelel a népeségek földrajzi elhelyezkedésének. A PCA-ábrán Szent László genomja keletre tolódott el a modern európai populációk felhőjéből, míg a többi vizsgált királyi családtag a modern magyarok és horvátok közelébe került (4. ábra). Utóbbi eredmények összhangban van-

nak III. Béla korábban közölt adataival (Wang et al. 2021), míg Szent László PCA-pozíciója azt sugallja, hogy többet őrzött meg a dinasztia honfoglalókhöz kapcsolható, keleti típusú genomi örökségéből, mint későbbi rokonai.



3. ábra. Az Árpád-ház férfi tagjainak családfája a királyok utolsó közös ősétől, Taksonytól kiindulva. Zölddel az azonosított maradványokat jelöltük, sárgával pedig a Székesfehérvárott eltemetett, még nem azonosított családtagokat. A szaggatott vonal és keret bizonytalan rokoni kapcsolatot jelöl.



4. ábra. A vizsgált Árpád-házi genomok főkomponens-elemzése.

A világon elsőként hajtottunk végre sikeres genomelemzést egy katolikus szent ereklyéjén. Szent László Magyarország és Európa középkori történelmének egyik legjelentősebb alakja volt, legendás király és katolikus szent, így első számú ereklyéje igazolásának óriási történelmi és spirituális jelentősége van. Ráadásul a Szent Király genetikai és genomikai adataival III. Béla maradványainak személyazonossága, ennek köszönhetően Anna királyné maradványainak kiléte is igazolható volt. Így az Árpád-házi család három biztos ponton, elmentmondás nélkül rögzítésre került, szilárd alapot biztosítva a jövőben a magyar királyi maradványok személyazonosításához a székesfehérvári csontvázak közül.

Finanszírozás

Kutatásainkat a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatta (TUDFO/5157-1/2019-ITM és TKP2020-NKA-23; E.N. részére). Az Innovációs és Technológiai Minisztérium Kooperatív Doktori Program Doktori Hallgatói Ösztöndíj Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült (KDP-2020, pályázati azonosító: 1020404; L.K. részére). K.M. munkáját az Új Nemzeti Kiválósági Program támogatta (ÚNKP-20-3-SZTE-470).

Köszönetnyilvánítás

Köszönettel tartozunk a Székesfehérvári Egyházmegyének, a Szent István Király Múzeumnak és Székesfehérvár Megyei Jogú Város Önkormányzatának, hogy engedélyezték az osszáriumi csontanyag vizsgálatát. Köszönjük a Győri Egyházmegyének a hozzájárulást Szent László hermájának vizsgálatához! Köszönettel tartozunk Kásler Miklósnak, Horváth–Lugossy Gábornak és Vizi László Tamásnak is a támogatásért és biztatásért, valamint Tóth Szabolcsnak az adminisztratív munkájáért. Köszönjük Makoldi Miklósnak, Dudás Eszternek, Hornyik Adrienn-nek, Tóth Zsoltnak, Szentirmay Zoltánnak, Pamjav Horolmának és Nagy Péternek a közreműködést. Köszönjük Stilling Ferencnek és Halász Andrásnak a csontválogatás során nyújtott segítségét!

