

MAÁR KITTI - VARGA GERGELY ISTVÁN -  
KOVÁCS BENCE - SCHÜTZ OSZKÁR - TIHANYI  
BALÁZS - NYERKI EMIL - RASKÓ ISTVÁN -  
PÁLFI GYÖRGY - MARÓTI ZOLTÁN -  
NEPARÁCZKI ENDRE - TÖRÖK TIBOR

## **A 10–11. SZÁZADI KÁRPÁT- MEDENCEI KÖZNÉP ANYAI VONALAINAK JELLEMZÉSE ARCHEOGENETIKAI MÓDSZEREKKEL**

**KIVONAT:** A 9. században nomád magyar törzsek csoportjai érkeztek a Kárpát-medencébe. Ez az esemény alapvető fontosságú Magyarország történelmében, azonban a 10-11. századi magyarság etnikai eredete máig tisztázatlan. A temetkezési jellemzők és régészeti mellékletek alapján egy elit társadalmi réteg megkülönböztethető a honfoglalás kori nagyobb, köznépi rétegtől, de e két csoport genetikai rokonságáról keveset tudunk. Az eddigi genetikai vizsgálatok leginkább az elit réteg vizsgálatára koncentráltak, ezért tanulmányunkban a köznépi réteg filogeográfiai eredetének vizsgálatát, valamint e két csoport genetikai összetételének összehasonlítását tűztük ki célul. 202 maradvány teljes mitokondriális genomszekvenciáját határoztuk meg, amelyek többsége a 10-11. századi Kárpát-medence köznépi rétegéhez tartozott. A populációgenetikai vizsgálataink jelentős különbségeket tártak fel a két magyar csoport között, és a köznépi populációt archaikus európai populációkkal csoportosították, ez pedig arra utal, hogy a köznépi réteg helyben élő populációk leszármazottja lehet. Az

elit és a köznépi rétegek megosztott alhaplocsoportjai azonban a két csoport közötti keveredésre utalnak.

**KULCSSZAVAK:** archeogenetika, populációgenetika, filogenetika, etnogenezis, mitokondriális DNS

---

## Bevezetés<sup>1</sup>

Az első, archaikus DNS-ből kinyert adatokat több, mint 30 éve publikálták. Ez alatt az idő alatt a polimeráz láncreakcióval (PCR), majd az újgenerációs szekvenálás (NGS) megjelenésével érkezett módszertani újítások lehetővé tették a kutatóknak, hogy megértsék az archaikus DNS molekuláris jellemzőit, és akár teljes genomokat is rekonstruáljanak egykor élt szervezetekből (Orlando et al. 2021).

A magyarság etnogenezisének kutatása a tudományos közösség összefogását igénylő kihívás. Az archeogenetika viszonylag új tudományág, de a régészeti anyagok genetikai vizsgálata alapvető adatokat szolgáltat az őstörténeti kutatásokhoz, új lehetőséget adva a múltbeli populációk és etnikai csoportok genetikai és történeti kapcsolatainak vizsgálatára, valamint a népeségtörténeti folyamatok, keveredések, vándorlások vizsgálatára.

A forrásadatok korlátozott mennyisége és a sokszor egymásnak ellentmondó kutatási eredmények miatt a magyarság eredete és a magyarság etnogenezise továbbra is az egyik legvitatottabb kérdés. Korábbi munkánk során elsősorban a honfoglalás kori szállási (elit) temetők genetikai kapcsolatait derítettük fel régészeti genetikai módszerekkel. Ezeknek a temetőegyütteseknek a nagy felbontású teljes mitogenom-analízise azt mutatta, hogy a honfoglalók anyai ágú vonalai visszavezethetők az eurázsiai sztyeppe távoli részeire: egyharmaduk Közép-Belső-Ázsia területéről származott, kétharmaduk pedig a bronzkori Pontu-

