

MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI KUTATÓCSOPORT KIADVÁNYOK

← ————
STUDIA AD ARCHAEOLOGIAM PAZMANIENSIA



HADAK ÚTJÁN

A népvándorláskor
fiatal kutatóinak
XXIX. konferenciája

Budapest, 2019. november 15–16.

Főszerkesztő: Türk Attila

BÖLCSESZETTUDOMÁNYI KUTATÓKÖZPONT
MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI KUTATÓCSOPORT

PÁZMÁNY PÉTER KATOLIKUS EGYETEM
RÉGÉSZETTUDOMÁNYI INTÉZET

MARTIN OPITZ KIADÓ

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia

A PPKE BTK Régészettudományi Intézetének kiadványai

Archaeological Studies of PPCU Institute of Archaeology

Volume 24.2

Bölcészettudományi Kutatóközpont

Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok

Volume 4.2

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia
A PPKE BTK Régészettudományi Intézetének kiadványai
Archaeological Studies of PPCU Institute of Archaeology

Bölcsészettudományi Kutatóközpont
Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia
International Editorial Board

Heinrich Härke
Eberhard Karls Universität (Tübingen)

Oleksiy V. Komar
Institute of Archaeology (Kiev)

Abdulkarim Maamoun
Damascus University (Damascus)

Denys Pringle
Cardiff University (Cardiff)

Dmitry A. Stashenkov
Samara Regional Historical Museum (Samara)

Nikolai P. Telnov
Institute of Archaeology (Chişinău)

Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok
International Editorial Board

Balázs Balogh
Director General of the Research Center
for the Humanities (Budapest)

Pál Fodor
Honorary Director General of the RCH (Budapest)

László Klima
PPCU Institute of Archaeology (Budapest)

Hakan Aydemir
Istanbul Medeniyet University (Istanbul)

Balázs Sudár
Institute of History of RCH (Budapest)

Attila Türk
Research Group of Early Hungarians of RCH
(Budapest)

„HADAK ÚTJÁN”
A NÉPVÁNDORLÁSKOR
FIATAL KUTATÓINAK
XXIX. KONFERENCIÁJA

Budapest, 2019. november 15–16.

29TH CONFERENCE OF YOUNG SCHOLARS
ON THE MIGRATION PERIOD
Budapest, November 15–16, 2019

Főszerkesztő
Türk Attila



BUDAPEST 2023



PÁZMÁNY PÉTER
KATOLIKUS EGYETEM



A kötet a



támogatásával valósult meg



Bölcsészettudományi
Kutatóközpont

A kötet megjelenését a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Információs Hivatal „Tudományos Mecenatúra Pályázat”
MEC_K_21 alprogramja támogatta (MEC_K_141246).

A kötet az Árpád-ház Program támogatásával készült
(IV.1. Keleti örökség – Keleti kapcsolatok. Írott források és kiadványok
IV.2. Az Árpád-ház elődeinek keleti kapcsolatrendszere)

A kutatás és a kötet az Innovációs és Technológiai Minisztérium támogatásával a Tématerületi Kiválósági Program: Magyarország és a Kelet kapcsolatának régészeti kutatása (Keleti Örökségünk PPKE Interdiszciplináris Történelmi és Régészeti Kutatócsoport [TKP2020-NKA-11]) projekt keretében valósult meg.

Szerkesztők

Jancsik Balázs – Sudár Balázs

Munkatárs

Ambrus Edit

© szerzők

© Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténelmi Kutatócsoport

© Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Bölcsészet és Társadalomtudományi Kar, Régészettudományi Intézet

© Martin Opitz Kiadó

ISBN 978-615-6388-35-3

HU-ISSN 2064-8162

HU-ISSN 2786-1538

Minden jog fenntartva. Jelen könyvet, illetve annak részeit tilos reprodukálni, adatrögzítő rendszerben tárolni, bármilyen formában vagy eszközzel – elektronikus úton vagy más módon – közölni a kiadó engedélye nélkül.

Kiadja:

Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténelmi Kutatócsoport –
PPKE BTK Régészettudományi Intézet – Martin Opitz Kiadó

Nyomda: Pauker Nyomdaipari Kft.

HONFOGLALÁS KORI KÖZNEPI TEMETŐK ANYAI VONALAINAK JELLEMZÉSE, ARCHEOGENETIKAI MÓDSZEREKKEL

MAÁR KITTI* – NEPARÁCZKI ENDRE** – VARGA GERGELY ISTVÁN*** – KOVÁCS BENCE**** –
MARÓTI ZOLTÁN***** – KALMÁR TIBOR***** – NAGY ISTVÁN***** – LATINOVICS DÓRA***** –
TIHANYI BALÁZS***** – MARCSIK ANTONIA***** – KUSTÁR ÁGNES***** –
PÁLFI GYÖRGY***** – RASKÓ ISTVÁN***** – TÖRÖK TIBOR*****

Kulcsszavak: aDNS, mitogenom, NGS szekvenálás

Absztrakt: A régészeti leletekből kinyerhető archaikus DNS vizsgálata fényt deríthet egyének, populációk eredetére és rokoni kapcsolataira. Korábbi munkánk során elsősorban a honfoglalás kori szállási temetők genetikai kapcsolatait derítettük fel régészeti genetikai módszerekkel. A karosi és kenézlői temető együttesek nagy felbontású teljes mitogenom analízise azt mutatta, hogy a honfoglalók anyai ágú vonalai visszavezethetők az eurázsiai sztyeppe távoli részeire: harmaduk Közép-Belső Ázsia területéről származott, kétharmaduk pedig a bronzkori pontusi-kaszpi sztyeppe Poltavka-Potakovka-Szrubnaja kultúrára vezethető vissza. Felvetődött a kérdés, hogy ezek az adatok milyen mértékben vonatkoztathatók a teljes honfoglaló populációra? Hogy ezt a kérdést megválaszoljuk, vizsgálatainkat kiterjesztettük a 10. századi nagyobb sírszámú falusi temetőkre, melyek a honfoglalás kori köznépet rejthetik. A kiválasztott 6 falusi temető mindegyikéből 20–30 egyén anyai vonalait vizsgáltuk. A mintaválasztást elsősorban régészeti és antropológiai adatok alapján végeztük. Mivel a temetők többsége átnyúlik az Árpád-korba és korábbi antropológiai vizsgálatok több temetőben lehetséges népességcserét jeleztek, ezért a korai és a későbbi sírok összehasonlításával a népességcsere kérdésére is választ remélhetünk. A projekt jelen állása szerint csaknem az összes szekvencia adat elkészült és most folyik az adatok filogenetikai és populációgenetikai kiértékelése, ezért az előzetes eredményeket tudjuk bemutatni.

