

## ÚJ FILOGENETIKAI MÉRTÉKEK ÉS ALKALMAZÁSUK – ÚJ NÉZŐPONTOK A MAGYAROK KORAI TÖRTÉNETE KAPCSÁN

Németh Endre<sup>1</sup>, Csáky Veronika<sup>2</sup>, Székely Gábor<sup>3</sup>, Bernert Zsolt<sup>4</sup> és Fehér Tibor<sup>5</sup>

<sup>1</sup>AB Consulting Zrt., Budapest; <sup>2</sup>MTA Bölcsészettudományi Kutatóközpont Régészeti Intézet Archeogenetikai Laboratórium, Budapest; <sup>3</sup>Starschema Kft., Budapest;

<sup>4</sup>Magyar Természettudományi Múzeum Embertani Tár, Budapest; <sup>5</sup>Family Tree DNA Hungarian/Magyar Projekt, Budapest

**Németh E., Csáky V., Székely G., Bernert Zs., Fehér T.:** *New phylogenetical measures for characterizing different demographic interactions – A new insight into the early Hungarian history.* The early Hungarian history is short of information and almost lack of relevant historical sources. Thus, linguists and archeologists played the most important role in founding the bases of the early Hungarian history. First of all, the linguists proved that the Hungarian language belongs to Ugric branch of Uralic language family. The other Ugric subgroup, the Ob-Ugrians are living in Western-Siberia, but there is a debate when and where the disjunction of Ugric protolanguage occurred.

The second important observation is that archeological sites of Kusunrenkovo and Karajakupovo cultures (6th–10th centuries AD) in Central and South Ural region point significant parallelism with the sites of ancient Hungarians (9th–10th centuries AD) in the Carpathian Basin. However, the chronology and geographical location of earlier migration stations of early Hungarians from the Ugric age to the Ural region remained rather unclear.

That is why there were high expectations among researchers toward a considerably new science, the DNA based population genetics. Because of the recombination-free inheritance of uni-parental markers, which are unchanged from one male (NRY-DNA) or female (mtDNA) generation to the next, unless mutations occur. Thus, the progress of population genetics resulted in more and more reliable and detailed view on early migration processes.

However, the early studies showed that the recent Hungarian population is a rather typical Central-European population with a surprisingly narrow link to the Ob-Ugric and other Uralic speaking populations both on paternal and maternal line. What was even more unexpected that the ratio of Ugric likely component was relatively low among the ancient Hungarian samples (9th–10th centuries AD), as well.

The questions above point the significance of different demographic interactions like split and series of admixture among different populations in the early Hungarian history. In our understanding the demographic history of a population is a continuous combination of different types of splits and admixtures. In order to be able to identify the different demographic interactions during a life of a population, we worked out a component based general framework, classifying some elementary demographic interactions. In the next step, we tried to find the best measure or measures, what can detect reliably the occurrence of a given elementary demographic interaction. Each of the measuring algorithms was a long-time and widely used data mining method. To test our approach we implemented a free software tool in Python 3.6, and investigated 16710 mtDNA samples of 168 Eurasian populations.

**Keywords:** Population genetics; mtDNA; Data mining; 10th century Hungarians; Origin of Seklers; Uelgi; Baraba steppe bronzage; Konda Mansi; Python software.

## Bevezetés

Populációgenetikai, illetve filogenetikai vizsgálatokhoz több genetikai marker használatos, amelyeket két nagy csoportba sorolhatunk: a sejtmagban található nukleáris DNS (nuDNS), valamint a sejtmagon kívüli extranukleáris mitokondriális DNS (mtDNS). Az mtDNS a teljes genom 0,5–1%-át teszi ki, a sejtekben az energiatermelő feladatokat ellátó mitokondriumokban van jelen néhány 100–1000 kópiaszámban. Jellegzetessége, hogy az utódnemzedékbe rekombináció nélkül öröklődik egyik generációról a másikra kizárólag anyai ágon, ezáltal az anyai ági genetikai kapcsolatok igazolására szolgálhat. Az mtDNS-en található polimorfizmusok (pontmutációk) nagy része az ún. D-loop szakaszon található, amely nem kódol semmilyen biológiai információt, ezért az itt keletkezett mutációk nem letálisak az egyedre nézve, nem jelentenek szelekciós előnyt vagy hátrányt, így a populációban könnyen fixálódnak. A konkrét mutációk haplotípusokat határoznak meg, ezek haplocsoportokba tömörülnek, amelyek keletkezése egyes földrészekhez köthető (Torrioni és mtsai 2006). A legtöbb mutációval az afrikai haplotípusok rendelkeznek, amelyekből le lehet vezetni az összes többi ma elterjedt haplotípust, haplocsoportot (van Oven és Kayser 2009).

A korai magyarok története rendkívüli mértékben forráshiányos, és így bővelkedik a magyarok eredetére és vándorlására vonatkozó nyitott kérdésekben. Az előbbieket miatti a kutatók abban reménykedtek, hogy a DNS alapú populációgenetika áttörést hozhat ezeknek a nyitott kérdéseknek a megválaszolásában. Az első eredmények azonban azt jelezték, hogy a mai magyar populáció nem különbözik lényegesen más közép-európai populációktól filogenetikai szempontból. A populációgenetika válaszok helyett tehát először újabb kérdésekre irányította a figyelmünket.

Különösen a speciálisan az uráli nyelveket beszélő és a kelet-eurázsiai népeiségekre jellemző haplocsoportoknak a mai magyarokban egyaránt igen alacsony jelenléte (Bogácsi-Szabó és mtsai 2008) tűnt elsősre nehezen feloldható – látszólagos – ellentmondásnak. Egyedül a csíkszeredai székelyek anyai vonalaiban találtak viszonylag magas arányban (7,8%) kelet-eurázsiai elemeket (Brandstätter és mtsai 2007). Ezek az értékek a régióban ugyan kiugróan magasnak számítanak, de ez sem változtat azon a tényen, hogy a székelyek átfogó genetikai térképe így is – más magyar nyelvű népeiségekhez hasonlóan – alapvetően közép-európai jellegzetességeket mutat (Brandstätter és mtsai 2007). Az első honfoglalás kori archeogenetikai kutatás rávilágított, hogy a honfoglalók genetikai szempontból meglehetősen távol álltak a mai magyaroktól. Például, a kelet-eurázsiai anyai vonalak aránya (11,8%) nemcsak relatíve magas, de sokszorosa is (a csíkszeredai minták kivételével) a mai magyarokra jellemző hasonló értékeknek (Bogácsi-Szabó és mtsai 2008).

Nyilvánvaló, hogy a honfoglalás óta a magyar nyelvű népesség jelentős demográfiai átalakuláson ment keresztül, a Közép-Európában zajló demográfiai folyamatokkal összefüggésben.

Az előbbieket figyelembe véve a korai magyarok vándorlásával foglalkozó filogenetikai kutatások előtt két lehetőség maradt. Egyrészt az archeogenetikai kutatások folytatása és elmélyítése. Másrészt a mai magyarokban olyan uniparentális markerek keresése, amelyek speciális kapcsolatot jelentenek olyan népekkel, amelyek elődeivel a magyarok elődei demográfiai kölcsönhatásban lehettek vándorlásuk során, vagy nyelvi értelemben közös ősük lehetett.

Az archeogenetikai kutatások azt jelezték, hogy a honfoglalók egésze és kisebb közösségei is genetikailag változatosak voltak. Az, hogy az egyes temetőekben a „vizsgált egyének nem állnak genetikailag rokonságban egymással, arra enged következtetni, hogy a közösség vagy nem vérségi (családi) rendszerben szerveződött, vagy a temető használati ideje nem tette lehetővé, hogy a családi kapcsolatrendszer a temetkezésekben is leképeződjön” (Bogácsi-Szabó és mtsai 2008).

Ennél is nagyobb meglepetést okozott, amikor három szomszédos karosi temető vizsgálatából az derült ki, hogy a három temető alapvetően – a kelet-ázsiai haplocsoportok tekintetében legalábbis – három különböző eredetű népességet, és így vélhetően három különböző etnikumot takar. „Meglepő módon a három szomszédos karosi temetőben a vezérek kivételével nem találtunk átfedő haplocsoportokat, vagyis a három temető népessége egymástól markánsan elkülönül. Az egyes karosi temetőkön belül vannak rokonok, de temetők között csak a vezérek lehettek testvérek.” (Nerapáczy 2017; valójában szórványos haplocsoport átfedések vannak a temetők között, de ez a lényegesen nem változtat).

Modellünk segítségével megmutatjuk, hogy a három karosi temető közül egyedül a legnépesebb, a Karos II temető esetén merül fel, hogy ugor elemeket tartalmazott. Ebbe a tendenciába illik az Urál vidéki, feltételezhetően magyarokhoz köthető (ún. „magyargyanús”) temetők vizsgálata is, ugyanis a 20 Uráltól nyugatra és a 14 Uráltól keletre fekvő temetőből származó minták vizsgálata azt mutatta, hogy a két csoport jelentősen eltér egymástól. Maradva az első honfoglaló archeogenetikai tanulmány kérdésfelvetésénél: az Urál keleti feléről származó minták között szignifikánsan nagyobb (35,0%) a kelet-eurázsiai eredetű haplocsoportok aránya (Csáky és mtsai 2017), mint akár a kárpát-medencei honfoglaló (11,8%) vagy az Urál nyugati oldaláról származó minták esetében (21,0%).

Kutatócsoportunk a nyelvileg rokon mai népekben is megpróbált speciális genetikai kapcsolatokat feltárni. A kutatás keretében a magyarok legközelebbi nyelvrokoni közül a kondai és az északi manysik Y-DNS vizsgálata is elgondolkodtató eredményt hozott. Nevezetesen az N-Tat haplocsoport egy alcsoportja az N3a-L1034, nemcsak összeköti a mai magyarokat a manysikkal, hanem potenciálisan el is választja őket más népektől. Pontosabban: főként ott fordul elő ez a rendkívül ritka uniparentális marker, ahol ugor nyelvű népségek történelmi jelenléte valószínűsíthető. Így a Kárpát-medencében, az obi-ugorok lakta területeken és a Volga-Urál vidéken, Baskíriában és Tatárföldön.

Említésre méltó, hogy a székelyekben más magyar csoportoknál (Fehér és mtsai 2015) és a kondai manysikban az északi manysiknál jóval nagyobb az N3a-L1034 aránya (Németh és mtsai 2016a, b). Érdekes kontraszt továbbá, hogy a legnagyobb uráli nyelvű népességben, a magyarban nemcsak az N3a-L1034 haplocsoport aránya, hanem a diverzitása is jóval kisebb, mint az egyik legkisebb uráli nyelvű népben, a manysiban (Fehér és mtsai 2015). Azaz tisztán a genetikai adatok alapján az valószínűsíthető, hogy a magyar nyelv terjedése döntően domináns elitek által történhetett. A nyelvek terjedése nem feltétlenül domináns elitekhez köthető, de nem is példa nélküli hogy nyelvek terjedésében domináns elitek játszották a meghatározó szerepet. A török nyelvek terjedése is nagy valószínűséggel ilyen domináns elitekhez köthető, mert több török nyelvű nép haplocsoport-eloszlása igen jelentős mértékben eltér egymástól (Yunusbayev és mtsai 2015). Ha feltevésünk igaz, akkor új típusú kérdéseket is fel kell tenni a magyar nyelv terjedése kapcsán. Például, milyen népeket, milyen történelmi környezetben integráltak a korai magyar nyelvű csoportok?

Azon embertani kutatások, amelyek a koponya morfológiai és metrikus vizsgálata alapján (fenotípus) következtettek a magyarok genetikájára, szintén a magyarság összetett eredetére mutattak rá. Miképp arra is, hogy az évszázadok során a magyarság a Kárpát-medencében jelentős változáson ment keresztül, ami döntően a környező népekkel való keveredés következménye volt.

Bartucz Lajos 150 honfoglalás kori koponya elemzése alapján a következő típusmegoszlást közölte: 40% kelet-balti, 40% kaukázusi-mongoloid, 20% alpi, mediterrán, nordikus. Megemlíti, hogy a honfoglalók között gyakori a mongoloid elem (a mongol típus ritkaság). Bartucz úgy vélte, hogy egy török etnikumú (kaukázusi-mongoloid) nép telepedett rá a kelet-balti embertani típusú (ugor etnikumú) népre, majd vele lassan összeolvadt. Szerinte a nordikus és főképpen a dinári elemek aránya csak az Árpád-kor után nőtt meg (Bartucz 1928).

Lipták Pál a honfoglaló magyar embertani hagyatéknak az Urál vidék, az Urál és Altáj közötti sztyeppe és az attól délre fekvő közép-ázsiai területtel való összehasonlítás fontosságát hangsúlyozta. A honfoglaló magyarság összetett etnogenezisének bizonyítéka szerinte az uráli típus, a turanid és a pamíri típus magas aránya; ezek az ugor, a török és az utóbbi iráni vagy iranizált török népesség hagyatéka (Lipták 1959, 1983). Későbbi munkájában a honfoglaló magyarság egyes társadalmi rétegeinek eltérő embertani képéről írt: „a vezetőréteg turanid, urali, pamíri és egyéb brachykran típusokból áll, a középréteg zömmel mediterrán és nordikus, míg a köznép mediterrán, nordikus és cromagnoid típusú” (Lipták 1970).

Tóth Tibor (1965) a következő megállapításokat fogalmazta meg a honfoglaló magyarság és több kelet-európai temető csontanyagának vizsgálat alapján: A honfoglaló magyarság embertani összetételében nem olyan morfológiai sajátosságok konstatálhatók, mint az Urál vidéki finnugorok más csoportjainál. A honfoglaló magyarság embertani összetételében az europid nagyrasz elemi túlnyomó többséget képeztek. Az Azov-melléki nyugat-kazahsztáni szarmata kori leletek tükrözik a legnagyobb hasonlóságot az ősmagyarokéval. A honfoglalóknak a mazuzinói és biszki csoporttól való nagy embertani különbözőségekből következően, az ugor hipotézist elfogadva, az elvándorlás ideje nem lehet a 8. század. Az ugor hipotézist és az elvándorlás idejét is elfogadva viszont az őshaza nem lehet az Urál mellékén, hanem a Kaszpi-tengertől északra, Nyugat-Kazahsztánban volt.

Éry Kinga (Éry 1978) 62 lelőhelyről származó 149 férfi és 124 nő koponyaméretei alapján a honfoglaló magyarság regionális különbségeire mutatott rá. Négy régiót különített el, amelyekben eltérő arányban fordultak elő a különböző embertani típusok. Összességében az europo-mongolidok arányát 30%-nak, ezen belül a turanid típust 70%-nak találta. Véleménye szerint a honfoglaló magyarság eltérő embertani csoportjai kezdetben zárt tömbökben települtek az országba.