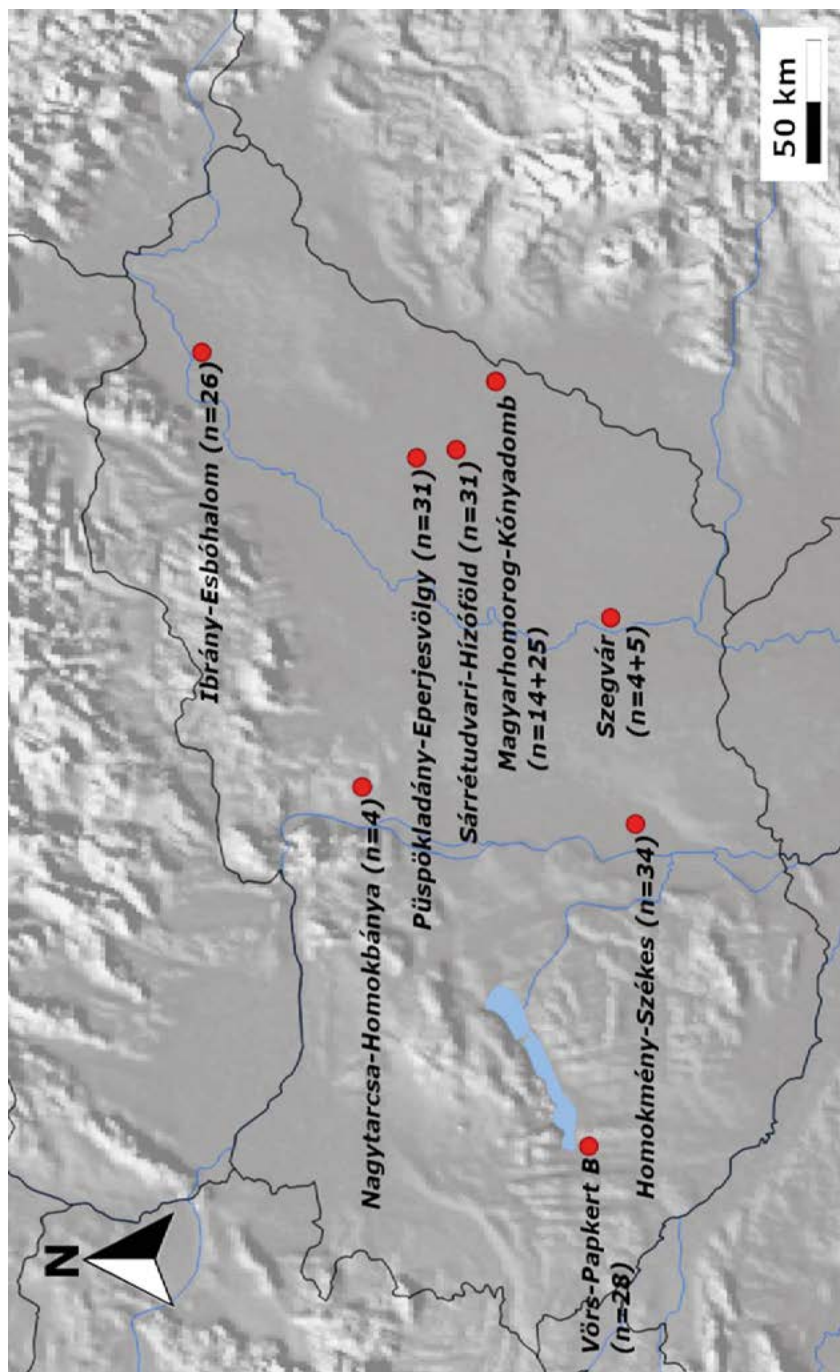
---

1 A tanulmány alapját képező publikáció: Maár et al. 2021

si-Kaszpi sztyeppe poltavka-potakovka-szrubnaja kultúrára vezethető vissza. A mai népségek közül legnagyobb genetikai hasonlóságot a volgai tatárokkal mutatták (Neparáczi et al. 2018). Az apai ágú vonalak vizsgálatai ugyanezt az eredményt adták (Neparáczi et al. 2019). Felvetődött a kérdés, hogy ezek az adatok milyen mértékben érvényesek a Kárpát-medence teljes honfoglalás kori népségére. Hogy ezt a kérdést megválaszoljuk, vizsgálatainkat kiterjesztettük a 10. századi nagyobb sírszámú falusi temetőire, melyek a régészek szerint a honfoglalás kori köznépet rejthetik.