-
- * Genetikai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem 6726 Szeged, Középfasor 52. kitti.maar@gmail.com
- ** Archeogenetikai Kutatóközpont, Magyarorsággkutató Intézet 1014 Budapest, Úri utca 54-56.; Genetikai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem 6726 Szeged, Középfasor 52. endre.neparaczki@gmail.com
- *** Archeogenetikai Kutatóközpont, Magyarorsággkutató Intézet 1014 Budapest, Úri utca 54-56. vgisti@gmail.com
- **** Archeogenetikai Kutatóközpont, Magyarorsággkutató Intézet 1014 Budapest, Úri utca 54-56. kovacs.bence.ga@gmail.com
- ***** Szent-Györgyi Albert Klinikai Központ Gyermekgyógyászati Klinika és Gyermek-Egészségügyi Központ, Szegedi Tudományegyetem 6725 Szeged, Korányi fasor 14-15.; Archeogenetikai Kutatóközpont, Magyarorsággkutató Intézet 1014 Budapest, Úri utca 54-56. zmaroti@gmail.com
- ***** Szent-Györgyi Albert Klinikai Központ Gyermekgyógyászati Klinika és Gyermek-Egészségügyi Központ, Szegedi Tudományegyetem 6725 Szeged, Korányi fasor 14-15. kalmar.tibor@med.u-szeged.hu
- ***** SeqOmics Biotechnológia Kft. 6782 Mórahalom, Vállalkozók útja 7.; Biokémiai Intézet, Szegedi Biológiai Kutatóközpont 6726 Szeged, Temesvári krt. 62. nagy@seqomics.hu
- ***** SeqOmics Biotechnológia Kft. 6782 Mórahalom, Vállalkozók útja 7. latinovicsd@seqomics.hu
- ***** Embertani Tanszék, Szegedi Tudományegyetem 6726 Szeged, Középfasor 52. balazs0421@gmail.com
- ***** Embertani Tanszék, Szegedi Tudományegyetem 6726 Szeged, Középfasor 52. marcsikbio.u-szeged.hu
- ***** Embertani tár, Magyar Természettudományi Múzeum 1083 Budapest, Ludovika tér 2-6. kustar.agnes@nhmus.hu
- ***** Embertani Tanszék, Szegedi Tudományegyetem 6726 Szeged, Középfasor 52. gypalfi@hotmail.com
- ***** Genetikai Intézet, Szegedi Biológiai Kutatóközpont 6726 Szeged, Temesvári krt. 62. rasko@brc.hu
- ***** Genetikai Tanszék, Szegedi Tudományegyetem 6726 Szeged, Középfasor 52.; Archeogenetikai Kutatóközpont, Magyarorsággkutató Intézet 1014 Budapest, Úri utca 54-56. torokt@bio.u-szeged.hu

BEVEZETÉS¹

Az archaikus DNS (aDNS) vizsgálatával meghatározható elhunytak genetikai neme, segítségével kimutathatók bizonyos fenotípusos jellegek, betegségek, valamint kórokozó mikrobák maradványai. Az aDNS-sel meghatározható az egyének és populációk közötti genetikai rokonság szintje, és rekonstruálhatók a leszármazási viszonyok. Utóbbira különösen alkalmas az apai ágon öröklődő Y kromoszóma, valamint az anyai öröklődésű mitokondriális DNS (mtDNS).

Vizsgálatainkat a teljes mtDNS szekvencia (mitogenom) meghatározásával végeztük, melynek segítségével az anyai vonalak leszármazását tudjuk rekonstruálni. Az mtDNS vonalakban az idők során fokozatosan újabb mutációk halmozódnak fel, így az egyes vonalak fokozatosan elkülönülnek egymástól. Az összes kódoló és nem kódoló régióban bekövetkező mutáció az egyénre jellemző haplotípust adja. A legközelebbi közös ősről visszavezethető haplotípusok csoportját haplocsoportnak nevezzük, melynek különböző változatai földrajzi lokalizációhoz és populációhoz köthetők. Bizonyos haplocsoportok elterjednek a populációban, majd a szétválások és vándorlások során ezek hordozói eltérő új mutációkra tesznek szert, miközben hordozzák az eredeti mutációkat is. Az mtDNS szekvenciák elemzésével törzsfák rajzolhatók, melyekből leolvasható a leszármazás és meghatározható, hogy egy-egy elválás (elágazás) mikor és hol történt. A haplocsoport meghatározása a törzsfák elágazási pontjaira jellemző nukleotid polimorfizmusok (SNP) alapján történik, így az mtDNS szekvenciák hasonlósági szintjéből következtethetünk az anyai ágú leszármazásra, valamint a nők migrációjára.²

A honfoglaló hét magyar törzs, Árpád vezetésével, 895/896-ban érkezett a Kárpát-medencébe a Dnyeper-Dnyeszter-Prut vidékéről, Etelközből.³

A csontleletek morfológiája alapján elmondható, hogy nagyrészt europid, kisebb részben pedig europo-mongoloid embertani jellegekkel rendelkeztek.⁴ A régészeti hagyatékuk jól elkülöníthető a megelőző avar és későbbi Árpád-kori leletektől.⁵ A ma élő magyarokat általában a honfoglaló magyarok leszármazottaiként azonosítják. A 19. század közepéig általánosan elfogadott nézet volt, hogy a magyarok a hunok és szkíták rokonai. A hun-magyar kapcsolat magyar és külföldi írott forrásokban is fellelhető, valamint a magyar népi emlékezet is őrzi. A magyar középkori krónikák többsége a honfoglalást a „magyarok második bejövetelének” tartja. A 19. század második felétől a magyar nyelvet a finnugor nyelvcsalád uráli ágához tartozónak tekintik. A nyelvészeti eredmények alapján a 18. századtól fokozatosan újraértékelték a korábbi elméleteket, és ennek eredményeként a középkori történelmi források hitelessége, beleértve a hun-magyar kapcsolatot is, megkérdőjeleződött. Ezt követően a magyar honfoglalókat az uráli nyelvcsaládba tartozó népek leszármazottainak tekintették.

Korábbi munkánk során elsősorban a viszonylag gazdag melléklettel rendelkező, kis létszámú honfoglalás kori, lovas, fegyveres – Kovács László terminológiájával élve, úgynevezett szállási⁶ – temetők genetikai kapcsolatait derítettük fel régészeti genetikai módszerekkel. A karosi és kenézlii temető együttesek nagy felbontású teljes mtDNS elemzése azt mutatta, hogy a honfoglalók anyai ágú vonalai az eurázsiai sztyeppe távoli részein élt népekből eredeztethetők: egyharmaduk Közép-Belső Ázsia területéről származott, kétharmaduk pedig a bronzkori Pontusi-Kaspi sztyeppe Poltavka-Potakovka-Szrubnaja kultúrára vezethető vissza. Legnagyobb genetikai hasonlóságot a ma élő volgai tatárokkal mutattak.⁷ Ezeket az eredmé-

¹ Jelen tanulmány a Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Hivatal pályázatának (K124350 azonosító számú), valamint a 2019. évi Tématerületi Kiválósági program („Magyarország Eredetének kutatása a Kárpát-medence történelmi népességeinek archeogenetikai vizsgálatára” TUDFO/51757-1/2019/ITM azonosító számú) pénzügyi támogatásával jött létre.

² SOARES ET AL. 2010; PINHASI ET AL. 2012.