Thoma Andor a honfoglaló magyarság embertani típus spektrumát a következő képpen adta meg (Thoma 1987): turanid 40%, urali 15%, pamíri 15%, mediterrán 15%, taurid 5%, cromagnoid 5%. Ez a típus megoszlás megegyezik az első évezred Dél-Orosz sztyeppéin élő nyugati török népek típus-spektrumával. A finnugor népek között csak az urali és a cromagnoid típus fordul elő. Az urali típus dél felé Turkesztánig előfordult és gyakori volt, a cromagnoid elterjedése is jóval túlmutat a finn-ugor népek élőhelyén. Szerinte embertanilag a honfoglalóknak legfeljebb 20%-a hozható kapcsolatba ugor etnikummal, 80%-a törökös típusú (Marjalaki 1987).

Mivel a honfoglaló koponyák metrikus és morfológiai elemzésével a magyarság keleti kapcsolatait Nyugat-Kazakisztánnál keletebbre nem látjuk, fontos mindazon kulturális szokások tanulmányozása is, amelyek a magyarságra specifikusan jellemzőek. A jelképes trepanáció egyértelműen ilyen szokás, a honfoglaló csontmaradványok 13%-nál figyelhető meg (Bernert és mtsai 2006, Bereczki és mtsai 2015). A Volga bal partján a Káma torkolattól délre 40 km-re Tankejevka lelőhely 9–11. századi koponyái hasonló arányban hordoznak jelképes trepanációt. A temető tárgyi anyaga szerint bolgár-török vagy ugor lehetett (Éry 1987/88). A honfoglaló magyarokkal biztosan kapcsolatba került népeknél is előfordul a trepanáció kisebb mértékben; előfordul például a késő avaroknál. Különösen értékes lelet a Tata Tóváros Homokbánya területéről másodlagos helyzetből előkerült égetett agyag síp, mérete kb 10 cm, a készítési technika szerint 8–12. századi eredetű. A táltos síp mongoloid arcú emberfej ábrázolása egyértelmű jelképes trepanációt hordoz a bregmapont mellett. A lelet egyetlen párhuzama Ulanbator mellől egy 7–8. századi türk fejedelmi sírból került elő (Kralovánszky 1966). A lelet azért fontos, mert rámutat a magyarság legkeletibb párhuzamaira. Továbbá arra, hogy a jelképes trepanáció a magyarság türk ágához köthető. Végül érthetővé válik, hogy miért a gazdagabb, turanid koponyákkal jól reprezentált honfoglaló temetőkből találunk nagyobb arányban jelképes trepanációt.

Tehát a rendelkezésre álló adatok alapján jogos felvetésnek tűnik, hogy a korai magyarok történetét intenzív demográfiai kölcsönhatások jellemezhették, amely kölcsönhatások megragadására új matematikai módszerek szükségesek. Dolgozatunkban két elemi demográfiai kölcsönhatás: a szétválás, valamint keveredés vagy egyesülés lehetséges matematikai és filogenetikai nyomait keressük. Egy adott népesség belső szaporulatból való növekedése is fontos demográfiai hatás, amely szintén vizsgálható a populációgenetika eszköztárával, de ezt az esetet nem vizsgáljuk a jelen tanulmányban.

### **Anyag és módszer**

Ha egy népesség különböző népségeket folyamatos vagy viszonylag friss keveredéséből áll össze, akkor a haplocsoport-eloszláson alapuló genetikai távolságok gyakorlati, történeti értelmezhetősége korlátozott. Ezért egyrészt a rendelkezésre álló legmélyebb mérési adatokat, jelen esetben a haplotípusokat érdemes felhasználnunk a genetikai kapcsolatok megragadására. Másrészt, a haplocsoportok természetes módon kínálják azt a lehetőséget, hogy modellezzük a különböző egyesüléssel, keveredéssel és szétválással járó demográfiai folyamatokat. Nevezetesen olyan modellek kidolgozására vállalkozunk, amelyek a vizsgált populációra vonatkozó teljes minták mellett az adott populációt reprezentáló minták haplocsoportra szűkített haplotípus halmazainak vizsgálatára adnak lehetőséget.

#### *Vizsgálati módszerek*

Az alábbi klaszterező, vizualizációs és genetikai távolság-becslő módszereket alkalmaztuk a tudományos körökben statisztikai célokra egyik leggyakrabban használt fejlesztő eszköz, a Python programozási nyelv ([www.python.org](http://www.python.org)) segítségével:

- Jaccard távolság haplotípusok halmazán,
- főkomponens-elemzés haplotípus-gyakoriság alapján,
- átlagos minimális távolság haplotípusok csoportjai között,
- haplocsoport-eloszlás két populáció közös haplotípusai alapján.

*A Jaccard távolság.* A Jaccard távolság a legegyszerűbb és leghatékonyabb eszköz két halmaz hasonlóságának a számszerűsítésére (Tan és mtsai 2006). A Jaccard távolság alkalmazása nem ismeretlen a genetikában, de humán genetikai felhasználása meglehetősen újszerű (Propenko és mtsai 2016). Definíció szerint a Jaccard hasonlóság két halmaz metszetének és együttes elemszámának a hányadosa, a Jaccard távolság pedig 1 mínusz a Jaccard hasonlóság. A Jaccard távolság értéke tehát 0 és 1 között mozog. Két halmaz Jaccard távolsága 0, ha a két halmaz azonos, és 1, ha a két halmaznak egyetlen közös eleme sincs.

Azt tapasztaltuk, hogy a Jaccard távolság a rendkívüli egyszerűsége ellenére is számos esetben értelmezhető genetikai összefüggésekre mutatott rá. Annak ellenére van ez így, hogy a populációk között, a haplotípusok halmazán értelmezett Jaccard távolság csak bizonyos korlátozásokkal képes megfogni a sokszínű genetikai valóságot. Egyrészt a Jaccard távolság halmazokon értelmezett távolságfogalom, és egy halmaznak nem lehet több azonos eleme. Azaz a haplotípus-gyakoriságokat a Jaccard távolság nem veszi figyelembe. Nem veszi figyelembe azt sem, hogy egyes haplotípusok hány mutációra, azaz milyen távolságra vannak egymástól. Mindenesetre, ha két populáció egy adott haplocsoportjához tartozó haplotípusok halmaza között a Jaccard távolság nulla, az jóval többet jelent, minthogy haplotípus-egyezések vannak a vizsgált populációk között. Azt jelenti, hogy a két mintában egy adott haplocsoportban pontosan ugyanazok a haplotípusok vannak. Illetve a Jaccard távolság mértékéből az is látszik, hogy két haplotípus halmaz mennyire hasonlít egymáshoz. Tehát a haplotípusok halmazán értelmezett Jaccard távolság a haplotípus egyezések olyan általánosításának tekinthető, amely lehetővé teszi, hogy populációk közötti a haplotípus-egyezéseket számszerűsíteni tudjuk. Ha a metrikus többdimenziós skálázás (multidimensional scaling, MDS) alapja a Jaccard távolság, akkor a gyakorlatban akkor találkozhatunk leginkább „beszédes” vizualizációval, amikor ilyen haplotípus egyezéseket keresünk populációk között.

*A haplotípusok gyakorisága alapján történő főkomponens-elemzés.* A haplotípusok gyakorisága alapján történő főkomponens-elemzés (principal component analysis, PCA) már értelemszerűen figyelembe veszi a haplotípusok többszöri előfordulását, de az egyes haplotípusok közötti távolságot ez a módszer is figyelmen kívül hagyja. Azt tapasztaltuk a gyakorlatban, hogy a haplotípus-gyakoriságon alapuló főkomponens-elemzés által nyújtott vizualizáció általában akkor eredményez jól áttekinthető ábrát, amikor kevesebb populációt vizsgálunk. Mi azonban nem szerettünk volna semmilyen koncepció mentén szűkíteni az elemzésbe bevont populációk számát, így viszonylag kevés esetben kaptunk jól értelmezhető vizualizációt ezzel a módszerrel.

*Az átlagos minimális távolság.* Az átlagos minimális távolság az adatbányászatban használt egyik bevett távolságfogalom. Jelölje  $D_{avg\_min}(X,Y)$  az objektumok X és Y csoportja közötti átlagos minimális távolságot. A  $D_{avg\_min}(X,Y)$  úgy számolható ki, hogy X halmaz összes eleméhez megkeressük az Y halmaz legközelebbi elemét, az így nyert távolságokat összeadjuk, majd átlagoljuk az X elemszámával. Esetünkben X és Y elemei haplotípusok, és a két haplotípus közötti különbséget a Hamming-távolság alapján számoljuk ki. A Hamming-távolság két haplotípus között azon mutációk legkisebb számával egyenlő, amely mutáció-sorozattal az egyik haplotípusból a másikba el tudunk jutni.

Ez a távolság-fogalom azonban csak nevében távolság, mert nem szimmetrikus a két objektum közötti távolság, ami egyik előfeltétele annak, hogy matematikai értelemben távolságnak tekintsük az átlagos minimális távolságot, mint függvényt. Azaz ha az X és Y objektumok között  $D_{avg\_min}$  jelöli az átlagos minimális távolságot, akkor a

$D_{\text{avg\_min}}(X,Y) = D_{\text{avg\_min}}(Y,X)$  nem feltétlenül teljesül. A minimális távolság-fogalom esetünkben is gyakran jelentősen eltér egymástól, és mint később látni fogjuk, ennek konkrét demográfiai jelentése lehet. Mindenesetre ez azt is jelenti, hogy X és Y objektumok viszonyát az átlagos minimális távolság alapján egy számpár: a  $D_{\text{avg\_min}}(X,Y)$  és a  $D_{\text{avg\_min}}(Y,X)$  jellemzi együttesen. Ez az észrevétel teljes mértékben összhangban áll azzal a ténnyel, hogy populációk közötti genetikai kapcsolat aszimmetrikus is lehet. Tipikus példa erre, amikor egy kis létszámú népesség elhagyja azt a területet, ahol ősei hosszú időn keresztül éltek. Ilyenkor csak a leggyakoribb haplotípusok jelennek meg nagyobb valószínűséggel az ősi géncentrumából kiszakadt népességben. Attól függően, hogy mennyire kis létszámú népesség hagyja el az adott területet, szűkül le a haplotípusok halmaza a területet jellemző haplotípusok halmazához képest. Ha jóval kisebb népesség válik ki, akkor „kihalásról”, ha az elvált népességek létszáma egymással összehasonlítható, akkor „elválásról” beszélünk. Természetesen fokozatos az átmenet „elválás” és „kihalás” között, de az átlagos minimális távolság képes számszerűsíteni a szétválás különböző folyamatait és fokozatait.

Ha például  $D_{\text{avg\_min}}(X,Y) = 0$ , akkor az azt jelenti, hogy X haplotípusok részei Y haplotípusok halmazának. Amennyiben  $D_{\text{avg\_min}}(Y,X)$  és  $D_{\text{avg\_min}}(X,Y)$  is egyaránt nulla, akkor a két halmaz azonos. Ha  $D_{\text{avg\_min}}(X,Y)$  nulla vagy közel nulla és  $D_{\text{avg\_min}}(Y,X)$  értéke viszonylag nagy, akkor valószínű, hogy Y diverzebb, mint X, és X-et teljesen vagy nagymértékben tartalmazza.

Ilyen esetekben felmerül a gyanú, hogy az X haplotípusok halmaza kiszakadt az Y népességből. Különösen megerősödik e gyanú, ha egymást megerősítő eredményeket azonosítunk ebben az összefüggérendszerben. Például, mint később látni fogjuk, a székely C haplotípusok halmaza a 168 eurázsiai populációból 3 tuvai népességhez került a legközelebb az átlagos minimális távolság alapján. Ez egyrészt az valószínűsíti, hogy egyetlen földrajzi központból származnak a székely C haplotípusok, és nem több különböző földrajzi területről érkező különböző demográfiai impulzusok eredője. Másrészt esetünkben konkrétan azt is jelenti, hogy Tuvát benépesítő népességek között kereshetjük a székely C haplotípusok eredetét.

Amikor azonban földrajzilag nem ilyen szorosan behatárolható területeket találunk egy csoport lehetséges eredetére vagy kapcsolataira, hanem egymástól távol eső területeket, akkor joggal merül föl a gyanú, hogy különböző földrajzi területekről lépett be ugyanaz a haplocsoport egy adott népességbe. A haplocsoportokat meghatározó markerek a legtöbb esetben több tízezer évesek. Azaz tökéletesen életszerű, hogy egy haplocsoport egyes alcsoportjai különböző földrajzi területeken alakultak ki vagy szaporodtak el, és így különböző földrajzi területről érkező népességekkel azonos haplocsoportok léptek be egy népesség génállományába.

Az átlagos minimális távolság számpár jól jellemzi két populáció genetikai kapcsolatát, mert egyaránt figyelembe veszi a haplotípusok gyakoriságát, a haplotípusok egymástól való távolságát és képes megjeleníteni az aszimmetrikus demográfiai kapcsolatokat is. Ez utóbbi ok – az átlagos minimális távolság aszimmetrikus volta – miatt a népességek közötti genetikai kapcsolat átlagos minimális távolság alapján való vizualizációja korlátokba ütközik. Ezért a jelen tanulmányban csak táblázatos formában tudjuk megadni a populációk közötti átlagos minimális távolságokat.

*Haplocsoport-eloszlás két populáció közös haplotípusai alapján.* Két populáció genetikai kapcsolatát nemcsak távolságfogalmakkal, számokkal lehet vizualizálni. Egy nagyon hasznos vizualizációs eszköz, ha a két népesség egyező haplotípusai alapján

megrajzoljuk a „metszet” haplocsoport-eloszlását. Ez azért is beszédes eszköz, mert az egydimenziós távolságfogalomnál sokkal fontosabb a kapcsolat szerkezete. Természetesen két népességben meglévő azonos haplotípusok jelenléte nem feltétlenül egy közös ősrre vagy azonos demográfiai impulzusra utalnak. Haplotípus-egyezeit eredményezhet két egymástól független demográfiai behatás is. Például azt valószínűsítjük, hogy az F haplocsoport egymástól független okok miatt van jelen a honfoglalók és a kondai manysik génállományában. A honfoglalókban valószínűleg avar, a kondai manysikban pedig türk népekkel való keveredés nyomait jelezheti.

#### *Vizsgálati adatok*

A lehető legszélesebb mintaszám kedvéért 168 populáció 16710 haplotípusát dolgoztuk föl. A vizsgálatba bevont populációk leírása az 1. táblázatban található. Ha egy népességből több minta is rendelkezésre állt, akkor az összes mintát megőriztük és nem vontuk össze. Ha ugyanis egy népességből több különböző minta is hasonló összefüggésrendszert eredményezett, akkor jó okunk volt azt feltételezni, hogy az összefüggés nem az adott mintavételi folyamatnak tudható be, hanem valóban az adott népesség filogenetikai sajátosságaira vonatkozik. Összevontuk azonban a gyimesi csángó és székely népességet, mert a gyimesi csángók székely eredetű csángók, és szeretnénk volna egy minél nagyobb recens magyar nyelvű genetikai kontrollcsoportot a honfoglaló magyarsággal szemben.