IRODALOMJEGYZÉK

- Buzás 2019.** Buzás Gergely: Mátyás király egyházi építkezései. In: Fedeles Tamás (szerk.): *Mátyás király és az egyház*. Thesaurus Historae Ecclesiasicae in Universitate Quinqueecclesiensi 10., Pécs, 2019. 253–269.
- Csáky et al. 2020.** Veronika Csáky – Dániel Gerber – István Koncz – Gergely Csiky – Balázs G. Mende – Bea Szeifert – Balázs Egyed – Horolma Pamjav – Antónia Marcsik – Erika Molnár – György Pálfi – András Gulyás – Bernadett Kovacsóczy – Gabriella M. Lezsák – Gábor Lőrinczy – Anna Szécsényi-Nagy – Tivadar Vida: Genetic insights into the social organisation of the Avar period elite in the 7th century AD Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 10. (2020) 948.
- Éry 2008.** Éry Kinga: *A Székesfehérvári Királyi Bazilika embertani leletei 1848-2002*. Balassi Kiadó, Budapest, 2008.
- Haak et al. 2015.** Wolfgang Haak – Iosif Lazaridis – Nick Patterson – Nadin Rohland – Swapan Mallick – Bastien Llamas – Guido Brandt – Susanne Nordenfelt – Eadaoin Harney – Kristin Stewardson – Qiaomei Fu – Alissa Mittnik – Eszter Bánffy – Christos Economou – Michael Francken – Susanne Friederich – Rafael Garrido Pena – Fredrik Hallgren – Valery Khartanovich – Aleksandr Khokhlov – Michael Kunst – Pavel Kuznetsov – Harald Meller – Oleg Mochalov – Vayacheslav Moiseyev – Nicole Nicklisch – Sandra L. Pichler – Roberto Risch – Manuel A. Rojo Guerra – Christina Roth – Anna Szécsényi-Nagy – Joachim Wahl – Matthias Meyer – Johannes Krause – Dorcas Brown – David Anthony – Alan Cooper – Kurt Werner Alt – David Reich: Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522. (2015) 207–211.
- Hankó 2004.** Hankó Ildikó: *Királyaink tömegsírban*. Magyar Ház, Budapest, 2004.
- Hansen et al. 2017.** Henrik B. Hansen – Peter B. Damgaard – Ashot Margaryan – Jesper Stenderup – Niels Lynnerup – Eske Willerslev – Morten E. Alentoft: Comparing Ancient DNA Preservation in Petrous Bone and Tooth Cementum. *PLOS ONE*, 12. (2017) e0170940.

- Harney et al. 2021.** Éadaoin Harney – Olivia Cheronet – Daniel M. Fernandes – Kendra Sirak – Matthew Mah – Rebecca Bernardos – Nicole Adamski – Nasreen Broomandkoshbacht – Kimberly Callan – Ann Marie Lawson – Jonas Oppenheimer – Kristin Stewardson – Fatma Zalzal – Alexandra Anders – Francesca Candilio – Mihai Constantinescu – Alfredo Coppa – Ion Ciobanu – János Dani – Zsolt Gallina – Francesco Genchi – Emese Gyöngyvér Nagy – Tamás Hajdu – Magdolna Hellebrandt – Antónia Horváth – Ágnes Király – Krisztián Kiss – Barbara Kolozsi – Péter Kovács – Kitti Köhler – Michaela Lucci – Ildikó Pap – Sergiu Popovici – Pál Raczky – Angela Simalcsik – Tamás Szeniczey – Sergey Vasilyev – Cristian Virag – Nadin Rohland – David Reich – Ron Pinhasi: A minimally destructive protocol for DNA extraction from ancient teeth. *Genome Research*, 31. (2021) 472–483.
- Järve et al. 2019.** Mari Järve – Lehti Saag – Christiana Lyn Scheib – Ajai K. Pathak – Francesco Montinaro – Luca Pagani – Rodrigo Flores – Meriam Guellil – Lauri Saag – Kristiina Tambets – Alena Kushniarevich – Anu Solnik – Liivi Varul – Stanislav Zadnikov – Oleg Petrauskas – Maryana Avramenko – Boris Magomedov – Serghii Didenko – Gennadi Toshev – Igor Bruyako – Denys Grechko – Vitalii Okatenko – Kyrlyo Gorbenko – Oleksandr Smyrnov – Anatolii Heiko – Roman Reida – Serheii Sapiehin – Sergey Sirotnin – Aleksandr Tairov – Arman Beisenov – Maksim Starodubtsev – Vitali Vasilev – Alexei Nechvaloda – Biyaslan Atabiev – Sergey Litvinov – Natalia Ekomasova – Murat Dzhaubermezov – Sergey Voroniatov – Olga Utevska – Irina Shramko – Elza Khusnutdinova – Mait Metspalu – Nikita Savelev – Aivar Kriiska – Toomas Kivisild – Richard Villems.: Shifts in the Genetic Landscape of the Western Eurasian Steppe Associated with the Beginning and End of the Scythian Dominance. *Current Biology*, 29. (2019) 2430–2441.e10.
- Jeong et al. 2020.** Choongwon Jeong – Ke Wang – Shevan Wilkin – William Timothy Treal Taylor – Bryan K. Miller – Jan H. Bemmman – Raphaela Stahl – Chelsea Chiovelli – Florian Knolle – Sodnom Ulziibayar – Dorjpurev Khatanbaatar – Diimaajav Erdenebaatar – Ulambayar Erdenebat – Ayu-dai Ochir – Ganbold Ankhsanaa – Chuluunkhuu Vanchigdash – Battuga