## Anyagok és módszerek

Szemben a magyar honfoglaló elitet reprezentáló, jellegzetes sírmellékletekkel rendelkező 10. századi kis temetőkkel, a régészek a 10-11. századi nagy, szegényes sírokat – melyek az elite jellemző mellékleteket csak elvétve tartalmaznak – a magyar köznéphez tartozónak határozták (Szőke 1962). Vizsgálatainkhoz tíz köznépi réteghez köthető régészeti lelőhelyről (1. ábra) összesen 229 emberi maradványból vettünk sziklacsontot, vagy ahol ezek nem voltak elérhetőek, fogakat. Törekedtünk a reprezentatív mintavételre, így a temetők minden részéből választottunk sírokat, beleértve a sírmelléklettel rendelkező és melléklet nélküli férfiakat és nőket, valamint minden antropológiai típust. Az egyes temetőkből begyűjtött, feldolgozott és elemzett minták számát az 1. táblázat foglalja össze.



**1. ábra:** A vizsgált köznépi temetők elhelyezkedése. A mintaszám nagysága a temető neve mellett van feltüntetve, zárójelben.

Régészeti lelőhely	Temető típusa, kor-szakolás	Sírszám	Kiválasztott minták száma	Tanulmányban közölt mitogénomok (Dúsítás vagy WGS)	Korábban publikált mitogénomok száma	Analizált minták száma
Sárrétudvari-Hízóföld	10. századi köznépi	262	32	31 (dúsítás)	8	39
Püspökladány-Eperjesvölgy	10–12. század köznépi	637	36	31 (dúsítás)		31
Ibrány-Esbóhalom	10–11. századi köznépi	269	32	26 (dúsítás)		26
Homokmégyszékes	10–11. századi köznépi	206	36	34 (dúsítás)		34
Magyarhomorog-Kónyadomb	10–11. századi köznépi	523	27	25 (dúsítás)	1	26
Magyarhomorog-Kónyadomb	10. századi elit	17	14	14 (dúsítás)		14
Vörs-Papkert B	8–9. századi	716	Avar kor: 9	8 (dúsítás)		8
	9–11. századi		Karolingkor: 11	11 (dúsítás)		11
	10–11. századi köznépi		Honfoglalás kor: 10	9 (dúsítás)		9
Nagytarcsa-Homokbánya	10–11. századi köznépi	21	4	4 (WGS)		4
Szegvár-Oromdűlő	10–11. századi köznépi	372	7	4 (WGS)	2	6
Szegvár-Szőlőkalja	10. századi köznépi	62	11	5 (WGS)		5
Orosháza-Görbicstanya	10. századi köznépi	3			1	1
Szabadkígyós-Pálliget	10. századi köznépi	17			1	1

1. táblázat: Összegzés a tanulmányozott mintákról, temetőnkénti lebontásban.

A mintavétel minden esetben sziklacsontból vagy fogból történt, mivel ezekben őrződik meg leginkább a DNS. Az elporított csontból különböző kémiai eljárásokkal kinyertük az örökítőanyagot, melyből ezután Illumina szekvenáló rendszerrel kompatibilis újgenerációs könyvtárakat építettünk. A DNS-molekulák két végét minden mintánál egyedi indexkombinációkkal láttuk el, hogy az összevont szekvenálás után bioinformatikai módszerekkel el tudjuk egymástól különíteni az egyéneket. Először alacsony lefedettségű shotgun szekvenálással megbecsültük a minták endogén (humán) DNS-tartalmát, majd a közel azonos endogéntartalmú mintákat egyesítve hibridizációval mitogenom-dúsítást végeztünk. Ezután újgenerációs szekvenálással meghatároztuk az egyes minták mitokondriális DNS-ének teljes szekvenciáját, majd megállapítottuk az egyénre jellemző haplotípust és haplocsoportot.