Ahhoz, hogy az adatok összehasonlíthatók legyenek, a DNS-t a 16090–16362 szakaszon vizsgáltuk, mert ez az az intervallum, amelyen minden tanulmány érvényes vizsgálatot végzett. Ez sajnos meglehetősen kevés a teljes szekvenálás korában, de amíg nagy számban nem állnak rendelkezésre adatok a modernebb mérési technikákkal, addig nagyszámú populációt csak ilyen megszorításokkal tudunk vizsgálni.

#### **Vizsgálati eredmények és értékelésük**

168 eurázsiai populáció közül a recens magyarsághoz a Jaccard távolság alapján legközelebb sorrendben a szlovák, az ukrán és a lengyel népesség áll, negyedik helyen a székely magyarok, ötödik helyen pedig a németek jelennek meg (1. melléklet – Elektronikus Függelék). A székely-csángó népesség szemszögéből vizsgálva anyai ágon hozzájuk a legközelebb a magyarországi magyarok állnak, őket követik az ukránok, a szlovákok, a németek és a volgai tatárok. Ezzel szemben a honfoglaló csontleletek Jaccard távolságok alapján összességében a legközelebbi kapcsolatot sorrendben a baskírokkal, a kondai manysikkal, a marikkal, a türkménekkal és a komikkal mutatják.

Mivel a baskírok és a kondai manysik honfoglalókhöz való relatív közelsége történetileg is értelmezhető, ezért kíváncsiak voltunk a távolság szerkezetére is. Különösen azért fontos ez a kérdés, mert a kapcsolatok szerkezete sokszor jóval fontosabb, mint az egydimenziós genetikai távolság. Azaz elkészítettük a honfoglaló és baskír, valamint a honfoglaló és manysi minták közös haplotípusaihoz tartozó haplocsoport-eloszlást is (1. ábra). Illetve, hogy egy másik magyar nyelvű népesség adatsoraival is össze tudjuk hasonlítani az eredményeket, elkészítettünk székely-csángó és baskír, valamint a székely-csángó és manysi minták közös haplotípusaihoz tartozó haplocsoport-eloszlást is. Meglepetésünkre, annak ellenére, hogy a székely-csángó és a honfoglaló minták genetikai mintázata meglehetősen távol áll egymástól, a két ábra meglepő párhuzamokat mutat.



1. táblázat. A vizsgálatba bevont populációk kódja és mintanagysága.  
Table 1. The code and sample size of the analyzed populations.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
Adygei_0056	Adíge – Adygei	50	Macaulay és mtsai 1999
Aleuts_0743	Aleut – Aleuts	30	Derbeneva és mtsai 2002
Aleuts_0744	Aleut – Aleuts	35	Rubisz 2007
Aleuts_0745	Aleut – Aleuts	36	Volodko és mtsai 2008
Aleuts_0746	Aleut – Aleuts	108	Rubicz 2007, Rubicz és mtsai 2003
Altaians,Altaians-Kizhi_0811	Altáji, Altáji-Kizhi – Altaians, Altaians-Kizhi	90	Derenko és mtsai 2007
Altaians,Telenghits_0812	Altáji, Telengit – Altaians, Telenghits	71	Derenko és mtsai 2007
Altaians,Teleuts_0813	Altáji, Teleut – Altaians, Teleuts	51	Derenko és mtsai 2007
Altaians,Tubalar_0814	Altáji, Tubalar – Altaians, Tubalar	71	Starikovskaya és mtsai 2005
Altaians_0810	Altáji – Altaians	107	Derenko és mtsai 2003
Altaians_0841	Altáji – Altaians	16	Shields és mtsai 1993
Ancient_Hungarian	Ósi magyar – Ancient Hungarian	76	Csosz és mtsai 2014
Austrians_0057	Osztrák – Austrians	259	Brandstätter és mtsai 2007
Avar	Avar	26	Csosz és mtsai 2016
BagaTurgenGol_1649	BagaTurgenGol	13	González-Ruiz és mtsai 2012
Balkarians_0827	Balkár – Balkarians	19	Quintana-Murci és mtsai 2004
Baraba Bronz	Baraba Bronz	64	Molodin és mtsai (2012)
Baskhir	Baskír – Baskhir	205	Bermisheva és mtsai (2002)
Bronz_Karel	Bronz	18	Sarkassian és mtsai (2013)
Buryats_0737	Burját – Buryats	38	Derenko és mtsai 2003
Buryats_0738	Burját – Buryats	85	Derenko és mtsai 2003
Buryats_0739	Burját – Buryats	290	Derenko és mtsai 2007
Buryats_0740	Burját – Buryats	123	Pakendorf és mtsai 2003
Buryats_0741	Burját – Buryats	25	Starikovskaya és mtsai 2005
Buryats_0840	Burját – Buryats	122	Shimada és mtsai 2002
Buryats_1046	Burját – Buryats	61	Tajima és mtsai 2004
Chechens/Karbardians_0278	Csecsen/Karbardia – Chechens/Karbardians	52	Richards és mtsai 2000
Chechens_0828	Csecsen – Chechens	18	Quintana-Murci és mtsai 2004
Chukchi_0729	Csukcs – Chukchi	182	Volodko és mtsai 2008
Chukchi_0730	Csukcs – Chukchi	15	Derenko és mtsai 2007
Chuvash	Csuvas – Chuvash	54	Bermisheva és mtsai (2002)
Croatians_0342	Horvát – Croatians	108	Tolk és mtsai 2001
Croatians_0864	Horvát – Croatians	119	Jeran és mtsai 2009
CZECH_1606	Cseh – Czech	85	Mielnik-Sikorska és mtsai 2013
Druze_1036	Druze	24	Shlush és mtsai 2008
Druze_1037	Druze	29	Shlush és mtsai 2008
Eskimos_0750	Eszkimó – Eskimos	50	Volodko és mtsai 2008
Eskimos_0751	Eszkimó – Eskimos	39	Volodko és mtsai 2008
Eskimos_0752	Eszkimó – Eskimos	7	Derbeneva és mtsai 2002
Eskimos_0753	Eszkimó – Eskimos	37	Volodko és mtsai 2008
Estonians_0244	Észt – Estonians	117	Lappalainen és mtsai 2008
Estonians_0295	Észt – Estonians	97	Richards és mtsai 2000
Even_0801	Even	49	Rubicz 2007, Rubicz és mtsai 2010
Ewenki_0691	Ewenki	47	Kong és mtsai 2003
Finns_0239	Finn – Finns	100	Meinila és mtsai 2001
Finns_0241	Finn – Finns	100	Meinila és mtsai 2001
Finns_0469	Finn – Finns	189	Finnila és mtsai 2001

1. táblázat folyt. – Table 1 cont'd.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
French_0258	Francia – French	120	Richard és mtsai 2007
Georgians_0337	Grúz – Georgians	124	Reidla 2017
Georgians_0863	Grúz – Georgians	48	Alfonso-Sanchez és mtsai 2006
Germans_0071	Német – Germans	200	Lutz és mtsai 1998
Germans_0072	Német – Germans	49	Richards és mtsai 1996
Germans_0401	Német – Germans	95	Brandstatter és mtsai 2006
Greeks_0281	Görög – Greeks	65	Richards és mtsai 2000
Han_0680	Han	42	Yao és mtsai 2002a
Han_0681	Han	49	Yao és mtsai 2002a
Han_0683	Han	47	Yao és mtsai 2002a
Han_0685	Han	30	Yao és mtsai 2002a
Han_0686	Han	42	Yao és mtsai 2002a
Han_0911	Han	75	Yao és mtsai 2003
Han_1041	Han	60	Tajima és mtsai 2004
Hsiung-nu_1639	Hszüung-nu – Hsiung-nu	46	Keyser-Tracqui és mtsai 2003
Hui_0912	Hui	45	Yao és mtsai 2004
Hungarians	Hungarians	301	Tömöry és mtsai 2007
Iranians_0219	Iráni – Iranians	224	Metspalu és mtsai 2004
Iranians_0638	Iráni – Iranians	37	Quintana-Murci és mtsai 2004
Iraqi_0235	Iraki – Iraqi	167	Al-Zahery és mtsai 2003, 2011
Iraqi_0270	Iraki – Iraqi	116	Richards és mtsai 2000
Italians_0322	Olasz – Italians	83	Tagliabracci és mtsai 2001
Itelmen_0800	Itelmen	46	Schurr és mtsai 1999
Jordanians_0531	Jordán – Jordanians	101	Gonzales és mtsai 2008
Kalmyks_0799	Kalmük – Kalmyks	106	Derenko és mtsai 2007
Kara-Nogay	Kara-Nogaj – Kara-Nogay	115	Estonian Biocentre
Karelians,Aunus_0249	Karelián, Aunu – Karelians, Aunus	218	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Ingirans_0250	Karelián, Ingirán – Karelians, Ingirans	38	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Tver_0253	Karelián, Tver – Karelians, Tver	61	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Vepsians_0251	Karelián, Vepszián – Karelians, Vepsians	64	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Viena_0252	Karelián, Viena – Karelians, Viena	87	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians_0248	Karelián – Karelians	44	Lappalainen és mtsai 2008
Karos	Karos	17	Neparáczky 2017
Kazakhs_0830	Kazah – Kazakhs	246	Irwin és mtsai 2010
Kazakhs_0916	Kazah – Kazakhs	53	Gokcumen és mtsai 2008
Kazakhs_0917	Kazah – Kazakhs	46	Gokcumen és mtsai 2008
Kazakhs_0918	Kazah – Kazakhs	126	Gokcumen és mtsai 2008
Kazsak_0694	Kazsak	53	Yao és mtsai 2000, 2004
Kets_0792	Ket – Kets	38	Derbeneva és mtsai 2000
Khakassians_0808	Hakasz – Khakassians	53	Derenko és mtsai 2003
Khakassians_0809	Hakasz – Khakassians	57	Derenko és mtsai 2007
Khants_1050	Hanti – Khants	106	Pimenoff és mtsai 2008
Khants_1061	Hanti – Khants	10	Voevoda és mtsai 2017
Komi	Komi	133	Bermisheva és mtsai 2002
Korean_0692	Kórei – Korean	48	Kong és mtsai 2003
Koryaks_0734	Korják – Koryaks	56	Schurr és mtsai 1999
Koryaks_0736	Korják – Koryaks	54	Schurr és mtsai 1999
Kurds_0712	Kurd – Kurds	31	Quintana-Murci és mtsai 2004
Kyrgyzs_0717	Kirgiz – Kyrgyzs	48	Comas és mtsai 1998
Kyrgyzs_0718	Kirgiz – Kyrgyzs	45	Comas és mtsai 1998
Kyrgyzs_0831	Kirgiz – Kyrgyzs	238	Irwin és mtsai 2010

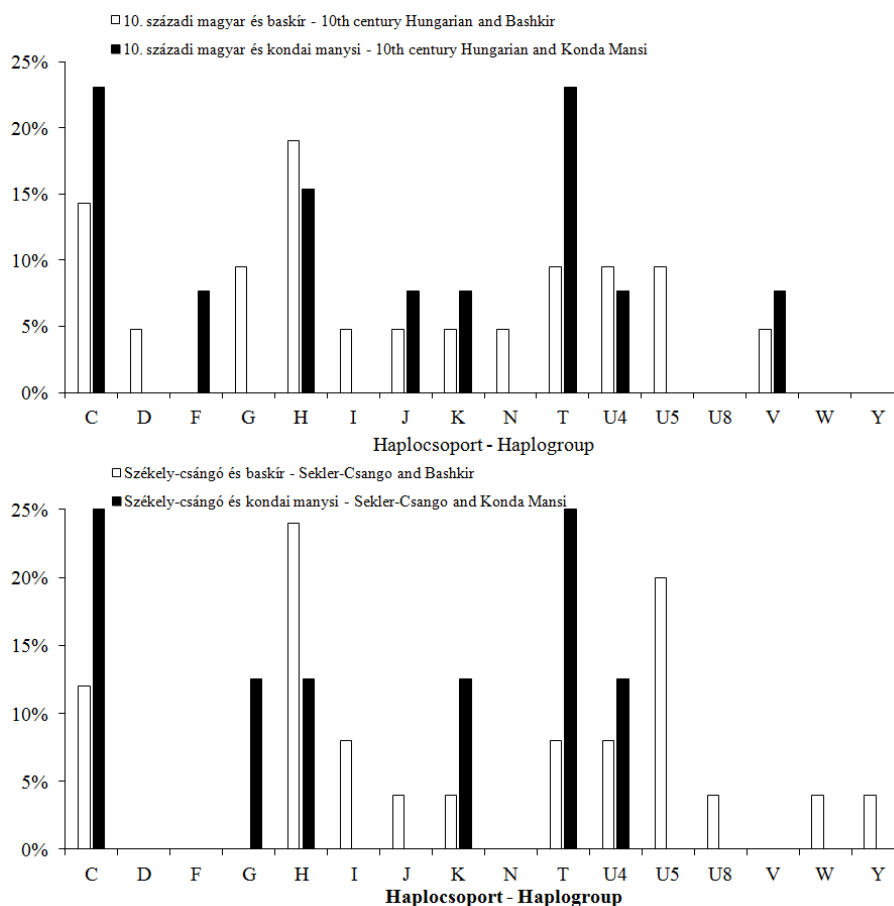
1. táblázat folyt. – Table 1 cont'd.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
Lebanese_1204	Libanoni – Lebanese	787	Haber és mtsai 2011
Mansi_0791	Manysi – Mansi	98	Derbeneva és mtsai 2002
Mansi_1051	Manysi – Mansi	63	Pimenoff és mtsai 2008
Mari	Mari	135	Bermisheva és mtsai 2002
Mongolian,Daur_0690	Mongol, Daur – Mongolian, Daur	43	Kong és mtsai 2003
Mongolian_0688	Mongol – Mongolian	15	Yao és mtsai 2002b
Mongolian_0689	Mongol – Mongolian	48	Kong és mtsai 2003
Mongolian_0914	Mongol – Mongolian	48	Yao és mtsai 2004
Mongolians_0643	Mongol – Mongolians	45	Derenko és mtsai 2007
Mongolians_0915	Mongol – Mongolians	90	Gokcumen és mtsai 2008
Nganasans_0721	Nganaszán – Nganasans	53	Goltsova és mtsai 2005
Nganasans_0722	Nganaszán – Nganasans	38	Volodko és mtsai 2008
Nganasans_0723	Nganaszán – Nganasans	23	Derbeneva és mtsai 2000
Nivkhi_1049	Nivki – Nivkhi	57	Tajima és mtsai 2004
Olon-Kurin-GolValleycemetery10_1649	Olon-Kurin-Gol völgyi – Olon-Kurin-Gol Valley Cemetery	1	Pilipenko és mtsai 2010
Olon-Kurin-GolValleycemetery6[OKG-6-2,3_1649	Olon-Kurin-Gol völgyi – Olon-Kurin-Gol Valley Cemetery	1	Pilipenko és mtsai 2010
Olon-Kurin-GolValleycemetery6_1649	Olon-Kurin-Gol völgyi – Olon-Kurin-Gol Valley Cemetery	1	Pilipenko és mtsai 2010
Oroqen_0693	Oroken – Oroqen	42	Kong és mtsai 2003
Ossetians_0279	Oszét – Ossetians	106	Richards és mtsai 2000
Ossetians_0338	Oszét – Ossetians	198	Kaldma és mtsai unpublished
Palestinians_0994	Paleszton – Palestinians	295	Amar és mtsai 2007
Poles_0100	Lengyel – Poles	435	Malyarchuk és mtsai 2002
Romanians_0283	Orosz – Romanians	91	Richards és mtsai 2000
Russians	Orosz – Russians	197	Malyarchuk és mtsai 2002
Russians_0102	Orosz – Russians	50	Malyarchuk és Derenko 2001
Russians_0109	Orosz – Russians	197	Malyarchuk és mtsai 2002
Saami_0139	Számi – Saami	69	Sajantila és mtsai 1995
Saami_0147	Számi – Saami	61	Delghandi és mtsai 1998
Saami_0148	Számi – Saami	21	Sajantila és mtsai 1995
Sabinka2_1649	Szabinka – Sabinka	1	Allentoft és mtsai 2015
Sali_0700	Száli – Sali	29	Yao és mtsai 2002b
SebsteiValley_1649	Sebstei völgyi – Sebstei Valley	2	Ricaut és mtsai 2004
Sekler-Csango	Székely-Csángó – Sekler-Csango	342	Brandstätter és mtsai (2007)
Shors_0815	Sór – Shors	81	Derenko és mtsai 2007
Shugnan_0708	Shugnan	44	Quintana-Murci és mtsai 2004
Sib-Tat	Szibériai tatár – Siberian Tatars	214	O Yu Naumova és mtsai (2008)
Slovaks_0112	Szlovák – Slovaks	137	Malyarchuk és mtsai 2008
Slovaks_0113	Szlovák – Slovaks	70	Malyarchuk és mtsai 2008
Slovaks_0923	Szlovák – Slovaks	374	Lehocky és mtsai 2008
Spaniards_0225	Spaniards	100	Alvarez-Iglesias és mtsai 2009
Swedes_0243	Svéd – Swedes	295	Lappalainen és mtsai 2008
Swiss_0092	Svájci – Swiss	151	Dimo-Simonin és mtsai 2000
Syrians_0272	Szír – Syrians	69	Richards és mtsai 2000
Syrians_0530	Szír – Syrians	49	Vernesi és mtsai 2001
Tajiks_0832	Tádzsik – Tajiks	228	Irwin és mtsai 2010
Tatar	Tatár – Tatar	215	Bermisheva és mtsai (2002)
Tofalars_0731	Tofalár – Tofalars	58	Derenko és mtsai 2003
Tofalars_0732	Tofalár – Tofalars	46	Starikovskaya és mtsai 2005
TsengelKhairkhan_1649	Tsengel Khairkhan	3	Gonzalez-Ruiz és mtsai 2012

