

TÖRÖK TIBOR

A KÁRPÁT-MEDENCE TÖRTÉNETI NÉPESSÉGEINEK KAPCSOLATAI AZ ÚJABB ARCHEOGENETIKAI EREDMÉNYEK TÜKRÉBEN

Bevezetés

Az MKI és SZTE közös archeogenetikai laborjának legfontosabb célkitűzése a Kárpát-medence népeségtörténetének rekonstruálása, melynek során kezdeti erőfeszítéseinket a honfoglaló magyarok eredetének felderítésére összpontosítottuk. A munkák kezdete óta folyamatosan lépést tartunk a szakterület módszertani fejlődésével, amit az általunk közölt tudományos publikációk is tükröznek. Legutóbbi munkánkban a hun, az avar és a honfoglalás körüli korszakokból származó nagyszámú mintát vizsgáltunk a teljes genom szintjén¹. Ez a legmodernebb és legnagyobb felbontású vizsgálatnak számít, mert a teljes örökítőanyag-készletet elemzi, melyből nagy biztonsággal rekonstruálhatók a leszármazási viszonyok. Ebben az írásban ezeket az eredményeket fogom bemutatni, de előljáróban megjegyzem, hogy a korábbi eredményeinket, amelyeket az anyai és apai vonalak vizsgálatából kaptunk, a genom eredmények nem cáfolták, csupán jelentősen pontosították.

1 Maróti et al. 2022.

A hunok származása

Az anyag bemutatását célszerű időrendben a hun korszakkal kezdeni. Mivel a Kárpát-medencében a hun kor (Kr. u. 4. század vége – 5. század közepe) rövid ideig tartott, a hun kori leletanyag a többi korszakhoz képest szerény, és elenyésző azon leletek száma, amelyek ténylegesen a bejövő hunok hagyatékaik lehetnek. Vizsgálatainkat igyekeztünk az utóbbi kategóriára összpontosítani, ezért szakértő régészek segítségével összegyűjtöttük a tipikusan magányos sírből előkerült, mongoloid vagy kevert antropológiai típusba tartozó, a korszakra jellemző jellegzetes ékszer- és fegyvermelléklettel előkerült maradványokat. A korszak egyik legfontosabb kérdése, hogy az európai hunoknak volt-e közülük az ázsiai hunokhoz (xiongnukhoz). Szerencsénkre ennek eldöntésére kiváló viszonyítási alapot nyújtott Joeng és munkatársai 2020 közleménye², melyben többek között 60 mongóliai xiongnu genom vizsgálatával felvázolták a korszak (i. e. 3. – i. sz. 1. század) genetikai történetét.

Ennek kapcsán érdemes kitérnünk arra a gyakran hallható laikus kifogásra, miszerint a hun rokonság genetikailag nem igazolható, mert nem létezik „hun gén”, hiszen a „hun” jelző nem népcsoportot jelöl, hanem politikai alakulatot. Ezek a birodalmak számos népből összekovácsolt soknemzetiségű és soknyelvű államalakulatok voltak. Ez meggyőzően hangzik, mert az állítás második fele igaz, ugyanakkor az első fele téves. Hogy miért, az a xiongnu genomok vizsgálatának példáján könnyen megérthető. Mongóliában közvetlenül az ázsiai hun korszak előtt két nagyon eltérő embertani, genetikai típus különült el. Mongólia nyugati felét az európai eredetű ázsiai szkíták utódai, a keleti felét pedig az ősi szibériai eredetű mongoloid Slab Grave-kultúra leszármazottjai lakták. Jeong et al. vizsgálataiból³ tudjuk, hogy a kétféle népesség a xiongnu korszakban elkeveredett egymással és a Turáni-alföld területéről érkező iráni népességgel, melyhez a kései xiongnu korszakban kínai és szarmata keveredés is társult. Természetesen valóban nem létezik egységes „ázsiai hun gén” helyesebben „genomtípus”, de ehelyett