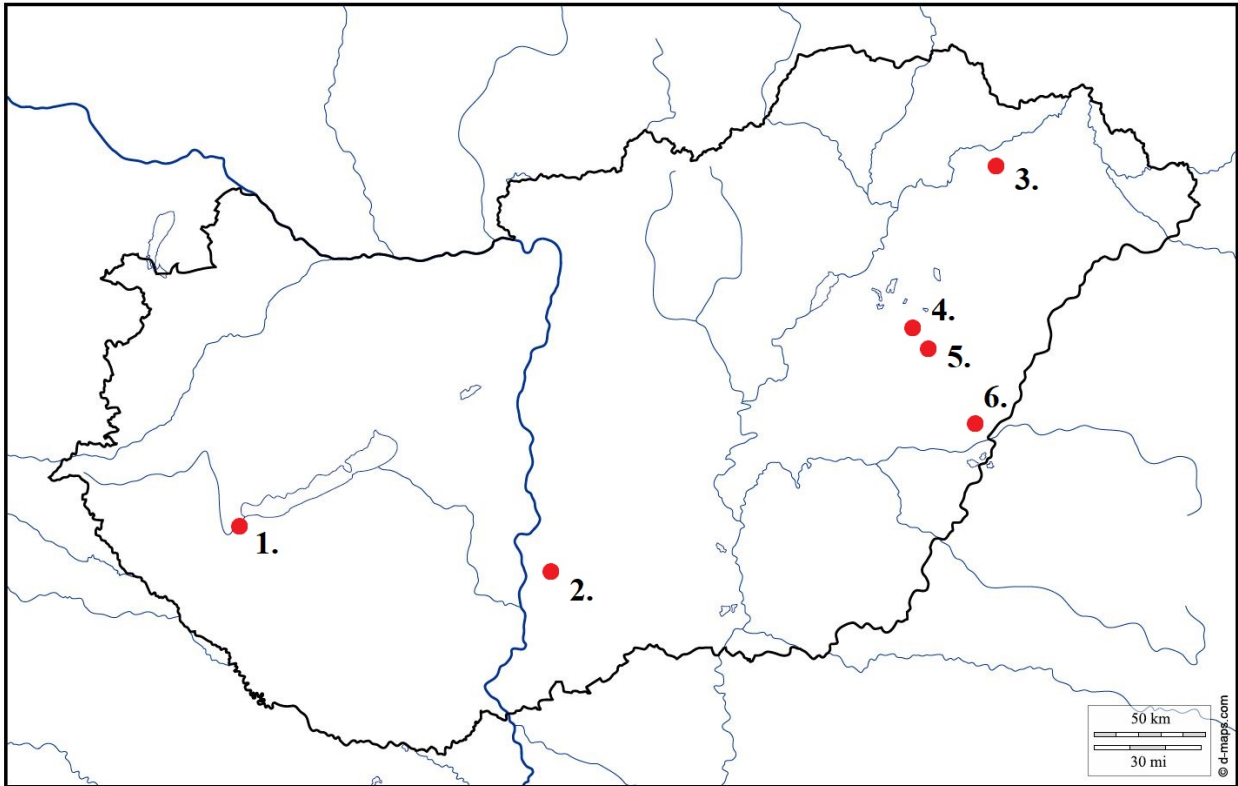
³ RÓNA-TAS 1999.

⁴ ÉRY 1994.

⁵ RÉVÉSZ 1996.

⁶ KOVÁCS 2013.

⁷ NEPARÁCZKI ET AL. 2018.



1. kép. Honfoglalás kori köznépi temetők elhelyezkedése. 1: Vörs-Papkert-B; 2: Homokmégy-Székes; 3: Ibrány-Esbóhalom; 4: Püspökladány-Eperjesvölgy; 5: Sárrétudvari-Hízóföld; 6: Magyarhomorog-Könyadomb
 Fig. 1. Location of the 10th century Hungarian commoner cemeteries. 1: Vörs-Papkert-B; 2: Homokmégy-Székes; 3: Ibrány-Esbóhalom; 4: Püspökladány-Eperjesvölgy; 5: Sárrétudvari-Hízóföld; 6: Magyarhomorog-Könyadomb

nyeket az Y kromoszómális adatok megerősítették.⁸ Felvetődött a kérdés, hogy ezek az adatok milyen mértékben vonatkoztathatók a teljes honfoglalás kori populációra? Ennek megválaszolására vizsgálatainkat kiterjesztettük a 10–12. századi nagyobb sírszámú, de szegényesebb melléklettel rendelkező, ún. falusi temetőkre,⁹ amelyek Szőke Béla felosztása alapján a honfoglalás kori köznépet rejthetik.¹⁰ A mintaválasztást elsősorban régészeti és antropológiai adatok alapján végeztük. Az angolszász és német régészetben hívták fel arra a figyelmet, hogy a régészeti leletek önmagukban nem, vagy csak limitáltan alkalmasak társadalmi és jogi kategóriák elkülönítésére.¹¹ Ez a szemlélet a Kárpát-medence 10. századi

leletanyagának megítélése szempontjából is fontos szerepet játszik, így például a 10. századi temetők Szőke-féle felosztása is túlhaladottnak tekinthető.¹² Mivel a temetők többsége átnyúlik az Árpád-korba és korábbi antropológiai vizsgálatok több temetőben lehetséges népességcserét jeleztek, ezért a korai és a későbbi sírok összehasonlításával demográfiai kérdésekre is választ kerestünk. Vizsgálatainkba 6 falusi temetőt vontunk be (1. ábra), összesen 217 maradványból vettünk mintát. Jelenleg csaknem az összes szekvencia adat elkészült és most folyik az adatok filogenetikai és populációgenetikai kiértékelése, ezért az itt bemutatott eredmények előzetesnek tekinthetők.

⁸ NEPARÁCZKI ET AL. 2019.

⁹ KOVÁCS 2013.

¹⁰ SZŐKE 1962.

¹¹ STEUER 1979; BRATHER 2006.

¹² RÉVÉSZ 2014.

ANYAGOK ÉS MÓDSZEREK

A mintavétel minden esetben a halántékcsontról történő sziklacsontról történt. Emlősökben ez a legkeményebb és legtömörebb csontrész, már igen korán, csecsemőkorban elcsontosodik, emiatt itt őrződik meg legjobban az endogén DNS állomány.¹³ Az elporított csontrészről szilika alapú DNS kivonással nyertük ki az örökítőanyagot,¹⁴ amelyből ezután Illumina új generációs szekvenáló rendszerrel kompatibilis könyvtárakat építettünk.¹⁵ A DNS molekulák két végét egyedi index kombinációkkal láttuk el, hogy a szekvenálás után bioinformatikai módszerekkel el tudjuk egymástól különíteni a mintákat.¹⁶ Alacsony lefedettségű ún. *shotgun* szekvenálással megbecsültük a minták endogén, humán DNS tartalmát, majd a közel azonos endogén tartalmú mintákat csoportosítva hibridizációval mitogénom dúsítást végeztünk.¹⁷ Ezután újgenerációs szekvenálással a mitokondriális DNS-t teljes hosszában leolvastuk és a szekvenciák ismeretében meghatároztuk az egyénre jellemző haplotípust és haplocsoportot.¹⁸ A populációk közötti távolságot ún. „*shared haplogroup distance*” (SHD) értékkel számítottuk, amely két populációban előforduló azonos haplocsoportok aránya alapján számított távolságot adja meg. Mivel a legbelső haplocsoport alágak egy nem túl távoli közös ősről vezethetők vissza, ezért az azonos alcsoportok jelenléte összeköti a populációkat, mert azok csak közös származás vagy egykori keveredés által tartalmazhatnak azonos alcsoportokat. A MITOMIX algoritmus a populációk közötti egykori lehetséges keveredéseket próbálja rekonstruálni úgy, hogy az összes populációból az összes lehetséges keveredési arányok kombinációit kiszámítva megkeresi azt az elméleti „keveréket”, amely a legkisebb genetikai (SHD) távolságot adja a vizsgált populációtól.¹⁹ A populációgenetikai analízishez a köznépi temetők

haplocsoport eloszlását 62 modern (12.224 minta) és 25 archaikus (496 mintha) eurázsiai populáció haplocsoport eloszlásához hasonlítottuk.

A magyarhomorog-könyradombi temető Hajdú-Bihar megyében, a Kis Sárrét keleti szélén található. Dienes István kezdte meg az ásását 1961–1971 között, majd Kovács László fejezte be 1988-ban. Az 540 síros temetőnek van egy 17 síros 10. századi része, melyet a korai honfoglaló magyarokhoz kapcsolnak és egy nagy, 523 síros 11–12. századi „keresztény” része. Ennél a temetőnél megfigyelhető, hogy a kereszténység felvétele után is tovább élt a mellékletadás szokása.²⁰ Elemzésünk során választ kerestünk arra a kérdésre, hogy a „keresztény” rész folytatása-e a „pogány” résznek, azaz ugyanazon népesség leszármazottait rejti-e, vagy máshonnan származó népességét? Kiemelt figyelmet érdemel a már korábban jellemzett hasonló korú karosi és kenézlii temetőkhez fűződő esetleges kapcsolata is. A temető mindkét részéből, összesen 41 egyén maradványából vettünk mintát.