Ahhoz, hogy a populációgenetikai vizsgálatainkat elvégezzük és az egyes haplocsoportok filogenetikai és filogeográfiai kapcsolatait elemezni tudjuk, létrehoztunk egy, a mai eurázsiai populációk mitogenom-szekvenciáit, valamint ismert (közölt) archaikus mitogenomokat tartalmazó adatbázist is.

## Eredmények és értékelésük

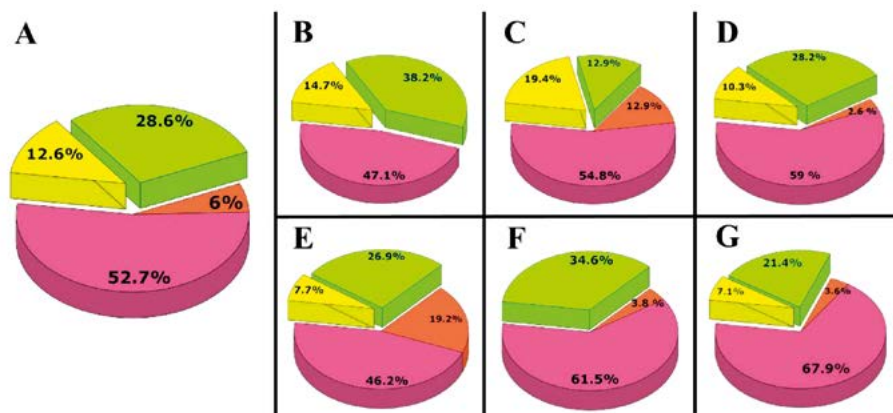
A fentebb felsorolt lelőhelyekről összesen 229 mintát gyűjtöttünk, de technikai okok és egyéb szakmai követelmények miatt a hibridizációs dúsítás és NGS-módszer alkalmazásával 189 archaikus mitogenom-szekvenciát határoztunk meg, további 13-at teljes genomszekvenálásból nyertünk, így tanulmányunkban 202 új mitogenomot közöltünk.

### Filogenetikai elemzés, egyes temetők haplocsoport-összetétele

Az elkészített archaikus mitokondriális adatbázisból kiválasztottuk a vizsgálni kívánt minta haplocsoportjával megegyező, valamint ahhoz legközelebbi haplocsoportú mintákat, majd számítógéppel filogenetikai fát építettük, amely

feltárja és vizualizálja a hasonló szekvenciák evolúciós kapcsolatát, a minták egymástól való filogenetikai távolságát és legvalószínűbb leszármazási viszonyait. Mivel az egyes szekvenciákhoz tartozó egyének földrajzi származási helye ismert, így lehetőségünk nyílt a haplocsoportok földrajzi elterjedéséről is információt nyerni. A legközelebbi szekvencaegyezések a legtöbb esetben egy jól meghatározott földrajzi régióra mutattak, amelyet a 2. ábrán foglaltunk össze.

A filogenetikai fák feltárták, hogy a 182 köznépi anyai leszármazási vonalból 23 egyértelműen Kelet-Euráziából, 107 pedig Nyugat-Euráziából származik, míg 52 Eurázsia egész területén elterjedt. A nyugat-eurázsiai leszármazási ágak közül 11 elsősorban kaukázusi–közel-keleti eloszlású (2A. ábra).