1. táblázat folyt. – Table 1 cont'd.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
Turkms_0833	Türkmén – Turkmens	240	Irwin és mtsai 2010
Turks_0274	Török – Turks	143	Richards és mtsai 2000
Turks_0629	Török – Turks	48	Quintana-Murci és mtsai 2004
Tuvinians,Todjin_0793	Tuvaji, Todjin – Tuvinians, Todjin	48	Derenko és mtsai 2003
Tuvinians_0305	Tuvaji – Tuvinians	45	Tonks és mtsai unpublished
Tuvinians_0724	Tuvaji – Tuvinians	36	Derenko és mtsai 2000
Tuvinians_0725	Tuvaji – Tuvinians	89	Derenko és mtsai 2003
Tuvinians_0726	Tuvaji – Tuvinians	102	Derenko és mtsai 2007
Tuvinians_0727	Tuvaji – Tuvinians	94	Starikovskaya és mtsai 2005
Tuvinians_1059	Tuvaji – Tuvinians	56	Pakendorf és mtsai 2006
Udmurt	Udmurt	87	Bermisheva és mtsai (2002)
Uighur_0695	Ujgur – Uighur	47	Yao és mtsai 2000, 2004
UKR_1608	Ukrán – Ukrainian	159	Mielnik-Sikorska és mtsai 2013
UKR-DNP_1615	Ukrán, Dnyeppep – Ukrainian, Dniepier	174	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-EAS_1615	Ukrán, keleti – Ukrainian, East	96	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-OTH_1615	Ukrán, Oth – Ukrainian, Oth	15	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-PDL_1615	Ukrán, Pdl – Ukrainian, Pdl	179	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-WST_1615	Ukrán, nyugati – Ukrainian, West	141	Pshenichnov és mtsai 2013
Uzbeks_0834	Üzbég – Uzbeks	96	Irwin és mtsai 2010
Uzbeks_0913	Üzbég – Uzbeks	58	Yao és mtsai 2004
Yakuts_0703	Jakut – Yakuts	35	Derenko és mtsai 2007
Yakuts_0704	Jakut – Yakuts	187	Fedorova és mtsai 2003
Yakuts_0705	Jakut – Yakuts	114	Pakendorf és mtsai 2003
Yakuts_0851	Jakut – Yakuts	155	Crubezy és mtsai 2010
Yakuts_1053	Jakut – Yakuts	83	Puzyrev és mtsai 2003
Yakuts_1056	Jakut – Yakuts	173	Pakendorf és mtsai 2006
Yukaghir,Chuvantsi_0805	Jukagir, Csuvantszi – Yukaghir, Chuvantsi	32	Volodko és mtsai 2008
Yukaghir_0803	Jukagir – Yukaghir	82	Volodko és mtsai 2008
Yukaghir_0804	Jukagir – Yukaghir	18	Volodko és mtsai 2008
Yukaghir_1058	Jukagir – Yukaghir	21	Pakendorf és mtsai 2006

Úgy tűnik, hogy a kondai manysi haplotípus egyezéseket a C, a T és a H haplocsoport dominálja a honfoglalók és a székelyek esetében is. Illetve a K és az U4 haplocsoportban szintén előfordul a kondai manysi-székely és a kondai manysi honfoglaló haplotípus egyezés. Továbbá U5 és az I haplocsoport egyaránt megjelenik a székely-csángó-baskír és a honfoglaló-baskír haplotípus egyezések között. Ezzel párhuzamosan a C és a T haplocsoport aránya csökken a székely-csángó-baskír és a honfoglaló-baskír haplotípus egyezésekben a kondai manysi „metszethez” képes, de a H haplocsoport aránya nő szintén mindkét esetben. Az 1. ábra azt sugallja, mintha a H haplocsoport egy újabb impulzust kaphatott a Volga-Urál vidéken. Ezzel párhuzamosan a C és T haplocsoport azonban talán nem kapott utánpótlást a Volga-Urál vidéken, és ezért más belépő haplocsoportok miatt csökkent az aránya. Érdekes ennek kapcsán megjegyezni, hogy a C haplocsoport a székelyekben (Brandstätter és mtsai 2007) és az obi-ugorokban (Pimenoff és mtsai 2008) egyaránt a legdiverzebb és legnépesebb kelet-eurázsiai haplocsoport, illetve a T haplocsoport andronovói migrációs markernek számít a bronzkori Nyugat-Szibériában (Molodin és mtsai 2012). Észrevételünk összhangban áll azokkal a nézetekkel, amelyek az ugorok és legkorábbi magyarok történetében az ugor és iráni kölcsönhatásokat meghatározónak találják (Koryakova és Epimakhov 2007, Harmatta 1997).



1. ábra: Haplocsoport-eloszlás haplotípus-egyezések alapján.  
 Fig. 1: Haplogroup distribution based on sharing haplotypes.

A továbbiakban az egyedi haplocsoportokat vizsgáljuk. Először megpróbáljuk az egyes haplocsoportok földrajzi előfordulását, esetleges eredetéről szóló információkat feltüntetni, hogy képbe helyezzük az olvasót a vizsgált haplocsoporttal kapcsolatban. A haplocsoportok (Fehér 2016b) alapján ismertetjük röviden. Az ismertetés után rátérünk az adott haplocsoportnak a honfoglalók, mai magyarok és székelyek génállományában betöltött szerepére az új filogenetikai mértékek bemutatására.

#### Az A haplocsoport

Az A haplocsoport A2 alcsoportja csak az amerikai őslakók és a Czukcs-félszigeti népek (25–47%) között fordul elő. Az eszkimók között 80–96% gyakoriságú, az észak-amerikai indián népek között nagyobb, a dél-amerikai indiánok között kisebb az előfordulási gyakorisága, a szóródást tekintve 17–70% között változó arányban előforduló haplocsoport. A nem A2-höz tartozó ázsiai alcsoportok összesen 13–15%-ot tesznek ki a tibetiek, a mongolok és a hsiungnu (ázsiai hun) csontleletek között. 6–10%-os gyakoriságú a japánok, koreaiak, kínaiak és jenyiszeji ketek között.

Az A haplocsoport a C haplocsoport után a második leggyakoribb északkelet-eurázsiai eredetű haplocsoport a mai székely népességben és az Uelgi „magyargyanús” temetőből származó minták esetében is. A székely és csángó haplotípusok az A4 és A8 alcsoportba tartoznak. Az A4 egyedül a mongolokban és a burjátok között fordul elő viszonylagosan nagyobb arányban (11%). A csángó A4 haplotípus egy Baraba-sztyepei késő krotovói haplotípussal egyezik meg. Az A8 rendkívül ritka haplocsoport. Északkelet-Ázsiában a Bajkál-mellék mongol nyelvű népeinél fordul elő szórványosan (Derenko és mtsai 2007).

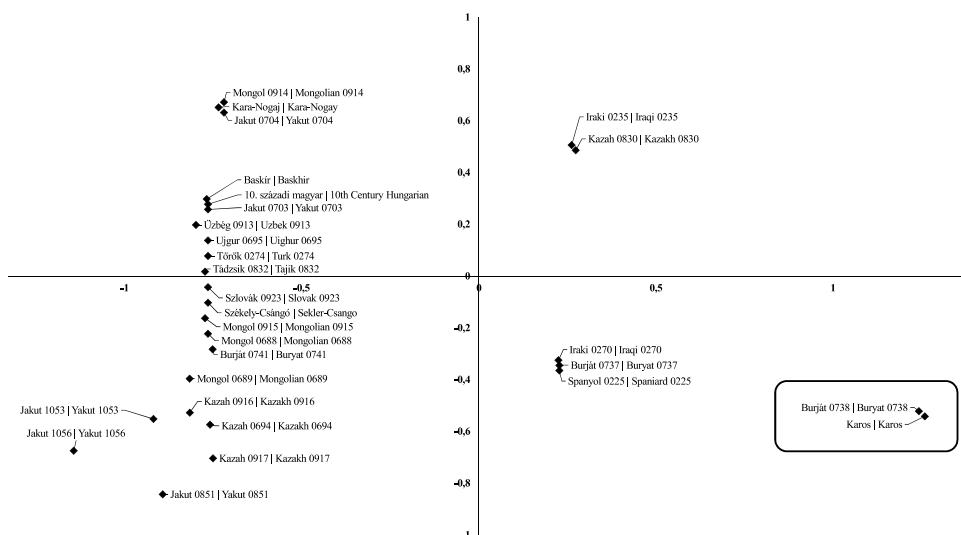
Ahogy a gyakoriság alapján is várható volt, a székely A haplocsoport legvalószínűbb származási eredete a mai burjátok egyik etnikai komponenséhez köthető, mert csak két burját populáció áll az átlagos minimális távolság alapján nulla távolságra a székely A haplotípusok halmazától (2. melléklet – Elektronikus Függelék). A Jaccard távolság alapján is egyértelmű, hogy a székely A haplotípusok halmazához a burjátok, a mongolok és a jakutok állnak legközelebb. A honfoglaló A haplocsoport eredete már több irányba mutat, mint a székelyeké. Az átlagos minimális távolság alapján a honfoglalókban jelen lévő A haplotípusok eredete tekintetében a burjátok mellett számos türk (kírgiz, türkmén, baskír), ázsiai hun és észak-kínai populáció is felmerül. A földrajzi eredet meglehetősen tág volta alapján nem zárható ki, hogy az A haplocsoport több különböző népességgel lépett be a korai magyarok génállományába.

#### *A B haplocsoport*

A B haplocsoport a kelet-eurázsiai haplocsoportok közül is az egyik legkeletibb elterjedésű. Elsősorban az ausztrónéz népekre (14–44%), az amerikai őslakókra (22–28%), a vietnamiakra (28–31%) és a laosziakra (25%) jellemző. Gyakorisága a kínaiak, koreaiak és japánok között is 10–20% közötti. Közép-Ázsiában és Dél-Szibériában 1–15% közötti előfordulású. A B haplocsoport szórványosan előfordul a honfoglaló, a mai magyar (pl. Sárreuten) és a székely génállományban. A Karos III temetőben viszont viszonylag nagy arányban van jelen a B haplocsoport (3/13), a kelet-eurázsiai haplocsoportokat számosságában a B haplocsoport dominálja, és ezek a haplotípusok különbözőek is. Így jó okunk van feltételezni, hogy a Karos III temetőhöz tartozó etnikummal került be a B haplocsoport a magyar génállományba, és amennyiben feltevésünk igaz, akkor az is valószínű, hogy a B haplocsoport a honfoglalást nem sokkal megelőző friss keveredés nyomait jelzi a magyarokban (2. ábra).

Ha a Karos III temető B haplotípusait vizsgáljuk, akkor valószínű, hogy azok a Bajkál-mellékről származnak, mert mind a 6 burját populáció az átlagos minimális távolság alapján a legközelebbi populációk közé tartozik (3. melléklet – Elektronikus Függelék). Ha egy másik módszerrel, a B haplotípus gyakoriságára vonatkozóan végzünk főkomponens-elemzést, akkor is egyértelmű, hogy a karosi B haplotípusok halmazának legközelebbi párhuzama a mai burjátok között található meg.

Ha azokat a népségeket keressük, amelyekből végső soron a legnagyobb valószínűséggel ered a Karosi B haplotípusok halmaza, akkor két északkelet-kínai populációt találunk, mindkettőt Shangdong tartományban, a Sárga-folyó alsó folyása és a Sárga-tenger mentén. A burjátokhoz hasonlóan a szibériai tatárok és kazahok is egyfajta átmenetet képeznek a shandongi kínai és a karosi B haplotípus halmazok között. Továbbá a szibériai tatár és kazah haplotípus halmazok egymáshoz is legközelebb állnak Jaccard távolság alapján. Azaz a szibériai tatár és kazah populációkban a B haplotípusok forrása azonos népesség lehetett. Két iraki populáció is rokonságot mutat a Karos III B haplotípusaival. Meglepő, de figyelemreméltó még a B haplocsoport szórványos előfordulása a katalán mintákban is.



