

TÖRÖK TIBOR

POPULÁCIÓGENOMIKAI EREDMÉNYEK A HUNOK, AVAROK ÉS HONFOGLALÓK SZÁRMAZÁSÁRÓL

KIVONAT: A Kárpát-medencében feltárt hun, avar és honfoglalás korszakból származó 269 emberi maradvány teljes genomszintű elemzésével a jelenleg elérhető legnagyobb pontossággal sikerült rekonstruálni ezen korszakok népességtörténetét. A vizsgált minták teljes örökítőanyag-készletét a legmodernebb számítógépes algoritmusok segítségével hasonlítottuk össze közel 3000 ősi mintáéval, valamint Eurázsia összes ma élő népcsoportjának genomjával. Mindhárom korszakból sikerült azonosítani az első generációs bevándorlókat, a helybeli őslakosokat és az ezek keveredéséből leszármazottakat. Az eredmények azt igazolták, hogy az európai hunok egy része ázsiai hun felmenőktől származott, másik része pedig az útközben integrált szarmata és germán elemekből állt. A bevándorló avar elit genomösszetétele egyértelműen ősi mongóliai eredetre utalt, és a zsuanszuan származás elméletét támogatta. A honfoglaló bevándorlók legnagyobb csoportja a manysik őseinek korai szarmatákkal és korai hunokkal történő keveredésből származott.

KULCSSZAVAK: archaikus DNS, genomanalízis, főkomponens-elemzés, qpAdm

A népvándorlás kori genomprojektünkben 269 egyén teljes genomszintű vizsgálatát végeztük el a következő történeti korszakokból: az 5. századi hun korszakból 9 minta, a 7-9. századi avar korszakból 143 minta, a 10. századi honfoglaló elit temetőiből 48 minta, a 10-11. századi honfoglalás kori köznépi temetőkből 68 minta genomját szekvenáltuk meg kétszeres átlagos lefedettséggel. A genomjainkat az adatbázisokban elérhető összes eurázsiai modern és archaikus genommal összehasonlítottuk, ez összesen 1397 modern genomot jelent, melyek a ma élő összes eurázsiai népcsoportot képviselik, valamint több mint 2000 archaikus genomot, melyek ma már elég jól lefedik Eurázsia őskortól a középkorig terjedő korszakait (David Reich Lab 2020).

Az elemzésekhez az archeogenetikában szokásos módszereket használtuk. A közeli rokonokat PCAngsd-szoftverrel azonosítottuk (Nyerki et al. 2022), és a további analízisekben csak egyetlen rokont hagytunk benn. Ezt követően genomjainkat összevontuk a teljes adatbázis több ezer genomjával, majd azokat hasonlóság szerint csoportosítottuk főkomponens-analízis (PCA) (Patterson et al. 2006), unsupervised Admixture (Alexander et al. 2009) és Hierarchikus Ward Klaszterezés (Maechler et al. 2018) módszerekkel. Genomjaink származását f3 és f4 statisztikákkal (Narasimhan et al. 2019), valamint qpAdm-szoftverekkel (Harney et al. 2021) modelleztük. A források azonosítását követően a keveredések korát a DATES algoritmussal határoztuk meg.

A legtöbb genom az összes korszakból helyi, európai (Kárpát-medencei) eredetűnek bizonyult, de számos genom az Európa és Ázsia közötti átmeneti genetikai zónába térképeződött PCA-n. Az átmeneti zónák ázsiai végén három homogén populációt tudtunk azonosítani, amelyeket Conq_Asia_Core-nak, Avar_Asia_Core-nak és Hun_Asia_Core-nak neveztünk el, és amelyek egyértelműen a honfoglalók, avarok és hunok első generációs bevándorlóit képviselték, mivel nem tartalmaztak friss európai keveredést. Az Európa és Ázsia közötti „átmeneti zónába” térképeződő egyének feltehetően európai és ázsiai ősök keveredéséből származtathatók.