A homokméggy-székesi temető a Duna–Tisza között található Bács-Kiskun megyében, a kalocsai sárközben. Gallina Zsolt és Varga Sándor végezték a feltárását 1996–2002 között. A 206 síros temető használati ideje a 10. század első harmadától a 11. század első harmadáig keltezhető. Az első generáció még a honfoglalók közé tartozhatott, az utolsó pedig Szent István uralkodása alatt temetkezhetett ide. Tájékozás, leletanyag, kartartás, sírtípusok alapján a temetőt északi és déli részre osztották, az északi részt pedig a sírok sűrűsége alapján keleti és nyugati félre tagolták. A talaj sajátosságainak köszönhetően a sírok alakja megőrződött, több padmalyos sírt találtak, valamint egyéb avar kori temetkezésre jellemző szokás nyomát, amely a 10. században elég ritka.²¹ A temető antropológiailag részletesen

¹³ PINHASI ET AL. 2015.

¹⁴ GAMBA ET AL. 2014; ROHLAND–HOFREITER 2002; DAMGAARD ET AL. 2015.

¹⁵ BRIGGS ET AL. 2009; MEYER–KIRCHER 2010; ROHLAND ET AL. 2015.

¹⁶ KIRCHER 2012.

¹⁷ MARICIC–WHITTEN–PÄÄBO 2010.

¹⁸ NEPARÁCZKI ET AL. 2017.

¹⁹ MARÓTI ET AL. 2018.

²⁰ KOVÁCS 1987.

²¹ GALLINA–VARGA 2013.

jellemzett, taxonómiai jelleg alapján az europidok túlsúlya mellett kisebb arányban mongoloid rasszhoz tartozó komponensek is megjelennek.²² Vizsgálataink során választ keresünk többek között arra a kérdésre is, hogy a 10–11. századi rész között van-e folytonosság, illetve találunk-e kapcsolatot avar kori előzményekkel. A mintavételezés 36 maradványból történt.

A püspökladány-eperjesvölgyi temető a Tiszántúl középső részén, Hajdú-Bihar megye nyugati határán található. A feltárás M. Nepper Ibolya vezetésével történt 1977–1982 között. A temető 637 síros, de 641 egyén maradványait találták meg – 5 esetben kettős temetkezés történt. Leletanyag alapján 2 részre különül: a nyugati fele (a temető körülbelül egyharmad része) Árpád-kor előtti temetkezés, a többi részét pedig a kereszténység felvétele után használták a 11. században. A temető embertani feldolgozása megtörtént, a kraniometriai és testmagasság vizsgálatok alapján az antropológusok a 10. és 11. századi rész között folytonosságot találtak.²³ 36 egyénből történt mintavétel.

A sárrétudvari-hízóföldi temető Hajdú-Bihar megyében a Nagy-Sárréten található, feltárását szintén M. Nepper Ibolya vezette 1980–1985 között. A temetőt a legnagyobb 10. századi temetőként tartják számon. A feltáró régész a leletek alapján úgy véli, hogy a 263 síros temetőbe valószínűleg a honfoglalók első nemzedéke, egy katonáskodó harcos réteg és családjuk temetkezett. Itt koncentráldhatott a bihari várhoz tartozó, vagyonos, állandó katonaság,

vagy időszakosan hadra fogható harcosok és családjaik szálláshelye. Viszonylag gazdag leletanyaggal rendelkezik, nagyszámú fegyveres melléklettel, az asszonyoknál nemesfém ékszerekkel.²⁴ A mintavétel 36 egyénből történt.

Vörs-Papkert-B temető Somogy megye északnyugati csücskében fekszik. Feltárását Költő László, Honti Szilvia és Szentpéteri József végezték. A temetőbe a 8–9. század fordulójától a 10–11. század fordulójáig folyamatosan temetkeztek, így feldolgozása segítséget adhat a dunántúli késő avar kori népesség 9–10. századi feltételezett továbbélésének vizsgálatához. A 716 feltárt sír zömében késő avar és Karoling-kori, de 47 személy temetkezése biztosan a honfoglalás korára keltezhető.²⁵ A temető minden részéből, összesen 36 egyén maradványából történt mintavétel.

Ibrány-Esbóhalom temető Szabolcs-Szatmár-Bereg megye északnyugati részén, a Rétközben található. A leletmentést Istvánovits Eszter 1985 és 1990 között végezte el. A temető a 10–11. században volt használatban, 274 egyén maradványát találták meg. A 10. századi temetőrészen belül találtak fordított tájolású sírokat, a feltáró régész úgy gondolta ez etnikumbeli eltérést jelezhet, de szerinte a 10. és 11. századi rész folytonos egymással. A temető antropológiai feldolgozása is megtörtént, azonban a kraniometriai adatok eltérést mutattak a 10. és 11. századi részek között, eszerint a két temetőrész eltérő népességet rejthet.²⁶ A mintavételezés 32 maradványból történt.

EREDMÉNYEK

A kiválasztott köznépi temetőkben összesen 187 egyén anyai vonalát sikerült meghatározni. A magyarhomorog-könyadombi temető 10. századi részében 13 egyén anyai vonalát tudtuk meghatározni, melyek 9 haplocsoportba sorolhatók (D4h4a, H2a1, H4a1a1a, N1a1a1a1, N1a1a1a1a, N1b1a2, T1a1, U5b1b, V7a). A vonalak 54%-a európai (ezen belül 15% nyugat-európai), 31%-a ázsiai vonal-

ba tartozik. A 11. századi temetőrészben 20 anyai vonalat sikerült azonosítani, amely 19 haplocsoportba sorolható (H, H10, H102, H10e, H11a2, H11a7, H1a7, H1c, I1a1a, I1a1a3, K1a11, K1a4a1, K1a4c1, M1b2, T1a4, U4a, U4a1, U4a1c, U5a1a1). A 11. századi temetőrész vonalainak 80%-a európai (ezen belül 15% nyugat-európai), míg 20%-a eurázsiai eredetű. Az előzetes elemzéseink arra mu-

²² VARGA–GALLINA 2016.

²³ M. NEPPER 2002; BODRI 2018.

²⁴ M. NEPPER 2002.

²⁵ KÖLTŐ–SZENTPÉTERI 1988.

²⁶ ISTVÁNOVITS 2003.

tatnak, hogy a 10. századi rész genetikailag élesen elkülönül a 11. századitól, nem tartozik a köznép közé. A 102 honfoglaló szállási populációval, a homokmégyszékesi, Poltavka-Potakovka és Szintasta kultúrákkal mutat genetikai hasonlóságot. A 11. századi részből a populációgenetikai elemzés még nem készült el.

A homokmégyszékesi temető esetében 34 egyén anyai vonalát sikerült meghatározni, melyek 31 haplocsoportba sorolhatók (C5b1a, D4l, H, H1c, H1u2, H5, H5a, H5b, H6a1b, J1, J1c2j, K1a1a, K1a1b1, N1a1a1a1, N1a1a1a1a, R, T2e, U2e1b1, U3a1b, U3b, U4a, U4a1, U4b1a3a, U4c1, U5a1c2a1, U5a1d2b, U5a2a1, U8a1a1, U8b1a1, U8b1b1, V7a). A vonalak 79%-a európai (ebből 29% nyugat-európai), 12%-a ázsiai eredetű és 9%-a általános eurázsiai elterjedtséget mutat. Előzetes vizsgálataink alapján a legkisebb genetikai távolságot az általunk korábban vizsgált 102 szállási honfoglalótól, a Magyarhomorog-Könyadomb temető 10. századi részétől, a Szrubnaja és a Fésüs-Gödröcskés kerámia kultúra (*comb ceramic*) népességeitől, valamint baltikumi bronzkori populációktól mutatta.