2. ábra: Főkomponens-analízis B haplotípus gyakoriság alapján.  
 Fig. 2: Principal component analysis based on B haplotype frequency.

### A C haplocsoport

Északkelet-Ázsia két leggyakoribb haplocsoportja a C és D haplocsoport. A C haplocsoport északkelet-szibériában (jukagirok, jakutok, evenkik) 62–67%-os gyakoriságú női vonal. A tuvaiaknál és nganaszánoknál 50%-os gyakoriságú. 30%-nál kisebb gyakoriságban egész Belső- és Közép-Ázsiában jellemző. A C haplocsoport a székelyek és az obi-ugorok legnépesebb és legdiverzebb kelet-eurázsiai haplocsoportja. Az Uelgi „magyargyanús” temetőkből szintén a leggyakoribb, 25%-os arányban jelen lévő kelet-eurázsiai haplocsoport.

A C haplocsoport – az A és G haplocsoportokkal együtt – legkorábbi dokumentált előfordulása a Szerovó-Glazkovói kultúrához köthető (Mooder 2006). A Szerovó-Glazkovói kultúra nagyjából i. e. 3100 környékén jelenik meg, a mélyreható ökológiai változásokat eredményező középső holocén klíma-optimummal összefüggésben a Bajkál-Angara régióban (Mooder és mtsai 2006). A régióban a megelőző Kitoj-kultúrát a D és F haplocsoport dominálja (Mooder 2006).

A genetikai adatok alapján egyértelmű, hogy C haplocsoport a szejma-turbinói eszközöket használó késő Krotovo népességgel jelenik meg a Baraba-sztyeppén, és az is, hogy az időben következő Fjodorovo régészeti horizont népessége és a késő-Krotovo népesség között biológiai folytonosság áll fent a Baraba-sztyeppén (Molodin és mtsai 2012). A mi szempontunkból ez azért fontos, mert a C haplocsoport előfordulása mindkét régészeti kultúrában 60% körüli. Ez egyben arra is példa, hogy az archeogenetikai kutatások miként segíthetik annak eldöntését, hogy egy adott régióban a régészeti kultúra megváltozása inkább népmozgásoknak köszönhető-e, vagy inkább belső kulturális kölcsönhatások következménye.

A székely C haplotípusok halmazához 3 tuvai minta áll legközelebb átlagos minimális távolság alapján, de 1 buryát, 1 jakut és egy másik tuvai minta szintén viszonylag közel áll hozzá (4. melléklet – Elektronikus Függelék). A kondai manysik C haplotípus-

halmazához szintén 1 tuvai minta áll legközelebb, de 1 burját, 4 jakut és két tuvai populáció szintén viszonylag közel áll, ugyancsak az átlagos minimális távolság alapján. A honfoglalók C haplotípusának diverzitása viszonylag kicsi, ezért számos populációt reprezentáló mintától nulla az átlagos minimális távolsága. Így a már felsorolt tuvai, jakut és burját minták mellett a baskír, a kondai manysi, az altáji, a kalmük és a jukagír populációktól is. Bár az archeogenetikai adatok reprezentatív volta haplotípus diverzitás szempontjából meglehetősen kérdéses, mégis elgondolkoztató, hogy a rendelkezésre álló adatok alapján a baskír C haplotípusok diverzebbek a honfoglalónál, a baskír C haplotípusok halmaza tartalmazza a honfoglaló C haplotípusok halmazát.

#### *A D haplocsoport*

A D haplocsoport a C haplocsoport mellett Északkelet-Ázsia másik leggyakoribb haplocsoportja. A koreaiak, japánok és mongolok között, valamint a hszungnu (ázsiai hun) csontleletekben 30–40%-os gyakoriságú. A többi törökségi és mandzsunguz népben, valamint a kínaiak és tibetiek között 10–25%-ban fordul elő. Jelen van az amerikai őslakók között is.

A D haplocsoporthoz tartozó haplotípusok gyakorisági mintázata érdekes jellegzetességeket mutat. Előfordul uráli és törökös népekben is, például a honfoglaló D haplotípusok inkább törökös népekre mutatnak, míg az egyetlen magyar D haplotípus, mint halmaz is, a bronzkori Karéliából származó mintákkal egyezik meg. A vonatkozó D haplotípus megtalálható Olaszországban, Szlovákiában és Görögországban is. A recens karél és számi D haplotípusok is láthatóan kapcsolatban állnak egymással, mert Jaccard távolság alapján egymáshoz és más finnugor népekhez állnak közel. Érdekes még, hogy a számi és karél D haplotípusok egy, a Bajkál-tó nyugati oldalán élő burját populációra mutatnak lehetséges földrajzi forrásként az átlagos minimális távolság alapján. Ezzel szemben a törökös népek D haplotípus-mintázata a Bajkál-tótól keletre eső burját populációk irányába mutat. Említésre méltó még, hogy a manysikhoz a nganaszánok állnak a legközelebb a Jaccard távolság alapján a D haplocsoport tekintetében.

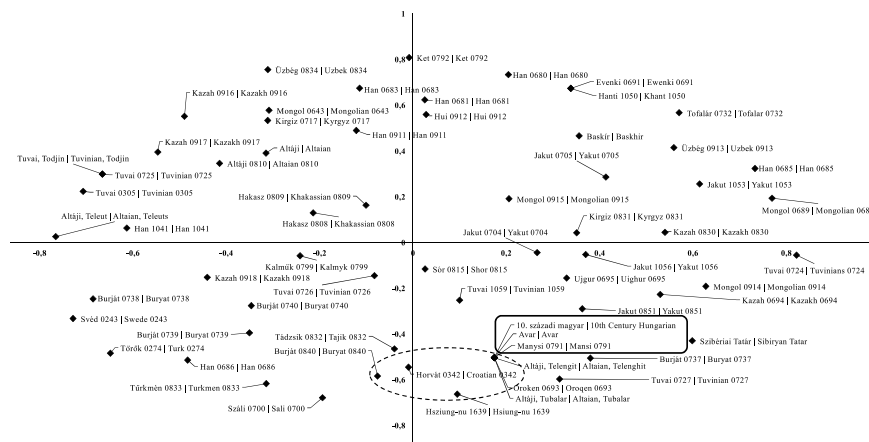
#### *Az F haplocsoport*

Az F haplocsoport Kelet-Ázsiára jellemző, Délkelet-Ázsiában több népességben is 10–26%-os gyakoriságú, míg Közép-Ázsiában 1–8% közötti az előfordulása. Nyugat-Szibériában két populációban fordul elő kimagasló arányban, a sórok (41,5%; Derenko és mtsai 2007) és a ketek (23%; Starikovskaya 2005) között. Európában két kiugró gyakorisága található: a Hvar szigeti horvátok, valamint a permi baskírok között. A baskír és a horvát minták egyaránt az F1b alcsoporthoz tartoznak, amely alcsoport Délkelet-Ázsia mellett a Kelet-Ázsia északabbi területein élő népek (mongol, kazakh, ujjur, stb.) között is előfordul (3. ábra).

A kutatókat régóta foglalkoztató kérdés, hogy milyen történelmi folyamatok magyarázhatják az Európában rendkívül ritka F haplocsoport jelenlétét Hvar szigetén (Dalmácia). Egyrészt a Hvar szigeti F haplotípusok halmaza az átlagos minimális távolság alapján egyértelműen a sór népességre mutat lehetséges eredetként (5. melléklet – Elektronikus Függelék). A sórok Oroszország Kemerovo tartományában élő török nyelvű népesség, önnevezésük gyakran nemzetségeik vagy törzseik alapján történik: Koby, Karga, Ky, Aba, Sór. Másrészt pedig történelmi tudásunk alapján a Kárpát-medencében és Dalmáciában éltek avarok a honfoglalás korában, és a kárpát-medencei avar csontmaradványokban ki is mutatták az F haplocsoport jelenlétét (5. melléklet –



Elektronikus Függelék). Így hipotézisként megfogalmazható, hogy az F haplocsoport az avarokkal került Dalmáciába, és a szigetek izoláló hatása miatt maradhatott fenn a mai napig. Ha feltevésünk igaz, akkor az F haplocsoport egymástól független okok miatt van jelen a honfoglaló és a kondai manysi génállományban. A 4 obi-ugor populáció közül ugyanis csak a kondai manysiban van jelen az F haplocsoport, és a kondai manysik törökségi népekkel való történelmi kapcsolata ismert.

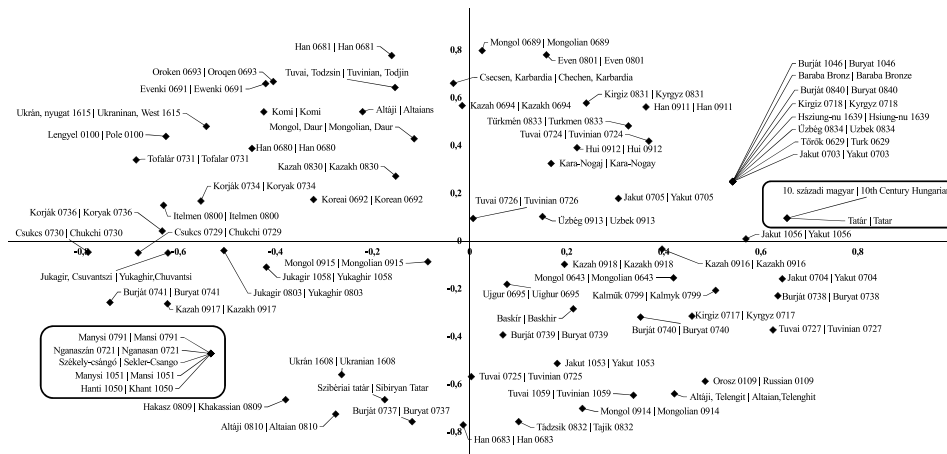


3. ábra: F haplotípus halmazok populációnként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.  
Fig. 3: Set of F haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.

### A G haplocsoport

A G haplocsoport jellegzetes kelet-eurázsiai haplocsoport. Két alcsoportja van. A G1 alcsoport a csukcs-kamcsatkai népek között fordul elő nagyobb arányban. A G2 alcsoportnak nagyobb az elterjedési területe, a manysiktól Japánig alacsony arányban megtalálható. A G2 alcsoport legnagyobb arányban a Bajkál-tó környékén élő népekben található meg. A Baraba-sztyeppe bronzkorából származó csontmintákból szintén kimutatták. A G2 alcsoport Európából gyakorlatilag hiányzik, és Baskíriában éri el maximumát (4,5%; Bermisheva és mtsai 2002). Európában egyedül a Volga-Urál vidéken, a baskíroknak, tatároknak és komiknak található meg szórványosan.

Éppen ezért érdekes, hogy van egy olyan elemű G haplotípus-halmaz, amely csak az obi-ugorokban, a nganaszánokban és a székelyekben található meg (4. ábra; 6. melléklet – Elektronikus Függelék). A honfoglalóhoz tartozó G haplotípus-halmaz megegyezik a mai tatároknak található haplotípus-halmazzal (4. ábra), és egyedül a baskír és burját G haplotípus halmaz része (7. melléklet – Elektronikus Függelék). Röviden: nagy valószínűséggel a honfoglalókban található G haplocsoportot hordozó anyai vonalak a Bajkál-mellékről származnak, és az már a Volga-Urál vidéken része volt a korai magyarok génállományának. Jelen tudásunk alapján azonban nem eldönthető, hogy a honfoglaló G haplocsoport és a székely G haplocsoport milyen kapcsolatban áll egymással. Azaz nem eldönthető, hogy a honfoglaló G haplotípusok és az ugor G haplotípusok egyszerre, avagy egymástól függetlenül léptek be a magyar génállományba.



4. ábra: G haplotípus-halmazok populácónként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.  
Fig. 4: Set of G haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.

### A H haplocsoport

A leggyakoribb női vonal Európában, gyakorisága 40–60% között mozog a kontinensen Norvégiától Görögorszáig és Portugáliától Oroszorszáig (a magyarok között is 40–45%-os gyakoriságú). A Volga-vidéki finnugor és türk népekben, valamint a finneknél és a székelyeknél előfordulása 25% és 39% közötti. A Közel-Keleten és Közép-Ázsiában 10–20% közötti, Belső-Ázsiában, Dél-Szibériában, Indiában, valamint a lappok között 1–9%-ban fordul elő, gyakorlatilag az euróid földrajzi változat elterjedési területét fedi le. Európában az újkőkori földművelőkkel jelent meg, de az indo-európai bronzkorban is domináns maradt, mind a mai napig. A magyar H haplocsoport legközelebbi kapcsolatai jellemzően a szlovák-lengyel-ukrán, illetve a svéd irányba mutatnak. Bár a H haplocsoport jellegzetesen nyugat-eurázsiai haplocsoport, a haplotípusok halmazát tekintve a kazah, shugnan (kelet-iráni nyelvet beszélő népesség) és burját csoportok állnak legközelebb a honfoglalókhöz Jaccard távolság alapján a H haplocsoport tekintetében.

### Az I haplocsoport

Ritka nyugat-eurázsiai és kelet-európai csoport (2–6%), a magyarok között 2–3%-os, a székelyek és csángók között 0,5–1,5%-os gyakoriságú. A leggyakoribb magyar haplotípus-kapcsolatai a szlovákok és az ukránok. E csoportban ugyanakkor megfigyelhető közvetlen székely-baskír-ukrán egyezés, ami összhangban van az ősmagyarok feltételezett vándorlási útvonalával.

### A J haplocsoport

A Közel-Keleten és Európában jellemző csoport, 20% fölötti gyakorisággal Szaúd-Arábiában és Irakban fordul elő, Iránban gyakorisága 17% körüli. A Közel-Kelet többi részén, valamint Észak- és Kelet-Európában 9–16% közötti előfordulású (csángók: 13%, magyarok: 10–12%, székelyek: 8,5%). 1–8%-ban az euróid földrajzi változat által lakott többi területen is előfordul Pakisztántól Észak-Afrikáig és Portugáliától Dél-Szibériáig. A magyarok legközelebbi haplotípus-egyezései ukránok, lengyelek, szlovákok és svájciak, a székelyeknél észtek, németek és svédek. A honfoglaló J haplotípusok halmaza a karélokhoz áll legközelebb Jaccard távolság alapján.