2 Jeong et al. 2020.

3 Joeng et al. 2020.

létezik nagyszámú, adott helyre és időre jellemző genom spektrum. Más szóval fenti keveredések több olyan egyedi, kifejezetten az ázsiai hunokra jellemző genom összeállítást hoztak létre, melyek a világ más részein sehol nem jelentek meg. Ez a kulcsa annak, hogy a genetikai sokféleség ellenére mégis meg lehet állapítani a genetikai rokonságot, amit a fejlett genomelemző szoftverek tesznek lehetővé. Például Jeong közleményben⁴ azért tudták azonosítani a xiongnukban a kínai, iráni és szarmata keveredéseket – melyek mindegyike szintén korábbi keveredések leszármazottja, – mert a genomelemző algoritmusok nagyszámú lehetséges forrás közül képesek megtalálni egy vizsgált genom optimális forrásait és meghatározni a keveredés arányait. Ebből az következik, hogy genomelemzésekkel igenis megválaszolható az a kérdés, hogy az általunk vizsgált európai hun kori genomok visszavezethetők-e az ismert ázsiai hun genomtípusok valamelyikére vagy sem.

A módszertani kitérő után visszatérhetünk az eredményeink bemutatására. Az általunk vizsgált 9 hun kori genomból két részleges lómaradványokkal eltemetett fegyveres férfinak egyértelműen Mongóliából származtak az ősei, emellett genomjuk annak a kizárólag késő xiongnukra jellemző genom típusnak felelt meg, mely a szkíta–slabgrave–kínai keveredést mutatja. Mi több, ezek a Kárpát-medencei hun genomok szinte teljesen azonosnak mutatkoztak egy másik, az Urál mellett feltárt európai hun genommal (*Kurayly_Hun_380CE*).⁵ Egy harmadik általunk vizsgált hun genom xiongnu és helyi Kárpát-medencei ősök keverékének bizonyult. Egy további hun kori genomot 100%-ban szarmatának határozott meg a program, másik kettőt szarmata-helyi keveréknek, egyet pedig ázsiai szkíta-helyi keveréknek. Két további hun lelet egyértelműen gót-germán felmenőkkel rendelkezett. Eredményeink alapján kijelenthető, hogy az európai hunok egy része biztosan ázsiai hun felmenőktől származott, másik része pedig az útközben integrált szarmata és germán elemekből állt, és ez szinte pontosan megfelel annak, amit a történeti források alapján várnánk. Az európai hun birodalom összetétele természetesen eltért a xiongnuétól, de örökölte annak politikai berendezkedését,⁶ és adataink alapján népességének

4 Joeng et al. 2020.

5 Gnechi Ruscone et al. 2021.

6 Kim 2013.

egy részét is. A további vizsgálatok szempontjából fontos, hogy sikerült azonosítanunk egy xiongnukra visszavezethető, de immár az európai hunokra jellemző specifikus genomösszetételt.

Az avarok származása

A hun kort időben az avar korszak követte (i. sz. 568–850), és a hazánk területén feltárt avar kori leletek száma igen bőséges. Az avar korszak régészetileg és embertanilag nagyon heterogén volt⁷, ezért régészek és antropológusok segítségével igyekeztünk egy reprezentatív mintakészletet összeállítani, melyben az Alföld különböző tájegységein feltárt temetőkből az összes embertani és régészeti típus képviselve van. Hogy a korszak egészéről reális képet alkothassunk, a korai avar korból 40 mintát, a középső avar korszakból 33 mintát, a késő avar korszakból 70 mintát vizsgáltunk, összesen 35 temetőből.

Az elemzések azt mutatták, hogy a 143 egyén több mint harmada (55) egyértelműen helybeli, európai genommal rendelkezett, 88 pedig különböző arányban tartalmazott ázsiai örökséget, vagyis bevándorló, vagy a bevándorlók és helybeliek keveréke lehetett. Ezek közül 12 európai összetevőktől mentes, tisztán ázsiai genomot hordozó egyénről kimutattuk, hogy ugyanabból az egykori populációból származtak. A 12 egyénből 10-et a korai avar korban temettek el 8 különböző temetőben, és közülük 4 régészeti mellékleteik alapján a korabeli elit tagja lehetett. Ez a 12 egyén az avar bevándorlók prototípusának tekinthető, ezért részletesen elemeztük őket. Genomösszetételük egyértelműen ősi mongóliai származásra utalt, és a korai xiongnuk leszármazottjainak bizonyultak. Eszerint az avarok és a hunok közös távoli ősoktól származtak, de a félreértés elkerülése érdekében hangsúlyozni kell, hogy itt kizárólag az avarok és hunok Mongóliából származó, feltehetően elit rétegről beszélünk.