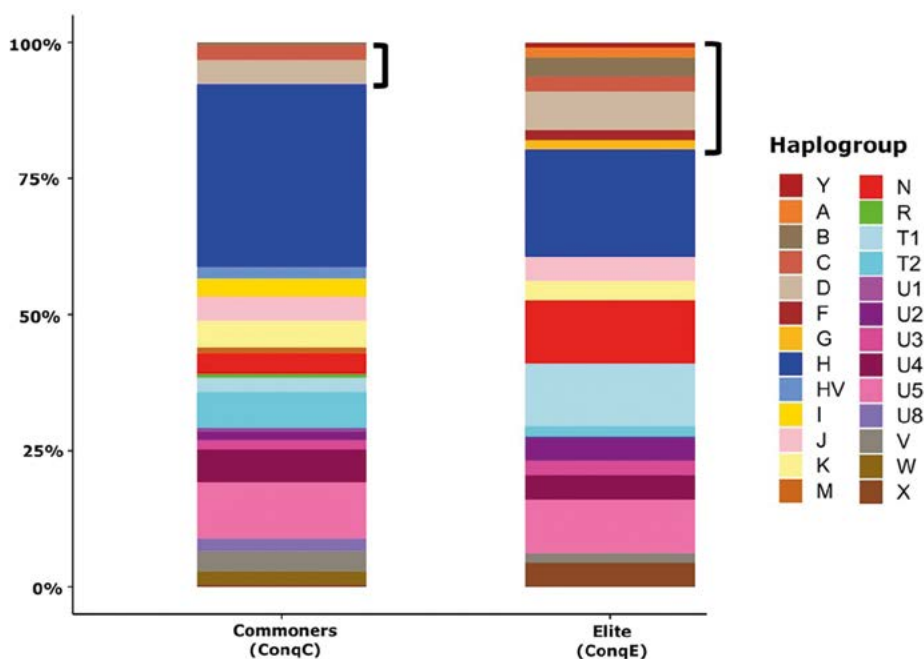


**2. ábra:** A vizsgált köznépi réteg anyai leszármazási vonalainak filogeográfiai eredete különböző temetőkből. A nyugat-eurázsiai haplocsoportok rózsaszínnel, a kelet-eurázsiai haplocsoportok sárgával, az eurázsiai haplocsoportok zölddel, a kaukázusi–közel-keleti haplocsoportok pedig barnával vannak jelölve. (A) 182 magyar köznépi minta egyesített adatainak megoszlása az összes temetőből. (B–G) Az anyai leszármazások filogeográfiai megoszlása az egyes temetőkből: (B) Homokméggy-Székes (n = 34); (C) Püspökladány-Eperjesvölgy (n = 31); (D) Sárrétudvari-Hízóföld (n = 39); (E) Ibrány-Esbóhalom (n = 26); (F) Magyarhomorog-Kónyadomb (n = 26, csak a köznépi temetőrészről vett mintákkal); (G) Vörs-Papkert-B (n = 28, beleértve a temetőből származó összes mintát).

## Populációgenetikai elemzés

Először összehasonlítottuk a honfoglalás kori elit és a köznép főhaplocsoport-eloszlását (3. ábra). A két csoport főhaplocsoportok tekintetében elég heterogén (22, valamint 19 főhaplocsoport), azonban a két csoport haplocsoport-összetétele jelentősen eltér. A kelet-eurázsiai főhaplocsoportok aránya a köznépben 7,69%, szemben az elit 19,64%-ával. Az elit réteg jóval több jellegzetesen kelet-eurázsiai haplocsoportot tartalmaz (A, B, C, D, F, G és Y), míg a köznépben csak a C és D fordul elő jelentős gyakorisággal, egyetlen B-haplocsoport megjelenésével.

A köznép és elit populáció nyugat-eurázsiai haplocsoportjai szintén jelentős különbségeket mutatnak: HV-, I-, M-, R-, U1-, U8- és W-haplocsoportok