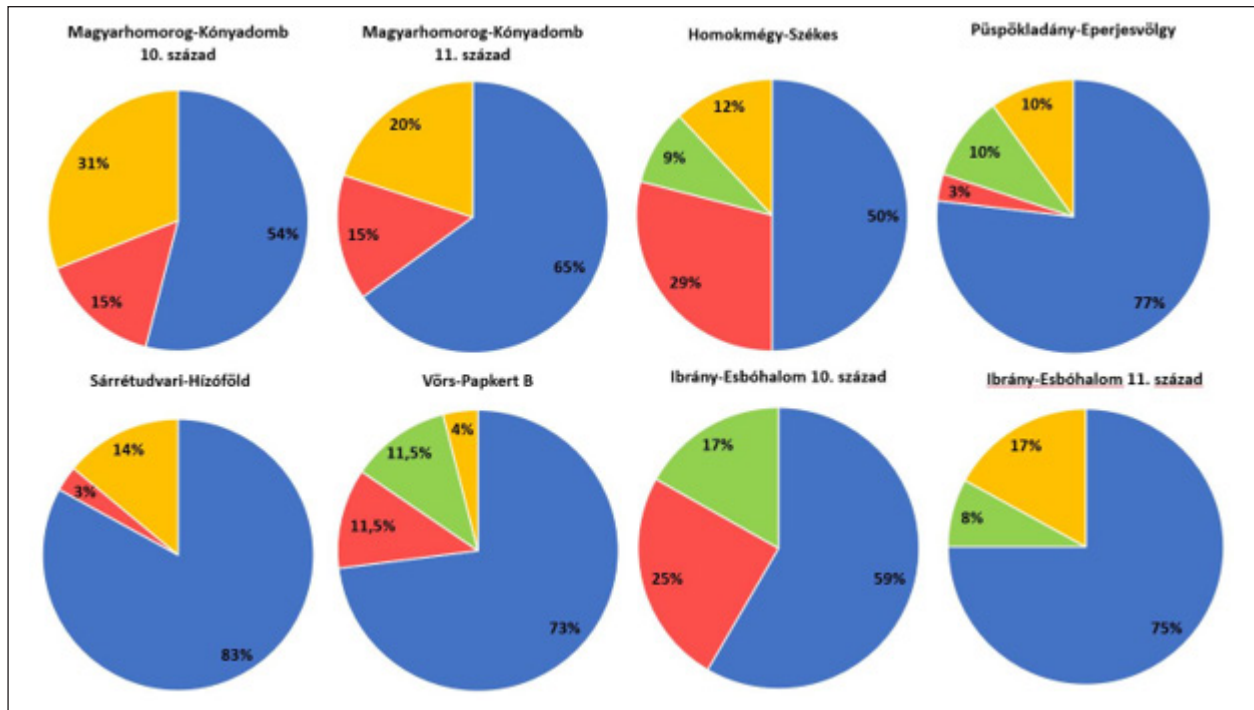
A püspökladány-eperjesvölgyi temető kereszténység előtti részéből 19 anyai vonalat határoztunk meg, melyek 18 haplocsoportba sorolhatók (D4e4, D5a3a1, h1, H13a2b2, H13a2b2a, H1a1, J2b1c, K1a2, K1c1, T2, T2d2, U, U2e1b, U4a, U5a1+16192, U5a2a1b, V6, X2f). A keresztény részből 12 egyén anyai vonalát határoztuk meg, melyek 11 haplocsoportba tartoznak (C4a2c, H1, H13a2b2, H16a1, H1c2, H4a1a1a, M1a1b1, T, U3b3, U5a1a1h, U5b1b1+16192). Úgy tűnik, hogy a két temető rész genetikailag nem különül el jelentősen. Az anyai vonalak 80%-a európai (ebből 3% nyugat-európai), 10% ázsiai és 10% eurázsiai vonalba tartozik. Előzetes elemzéseink azt mutatták, hogy a temető elkülönül az elitként meghatározott honfoglaló populációtól, a legkisebb genetikai távolságot mezolitikus európai populációktól, valamint a Harangedényes kultúra népességeitől mutatták.

A sárrétudvari-hízó föld temető esetében 35 egyén anyai vonalát tudtuk meghatározni, mely 28 haplocsoportba sorolható (C4a1b, D4b1, D4j2-3, H11, H14a, H1aj, H1c, H1c1, H3, H4a1a1a, H7, H7a1, HV14a, HV15, J2a1a, J2a2e, J2b1a, T2b, U2e1, U5a1a1a, U5a2b, U5b1d1, U5b2b, V13,

V7a, W3a1, W3a1a, W5). Az anyai vonalak 83%-a európai, 3%-a nyugat-európai, 15% ázsiai vonalba tartozik. Előzetes elemzéseink alapján arra következtetünk, hogy a honfoglalóktól eltérő populációt reprezentálnak, baltikumi késő bronzkori, paleolitikus európai, valamint jelen kori belga és holland populációkkal mutatták a legnagyobb genetikai hasonlóságot.

Vörs-Papkert esetében a honfoglalás kori temető részéből 4 egyén anyai vonalát tudtuk meghatározni, melyek 4 haplocsoportba tartoznak (D4e4, H17a1, H2a1, T2b+152). A késő avar kori temető részéből 7 egyén anyai vonalát határoztuk meg, melyek 7 haplocsoportba tartoznak (A16, H, H10a1, J1c3g, J2a2a2, T2b31, U5a1b1c2). A Karoling-kori temető részéből 19 egyén anyai vonalait határoztuk meg, melyek 16 haplocsoportba tartoznak (H1ak1, H, H11a, H13a2b2a, H13a2c, H47a, H4a1, H4a1c1a, H5e1a, HV10, J1c2, K1a4i, R, U2e1a1, U4a, U5a1d2b). Ebben a temető részben az anyai vonalak 84,5%-a európai (amelynek 11,5%-a nyugat-európai) 4% ázsiai és 11,5% eurázsiai eredetű. A honfoglalás és késő avar kori temető részekből az alacsony mintaszám miatt nem készítettünk populációgenetikai elemzést. A Karoling-kori rész előzetes elemzése arra mutatnak, hogy az itt reprezentált populáció a honfoglaló elittől elkülönült. Úgy tűnik, hogy a temető késő avar és Karoling-kori része között találunk genetikai folytonosságot. A legkisebb genetikai távolságot balti késő bronzkori populációktól, a Fésüs-Gödröcskés kerámia kultúrába tartozó populációktól, a homokmégyszékesi temetőben vizsgált populációtól, valamint a temető késő avar kori részétől mutatta.

Az ibrány-esbóhalomi temetőnél az előzetes elemzések még nem készültek el, csak a mitokondriális haplocsoportok meghatározását végeztük el. A 10. századi részből 12 egyén anyai vonalait határoztuk meg, melyek 12 haplocsoportba tartoznak (H, H13a2c1, H1b, H5e1a, H6a1, HV, N1b1a3, T1a1b, T2e7, U4, H5a1d2a1, V7a, I). Az anyai vonalak 58%-a európai, 25%-a nyugat-európai, 16,7%-a eurázsiai vonalba tartozik. A 11. századi részből szintén 12 egyén anyai vonalait határoztuk meg, melyek 12 haplocsoportba sorolhatók (C4a2a, C4a2a1, H, H1j, H1u2, H5a1n, HV1a1a, I1a1, I5a2, R1a, U5b1b1a). Az anyai vonalak 75%-a európai, 17%-a ázsiai, 8%-a eurázsiai vonalba tartozik. Ez alapján



2. kép. Vizsgált anyai vonalak földrajzi megoszlása százalékos arányban, temetőkenti lebontásban. Színkódok: kék: Európa; piros: Nyugat-Európa; sárga: Ázsia; zöld: Eurázsia
 Fig. 2. Geographically distribution of maternal lineages of each studied cemeteries. Colour code: blue: Europe; red: Western Europe; yellow: Asia; green: Eurasia

elmondhatjuk, hogy a 10. és 11. századi résznél is európai vonalak túlsúlya figyelhető meg. A vizsgált anyai vonalak földrajzi megoszlásának százalékos arányát a 2. ábrán szemléltettük, temetőkenti lebontásban.