A honfoglalás kori bevándorlókat képviselő Conq_Asia_Core csoport genomösszetétele a mai népségek közül a legnagyobb hasonlóságot a baskírokkal, valamint a szibériai és volgai tatárokkal mutatta. Az ősi népségek közül a Minuszinszki-medencében feltárt bronzkori Okunevo és Karasuk mintákhoz,

a Kazahsztánban feltárt vaskori szakákhoz, a Tuva–Altaj vidékén és Mongólia nyugati felén feltárt ázsiai szkítákhoz, az Uráltól keletre feltárt szargat kultúra tagjaihoz, valamint a Nyugat-Mongóliában feltárt Xiongnu mintákhoz hasonlítottak legjobban (De Barros Damgaard et al. 2018a). Ez arra utalt, hogy a honfoglalók ősei esetleg kapcsolatba hozhatók az ázsiai szkítákkal és az ázsiai hunok szkítáktól származó csoportjával.

Az avar bevándorlókat képviselő Avar_Asia_Core csoport a mai népeiségek közül a legnagyobb hasonlóságot a jakutokkal, a khamnegán mongolokkal, a burjátokkal és a tuvaiakkal mutatta, az ősi népeiségek közül pedig a Bajkál-tó környékén feltárt ősi neolitikus mintákkal (Shamanka_Eneolithic, Lokomotiv_Eneolithic) (De Barros Damgaard et al. 2018b), valamint a Mongóliában feltárt bronzkori Slab Grave-kultúra tagjaival és az ennél fiatalabb Xiongnu és Xianbei mintákkal (Jeong et al. 2020). Ez az avar bevándorlók ősi mongóliai származására utal.

A hun bevándorlókat képviselő Hun_Asia_Core minták a mai népeiségek közül a legnagyobb hasonlóságot a kalmükökkel és a mongolokkal, az egykori népeiségek közül pedig a késői mongóliai Xiongnukkal, Xianbeikkel, az Ural mellett feltárt európai hun és hun–szarmata mintákkal és egy Tian Shanban feltárt hun kori mintával (De Barros Damgaard et al. 2018a) mutatták. Megjegyzendő, hogy a Makó-Mikócsahalom, Szarvas-Grexa és Sükösd-Ságod területén feltárt avar mintákhoz is nagyon hasonlítottak. Ez alapján a Hun_Asia_Core genomok legvalószínűbb származási helye is Mongólia lehetett.

A fenti három Asia_Core csoportba tartozó genomok hasonlóságát a felsorolt mai és ősi genomokhoz egy másik módszerrel, az úgynevezett unsupervised Admixture analízissel is megerősítettük.

Mivel a genomok hasonlósága önmagában nem ad felvilágosítást a leszármazási viszonyokról, azt további módszerekkel vizsgáltuk. A Conq_Asia_Core csoporttal legközelebbi evolúciós rokonsági viszonyban álló csoportokat f3-outgroup statisztikával azonosítottuk. Azt találtuk, hogy ők legközelebbi nyelvrokonainkkal, a manysikkal (vogulok), a szamojéd nyelvű nganaszanokkal, szelkupokkal és enyecekkel közös ősökre vezethetők vissza, és ezek közül legutoljára a manysiktól válhattak külön. Ezért a további, nagyobb felbontású qpAdm-elemzésekbe a manysikat is bevontuk. Először a távoli, vaskort megelő-

ző korszakokból azonosítottuk a Conq_Asia_Core és a manysik őseit. Azt kaptuk, hogy mindkét csoport közös őse a késő bronzkori Mezhovskaya-kultúra (Allentoft et al. 2015) és a nganasanok (szamojédek) keveredéséből származott, de a honfoglalók ősei emellett egy altáji, mongóliai eredetű népeiséggel is keveredtek, ebből azonban a manysik már kimaradtak, mert feltehetően akkorra a két népeiség már különvált egymástól. A Mezhovskaya-kultúra földrajzi helyzete alapján ez a bronzkori „proto-ugor közösség” az észak-kazakhsztáni steppe-erdős steppe zónában élhetett az Uraltól keletre, ahonnan a manysik ősei a vaskorban északra vándorolhattak, így megőrizték bronzkori genomjukat. A vaskori és annál fiatalabb források vizsgálata azt mutatta, hogy a honfoglaló Conq_Asia_Core bevándorló csoport genomja 50% manysi, 35% szarmata és 15% hun/Xiongnu keveredéseként modellezhető. Ez arra utal, hogy a honfoglalók ősei továbbra is a steppezónában maradtak, ahol további népekkel keveredtek. A DATES algoritmus azt mutatta, hogy a szarmata keveredés i.e. 112 és 484 között a korai szarmata periódusban történt, míg Xiongnu/hun keveredés i. sz. 290 és 461 között, az európai hunok kialakulásának idejében.