- Ochir – Chuluunbat Munkhbayar – Dashzeveg Tumen – Alexey Kovalev – Nikolay Kradin – Bilikto A. Bazarov – Denis A. Miyagashev – Prokopi B. Konovalov – Elena Zhambaltarova – Alicia Ventresca Miller – Wolfgang Haak – Stephan Schiffels – Johannes Krause – Nicole Boivin – Myagmar Erdene – Jessica Hendy – ChristinaWarinner: A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 183. (2020) 890–904
- Kanyó 1895.** Kanyó Géza: Ivanics, ahol Kálmán halicsi királyt eltemették. *Katolikus Szemle*, 3. (1895) 250–267
- Kádár 2012.** Kádár Tamás: Az Árpád-házi uralkodók és az országulásuk idején hercegi címmel tartományi különhatalmat gyakorolt külhoni, fejedelmi származású előkelők, valamint azok családtagjainak elhalálozási és temetkezési adatai 997–1301 között. *FONS. Forráskutatás és Történeti Segédanyagok*, XIX. (2012) 1. sz. 57–108.
- Keller et al. 2015.** Marcel Keller – Andreas Rott – Nadja Hoke – Heiner Schwarzberg – Birgit Regner-Kamlah – Michaela Harbeck – Joachim Wahl: Genetic and archeometric analyses of skeletal remains from the neolithic earthwork Bruchsal-Aue. *American Journal of Physical Anthropology*, 157. (2015) 458–471.
- Keyser et al. 2021.** Christine Keyser – Vincent Zvánigorosky – Angéla Gonzalez – Jean-Luc Fausser – Florence Jagorel – Patrice Gérard – Turbat Tsagaan – Sylvie Duchesne – Eric Crubézy – Bertrand Ludes: Genetic evidence suggests a sense of family, parity and conquest in the Xiongnu Iron Age nomads of Mongolia. *Human Genetics*, 140. (2021) 349–359.
- King et al. 2014.** Turi E. King – Gloria Gonzalez Fortes – Patricia Balaesque – Mark G. Thomas – David Balding – Pierpaolo Maisano Delser – Rita Neumann – Walther Parson – Michael Knapp – Susan Walsh – Laure Tonasso – John Holt – Manfred Kayser – Jo Appleby – Peter Forster – David Ekserdjian – Michael Hofreiter – Kevin Schürer: Identification of the remains of King Richard III. *Nature Communications*, 5. (2014) 5631.
- Kircher et al. 2012.** Martin Kircher – Susanna Sawyer – Matthias Meyer: Double indexing overcomes inaccuracies in multiplex sequencing on the Illumina platform. *Nucleic Acids Research*, 40. (2012), e3.