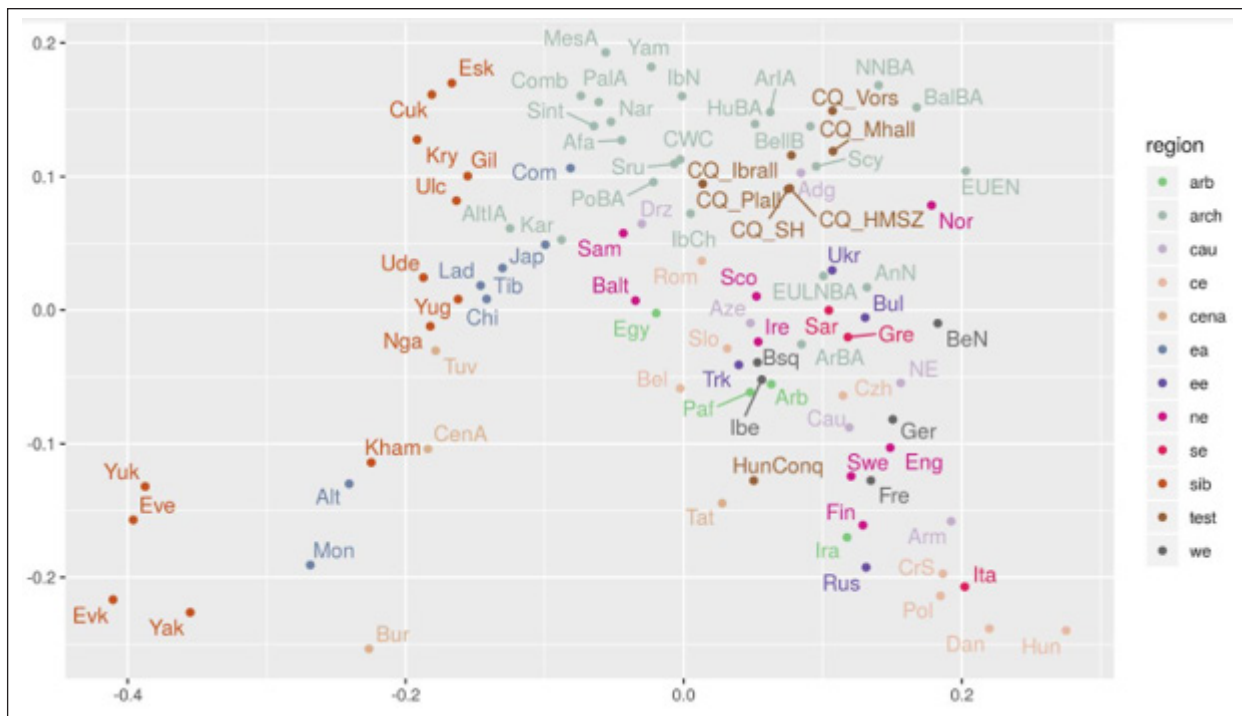
Habár a temetőkenti átlag 30-as mintaszám reprezentativitása populációgenetikai vizsgálatok esetén kérdéseket vet fel, azonban a 6 temetőből származó 187 anyai vonal együttese már mindenképp reprezentatív mondható. Ezért elvégeztünk egy olyan populációgenetikai elemzést, amelynek során a 6 temető népességét együttesen hasonlítottuk ma élő népességekhez. Az eredményt MDS (*multi dimensional scaling*) ploton szemléltettük

(3. ábra), amely a teljes mitogénom szekvenciákból számított genetikai távolságokon alapul. A színeket földrajzi elhelyezkedés szerint csoportosítottuk, a tengelyek pedig genetikai távolságot jelölnek. A honfoglaló elit (HunConq) ezen az ábrán is egyértelműen a volgai tatárok közelébe térképeződik. A köznépi temetők népessége (CQ_koz) azonban jelentősen elkülönül az elit temetőkétől, egyértelműen európai népesség és a mai olaszokkal, horvátokkal, lengyelekkel, dánokkal mutat leghasonlóbb összetételt, de a mai magyaroktól sincsenek messze. A mai magyarokhoz genetikailag mindenképp sokkal közelebb esnek, mint a honfoglaló elithez.

DISZKUSSZIÓ

Az előzetes eredményeinkből arra következtetünk, hogy a vizsgált köznépi temetők anyai vonalainak túlnyomó többsége európai eredetű, és csak csekély mértékben tartalmaznak ázsiai vonalakat, melyek ugyanúgy származhatnak a korábbi avar népességtől, mint a honfoglalóktól. Az itt bemutatott előzetes adataink arra engednek következtetni, hogy a köz-

népi temetők nagyobbik része korábban helyben élő népességeket rejthet, csekély számú bevándorlóval. Ahogy az MDS ploton is láthatjuk, a köznépi temetők populációi elütnek a honfoglalóktól, mai európai populációkhoz hasonlítanak és sokkal közelebb állnak a mai magyarokhoz, mint az általunk korábban vizsgált 102 honfoglalóhoz.



3. kép. Honfoglalás kori köznépi temetők MDS plotja, mely a teljes mitogénom szekvenciákból számított genetikai távolságon alapul. Az MDS ploton az összes köznépi temetőt egybe csoportosítva láthatjuk (CQ_koz). A színek geolokalizáció szerint vannak csoportosítva (arb: arab; arch: archaikus; cau: Kaukázus; ce: Közép-Európa; cena: Közép-Ázsia; ea: Kelet-Ázsia; ee: Kelet-Európa; ne: Közel-Kelet; se: Dél-Európa; sib: Szibéria; we: Nyugat-Európa), a tengelyek pedig genetikai távolságot jelölnek. A populációkat láthatóan földrajzi elterjedésüknek megfelelően jól csoportosítja az algoritmus. A honfoglalók (HunConq) egyértelműen a tatárok mellé csoportosulnak. A köznépi temetők elkülönülnek a honfoglalóktól, az örmények, horvátok, lengyelek, olaszok, dánok, magyarok közé csoportosulnak – ez egyértelműen európai népesség. Elütnek a honfoglalóktól, mai európai populációkhoz csoportosulnak, a mai magyarokhoz genetikailag egyértelműen közelebb, mint a honfoglalókhöz

Fig. 3. MDS plot of 10th commoner cemeteries based on genetic distance from whole mitogenome sequences. For the analysis we pooled the data for all commoner cemeteries together (CQ_koz). The colours are represent geolocalization (arb: arabian; arch: archaic; cau: Caucasus; ce: Central Europe; cena: Central Asia; ea: East Asia; ee: Eastern Europe; ne: Near East; se: South Europe; sib: Siberia; we: Western Eurpe) and the axes are represent genetic distance. The algorithm grouped well the populations according to their geographical distribution. The conquerors (HunConq) clearly group next to the Tatars. Population of commoner cemeteries are separate from the conquerors, and grouped next to the Armenians, Croats, Poles, Italians (Danes, Hungarians – this is clearly European populations). The commoners are distinct from the conquerors, they are grouped in today's European populations, and are genetically clearly closer to today's Hungarians than to the conquerors

A Magyarhomorog-Kónyadomb 10. századi része markánsan elkülönül mind a temető későbbi részétől, mind a többi általunk vizsgált köznépi temető összetételétől, és genetikailag a korábban vizsgált 102 szállási honfoglalóhoz hasonló, ami alátámasztja a régészeti anyagból levont következtetéseket.