Az átmeneti zónába eső honfoglaló egyének többségéről kimutattuk, hogy azok a bevándorló Conq_Asia_Core csoport és a helybeli Kárpát-medencei népeiség keveredéséből származtak. Az átmeneti zóna egyéneinek körülbelül negyede azonban teljesen eltérő genetikai összetételt mutatott, azokat hun, Xiongnu, alán és avar genomokból tudtuk modellezni. Ez azt jelzi, hogy a honfoglalók nem csupán keveredtek a hunokkal, de jelentős számú hun, avar és alán eredetű népeiséggel együtt érkeztek a Kárpát-medencébe.

Az Avar_Asia_Core bevándorlók genomját Xianbei és hun-szarmata keveredésként tudtuk modellezni, és ez megerősítette a mongóliai származást. Az átmeneti zónába térképeződő avar genomoknak azonban csak körülbelül harmada volt visszavezethető az Avar_Asia_Core és a helybeliek keveredésére, a többségük hun és alán genomokból volt modellezhető. Ez arra utal, hogy az avarok vándorlásuk során jelentős arányban asszimilálták az Európa keleti részén talált hun és alán eredetű népcsoportokat.

A Hun_Asia_Core egyének genomösszetételét ázsiai hunok és ázsiai szkíták keveredéseként tudtuk modellezni, melyben az ázsiai hun genomok 80%-ot tettek ki. Mivel az ázsiai hunok is jelentős szkíta-szarmata elemet tartalmaztak,

eredményeink alapján az európai hunok legalább egy részének ősei ázsiai hunok (Xiongnuk) lehettek. Az átmeneti zónába térképeződő hun kori genomokat Xiongnuk és szarmaták keveredéseként tudtuk modellezni, ez pedig szintén alátámasztja a fenti következtetést.

Az általunk vizsgált avar és honfoglalás kori genomok a nagy mintaszám, valamint a körültekintő mintavétel miatt biztosan jól reprezentálják a két korszak népességének összetételét. Ezért kijelenthető, hogy a nagy felbontású genom-elemzéseink a jelenleg elérhető legnagyobb pontossággal rekonstruálták ezen korszakok népességtörténetét. Eredményeink több eddig vitatott kérdést is segítenek megválaszolni.

A honfoglalók ősei a késő bronzkorban tényleg közös népet alkottak a manysik őseivel, ez pedig alátámasztja a korábban nyelvészeti adatokból rekonstruált őstörténetet (Róna-Tas 1999). Ez a „proto-ugor” közösség azonban már a bronzkorban is a steppezónában nomadizált és a korai ázsiai szkíták közé tartozhatott. A „proto-ugor” őshaza az Altáj-Ural közötti, mai Észak-Kazah steppe-erdős steppe zónába tehető. Innen a manysik a vaskor elején északabbra költözhettek, míg a honfoglalók ősei az erdős steppén maradtak, ahol a szomszédos iráni szarmatákkal keveredtek. A keveredés akkor történhetett, amikor a korai szarmaták hatalma emelkedni kezdett és fokozatosan integrálták szomszédait, mielőtt elfoglalták az egész pontusi-kaszpi steppét.

Amikor az északi Xiongnukat kiűzték Mongóliából, és azok előbb mint hun-szarmaták (Sergei Botalov elmélete), később mint európai hunok nyugatra költöztek, integrálták az útjukba eső népeket, köztük az előmagyarokat. Innen származhat az őstörténeti és mitológiai hun hagyomány (Hóman 1925), valamint az első bolgár–török nyelvi hatások is.