- Kuhn et al. 2018.** Jose M. M. Kuhn – Mattias Jakobsson – Torsten Günther: Estimating genetic kin relationships in prehistoric populations. *PLOS ONE*, 13. (2018) e0195491.
- Maár et al. 2021.** Kitti Maár, Gergely I B Varga, Bence Kovács, Oszkár Schütz, Zoltán Maróti, Tibor Kalmár, Emil Nyerki, István Nagy, Dóra Latinovics, Balázs Tihanyi, Antónia Marcsik, György Pálfi, Zsolt Bernert, Zsolt Gallina, Sándor Varga, László Költő, István Raskó, Tibor Török, Endre Neparáczki: Maternal Lineages from 10–11th Century Commoner Cemeteries of the Carpathian Basin. *Genes*, 12. (2021) 3. sz. 460.
- Maróti et al. 2022.** Zoltán Maróti – Endre Neparáczki – Oszkár Schütz – Kitti Maár – Gergely I. B. Varga – Bence Kovács – Tibor Kalmár – Emil Nyerki – 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.
- Meyer – Kircher 2010.** Matthias Meyer – Martin Kircher: Illumina Sequencing Library Preparation for Highly Multiplexed Target Capture and Sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols*, (2010) 6. sz. pdb.prot5448.
- 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.
- Narashiman et al. 2019.** Vagheesh M. Narasimhan – Nick Patterson – Priya Moorjani – Nadin Rohland – Rebecca Bernardos – Swapan Mallick – Isif

Lazaridis – Nathan Nakatsuka – Iñigo Olalde – Mark Lipson – Alexander M. Kim – Luca M. Olivieri – Alfredo Coppa – Massimo Vidale – James Mallory – Vyacheslav Moiseyev – Egor Kitov – Janet Monge – Nicole Adamski – Neel Alex – Nasreen Broomandkhoshbacht – Francesca Candilio – Kimberly Callan – Olivia Cheronet – Brendan J. Culleton – Matthew Ferry – Daniel Fernandes – Beatriz Gamarra – Daniel Gaudio – Mateja Hajdinjak – Éadaoin Harney – Thomas K. Harper – Denise Keating – Ann Marie Lawson – Matthew Mah – Kirsten Mandl – Megan Michel – Mario Novak – Jonas Oppenheimer – Niraj Rai – Kendra Sirak – Viviane Slon – Kristin Stewardson – Fatma Zalzal – Zhao Zhang – Gaziz Akhatov – Anatoly N. Bagashev – Alessandra Bagnera – Baurzyhan Baitanayev – Julio Bendezu-Sarmiento – Arman A. Bissembaev – Gian Luca Bonora – Temirlan T. Chargynov – Tatiana Chikisheva – Petr K. Dashovskiy – Anatoly Derevianko – Miroslav Dobeš – Katerina Douka – Nadezhda Dubova – Meiram N. Duisengali – Dmitry Enshin – Andrey Epimakhov – Suzanne Freilich – Alexey V. Fribus – Dorian Fuller – Alexander Goryachev – Andrey Gromov – Sergey P. Grushin – Bryan Hanks – Margaret Judd – Erlan Kazizov – Aleksander Khokhlov – Aleksander P. Krygin – Elena Kupriyanova – Pavel Kuznetsov – Donata Luiselli – Farhod Maksudov – Aslan M. Mamedov – Talgat B. Mamirov – Christopher Meiklejohn – Deborah C. Merrett – Roberto Micheli – Oleg Mochalov – Samariddin Mustafokulov – Ayushi Nayak – Davide Pettener – Richard Potts – Dmitry Razhev – Marina Rykun – Stefania Sarno – Tatyana M. Savenkova – Kulyan Sikhymbaeva – Sergey M. Slepchenko – Oroz A. Soltobaev – Nadezhda Stepanova – Svetlana Svyatko – Kubatbek Tabaldiev – Maria Teschler-Nicola – Alexey A. Tishkin – Vitaly V. Tkachev – Sergey Vasilyev – Petr Velemínský – Dmitriy Voyakin – Antonina Yermolayeva – Muhammad Zahir – Valery S. Zubkov – Alisa Zubova – Vasant S. Shinde – Carles Lalueza-Fox – Matthias Meyer – David Anthony – Nicole Boivin – Kumarasamy Thangaraj – Douglas J. Kennett – Michael Frachetti – Ron Pinhasi – David Reich: The formation of human populations in South and Central Asia. *Science*, 365. (2019) eaat7487.