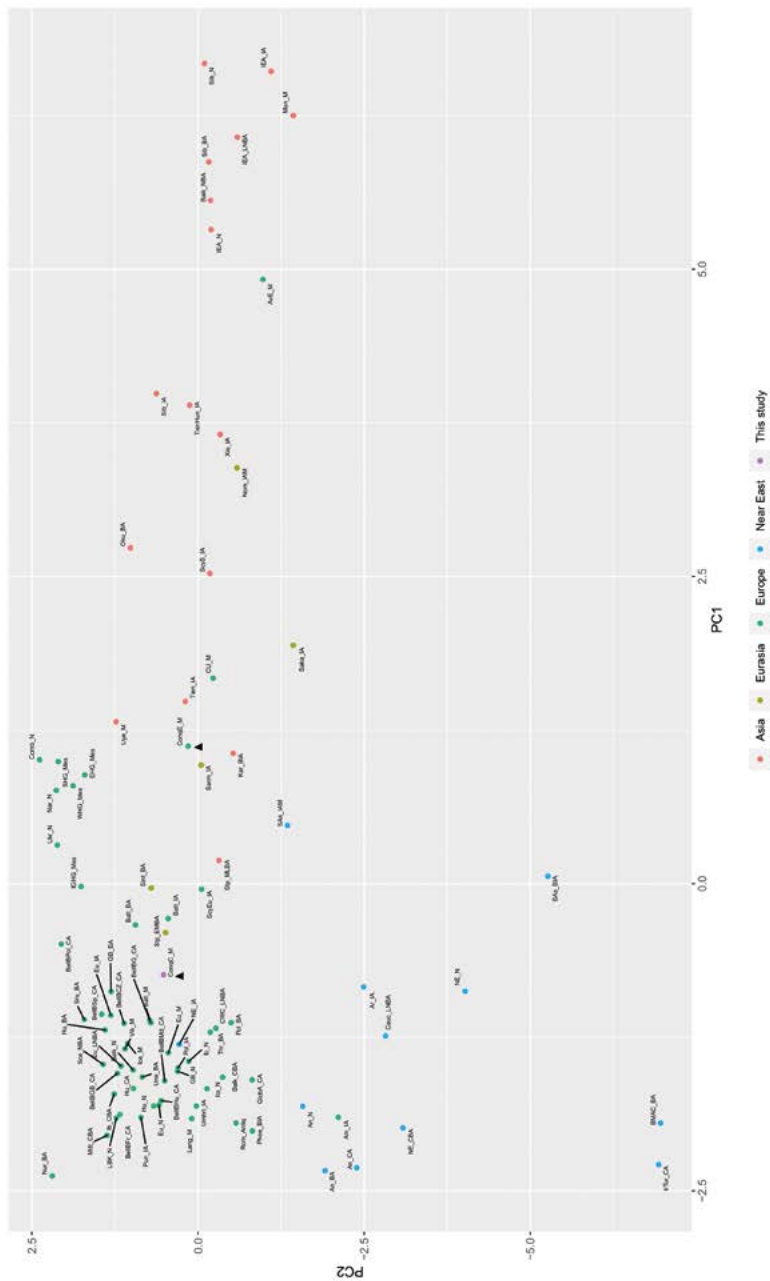
**3. ábra:** A honfoglaló elit populáció (n = 112) és a köznépi populáció (n = 182) főhaplocsoport- eloszlásának összehasonlítása. A kapcsos zárójelek a kelet-eurázsiai haplocsoportokat jelölik.



mérsékelt gyakorisággal fordulnak elő a köznépnél, míg ezek teljesen hiányoznak az elit populációból. Három haplocsoport (N, T1 és X), amelyek jellemzően Kelet- és Nyugat-Euráziában egyaránt elterjedtek, sokkal magasabb arányt mutatnak az elitben, mint a köznéppen. Ennek az ellenkezője igaz a H és a T2 esetében; a köznépi csoport körében a H a legelterjedtebb haplocsoport, míg az elit csoportban aránya lényegesen alacsonyabb. A T2 aránya a köznéppen szintén magasabb, mint az elit populációban.

Mivel a vizsgált köznépi minták haplocsoport-összetétele jelentősen eltér az elitétől, megmértük a köznépi csoport genetikai távolságát az elitétől, valamint 87 egyéb publikált ősi eurázsiai populációtól. A 88 populáció főhaplocsoport-frekvenciájából nyert PCA (4. ábra) rávilágít az elit és a köznép közötti genetikai távolságra. A köznép az európai felhő keleti oldalán csoportosult, a legközelebbi genetikai kapcsolatot baltikumi bronzkori populációkkal, baltikumi vaskori populációkkal, baltikumi középkori populációkkal, Bell Baker Németország és Bell Baker Nagy-Britannia bronzkori populációkkal mutatták, és nincs messze a sztyeppi kora-középső bronzkori populációktól. Ezzel szemben a honfoglaló elit az ókori európai és ázsiai populációk között helyezkedik el, és a hozzá legközelebb eső csoportok a szarmata vaskori népesség, a Tien Shan vaskori népesség, a Karasuk késő bronzkori népesség és két, a honfoglalókkal kapcsolatba hozható csoport (Csáky et al. 2020), a cisz-uráli középkori populáció és az uyelgi transz-uráli középkori populáció. Ezt az eredményt más módszerrel végzett elemzésünk is megerősítette.