Az ázsiai örökséget tartalmazó többi 76 egyénből 26 a bevándorló avar elit és a helybeli Kárpát-medencei népesség keverékének bizonyult, további 9 emel-

7 Fóthi 2000.

lett hun és iráni összetevőket is tartalmazott. Az elemzés azt mutatta, hogy a maradék 41 egyénből hiányzott az avar elit öröksége, ehelyett ők hun és iráni felmenők, valamint a helybeli Kárpát-medencei népesség különböző arányú keverékének mutatkoztak. A hun összetevőt a saját európai hun mintáink, és a xiongnu genomok azonosították.

Az adatok arra utalnak, hogy a helybeli, a bevándorló avar és a hun származású közösségek kezdetben jól elkülönültek egymástól lakó- és temetkezési hely szerint. Így például az Alattyán-Tulát, Homokmégy-Halom, Mélykút-Sáncdűlő, Szeged-Makkoserdő, Székkutas-Kápolnadűlő és Kiskundorozsma-Kettőshatár I temetőikben nem, vagy alig találtunk ázsiai genetikai nyomokat, de a Szeged-Fehértó-A, Szeged-Kundomb, Kiskundorozsma-Daruhalom, Kiskőrös-Pohibuj-Mackó dűlő, és Sükösd-Ságod közösségek is főként helybeli őslakosok leszármazottjaiból álltak. Ezzel szemben a Csepel-Kavicsbánya, Kiskőrös-Vágóhídi dűlő, Kunpeszér-Felsőpeszér, Csólyospálos-Felsőpálos, Kiskundorozsma-Kettőshatár II, Tatárszentgyörgy, Madaras-Téglavető, Ároktó-Csík-gát és Felgyő-Ürmös-tanya temetők egykori közösségét főként avar bevándorlók alkották. Mint már említettük, az avarok egy harmadik csoportjában a hun örökség dominált, ilyennek mutatkozott a Makó-Mikócsa-halom, Árkus-Homokbánya, Szarvas-Grexa-téglagyár, Dunavecse-Kovacsos-dűlő és Szegvár-Oromdűlő avar kori közössége.

Összefoglalásként elmondható, hogy az avarok és hunok kétféleképpen is kapcsolódtak egymáshoz. Egyrészt mindkét bevándorló csoport elit rétege Mongóliából, korai xiongnu felmenőktől származott, másrészt az avar bevándorlók jelentős részét a korábbi Hun Birodalom maradványai alkották. Adataink arra engednek következtetni, hogy az avarok Európába érkezésével a korábban ott lakó népet csak felülrétegezte egy Mongóliából érkező kisebb csoport. Ez jól megfelel a Kim⁸ által a történeti adatokból rekonstruált képnek, mely szerint a hunok és avarok egyaránt a xiongnu birodalom politikai berendezkedését folytatták, és az avarokkal csak a korábbi Hun Birodalom vezető rétege cserélődött le.

8 Kim 2013.

A honfoglaló magyarok származása

Az avar kort Árpádék bejövetele, a magyar honfoglalás követte. A 10–11. századi temetőkből jelentősen kibővítettük a mintavételt, 48 genomot vizsgáltunk 18 szállási temetőből, ami a 10. századi elitet képviseli, és 65 maradványt 9 falusi temetőből, melyek főként a 10–11. századi köznépet képviselik. Az avarokhoz hasonlóan itt is azt találtuk, hogy a 113 egyén csaknem felének (48-nak) helybeli európai genomja volt, míg a maradék 53 genom kisebb-nagyobb arányú keleti összetevőt is tartalmazott. A 12 legmagasabb ázsiai arányt mutató egyénről kimutattuk, hogy nagyfokú genom hasonlóságuk alapján ugyanazon egykori populációba tartoztak annak ellenére, hogy 9 különböző temetőből származtak. Mivel ez a 12 egyén genetikailag a bevándorló honfoglalók prototípusának tekinthető, részletesen elemeztük a genom összetételüket, hogy fényt derítsünk a származásukra.