Az itt bemutatott populációgenetikai elemzések csupán előzetes eredménynek tekinthetők. A későbbi elemzések során ki fogjuk bővíteni a hasonlítás-hoz felhasznált archaikus populációk adatbázisát, és az elemzést genom adatokkal is kiegészítjük.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Jelen tanulmány a Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Hivatal pályázatának (K124350 azonosító számú), valamint a 2019. évi Tématerületi Kiválósági program („Magyarság Eredetének kutatása a Kárpát-medence történeti népességeinek archeogenetikai vizsgálatára” TUDFO/51757-1/2019/ITM azonosító számú) pénzügyi támogatásával jött létre.

IRODALOM

- BODRI 2018: Bodri M.: A belső időrend vizsgálata Püspökladány-Eperjesvölgy 10–11. századi temetőjében. In: *Sötét idők túlélői. A kontinuitás fogalma, kutatásának módszerei az 5–11. századi Kárpát-medence régészetében*. Tempora Obscura 4. Szerk.: Hága T. K. – Kolozsi B. Debrecen 2018, 291–313.
- BRATHER 2006: Brather, S.: „Etnikai értelmezés” és struktúra- történeti magyarázat a régészetben. *Korall* 24–25 (2006) 23–72.
- BRIGGS ET AL. 2010: Briggs, A. W. – Stenzel, U. – Meyer, M. – Krause, J. – Kircher, M. – Pääbo, S.: Removal of deaminated cytosines and detection of in vivo methylation in ancient DNA. *Nucleic Acids Research* 38 (6): e87, 2010. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp1163>
- DAMGAARD ET AL. 2015: Damgaard, P. B. – Margaryan, A. – Schroeder, H. – Orlando, L. – Willerslev, E. – Allentoft, M. E.: Improving access to endogenous DNA in ancient bones and teeth. *Scientific Reports* 5 (2015), article number: 11184. <https://doi.org/10.1038/srep11184>
- ÉRY 1994: Éry K.: A Kárpát-medence embertani képe a honfoglalás korában. In: *Honfoglalás és nyelvészet*. Szerk.: Kovács L. – Veszprémy L. Budapest 1994, 217–224.
- GALLINA–VARGA 2013: Gallina Zs. – Varga S.: 10–11. századi köznépi temető Homokmégy-Székesen (Das Gräberfeld des gemeinen Volkes aus dem 10.–11. Jahrhundert von Homokmégy-Székes). In: *A honfoglalás kor kutatásának legújabb eredményei. Tanulmányok Kovács László 70. születésnapjára*. Monográfiák a Szegedi Tudományegyetem Régészeti Tanszékéről 3. Szerk.: Révész L. – Wolf M. Szeged 2013, 127–142.
- GAMBA ET AL. 2014: Gamba, C. – Jones, E. R. – Teasdale, M. D. – McLaughlin, R. L. – Gonzalez-Fortes, G. – Mattiangeli, V. – Domboróczki, L. – Kővári, I. – Pap, I. – Anders, A. – Whittle, A. – Dani, J. – Raczky, P. – Higham, T. F. G. – Hofreiter, M. – Bradley, D. G. – Pinhasi, R.: Genome flux and stasis in a five millennium transect of European prehistory. *Nature Communications* 5 (2014), article number: 5257. <https://doi.org/10.1038/ncomms6257>
- ISTVÁNOVITS 2003: Istvánovits E.: *A Rétköz honfoglalás és Árpád-kori emlékanyaga*. Régészeti gyűjtemények Nyíregyházán 2. Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei 4. Nyíregyháza 2003.
- KIRCHER 2012: Kircher, M.: Analysis of high-throughput ancient DNA sequencing data. *Methods in Molecular Biology* 840 (2012) 197–228. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-516-9_23
- KOVÁCS 1987: Kovács L.: Magyarhomorog-Kónyadomb. *Régészeti Füzetek* Ser. 1. No. 40 (1987) 81–82.
- KOVÁCS 2013: Kovács L.: A Kárpát-medence honfoglalás és kora Árpád-kori szállási és falusi temetői. Kitekintéssel az előzményekre. Vázlat. In: *A honfoglalás kor kutatásának legújabb eredményei. Tanulmányok Kovács László 70. születésnapjára*. Monográfiák a Szegedi Tudományegyetem Régészeti Tanszékéről 3. Szerk.: Révész L. – Wolf M. Szeged 2013, 511–604.
- KÖLTŐ–SZENTPÉTERI 1988: Költő L. – Szentpéteri J.: Vörs-Papkert-B (Somogy megye). *Régészeti Füzetek* Ser. 1. No. 41 (1988) 58.
- M. NEPPER 2002: M. Nepper I.: *Hajdú-Bihar megye 10–11. századi sírleletei* 1–2. Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei 3. Budapest–Debrecen 2002.

- MARICIC–WHITTEN–PÄÄBO 2010: Maricic, T. – Whitten, M. – Pääbo, S.: Multiplexed DNA sequence capture of mitochondrial genomes using PCR products. *PLOS ONE* 5 (11): e14004, 2010. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0014004>
- MARÓTI ET AL. 2018: Maróti, Z. – Török, T. – Neparáczi, E. – Raskó, I. – Nagy, I. – Maróti, M. – Varga, T. – Bihari, P. – Boldogkői, Zs. – Tombácz, D. – Kalmár, T.: MITOMIX, an Algorithm to Reconstruct Population Admixture Histories Indicates Ancient European Ancestry of Modern Hungarians. *bioRxiv* 2018, DOI: 10.1101/247395. <https://doi.org/10.1101/247395>
- MEYER–KIRCHER 2010: Meyer, M. – Kircher, M.: Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols* 5, pdb. prot 5448, 2010. <https://doi.org/10.1101/pdb.prot5448>
- NEPARÁCZI ET AL. 2017: Neparáczi, E. – Kocsy, K. – Tóth, G. E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Bihari, P. – Nagy, I. – Pálfi, Gy. – Molnár, E. – Raskó, I. – Török, T.: Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *PLOS ONE* 12 (4): e0174886, 2017. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886>
- NEPARÁCZI ET AL. 2018: Neparáczi, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Kocsy, K. – Maár, K. – Bihari, P. – Nagy, I. – Fóthi, E. – Pap, I. – Kustár, Á. – Pálfi, Gy. – Raskó, I. – Zink, A. – Török, T.: Mitogenomic data indicate admixture components of Asian Hun and Srubnaya origin in the Hungarian Conquerors. *PLOS ONE* 13 (11): e0208295, 2018. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- NEPARÁCZI ET AL. 2019: Neparáczi, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Maár, K. – Nagy, I. – Latinovics, D. – Kustár, Á. – Pálfi, Gy. – Molnár, E. – Marcsik, A. – Balogh, Cs. – Lőrinczy, G. – Gál, Sz. S. – Tomka, P. – Kovacsóczy, B. – Kovács, L. – Raskó, I. – Török, T.: Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *Scientific reports* 9 (2019), article number: 16569. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53105-5>
- PINHASI ET AL. 2012: Pinhasi, R. – Thomas, M. G. – Hofreiter, M. – Currat, M. – Burger, J.: The genetic history of Europeans. *Trends in Genetics* 28 (2012) 496–505. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2012.06.006>
- PINHASI ET AL. 2015: Pinhasi, R. – Fernandes, D. – Sirak, K. – Novak, M. – Connell, S. – Alpaslan-Roodenberg, S. – Gerritsen, F. – Moiseyev, V. – Gromov, A. – Raczky, P. – Anders, A. – Pietrusewsky, M. – Rollefson, G. – Jovanovic, M. – Trinhhoang, H. – Bar-Oz, G. – Oxenham, M. – Matsumura, H. – Hofreiter, M.: Optimal ancient DNA yields from the inner ear part of the human petrous bone. *PLoS One* 10 (6): e0129102, 2015. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129102>
- RÉVÉSZ 1996: Révész L.: *A karosi honfoglalás kori temetők. Régészeti adatok a Felső-Tisza-vidék X. századi történetéhez.* Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei 1. Miskolc 1996.
- RÉVÉSZ 2014: Révész L.: A Kárpát-medence 10-11. századi temetőinek kutatása napjainkban. (Módszertani áttekintés). In: *Magyar őstörténet. Tudomány és hagyományörzés.* Szerk.: Sudár B. – Szentpéteri J. – Petkes Zs. – Lezsák G. – Zsidai Zs. Budapest 2014, 63–136.
- ROHLAND–HOFREITER 2002: Rohland, N. – Hofreiter, M.: Ancient DNA extraction from bones and teeth. *Nature Protocols* 2 (2002) 1756–1762. <https://doi.org/10.1038/nprot.2007.247>
- ROHLAND ET AL. 2015: Rohland, N. – Harney, E. – Mallick, S. – Nordenfelt, S. – Reich, D.: Partial uracil – DNA – glycosylase treatment for screening of ancient DNA. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 370 (2015) 20130624. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0624>
- RÓNA-TAS 1999: Róna-Tas, A.: *Hungarians & Europe in the Early Middle Ages. An Introduction to Early Hungarian History.* New York 1999. <https://doi.org/10.7829/j.ctv280b77f>
- SOARES ET AL. 2010: Soares, P. – Achilli, A. – Semino, O. – Davies, W. – Macaulay, V. – Bandelt, H-J. – Torroni, A. – Richards, M. B.: The Archaeogenetics of Europe. *Current Biology* 20 (2010) 174–183. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2009.11.054>