#### *A K haplocsoport (U8 alcsoportja)*

A korai földművelők legtipikusabb csoportja, 20–40% közötti arányban a kelet-európai zsidó anyai vonalakban, Cipruson, valamint a Balkán és a Duna-völgy korai földművelő csontleleteiben fordul elő (jellemzően a K1a alcsoport). Gyakorisága a gyimesi csángók között is 22% körüli, de ez a K1c alcsoportra és akár egyetlen korai csángó nő „alapító hatására” vezethető vissza. 9–13%-ban fordul még elő elszigetelt és hegyi területeken (Skót-szigetek, Marokkó, Alpok, Pamír), valamint a szírek, libanoniak és kurdok között. Európában és Közép-Ázsiában jellemzően 2–8% közötti az előfordulása (magyarok: 2–6%, székelyek: 4–5%) és 1% körüli mértékben Dél-Szibériában és Belső-Ázsiában is előfordul. A magyar K csoportúak jellemző haplotípus-egyezései osztrákok, szlovákok, libanoniak és palesztinok (véltetően a magyar K anyai vonalak egy része izraelita eredetű). A honfoglaló K haplotípusok halmaza azonos 2 finn, 1 karél és egy mongol populáció mintájával.

#### *A T haplocsoport*

A K mellett a másik tipikusan korai földművelő csoport, legnagyobb gyakoriságát 17–28% között a korai földművelő csontleletekben éri el. A K-tól ugyanakkor abban különbözik, hogy jóval keletebbre is eljutott, az ukrainai és dél-oroszországi neolitik és bronzkori csontleletek között is 14–17%-os előfordulású (a K csak 0–5%), a ma élő udmurtokban pedig 24%-os. Erősen jellemző (13–16%) még a ma élő olaszokra, aromunokra, macedónokra, azeriekre, perzsákra, grúzokra és komikra. Ennél kisebb mértékben Dél-Szibériától Észak-Afrikáig és Indiától Izlandig az europid földrajzi változat teljes területén elterjedt.

A késő Krotovo és Fjodorovo kultúrákban, valamint a honfoglaló magyar csontleletek között is 14–15%-os gyakoriságú, a T1a alcsoportban honfoglaló-obi-ugor egyezések is vannak. A mai magyarok (12–14%-os előfordulással) azonban főként a neolitik T2 alcsoportba tartoznak, legközelebbi haplotípus-egyezéseik libanoni, szlovák, lengyel és volgai tatár összefüggéseket mutatnak. A székelyek (9,5%) és csángók (3,8%) között ritkábban fordul elő ez a típus.

A T haplocsoport fontosságát a korai magyar génállományban mutatja, hogy Jaccard távolság alapján az adigék, a manysik és a bronzkori Baraba-sztyeppe népessége áll a honfoglalókhöz legközelebb. Átlagos minimális távolság alapján a honfoglalókhöz a mai magyarok, az adigék, libanoniak és palesztinok állnak, ami véltetően a T haplocsoportnak a keleti mediterráneumból való eredetére utal.

#### *Az U2 haplocsoport*

A csontleletek tanúságra szerint az U2 haplocsoport volt a legkorábbi európai őslakók (paleolitik cro-magnoniak) anyai ága, amelyet a jégkorszak végén U4-es és U5-ös lakosság váltott fel. A mai lakosságban az U2 haplocsoport Dél-Ázsiában a leggyakoribb, Indiában, Pakisztánban és az afgánok között 10–15%-ban fordul elő. E régió kivül a 10%-ot csak az udmurtoknál éri el, 1–9% közötti előfordulású Nyugat-Eurázsia más részein. Az Urál-környéki Szintasta-Andronovo csontleletekben viszont még 25%-os gyakoriságú. A mai magyar nyelvű népességekben egységesen 1–2%-ban fordul elő, csak egyféle haplotípus, ami a türkménekből található U2 haplocsoporttal egyezik meg.

#### *Az U4 haplocsoport*

A mezolitikum (középső kőkorszak) jellemző anyai génje az U5-tel együtt, de annál keletebbre elterjedéssel. Legnagyobb mai gyakorisága Észak-Pakisztánban (kalas törzs:

34%), valamint Szibériában (ket: 29%, nganaszán: 20%, manysi: 13–15%), illetve a Volga-vidéki népekben (komi-zürjén: 24%, csuvas: 16%, baskír: 13%, mari és komi-permják: 10%) figyelhető meg. Európa és Közép-Ázsia többi részén jellemzően 1–9% közötti gyakoriságban fordul elő. A csontleletekben is az Urál-vidéken és Nyugat-Szibériában, a Szintasta-Andronovo-Baraba bronz- és vaskori időszakban jellemző (15–20%). A magyar nyelvű népeiségekben és a honfoglalók között 2–4%-ban fordul elő. A mai magyar haplotípusok jellemző kapcsolatai szlovákok, lengyelek, németek és svédek. Az U4 haplocsoport a honfoglalókban a Jaccard távolság alapján nyugat-eurázsiai és bajkál-melléki komponensekkel egyaránt mutat rokonságot, így az U4 haplocsoport több egymástól független belépése valószínűsíthető a honfoglalókban.

#### *U5 haplocsoport*

Az U5-ös csoport a mezolitikum (középső kőkorszak) jellemző anyai génje az U4-gyel együtt, a mai lakosságban maximumát a lappok (számik) között éri el 46%-kal. Más finnugor népekben (finn, észt, mari, mordvin), valamint a csuvasok és baskírok között 13–17%-os előfordulása. A csontleleteket tekintve legerősebben 20–28%-kal a korai indo-európaiakhoz köthető ukrainai, dél-orosz és dél-szibériai (Andronovo) leletekben fordul elő. Átlag fölött, 8–12% körüli előfordulása még a szláv és a skandináv népekben. Az avar és honfoglaló leletek, valamint a mai magyar nyelvű népeiségek között is 6–9% gyakoriságú. Legközelebbi haplotípus-egyezések a magyar népeiségeken belül egymással, illetve a szlovákokkal, ukránokkal és németekkel vannak. A honfoglaló U5 haplotípusok halmaza a Jaccard távolság szerint kazah és a Baraba bronzkori mintákhoz van legközelebb.

#### *Az U7 haplocsoport*

Az U7 haplocsoport nyugat-eurázsiai haplocsoport, amely viszonylag alacsony arányban jelen van a Közel-Keleten és Nyugat-Szibériában is, és maximumát Iránban éri el. Érdekes, hogy amint az ábrán is látszik, a magyar U7 haplotípus-halmaz 3 obi-ugor, egy horezmi üzbec és egy cseh populációból származó mintákkal egyezik meg, a székely pedig egy szlovákkal és egy törökkel (5. ábra). Nem zárható ki, hogy az ugor népeiségek és valamilyen iráni nyelvű népeiség között zajló demográfiai kölcsönhatás genetikai lenyomatát jelzik az ugor U7 haplotípus egyezések.

#### *A W haplocsoport*

Ez a csoport egész Nyugat-Euráziában és Észak-Afrikában elterjedt, de nagyon ritka, jellemzően 1–5% közötti gyakoriságú. Érdekesség viszont, hogy helyi maximuma a finnek (10%), csángók (7,7%) és székelyek (5%) között van az ujugurok, pamíriak és tádzsikok (5–7%), valamint a grúzok, délolaszok és szlovének (4–5%) mellett. A magyarországi magyarokban is 4% körül fordul elő, haplotípus-egyezés csak lengyelekkel van. A honfoglalók között azonban csak 1,7%-ban fordul elő.

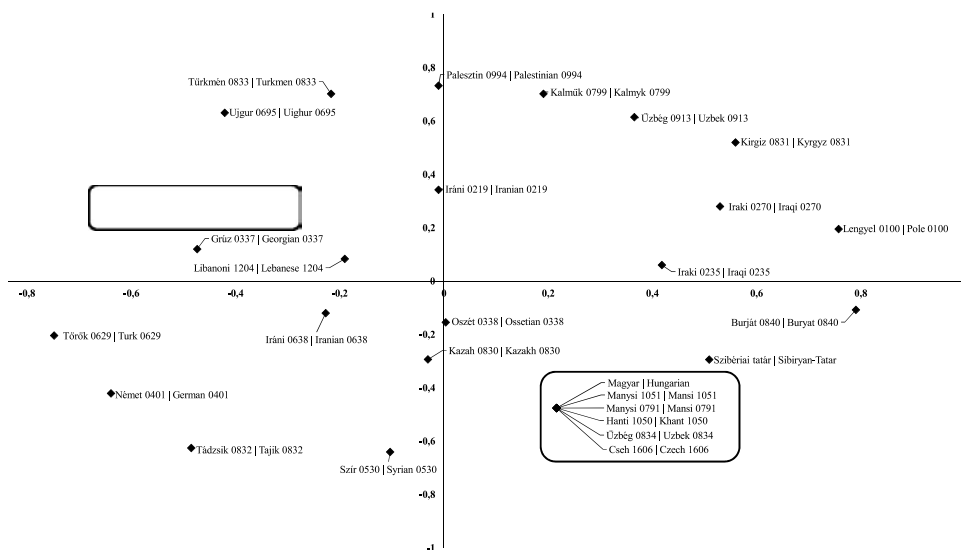
#### *X haplocsoport*

E haplocsoport földrajzilag nehezen jellemezhető, egész Euráziában és Észak-Amerikában is előfordul kis mértékben. 7–8%-ban helyi maximuma van a grúzok, romák, Orkney-szigetiek és az észak-amerikai őslakók között. A honfoglalók között 4%-os, a mai magyar nyelvű lakosságban 1–2%-os az előfordulása. Haplotípus-alapon az egyezések nem értelmezhetők.

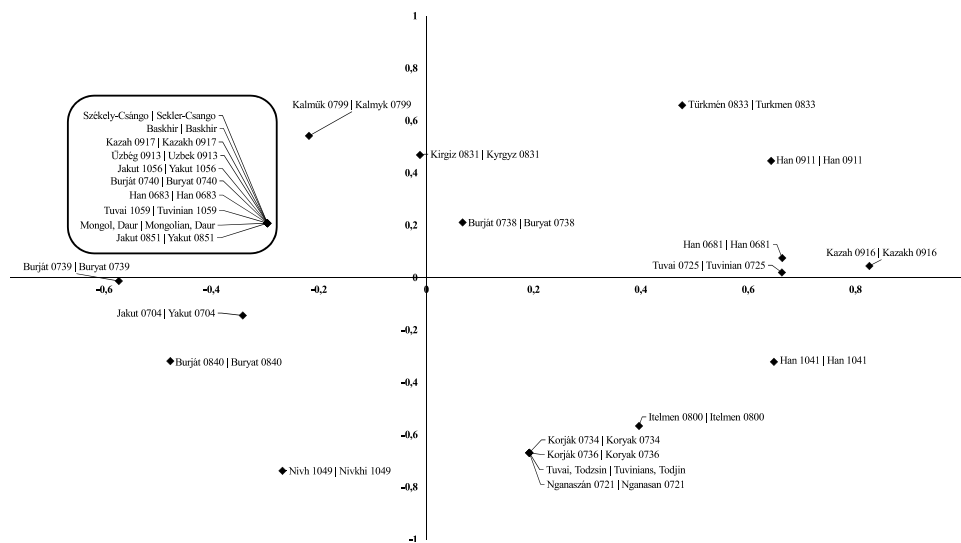
#### *Y haplocsoport*

Az Y haplocsoport Nyugat-Euráziában rendkívül ritka haplocsoport. Két alcsoportja közül az Y1 alcsoport az Ohotszki-tenger környékén, az Amur torkolatánál gyakori (nivh:

66%, ulcsi: 38%, negidál: 21%, korják, evenki, udege: 8–10%). Koreában, Kínában és a mongol népek között 1–3% körüli előfordulású (6. ábra). Az Y1 alcsoport Európából gyakorlatilag hiányzik, szórványosan előfordul Baskíriában, és ott is éri el maximumát (Bermisheva és mtsai 2002).



5. ábra: U7 haplotípus-halmazok populácónként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.  
 Fig. 5: Set of U7 haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.



6. ábra: Y haplotípus-halmazok populácónként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.  
 Fig. 6: Set of Y haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.

A baskír Y1 haplotípus megegyezik a székely Y1 haplotípussal, és legvalószínűbb származási helye a mai burjátok lakta terület, de a Burjátíával szomszédos tuvai és jakut népesség is szóba jön lehetséges forrásként. Említésre méltó, hogy a nyugat-mongóliai eredetű kalmükök és a szintén nyugat-mongóliai eredetű kirgizek között több Y1 haplotípus is megtalálható, köztük a székely-baskír Y1 haplotípus.

### **Következtetések**

#### *A Jaccard távolság*

A haplotípusok halmazán értelmezett Jaccard távolság egyszerűsége ellenére is alkalmas genetikai kapcsolatok feltérképezésére, mert a honfoglalókra, a mai magyarokra és a székelyekre vonatkozó eredményeink a legtöbb korábbi genetikai tanulmánnyal és a történeti tudásunkkal is összhangban vannak.

A honfoglaló népesség Jaccard távolsága alapján a legközelebbi kapcsolatot a baskírokkal, a kondai manysikkal, a marikkal, a türkménekkal és a komikkal mutatják. Ez az eredmény összhangban van azokkal a társadalomtudományi és történeti embertani eredményekkel, miszerint a honfoglalók jelentős része a Volga-Urál vidékéről érkezett, és egyaránt tartalmaztak ugor és közép-ázsiai elemeket. Fontos kiemelni, hogy a baskíriai és tatársztáni karakakupovoi (6. és 8. század) és kusnerenkovoi (9. és 10. század) régészeti leletek a honfoglaló magyar leletanyaggal szoros párhuzamokat mutatnak (Türk 2014), így genetikai elemzésünkre épülő eredményünk összhangban van a legújabb régészeti eredményekkel.

A mai magyarokhoz legközelebb sorrendben a szlovák, ukrán és lengyel népesség áll, negyedik helyen a székely magyarok, ötödik helyen a németek jelennek meg. Mindezek az eredmények szintén megerősítik, hogy a Kárpát-medencében eltöltött ezer év demográfiai folyamatainak köszönhetően a mai magyarság kialakulásában a szomszédos szláv és germán népek is jelentős szerepet tölthettek be.

#### *Az átlagos minimális távolság*

Az átlagos minimális távolság, amely egy adott népesség adott haplocsoportjához tartozó haplotípusok eredetét hivatott modellezni, több esetben határozott összefüggéseket mutatott bizonyos területekkel. Így a székely A, a recens magyar D, a Karos III temető B-je és a honfoglaló G haplotípusok eredete egyaránt a Bajkál mellékére utal lehetséges földrajzi forrásként. Az azonos földrajzi forrás ugyanakkor nem jelenti azt, hogy ezek a csoportok egyszerre is léptek volna be a korai magyar génállományba. A rendelkezésre álló adatok alapján különösen a B haplocsoportról tételezzük föl, hogy az egy viszonylag frissebb keveredés jele lehet a honfoglalók génállományában. A Hvar-szigeti F haplotípusok halmaza a sór népekre mutat. A székely és a kondai C haplotípusok eredete Tuva irányába, a baskír C haplotípusok pedig a kondai manysik – mint lehetséges eredet – irányába mutatnak. Ez utóbbi jelenség úgy is értelmezhető, hogy Baskíriában a C haplocsoport jelenléte döntően ugor eredetű. A korai magyar és ugor szempontból szintén fontos honfoglaló T haplotípusok pedig a mediterráneum keleti oldalára engednek következtetni földrajzi eredetként.