A 12 „honfoglaló prototípus” genomja a ma élő népeiségek közül a baskírokhoz és a volgai, valamint a szibériai tatárokhoz hasonlított a legjobban, ami megerősítette azt a következtetést, amelyet korábban az anyai és apai vonalak eredményeiből kaptunk. Az ősi népeiségek közül legnagyobb hasonlóságot időrendben a következők mutatták: A Minuszinszki-medencében feltárt bronzkori Okunevo és Karasuk minták, a Kazahsztánban feltárt vaskori szakák, a Tuva-Altáj vidékén és Mongólia nyugati felén feltárt ázsiai szkíták, az Uráltól keletre feltárt szargat kultúra tagjai, valamint a Nyugat-Mongóliában feltárt xiongnu minták. Ez egy jól behatárolható földrajzi régiót jelöl ki, ami az Uráltól keletre, az Altájig nyúló erdős-steppe területének felel meg, ahol az ázsiai szkíták éltek.

Mivel a genomhasonlóság önmagában nem ad felvilágosítást a leszarmazási viszonyokra, a következőkben ezt a kérdést vettük górcső alá. Azt találtuk, hogy a 12 „honfoglaló prototípus” legközelebbi nyelvrokonainkkal, a manysikkal (vogulokkal), a szamojéd nyelvű nganaszanokkal, szelkupokkal és enyecekkel közös ősökre vezethető vissza. A legnagyobb felbontású vizsgálat (*qpAdm*) pedig azt mutatta, hogy a „honfoglaló prototípus” genom 50% manysi, 35% korai vagy késő szarmata, és 15% xiongnu vagy ázsiai szkíta genomból modellezhető. Sokatmondó, hogy kizárólag az Urál környékén feltárt szarmata genomok illeszkedtek a modellbe, az ázsiai szkíták közül pedig csak az a néhány rendhagyó

genom, amely nagymértékű, mongóliai Slab Grave örökséggel bírt. A genomokból meghatározható az egykori keveredések időpontja is: sikerült kimutatnunk, hogy a szarmata keveredés i. e. 643 és 431 között, a hun vagy szkíta keveredés pedig i. sz. 217 és 315 között történt. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy a „honfoglaló prototípus” egykor a manysik őseivel közös ősnépet alkotott, majd a vaskorban a két nép szétvált egymástól. A szétválást követően a honfoglalók ősei komoly mértékben keveredtek a korai szarmatákkal, majd 700 évvel később ezt egy második keveredés követte, melynek időpontja az európai hun kort közvetlenül megelőző időszaknak felel meg. Ez a második keveredés azzal a jellegzetes szkíta-Slabgrave-kínai keverék genomtípussal történt, ami kétségkívül az ázsiai hunok leszármazottjait azonosítja, de a keveredés időpontja sokkal közelebb volt az európai hun korhoz. Miután fentebb kimutattuk az ázsiai és európai hunok közötti genetikai folytonosságot, ráadásul az európai hunokban épp ezt a szkíta-Slabgrave-kínai keverék genom örökséget találtuk, kijelenthető, hogy az utolsó keveredés az európai hunokkal történt nem sokkal azelőtt, hogy azok átlépték a Volgát és megjelentek az írott forrásokban.

A genomelemzés lehetővé teszi a távolabbi ősök azonosítását is, ezért ezt a kérdést szintén megvizsgáltuk. Az eredmény azt mutatta, hogy a manysik és a „honfoglaló prototípus” közös ősei – akiket a nyelvészeti modellek alapján immár „proto-ugornak” nevezhetünk – a késő bronzkori Mezhovskaya-kultúra és a szamojédek őseinek csaknem fele-fele arányú keveredéséből származtak. A Mezhovskaya i. e. 1300 és 700 között a késő bronzkor meghatározó kultúrája volt a dél-Urál erdős-steppe zónájában, de területe az Urál európai oldalától az Altájig terjedt, és tagjait több kutató is az ugorok elődjének véli⁹. A Mezhovskaya-szál ugyanarra az észak-kazahsztáni területre mutat, mint a többi genomelemzés. Emellett a Mezhovskaya régészetileg a korábbi Karasuk-kultúrával mutat kapcsolatot, ezért a Karasuk-genomok hasonlósága a vizsgált honfoglalókéval szintén nem lehet véletlen. Mindkét bronzkori népesség vegyes gazdálkodást folytatott növénytermesztéssel, halászattal, vadászattal, állattenyésztéssel, és életmódjukban a lónak kiemelt szerepe volt.