Az avar vezető réteg biztosan Mongóliából származott. Az európai hun korszak idején Ázsiában a Zsuanzsuan Birodalom az egykori Xiongnu Birodalom reinkarnációjának tekinthető, ugyanazon a területen, hasonló genetikai összetételű népességgel. Amikor a türkök kiűzték az avarokat, azok Európában az európai hun birodalom maradék népességét integrálták. Adataink alátámasztják Hyun Jin Kim történész modelljét, aki szerint valószínűleg csak az európai hun maradványok vezető törzse cserélődött le avarra (Kim 2013). A késő avar korban a birodalom zsugorodásával ugyanaz a keverék népesség költözött be

a Kárpát-medencébe, mint korábban, miközben a korábbi hun maradványok másik része a korábbi uralkodó törzs ismételt felemelkedésével függetlenné vált (bolgár királylista, Hyun Jin Kim). A magyarokhoz ugyanaz a keverék népesség csatlakozhatott, mint a korábbi hun és avar bejövetelekhez.

Az ideköltöző hunok, avarok és honfoglalók mindegyike kisebbségben volt a helybeli népességhez képest, a Kárpát-medence lakosainak túlnyomó többsége európai bronzkori genommal rendelkezett, és az Árpád-korig igen heterogén volt.

IRODALOMJEGYZÉK

- Alexander et al. 2009.** Alexander David H. – Novembre John – Lange Kenneth: Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*, 19. (2009) 9. sz. 1655–1664.
- Allensoft et al. 2015.** Morten E. Allentoft – Martin Sikora – Karl-Göran Sjögren – Simon Rasmussen – Morten Rasmussen – Jesper Stenderup – Peter B. Damgaard – Hannes Schroeder – Torbjörn Ahlström – Lasse Vinner – Anna-Sapfo Malaspinas – Ashot Margaryan – Tom Higham – David Chivall – Niels Lynnerup – Lise Harvig – Justyna Baron – Philippe Della Casa – Paweł Dąbrowski – Paul R. Duffy – Alexander V. Ebel – Andrey Epimakhov – Karin Frei – Mirosław Furmanek – Tomasz Gralak – Andrey Gromov – Stanisław Gronkiewicz – Gisela Grupe – Tamás Hajdu – Radosław Jarysz – Valeri Khartanovich – Alexandr Khokhlov – Viktória Kiss – Jan Kolář – Aivar Kriiska – Irena Lasak – Cristina Longhi – George McGlynn – Algimantas Merkevičius – Inga Merkyte – Mait Metspalu – Ruzan Mkrtchyan – Vyacheslav Moiseyev – László Paja – György Pálfi – Dalia Pokutta – Łukasz Pospieszny – T. Douglas Price – Lehti Saag – Mikhail Sablin – Natalia Shishlina – Václav Smrčka – Vasilii I. Soenov – Vajk Szevevényi – Gusztáv Tóth – Synaru V. Trifanova – Liivi Varul – Magdolna Vicze – Levon Yepiskoposyan – Vladislav Zhitenev – Ludovic Orlando – Thomas Sicheritz-Pontén – Søren Brunak – Rasmus Nielsen – Kristian Kristiansen – Eske Willerslev: Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522. (2015) 167–172.
- De Barros Damgaard et al. 2018a.** Peter de Barros Damgaard – Nina Marchi – Simon Rasmussen – Michaël Peyrot – Gabriel Renaud – Thorfinn Korneliussen – J. Víctor Moreno-Mayar – Mikkel Winther Pedersen – Amy Goldberg – Emma Usmanova – Nurbol Baimukhanov – Valeriy Loman – Lotte Hedeager – Anders Gorm Pedersen – Kasper Nielsen – Gennady Afanasiev – Kunbolot Akmatov – Almaz Aldashev – Ashyk Alpaslan – Gabit Baimbetov – Vladimir I. Bazaliiskii – Arman Beisenov – Bazartseren Boldbaatar – Bazartseren Boldgiv – Choduraa Dorzhu – Sturla Ellingvag – Diimaajav Erdenebaatar – Rana Dajani – Evgeniy Dmitriev – Valeriy