Több haplocsoport esetében is egymástól földrajzilag viszonylag távoli népesek is egyaránt közelinek bizonyultak a honfoglalók haplotípusinak csoportjához. Ez arra utal, hogy bizonyos haplocsoportok különböző, egymástól távoli földrajzi területekről érkező népesekkel léptek be a honfoglalók génállományába. Ilyen az A, a D és az U4 haplocsoport is.

### *Az Ugorok*

A kondai manysik – a székelyekhez hasonlóan és azonos okok miatt – kiemelt szerepet játszhatnak az obi-ugor populációk között. Jaccard távolság alapján a négy obi-ugor populáció közül rendre a kondai manysik kerülnek a legközelebb a honfoglalókhöz, a baskírokhoz és a székelyekhez. Továbbá a kondai manysikban a legmagasabb az aránya az anyai vonalú C haplocsoportnak és az apai vonalú N3a-L1034 alcsoportnak. Érdekes párhuzam, hogy Gulya János nyelvész a nyelvjárási adatok alapján arra a következtetésre jutott, hogy a hantik „a Konda folyó irányából, körülbelül a mai Hanti-Manszijszk táján érték el az Obot, és mintegy attól vezetettve vándoroltak előbb keletre, majd északra” (Gulya 1977).

A bronzkori Baraba-sztyeppe népességéhez két obi-ugor és a honfoglaló populáció áll a legközelebb Jaccard távolság alapján. Ez összhangban van azzal a korábbi észrevételünkkel, miszerint a székelyek kelet-eurázsiai haplocsoport eloszlása 89 populációból a Baraba-sztyeppe bronzkorában élő késő-Krotovó (szeima-turbinói eszközöket használó népesség) és Fjodorovó (andronovói népesség) csoportjaihoz áll a legközelebb (Németh és mtsai 2016b).

A Baraba-sztyeppén még a késő bronzkorban is meghatározó az A és a C haplocsoport jelenléte, amelyek azonban a bronzkor és a vaskor közötti átmenet idején, időszámításunk előtt 800–900 évvel ezelőtt eltűntek a régióból (Molodin és mtsai 2012). Nagy valószínűséggel a korszakot jellemző viszonylag hirtelen lehülés által kiváltott népmozgásokkal függ össze a Baraba-sztyeppe lakosságának nagymérvű átalakulása (Molodin és mtsai 2012). Az időszámításunk előtti második évezred végén általános lehülés kezdődött, amely csúcsát időszámításunk előtt 800–900 évvel ezelőtt időkbén érte el (Koryakova és Epimakhov 2007). A különböző földrajzi régiókban különböző mértékű volt a lehülés mértéke. Míg Kelet-Európában általában lehetséges volt az alkalmazkodás az éghajlatváltozásához. Szibériában és Kazahsztánban nagyobb mértékű volt a lehülés, amely hatására nagyobb arányban válhatott a migrációs modell a megváltozott helyzetre adott válaszként (Koryakova és Epimakhov 2007). Így hipotézisként megfogalmazhatjuk, hogy a hűvösebb és csapadékosabb időjárás hatására a Baraba-sztyeppe népessége délebbre, a mai Kazahsztán északi, esetleg középső sávjába vándorolt.

A székely C haplocsoport eredete egyértelműen a mai tuvai népességek egyik etnikai komponensére mutat, és ezt az eredményt a honfoglaló, sőt a kondai manysi adatokkal is összhangban találjuk. Érdekes egybeesés, hogy egy vélhetően másik finnugor népesség, a 3500 évvel ezelőtti Kola félszigeten élt népesség, a Bol'shoy Oleni Ostrov leletek haplotípus egyezés tekintetében szintén a mai tuvaikkal és azon belül a C haplocsoportban mutatják a legtöbb haplotípus egyezést (Sarkassian és mtsai 2013). Bár ma Tuvát döntően török nyelvű népek lakják, meg kell említenünk, hogy a ma már kihalt, a szamojéd nyelvcsaládhoz tartozó matort, a 18. században még beszélték a mai Tuvai Köztársaság területén (Janhunnen 2014). Tekintve, hogy a folyóölgyek meghatározó szerepet játszottak a korai emberi történelemben, a legvalószínűbb, hogy a Felső-Jenyiszej és az Angara mente lehetett az ugor C haplocsoportot hordozó anyai vonalak géncentruma.

Csak látszólagos ellentmondás, hogy Tuvában és a szomszédos területeken nem található meg az apai vonalú ugor migráció marker, az N3a-L1034 (Ilumae és mtsai 2016), az anyai vonalú C haplocsoport legvalószínűbb párja. Egyszerűen arról van szó, hogy az anyai vonalú C haplocsoport jóval idősebb (20–30 ezer éves; Derenko és mtsai 2007), mint az N3a-L1034 alcsoport (4300 éves; <https://www.yfull.com/tree/N-L1034/>) és az N3a-L1034 első demográfiai expanziója Nyugat-Szibériában következett be. Az N3a-L1034 távoli ősapái közül az N3a-L708 szintén nagy valószínűséggel Közép-

Szibéria és Nyugat-Szibéria határán élhetett, hiszen az N-L708 fivér haplocsoportjának, az N3b-B187 előfordulása a gyakorlatban Khakassziára és a környező területekre korlátozódik, illetve az N3a-L708 leszármazottainak meghatározó csoportjai megtalálhatók Nyugat-Szibériában és Közép-Szibériában egyaránt (Ilumae és mtsai 2016). Azaz valójában a leginkább ugor specifikusnak tűnő apai és anyai vonalak eredete azonos földrajzi régióra mutat, de összhangban a társtudományok adataival az ugor népesség bronzkori expanziója már Nyugat-Szibériában következik be. Tudománytörténeti okokból érdemes megemlíteni, hogy az első tudományos igényű elméletek az uráli őshazát szintén az Altáj-Szaján régióba helyezték (Zsirai 1937). És bár ezt a modellt ma már szinte kivétel nélkül elutasítják a nyelvészek, Juha Janhunen finn kutató újabb érveket sorakoztatott föl a keleti őshaza modell mellett, az uráli nyelvek Ob és Jenyiszej közötti eredetéről (Janhuen 2014).

A másik fontos komponens az ugor etnogenezisben a T haplocsoport, amelyet Nyugat-Szibéria bronzkorában az andronovói migráció markerének tartanak a kutatók, és a honfoglaló T haplocsoport valóban a manysi és a bronzkori Baraba-sztyeppe népességéhez van legközelebb az adigei mellett.

Észrevételünk egyrészt összhangban van azokkal a nyelvészeti eredményekkel, amelyek szerint az ugorok iráni nyelvű népekkel érintkeztek. Továbbá összhangban van a legújabb, a szejma-turbinói népességek eredetére vonatkozó régészeti eredményekkel is, amelyet a régészek általában szintén ugor jellegűnek tartanak. A régészeti leletek alapján a legvalószínűbb ugyanis az, hogy a szejma-turbinói fémművesség egyik etnikai komponense a Bajkál-Jenyiszej-régióból származik (Koryakova és Epimakhov 2007). Maga a szejma-turbinói fémművesség az Altaj lábainál keletkezett, és az andronovói kultúrát hordozó népesség nyomásának hatására húzódott föl északra az Ob és az Irtis mentén (Koryakova és Epimakhov 2007). Mindez összhangban van azzal a korábbi észrevételünkkel, miszerint az Ob és az Irtis közötti Baraba-sztyeppe népessége a bronzkorban jelentős ugor komponenseket tartalmazhatott.

#### *Az avarok és egyik etnikai komponensük*

Eredményeink alapján hipotézisként megfogalmaztuk, hogy az F haplocsoport az avarok genetikai öröksége Dalmáciában és a honfoglalókban egyaránt. Továbbá a horvát F haplocsoport eredetét a korai sórok egyik etnikai komponenséhez kötöttük. Ez nem meglepő, ha figyelembe vesszük, hogy a sórok és a ketek között a legmagasabb az F haplocsoport aránya Nyugat-Szibériában. Hvar szigetén található apai vonalon is egy Európában rendkívül ritka haplocsoport a Q3-M378. Sajnos nem tudjuk, hogy milyen történelmi és demográfiai folyamatok keretében került a Q3-M378 Európába, de nem zárható ki, hogy ez a haplocsoport testesítheti meg az anyai vonalú F haplocsoport apai párját. A helyzet bonyolultságát jelzi, hogy az egyetlen mélyebb elemzésnek alávetett Hvar szigeti Q-M378 minta a Q-Y2209 alcsoportozathoz tartozik (az FTDNA Q haplocsoport specialistájának, Rebekah Adelenek a szóbeli közlése), amely meglepő módon Európában az askenázi zsidók között éri el relatív maximumát (Balanovsky és mtsai 2017). Illetve az F haplocsoport arra is példa, hogy a récents obi-ugor és mai magyar haplotípus egyezések nem feltétlenül a két nyelvi alapon azonosított közös korszakából származik.

#### *A székelyek eredete*

A székelyek eredete megosztja a társadalomtudósokat. A kutatók alapvetően két elméletet képviselnek: a székelyek török eredetét és eredendően magyar voltát. A



genetikai adatok közvetve az utóbbit erősítik meg. Hiszen az obi-ugorokkal a legspeciálisabb apai vonalú kapcsolatot az N3a-L1034 alcsoport jelenti, amely nagyon kis arányban van csak jelen a mai magyar nyelvet beszélő népegekben, relatíve messze a székelyekben található meg a legnagyobb arányban (Fehér és mtsai 2015). Ugyanígy, az anyai vonalú C haplocsoport, amely az obi-ugorok legnépesebb és legdiverzebb kelet-ázsiai haplocsoportja, szintén messze a székelyekben található meg legnagyobb arányban a mai magyar nyelvű népegek közül (Brandstätter és mtsai 2007).

A jelen tanulmányban újabb érveket találtunk arra vonatkozóan, hogy a székelyek eredendően magyarok voltak. Akár a honfoglalókhöz, akár a baskírokhöz, a volgai tatárokhoz vagy éppen a kondai manysikhoz hasonlítjuk a székelyeket és a mai magyarokat, a Jaccard távolság alapján egyértelműen és rendre a székelyek kerülnek a legközelebb a korai magyarokkal kapcsolatba hozható népegekhez. A közös haplotípusokon alapuló haplocsoport-eloszlás vizsgálatával pedig még egy érvet találtunk a székelyek magyar eredete mellett. Hiszen a baskírokra és kondai manysikra vonatkozó haplotípus-egyezésen alapuló haplocsoport-eloszlás tekintetében a székelyek a honfoglalókkal egyértelmű párhuzamokat mutattak. Ez tehát egyben az első eset a magyar őstörténeti kutatásokban, amikor két független mintavétel – a székely és a honfoglaló – megerősíti egymást a korai magyarokra vonatkozó haplocsoport-eloszlása tekintetében.

Amennyiben elfogadjuk a székelyek magyar eredetét, és összevetjük a székelyek és honfoglalók haplocsoport-eloszlását, mégis számos kisebb anomália érzékelhető. Az anomáliák egyike sem perdöntő, de az anomáliák együttese mégis elgondolkodtató. Az egyik legfontosabb az, hogy a mai székelyekben nagyjából ugyanakkora a C haplocsoport aránya (5%), mint a honfoglalókban (4%) volt. Ez önmagában meglepő, mert modellünk alapján a C haplocsoport jelenléte egyetlen és igen régi demográfiai szálon érkezik a honfoglaló és a székely génállományba. Azt várnánk, hogy a székelyekben 1100 év keveredés után jóval alacsonyabbnak kellene lennie a C haplocsoport arányának, mint a honfoglalókban.

A C haplocsoporttal szemben – elvárásuknak megfelelően - , más kelet-eurázsiai haplocsoportok aránya egyértelműen kisebb a székelyekben, mint a honfoglalókban, vagy éppen teljesen hiányzik a székelyekből. Például a D haplocsoport törökös népek lenyomatának tűnik a honfoglalókban, ugyanakkor a D haplocsoport hiányzik a székelyekből. Úgy tűnik, mintha a székelyeket nem érte volna egy olyan törökös demográfiai hatás, amely a honfoglalókban kimutatható. Ezt az észrevételünket erősíti meg, hogy a székelyekben a kelet-eurázsiai haplocsoportok egymáshoz viszonyított aránya feltűnően hasonlít az Uelgi népesség adataihoz. Azaz a C haplocsoport a legnépesebb, és az A haplocsoport a második legnépesebb anyai vonalú kelet-eurázsiai eredetű haplocsoport mind a két csoportban.

Egy másik önmagában szintén nem túl érdekes anomália, hogy bár a baskírokhöz a legközelebb Közép-Európában a székelyek állnak Jaccard távolság alapján a 168 populációból, a székelyekhez a Volga-Ural vidéken a tatárok állnak legközelebb. Tehát a székelyeknek a mai baskírokkal és a mai tatárokkal való genetikai kapcsolata egyértelmű, de a székelyek a tatárokhoz közelebb állnak, mint a baskírokhöz. Úgy tűnik, mintha a székelyek a régészek által lokalizált Ural-vidéki őshaza északnyugati területeivel, a honfoglalók pedig a központi és délkeletibbi területekkel mutatnának párhuzamot a ma élő népegek közül.

A felsorolt anomáliáknak számos feloldása lehetséges. A rendelkezésre álló genetikai adatok alapján elképzelhető, hogy a székelyek nem a honfoglaló törzsszövetség keretében érkeztek a Kárpát-medencébe, és ezért tűnnek kevésbé törökösnek a honfoglalóknál – legalábbis a kelet-eurázsiai haplocsoportok tekintetében. Ez természetesen nem azt

jelenti, hogy a székelyek ősei az avarok lettek volna, hiszen pont azt mutattuk ki, hogy a legvalószínűbb speciális avar migrációs marker az F hiányzik a székelyekből. Azt viszont elképzelhetőnek tartjuk, hogy a késő-avar népességben magyar nyelvű csoportok is megjelenhettek. A középkori korai székely temetők, illetve sírok embertani vizsgálatának egyik fontos tanulsága szintén az volt, hogy a székely koponyákon rendre megjelenő mongoloid bélyegek és a koponya metrikus adatai sem Árpád magyarságához kötik a székelyeket. A korai székelység embertani maradványai sokkal inkább az avar kori mintákkal mutatnak hasonlóságot (Fóthi és mtsai 2012). Érdeemes lenne a vizsgálatba bevont korai székely mintákat archeogenetikai vizsgálatnak is alávetni, és összehasonlítani az embertani párhuzamokat hordozó dunántúli késő-avar temetőkkel, hogy közelebb kerüljünk a problémakör megoldásához. Természetesen távolról sem egyértelmű, hogy a késő-avar és a korai székely fenotípusos párhuzamok valóban haplocsoportok tekintetében is párhuzamokat eredményeznek majd, de abban biztosak lehetünk, hogy a székely eredet kérdés megoldásához közelebb kerülünk majd.