- Neparáczi et al. 2018.** Endre Neparáczi – Zoltán Maróti – Tibor Kalmár – Klaudia Kocsy – Kitti Maár – Péter Bihari – István Nagy – Erzsébet Fóthi – Ildikó Pap – Ágnes Kustár – György Pálfi – István Raskó – Albert Zink – Tibor Török: Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLOS ONE*, 13. (2018) e0205920.
- Neparáczi et al. 2019.** Endre Neparáczi – 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.
- Nyerki et al. 2022.** Nyerki Emil – Kalmár Tibor – Schütz Oszkár – Lima Rui M. – Neparáczi Endre – Török Tibor – Maróti Zoltán: (2022). An optimized method to infer relatedness up to the 5th degree from low coverage ancient human genomes. *BioRxiv*, 2022.02.11.480116.
- 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.
- O’Sullivan et al. 2018.** Niall O’Sullivan – Cosimo Posth – Valentina Coia – Verena J Schuenemann – T Douglas Price – Joachim Wahl – Ron Pinhasi – Albert Zink – Johannes Krause – Frank Maixner: Ancient genome-wide analyses infer kinship structure in an Early Medieval Alemannic graveyard. *Science Advances*, 4. (2018) eaao1262.
- Pickrell – Reich 2014.** Joseph K. Pickrell – David Reich: Toward a new history and geography of human genes informed by ancient DNA. *Trends in Genetics*, 30. (2014) 377–389.
- Rizzi et al. 2012.** Ermanno Rizzi – Martina Lari – Elena Gigli – Gianluca De Bellis – David Caramelli: Ancient DNA studies: new perspectives on old samples. *Genetics Selection Evolution*, 44. (2012) 21.

- Rogaev et al. 2009.** Evgeny I. Rogaev – Anastasia P. Grigorenko – Yuri K. Moliaka – Gulnaz Faskhutdinova – Andrey Goltsov – Arlene Lahti – Curtis Hildebrandt – Ellen L. W. Kittler – Irina Morozova: Genomic identification in the historical case of the Nicholas II royal family. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106. (2009) 5258–5263.
- Rohland et al. 2015.** Nadin Rohland – Eadaoin Harney – Swapan Mallick – Susanne Nordenfelt – David Reich: Partial uracil-DNA-glycosylase treatment for screening of ancient DNA. *Philosophical Transactions of the Royal Society B Biological Sciences*, 370. (2015) 20130624.
- Skoglund et al. 2013.** Pontus Skoglund – Jan Storå – Anders Götherström – Mattias Jakobsson: Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing. *Journal of Archaeological Sciences*, 40. (2013), 4477–4482.
- Szabados 2016.** Szabados György: Könyves Béla király? Egy székesfehérvári királysír azonosításáról. *Alba Regia C Sorozat*, 44. (2016) 193–204.
- Szabó 2010.** Szabó Zoltán: *A székesfehérvári királyi bazilika építéstörténete, 1.* Balassi Kiadó, Budapest, 2010.
- Szabó 2018.** Szabó Zoltán: *A székesfehérvári királyi bazilika építéstörténete, 2.* Balassi Kiadó, Székesfehérvár, 2018.
- Tóth 2006.** Tóth Endre: III. Béla vagy Kálmán? A székesfehérvári királysír azonosításáról. *Folia Archaeologica*, 52. (2006) 141–161.
- Vai et al. 2020.** Stefania Vai – Carlos E. G. Amorim – Martina Lari – David Carmelli: Kinship Determination in Archeological Contexts Through DNA Analysis. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8. (2020) 83.
- Wang et al. 2021.** Chuan-Chao Wang – Cosimo Posth – Anja Furtwängler – Katalin Sümegi – Zsolt Bánfai – Miklós Kásler – Johannes Krause – Béla Melegh: Genome-wide autosomal, mtDNA, and Y chromosome analysis of King Béla III of the Hungarian Arpad dynasty. *Scientific Reports*, 11. (2021) 19210.