Egy következő, általunk alkalmazott populációgenetikai módszer, az SHD-analízis is hasonló eredményeket adott, de új információkat is feltárt. Ez a módszer a populációkban előforduló azonos alhaplocsoportok alapján képes megbecsülni, hogy két populáció között történt-e keveredés, vagy valamikor a múltban rendelkeztek-e közös őssel. A honfoglaló elit és köznépi csoport közötti azonos alhaplocsoportok jelenléte a két populáció közötti keveredésre utal.



**4. ábra:** A főhaplocsoport-eloszlás alapján készült főkomponens-analízis (PCA) diagramja 88 eurázsiai populációból. A színárnyalatok a feltüntetett földrajzi régiókat jelölik. A köznépi populáció (ConqC) és a honfoglaló elit populáció (ConqE) nyílheggyekkel vannak kiemelve. A PC1-tengely bal oldalán az európai, a jobb oldalán pedig az ázsiai populációkat láthatjuk. A PC2-tengelyen az anatóliai–kaukázusi csoportok alulra, a vadászó-gyűjtögető csoportok pedig felülre kerültek.

## Eredmények értékelése

Munkánk célja a 10-11. században a Kárpát-medencében élő honfoglaló köznép genetikai jellemzése volt. A köznépi temetők haplocsoport-összetétele jelentősen eltér az elit temetők haplocsoport-összetételétől, mind a kelet-, mind a nyugat-eurázsiai haplocsoportok tekintetében, ez pedig arra utal, hogy a két csoport különböző ősöktől származott. A populációgenetikai elemzések egyértelműen az elit rétegtől jól elkülönülten csoportosították a köznépi populációt az ősi (vagy közel) ősi európai, valamint közel-keleti populációkkal. Ez arra utal, hogy a honfoglalás kori köznép nagy részét helyben élő egyének leszármazottjai alkották, más szóval nagyon valószínű, hogy a honfoglalás előtt itt élt népeiségekből származtak.

Populációgenetikai vizsgálatainkból az is kiderült, hogy a különbségek ellenére a köznép és az elit rétegek keveredtek egymással. Ezt az azonos terminális alhaplocsoportok jelenléte jelzi. A kelet-eurázsiai haplocsoportok jelenléte egyértelmű jele annak, hogy a köznép keveredett keleti eredetű bevándorlókcal, valószínűleg a honfoglalás előtt már itt élt avarokkal, illetve a hódító elitekkel. Ez a keleti hatás egyértelműen megkülönbözteti a köznépet a mai európai lakosságtól, így a mai magyaroktól is, akiknél a kelet-eurázsiai haplocsoportok jelenléte sokkal ritkább.

A még pontosabb következtetések levonásához további vizsgálatokra van szükség, beleértve a köznépi és elit temetők nagy felbontású teljes genomelemzését, valamint az avar kort megelőző, az avar kori és a későbbi Árpád-kori maradványok genetikai vizsgálatát. Ezen vizsgálatok elvégzése segítene pontosítani a Kárpát-medence népesedéstörténetéről eddig ismert képet.

## IRODALOMJEGYZÉK

- 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.
- 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.
- Neparáczki et al. 2018.** Endre Neparáczki – 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.
- 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.
- Orlando 2021.** Ludovic Orlando – Robin Allaby – Pontus Skoglund – Clio Der Sarkissian – Philipp W. Stockhammer – María C. Ávila-Arcos – Qiaomei Fu – Johannes Krause – Eske Willerslev – Anne C. Stone – Christina Warinner: Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers*, 1. (2021) 14.
- Szőke 1962.** Szőke Béla: *A Honfoglaló és kora Árpád-kori magyarság régészeti emlékei*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1962.