Evdokimov – Karin M. Frei – Andrey Gromov – Alexander Goryachev – Hakon Hakonarson – Tatyana Hegay – Zaruhi Khachatryan – Ruslan Khaskhanov – Egor Kitov – Alina Kolbina – Tabaldiev Kubatbek – Alexey Kukushkin – Igor Kukushkin – Nina Lau – Ashot Margaryan – Inga Merkyte – Ilya V. Mertz – Viktor K. Mertz – Enkhbayar Mijiddorj – Vyacheslav Moiyesev – Gulmira Mukhtarova – Bekmukhanbet Nurmukhanbetov – Z. Orozbekova – Irina Panyushkina – Karol Pieta – Václav Smrčka – Irina Shevnina – Andrey Logvin – Karl-Göran Sjögren – Tereza Štolcová – Angela M. Taravella – Kadicha Tashbaeva – Alexander Tkachev – Turaly Tulegenov – Dmitriy Voyakin – Levon Yepiskoposyan – Sainbileg Undrakhbold – Victor Varfolomeev – Andrzej Weber – Melissa A. Wilson Sayres – Nikolay Kradin – Morten E. Allentoft – Ludovic Orlando – Rasmus Nielsen – Martin Sikora – Evelyne Heyer – Kristian Kristiansen – Eske Willerslev: 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature*, 557. (2018) 369–374.

De Barros Damgaard et al. 2018b. Peter de Barros Damgaard – Rui Martiniano – Jack Kamm – J Víctor Moreno-Mayar – Guus Kroonen – Michaël Peyrot – Gojko Barjamovic – Simon Rasmussen – Claus Zacho – Nurbol Baimukhanov – Victor Zaiibert – Victor Merz – Arjun Biddanda – Ilja Merz – Valeriy Loman – Valeriy Evdokimov – Emma Usmanova – Brian Hemphill – Andaine Seguin-Orlando – Fulya Eylem Yediay – Inam Ullah – Karl-Göran Sjögren – Katrine Højholt Iversen – Jeremy Choin – Constanza de la Fuente – Melissa Ilardo – Hannes Schroeder – Vyacheslav Moiseyev – Andrey Gromov – Andrei Polyakov – Sachihiko Omura – Süleyman Yücel Senyurt – Habib Ahmad – Catriona McKenzie – Ashot Margaryan – Abdul Hameed – Abdul Samad – Nazish Gul – Muhammad Hassan Khokhar – O I Goriunova – Vladimir I Bazaliiskii – John Novembre – Andrzej W Weber – Ludovic Orlando – Morten E Allentoft – Rasmus Nielsen – Kristian Kristiansen – Martin Sikora – Alan K Outram – Richard Durbin – Eske Willerslev: The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia. *Science*, 360. (2018) eaar7711.

David Reich Lab (2020). *Allen Ancient DNA Resource (AADR): Downloadable genotypes of present-day and ancient DNA data.* <https://reich.hms.harvard.edu/aadr>

vard.edu/allen-ancient-dna-resource-aadr-downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data. A letöltés időpontja: 2022.06.27.

Éadaoin et al. 2021. Harney Éadaoin – Patterson Nick – Reich David – Wakeley John. (2021). Assessing the Performance of qpAdm: A Statistical Tool for Studying Population Admixture. *Genetics*, 217. (2021) 4. sz. iyaa045.

Hóman 1925. Hóman Bálint: *A magyar hún-hagyomány és hún monda*. Studium, Budapest, 1925.

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 – Ayudai 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.

Kim 2013. Kim Hyun Jin: *The Huns, Rome and the Birth of Europe*. Cambridge University Press, Cambridge, 2013.

Maechler et al. 2018. Maechler Martin – Rousseeuw Peter – Struyf Anja – Hubert Mia – Hornik Kurt – Studer Matthias – Roudier Pierre – Gonzalez Juan – Kozłowski Kamil: “*Finding Groups in Data*”: *Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al.* Online document. <https://cran.r-project.org/web/packages/cluster/cluster.pdf>. A letöltés időpontja: 2022. 06. 27.

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 – PéterTomka –

TiborTörök: The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 32 (2022). 1–13.

Narashiman et al. 2019. Vagheesh M. Narasimhan – Nick Patterson – Priya Moorjani – Nadin Rohland – Rebecca Bernardos – Swapan Mallick – Iosif 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 Broomandkshobacht – 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.

Nyerki et al. 2022. Nyerki Emil – Kalmár Tibor – Schütz Oszkár – Lima Rui M. – Neparáczki 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.

Patterson et al. 2006. Patterson Nick – Price Alkes L. – Reich David: Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genetics*, 2. (2006) 12. sz. e190.

Róna-Tas 1999. Róna-Tas András: *Hungarians and Europe in the Early Middle Ages: An Introduction to Early Hungarian History*. Central European University Press, Budapest, 1999.