9 Koryakova and Epimakhov 2007.

A „honfoglaló prototípus” távoli múltja az ismert genomadatok alapján egy még tágabb összefüggésbe is beilleszthető. Az ázsiai szkítákról korábban kimutatták, hogy azok mindegyike az európai származású középső bronzkori Szintasta-Andronovo-népeség és az őshonos szibériai népeség keveredésével jött létre¹⁰. Mivel a Mezhovskaya népesége szintén Szintasta-Andronovo leszármazott¹¹, a nganaszanok pedig egy ősi szibériai népeség, a „honfoglaló prototípus” korai története és földrajzi elhelyezkedése egybeesik az ázsiai szkítákéval. Más szóval a vaskorban őseik az ázsiai szkíták egyik csoportját alkothatták.

Miután megismertük a 12 „honfoglaló prototípus” genomjának történetét, vizsgáljuk meg azt a további 53 egyént is, akik szintén hordoztak keleti genomösszetevőket. Mivel ezek többsége a 10–11. századi falusi (köznépi) temetők népeségét képviselte, azt feltételeztük, hogy ők a bevándorlók és a helyi őslakos Kárpát-medencei népeség keveredéséből származhattak. Az elemzés azt mutatta, hogy 31 egyén genomja valóban jól modellezhető a 12 „honfoglaló prototípus” és a helybeliek keverékéeként, míg 5 minta emellett hun és iráni összetevőket is tartalmazott. A maradék 17 egyénben azonban a program nem talált „honfoglaló prototípus” örökséget, ehelyett ezek hun vagy avar leszármazottaknak mutatkoztak, különböző mértékű iráni és helybeli keveredéssel. Ezek többsége a szállási (elit) temetők népeségéhez tartozott.

Az eredmények azt mutatják, hogy az avarokhoz hasonlóan a honfoglaló magyarok is heterogén összetételűek voltak. Többségük a „honfoglaló prototípus” népeségéből származott, de a korábbi Hun és Avar Birodalom népesége is jelentős arányban csatlakozott hozzájuk. Ezek egy része már a honfoglalás előtt egyesülhetett a magyarokkal, a többi pedig a Kárpát-medencében. A honfoglaló magyarok szintén kétféleképpen kapcsolódtak a hunokhoz. Egyrészt még az őshazában keveredtek azokkal i. sz. 217 és 315 között, másrészt jelentős arányban integráltak hun leszármazottakat. Ennek egyik legszebb bizonyítéka, hogy a Karos-2 temetőben feltárt *K2-61* egyén apja a Karos-1 temetőben feltárt hun származású *K1-3286* egyén volt, míg édes-

10 Narasimhan et al. 2019.; Gneccchi-Ruscone et al. 2021.

11 Allentoft et al. 2015.

anyja a „honfoglaló prototípusba” tartozott. Adataink szerint a honfoglalók a helyben talált népeiséget is igen hatékonyan integrálták, melynek közvetlen bizonyítéka, hogy Sárrétudvari-Órhalom szállási temetőben feltárt (SO-5) egyén lánya vagy lánytestvére (SH-3) a szomszédos Sárrétudvari-Hízóföld falusi temetőben nyugodott.