- STEUER 1979: Steuer, H.: Frühgeschichtliche Sozialstrukturen in Mitteleuropa. Zur Analyse der Auswertungsmethode des archäologischen Quellenmaterials. In: *Geschichtswissenschaft und Archäologie*. Hrsg.: Jankuhn, H. – Wenskus, R. Sigmaringen 1979, 595–633.
- SZÖKE 1962: Szöke B.: *A honfoglaló és kora Árpád-kori magyarság régészeti emlékei*. Régészeti Tanulmányok 1. Budapest 1962.
- VARGA–GALLINA 2016: Varga S. – Gallina Zs.: *A Duna-Tisza közének honfoglalás és kora Árpád-kori temetői, sír- és kincsleletei* 1. *A Kalocsai Sárköz a 10–11. században*. Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei 10. Szeged–Budapest 2016.

MATERNAL LINEAGES FROM 10TH CENTURY COMMONER CEMETERIES OF THE CARPATHIAN BASIN

KITTI MAÁR – ENDRE NEPARÁCZKI – GERGELY ISTVÁN VARGA – BENCE KOVÁCS –
ZOLTÁN MARÓTI – TIBOR KALMÁR – ISTVÁN NAGY – DÓRA LATINOVICS –
BALÁZS TIHANYI – ANTÓNIA MARCSIK – ÁGNES KUSTÁR –
GYÖRGY PÁLFI – ISTVÁN RASKÓ – TIBOR TÖRÖK

The examination of ancient DNA (aDNA), extracted from archeological remains, can reveal the origin and relationship of individuals and populations. We set out to clarify the genetic origin of the conquering Hungarians (Conquerors) with aDNA methods. Recently we described the maternal origin of samples from the Karos-Eperjesszög 1–2–3 and Kenézlő cemeteries, representing the early Conqueror elite. The highest resolution whole mitogenome analysis from these remains indicated that the origin of their maternal lineages can be traced back to distant parts of the Eurasian steppe: one third of them were derived from Central-Inner Asia and their most probable ultimate sources were the Asian Scythians and Asian Huns, while the majority of the lineages most likely originated from the Bronze Age Potapovka-Poltavka-Srubnaya cultures of the Pontic-Caspian steppe. These results raise the question as to what extent can our findings be generalized to the entire Conqueror population? To answer this question we embarked on completing our Conqueror mitogenome database with sequences from other contemporary cemeteries, which predominantly belonged to 10th century commoners. We chose the large commoner cemeteries of Sárrétudvari-Hízóföld, Püspökladány-Eperjesvölgy, Vörs-Papkert-B, Homokmégy-Székes and Magyarhomorog all of which were used for a long time, starting from the 10th century characterized by pagan ritual burials continuing into the 11th – early 12th centuries with Christian tombs of the Árpadian-Age. We selected a representative number of samples, usually 20-30/cemetery, based on archaeological and anthropological evaluation both from the early pagan and late Christian parts of these cemeteries. The aDNA was extracted from pars-petrosa then Illumina-specific sequencing libraries were prepared, provided with a dual index combination. Shotgun sequencing was used to determine the endogenous aDNA content of the samples, and samples with similar endogenous DNA-content were enriched in groups using hybridization techniques with our own mitogenome bait kit. After NGS sequencing the mitochondrial haplogroup of individuals was determined, followed by phylogenetic and population genetic evaluation. For population genetic analysis we compared the haplogroup distribution of the cemeteries to that of 62 modern (12224 samples) and 25 ancient (496 samples) Eurasian populations. We have calculated so called Shared Haplogroup Distance (SHD) values between populations. The simple logic behind SHD is that sub-Hg-s originated from a single most recent common ancestor, thus presence of identical subgroups links population histories in an extent of sharing, which is proportional to the SHD value. We also used the MITOMIX algorithm, which can reveal details of admixture histories by performing a hypothesis independent search to find the best admixture combinations

from available populations giving the smallest SHD value from a test population. Our sample selection makes it possible to find out what is the genetic connection between the smaller elite and larger commoner cemeteries of the Conqueror era, as well as to determine the relation between different commoner cemeteries. We may also be able to answer if the older Christian parts represent descendants of the original 10th century population or belong to newcomers relocated from other parts of the kingdom.

RESULTS

- a) Origin of the studied populations: maternal lineages of the studied commoner cemeteries are predominantly of European origin with few Asian lineages. Their Asian lineages could have derived from Avar and Conqueror immigrants. SHD data indicate that they have smallest genetic distance from other commoner cemeteries and European Bronze Age cultures (Bell Beaker, Baltic Late Bronze Age, Comb Ceramic Culture) as well as European Mesolithic and Paleolithic populations. MITOMIX also designate the same European populations as their potential admixture sources. Thus our data indicate that majority of the commoner cemeteries represent resident population with few immigrants. Nevertheless there are marked differences between the studied cemeteries: the Magyarhomorog 10th century population does not belong to the commoner group, as its mtDNA composition is most similar to the Karos-Kenézli group (102 Conquerors). It shows smallest genetic distances from the same populations (Srubnaya, Poltavka-Potapovka), and its only potential admixture source is the Karos-Kenézli group (102 Conquerors).
- b) Population replacement and continuity during Christian period: from the Christian part of the Magyarhomorog cemetery markedly differs from the 10th century part despite the low number of samples. This is a strong indication of population discontinuity. The Püspökladány-Eperjesvölgy and Vörs-Papkert-B cemeteries, which also contain graves from multiple periods rather indicate population continuity throughout their history. In case of Vörs-Papkert-B even the 7 samples which were unambiguously classified to the Avar age show affinity with the rest of the population from other periods.

Although the small sample size (20-30/cemetery) of each cemetery cast doubt on population genetics studies representativeness, the set of 187 maternal lines from 6 cemeteries can be considered representative. Therefore, we performed a population genetics analysis that compared the population of the 6 cemeteries to the population of today people. The result is illustrated in a multidimensional scaling plot (MDS), which is based on genetic distances of whole mitogenome sequences. The conquering elite (HunConq) clearly maps to the Volga Tatars in this figure. However, the population of commoner cemeteries (CQ_koz) is significantly different from the elite cemeteries, is clearly European and shows the most similar composition to today's Italians, Croats, Poles, Danes, but not far from today's Hungarians. They are genetically much closer to today's Hungarians than to the conquering elite.

29th Conference of Young Scholars
on the Migration Period

Budapest, November 15–16, 2019