Összefoglalás

Az általunk vizsgált avar és honfoglalás kori genomok a nagy mintaszám és a körültekintő mintavétel miatt biztosan jól reprezentálják a két korszak népeiségeinek összetételét. Ezért kijelenthető, hogy nagyfelbontású genomelemzéseink a jelenleg elérhető legnagyobb pontossággal rekonstruálták ezen korszakok népeiségtörténetét. Mindkét korszakból sikerrel azonosítottuk a bevándorló elitet képviselő csoportokat, és a bronzkorig visszamenőleg kimutattuk azok legvalószínűbb származását. Adataink rámutattak, hogy a helybeli európai bronzkori eredetű népeiség mindegyik korszakban többségben volt a bevándorlókhoz képest. Ez a hun korra is kijelenthető annak ellenére, hogy itt a célzott mintavétel elsősorban a bevándorlókra irányult. Eredményeink több eddig vitatott kérdést is segítenek megválaszolni. Az ázsiai és európai hunok között kimutatott biológiai folytonosság igazolja az eddig kétségbevitelt folytonosságot a két népcsoport és a két birodalom között. Az avar elit mongóliai eredete a zsuán-zsuán származás elméletét támogatja. Az avar és hun korszakok népeisége közötti nagymértékű átfedés magyarázat lehet arra, hogy miért hiányoznak az avarok a magyar krónikákból. Adatainkból az is kiderült, hogy a honfoglalók ősei mindig az erdős-sztyeppe, sztyeppe övezetben éltek, és a manysik a vaskori szétválást követően innen költöztek északabbi lakóhelyükre, amit a lóirtásra vonatkozó közös ugor szókészlet¹², valamint a manysik lóra vonatkozó mitológiai hagyományai¹³ eddig is jeleztek. Adataink alátámasztják a magyarok kapcsolatát a hunokkal, ami új támpontot adhat a

12 Zaicz et al. 2006.

13 Napol'skikh et al. 2008.

történészeknek korábbi, ezt kétségbe vonó álláspontjuk¹⁴ újraértékeléséhez. A honfoglalók bronzkorig rekonstruált története segíthet a korábbi nyelvészeti hipotézisek pontosításában is, így például a magyar nyelv iráni jövevényszavai¹⁵ talán a szarmatákhoz köthetők, míg a legkorábbi török jövevényszavak¹⁶ jó eséllyel a hunoknak tulajdoníthatók.



A Királyok és Szentek – Az Árpádok kora kiállítás honfoglalás korát bemutató termének részlete

14 Rady 2018.

15 Abondolo 1998.

16 Róna-Tas et al. 2011.

HIVATKOZOTT IRODALOM

- Abondolo.** Abondolo DM (1998) *The Uralic languages*. Routledge
- Allentoft et al.** Allentoft ME, Sikora M, Sjögren K-G, et al (2015) Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522:167–172. <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Fóthi.** Fóthi E (2000) Anthropological conclusions of the study of Roman and Migration periods. *Acta Biol Szeged* 44:87–94
- Gnecchi-Ruscione et al.** Gnecchi-Ruscione GA, Khussainova E, Kahbatkyzy N, et al (2021) Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians. *Sci Adv* 7:4414–4440. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abe4414>
- Jeong et al.** Jeong C, Wang K, Wilkin S, et al (2020) A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell* 183:890-904.e29. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>
- Kim.** Kim HJ (2013) *The Huns, Rome and the Birth of Europe*. Cambridge University Press, Cambridge, UK
- Koryakova.** Koryakova L, Epimakhov AV (2007) The urals and western siberia in the bronze and Iron ages. *Ural West Sib Bronze Iron Ages* 1–384. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511618451>
- Maróti et al.** Maróti Z, Neparáczki E, Schütz O, et al (2022) Whole genome analysis sheds light on the genetic origin of Huns, Avars and conquering Hungarians. *bioRxiv* 2022.01.19.476915. <https://doi.org/10.1101/2022.01.19.476915>
- Napol'skikh.** Napol'skikh VV (Vladimir V, Siikala A-L, Hoppál M, Gemuev IN (Izmail N) (2008) Mansi mythology. *Akadémiai Kiadó, Budapest*
- Narasimhan et al.** Narasimhan VM, Patterson N, Moorjani P, et al (2019) The formation of human populations in South and Central Asia. *Science* (80-) 365:. <https://doi.org/10.1126/science.aat7487>
- Rady.** Rady M (2018) Attila and the Hun Tradition in Hungarian Medieval Texts. In: Bak JM, Veszprémy L (eds) *Project MUSE - Studies on the Illuminated Chronicle*, first. *Central European Medieval Texts*, Budapest, pp 127–138

Róna-Tas-Berta-Károly. Róna-Tas A., Berta Á., Károly L. (2011) West Old Turkic: Turkic Loanwords in Hungarian. Harrassowitz

Zaic-Tamás. Zaicz G., Tamás I., Somogyi MT (2006) Etimológiai szótár : magyar szavak és toldalékok eredete, 1st edn. TINTA





Magyar zászló a königsfeldeni kolostorból, 14 század első fele,
Bernisches Historisches Museum, Berne. Fotó: N. Frey