#### *Észrevételek a karosiakról és a honfoglalókról*

Modellünk alapján a honfoglalók legközelebbi récents párhuzamai a mai baskírok között található meg. Ez azt is jelentheti, hogy a honfoglalókat komoly demográfiai hatás érte a Volga-Urál vidéken, és ennek nem ellentmondva az sem zárható ki, hogy az Urál vidéken maradt magyarok szerepet játszottak a mai baskír génállomány alakításában. A jelen adatokból nem dönthető el, hogy a kölcsönhatásban melyik elem volt az erősebb, csak az valószínűsíthető, hogy a C haplocsoport nagy részben ugor eredetű hatás a mai baskír génállományban.

Érdekes az is, hogy bár az ugor elemek valószínűsíthetők a honfoglaló génállományban, de más, esetleg törökös hatás is igen jelentősnek tűnik. Különösen a földrajzi eredetként a Bajkál-mellékre vagy a Bajkál-mellékre is mutató haplocsoportok esetében merül föl annak a gyanúja, hogy azok türk elemek jelzői lehetnek a honfoglaló génállományban. Szép példája ennek a sokszínűségnek a három karosi temető vizsgálata, mert úgy tűnik, hogy a Karos I, Karos II, Karos III temető három különböző eredetű népességet takar. Jelentős eltérés mutatkozik a Karos III és a Karos I temető kelet-ázsiai eredetű haplocsoportjai tekintetében. A B haplocsoport csak Karos III temetőben fordul elő, ott viszont az a domináns kelet-ázsiai elem és az egyetlen másik kelet-ázsiai haplocsoport az A haplocsoport. Karos I-ben pedig a domináns kelet-ázsiai eredetű haplocsoport a D haplocsoport, amelyet az Y haplocsoport egészít ki. Talán a Karos II temetőben feldolgozott nagyobb mintaszám is közrejátszik abban, hogy ott viszonylag kiegyenlített a különböző kelet-ázsiai eredetű haplocsoportok előfordulása, de az A, a B és az Y haplocsoport így is teljesen hiányzik ebből a temetőből.

Azaz tökéletesen hihető a rendelkezésre álló – Karos I és Karos III esetében nem túl nagy elemszámú – adat alapján, hogy a három karosi temető három különböző népességet takar. Természetesen elképzelhető, hogy a mintaszámok növekedésével konvergálnának egymáshoz a három karosi temető genetikai jellemzői. Különösen a Karos I és Karos II temető között nem tudjuk ezt a lehetőséget kizárni, mert a Karos I temetőből kinyert kicsi mintaszám ellenére is azt valószínűsítjük, hogy Karos I temető egyénei legalábbis részben a Volga-Urál vidékről érkeztek. Az azonban elgondolkoztató, hogy Karos II és Karos III temetők haplocsoport-eloszlása értelmezhető struktúrát mutat, és azok eltérnek – legalábbis a kelet-ázsiai eredetű haplocsoportok tekintetében.

A három temető közül valóban egyedül a legnépesebben, a Karos II-ben merül föl, hogy abban ősi ugor elemek jelen lennének, de azok aránya a rendelkezésre álló felbontás

elégtelen volta (csak haplocsoport adatokat publikáltak Karos II-ben) miatt egyelőre nem becsülhető meg. Modellünk szerint ugyanis a C, G, H, T, J, K és U4 haplocsoportok esetén merül föl, hogy része lehetett az ősi ugor közösségeknek és ezek mind megtalálhatók Karos II-ben, és ezek a haplocsoportok jelen vannak Karos II-ben. Említésre méltó, hogy az anyai vonalú C haplocsoport – modellünk szerint a legfontosabb anyai vonalú ugor migrációs marker – előfordul a Felső-Tisza-vidéki, Szeged környéki és sárréti honfoglaló temetőkből, és ezeken a területeken a potenciális ugor migrációs marker, az N3a-L1034 a mai magyar népességben is kimutatható.

### Összefoglalás

Eredményeinket úgy foglalhatjuk össze, hogy két biológia alapú tudomány, a több évtizedes múltra tekintő embertani és a tudományok világában újoncnak számító DNS alapú populációgenetikai kutatások számos tekintetben megerősítik egymást. Mind a két tudományág úgy látja, hogy a honfoglaló magyarok eredete sokszínű demográfiai szárla bomlik, amely között az ugor, iráni és törökös elemek egyaránt megtalálhatók. Paradox módon úgy tűnik filogenetikai elemzésünk alapján, hogy a korai székelyekben kevesebb lehetett a törökös elem, mint a honfoglalókban. És míg a mai székelyek inkább az Urál vidéki őshaza északnyugati, addig a honfoglalók az Urál-vidéki őshaza központi és délkeleti területein élő récents mintákkal mutatnak közelebbi párhuzamot. Illetve úgy tűnik, hogy a korai magyar és székely génállományt több hullámban fontos genetikai impulzusok érthették a Bajkál-tó és a Jenyiszej folyó vidékéről. Eredményeink összhangban vannak továbbá azokkal a régészeti észrevételekkel is, amelyek az Urál-vidéken maradt magyar, a bronzkori Baraba-sztyeppén pedig ugor jelenléttel számolnak.

Természetesen a matematikai alapú modellezésnek meg vannak a maga korlátai a populációgenetikán belül. Azaz további és alaposabb elemzésekre van szükség a kutatás reménybeli folytatásakor. Az is világos, hogy még a legegyszerűbb genetikai kapcsolatok sem fordíthatók át automatikusan a hagyományos értelemben vett történelmi folyamatokká. Számos módszertani kérdés merül föl ugyanis a DNS alapú filogenetikai kutatások történettudományokban való alkalmazhatóságát illetően. Tehát további kutatások feladata, hogy a jelen dolgozatban megfogalmazott észrevételeket pontosítsák, megerősítsék, kiegészítsék vagy éppen megcáfolják.

\* \* \*

**Köszönetnyilvánítás:** Köszönettel tartozunk Richard Willemsnek, Kristiina Tambetsnek és Ene Meatspalunak az Estonian Biocentre (Tartu, Észtország) kutatóinak adatbázisunk bővítéséért, elsősorban a kutatásunk szempontjából kritikus Volga-Urál vidéki adatokkal. Köszönettel tartozunk még Benczúr Andrásnak (MTA SZTAKI Adatbányászat és Webkeresés Kutatócsoport) és Varga Dánielnek (MTA Rényi Matematikai Kutató Intézet) az adatbányászati módszerek kiválasztásában, megvalósításában és finomításában adott útmutatásaikért. Köszönjük továbbá Türk Attilának és Mende Balázsnak kutatási projektünk szakmai támogatását.

### Irodalom

Alfonso-Sánchez, M.A., Martínez-Bouzas, C., Castro, A., Pena, J.A., Fernández-Fernández, I., Herrera, R.J., de Pancorbo, M.M. (2006): Sequence polymorphisms of the mtDNA control region in a human isolate: The Georgians from Swantia. *Journal of Human Genetics*, 51(5): 429–439. DOI: [10.1007/s10038-006-0381-x](https://doi.org/10.1007/s10038-006-0381-x)

- Allentoft, M.E., Sikora, M., Sjögren, K.G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P.B., Schroeder, H., Ahlström, T., Vinner, L., Malaspinas, A.S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Aron, J., Della Casa, P., Dąbrowski, P., Duffy, P.R., Ebel, A.V., Epimakhov, A., Frei, K., Furmanek, M., Gralak, T., Gromov, A., Gronkiewicz, S., Grupe, G., Hajdu, T., Jarysz, R., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kiss, V., Kolar, J., Kriiska, A., Lasak, I., Longhi, C., McGlynn, G., Merkevicius, A., Merkyte, I., Metspalu, M., Mkrtychyan, R., Moiseyev, V., Paja, L., Pálfi, G., Pokutta, D., Pospieszny, L., Price, T.D., Saag, L., Sablin, M., Shishlina, N., Smrcka, V., Soenov, V.I., Szeverényi, V., Tóth, G., Trifanova, S.V., Varul, L., Vicze, M., Yepiskoposyan, L., Zhitenev, V., Orlando, L., Sicheeritz-Ponten, T., Brunak, S., Nielsen, R., Kristiansen, K., Willerslev, E. (2015): Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522(7555): 167–172. DOI: [10.1038/nature14507](https://doi.org/10.1038/nature14507)
- Alvarez-Iglesias, V., Mosquera-Miguel, A., Cerezo, M., Quintáns, B., Zarrabeitia, M.T., Cuscó, I., Lareu, M.V., García, O., Pérez-Jurado, L., Carracedo, A., Salas, A. (2009): New population and phylogenetic features of the internal variation within mitochondrial DNA macro-haplogroup R0. *PLoS One*, 4(4): e5112. DOI: [10.1371/journal.pone.0005112](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005112)
- Al-Zahery, N., Pala, M., Battaglia, V., Grugni, V., Hamod, M.A., Hooshar Kashani, B., Olivieri, A., Torrioni, A., Santachiara-Benerecetti, A.S., Semino, O. (2011): In search of the genetic footprints of Sumerians: a survey of Y-chromosome and mtDNA variation in the Marsh Arabs of Iraq. *BMC Evolutionary Biology*, 11: 288. DOI: [10.1186/1471-2148-11-288](https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-288)
- Al-Zahery, N., Semino, O., Benuzzi, G., Magri, C., Passarino, G., Torrioni, A., Santachiara-Benerecetti, A.S. (2003): Y-chromosome and mtDNA polymorphisms in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 28(3): 458–472. DOI: [10.1016/S1055-7903\(03\)00039-3](https://doi.org/10.1016/S1055-7903(03)00039-3)
- Amar, S., Shamir, A., Ovadia, O., Blanaru, M., Reshef, A., Kremer, I., Rietschel, M., Schulze, T.G., Maier, W., Belmaker, R.H., Epstein, R.P., Agam, G., Mishmar, D. (2007): Mitochondrial DNA HV lineage increases the susceptibility to schizophrenia among Israeli Arabs. *Schizophrenia Research*, 94(1–3): 354–358. DOI: [10.1016/j.schres.2007.04.020](https://doi.org/10.1016/j.schres.2007.04.020)
- Balanovsky, O., Gurianov, V., Zaporozhchenko, V., Balaganskaya, O., Urasin, V., Zhabagin, M., Grugni, V., Canada, R., Al-Zahery, N., Raveane, A., Wen, S-Q., Yan, S., Wang, X., Zalloua, P., Marafi, A., Koshel, S., Tyler-Smith, C., Balanovska, E. (2017): Phylogeography of human Y-chromosome haplogroup Q3-L275 from an academic/citizen science collaboration. *BMC Evolutionary Biology*, (Suppl 1): 18–32. DOI: [10.1186/s12862-016-0870-2](https://doi.org/10.1186/s12862-016-0870-2)
- Bartucz, L. (1928): A honfoglaló magyarok fajisága. *Magyar Szemle*, 2.
- Bereczki, Zs., Molnár, E., Marcsik, A., Pálfi, Gy. (2015) Rare types of trephination from Hungary shed new light on possible cross-cultural connections in the Carpathian Basin. *International Journal of Osteoarchaeology*, 25: 322–333. DOI: [10.1002/oa.2304](https://doi.org/10.1002/oa.2304)
- Bermisheva, M.A., Tambets, K., Villems, R., Khusnutdinova, E.K. (2002): Diversity of mitochondrial DNA haplogroups in ethnic Populations of the Volga–Ural Region. *Molecular Biology*, 36(6): 802–812.
- Bernert, Zs., Évinger, S., Fóthi, E. (2006): New symbolic trephination cases from Hungary. *Annales Historico-Naturales Musei Nationalis Hungarici*, 98: 177–183.
- Bogácsi-Szabó, E., Csányi, B., Tömöry, G., Blazsó, P., Csósz, A., Kiss, D., Langó, P., Köhler, K., Raskó, I. (2008): Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén. *Magyar Tudomány*, 169: 1204–1216.
- Brandstätter, A., Egyed, B., Zimmermann, B., Duftner, N., Padar, Z., Parson, W. (2007): Migration rates and genetic structure of two Hungarian ethnic groups in Transylvania, Romania. *Annals of Human Genetics*, 71(6): 791–803. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2007.00371.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00371.x)
- Comas, D., Calafell, F., Mateu, E., Pérez-Lezaun, A., Bosch, E., Martínez-Arias, R., Clarimon, J., Facchini, F., Fiori, G., Luiselli, D., Pettener, D., Bertranpetit, J. (1998): Trading genes along the silk road: mtDNA sequences and the origin of central Asian populations. *American Journal of Human Genetics*, 63(6): 1824–1838.

- Csáky, V., Stégmár, B., Türk, A., Mende, B.G., Egyed, B., Szécsényi-Nagy, A. (2017): New data on the genetic origin of early Hungarians, and its comparison with archaeological, linguistic and historical sources. *Abstracts of 23rd Annual Meeting of the European Association of Archaeologists*. pp. 437.
- Csász, A., Szécsényi-Nagy, A., Csákyová, V., Langó, P., Bódis, V., Köhler, K., Tömöry, G., Nagy, M., Mende, B.G. (2016): Maternal genetic ancestry and legacy of 10th century AD Hungarians. *Scientific Reports*, 16(6): 33446. DOI: [10.1038/srep33446](https://doi.org/10.1038/srep33446)
- Crubézy, E., Amory, S., Keyser, C., Bouakaze, C., Bodner, M., Gibert, M., Röck, A., Parson, W., Alexeev, A., Ludes, B. (2010): Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA. *BMC Evolutionary Biology*, 10: 25. DOI: [10.1186/1471-2148-10-25](https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-25)
- Delghandi, M., Utsi, E., Krauss, S. (1998): Saami mitochondrial DNA reveals deep maternal lineage clusters. *Human Heredity*, 48(2): 108–114. DOI: [10.1159/000022789](https://doi.org/10.1159/000022789)
- Derbeneva, O.A., Starikovskaia, E.B., Volodko, N.V., Wallace, D.C., Sukernik, R.I. (2000): Mitochondrial DNA variation in Kets and Nganasans and the early peoples of Northern Eurasia. *Genetika*, 38(11): 1554–1560.
- Derbeneva, O.A., Sukernik, R.I., Volodko, N.V., Hosseini, S.H., Lott, M.T., Wallace, D.C. (2002): Analysis of mitochondrial DNA diversity in the Aleuts of the Commander Islands and its implications for the genetic history of Beringia. *American Journal of Human Genetics*, 71(2): 415–421. DOI: [10.1086/341720](https://doi.org/10.1086/341720)
- Derenko, M., Malyarchuk, B., Grzybowski, T., Denisova, G., Dambueva, I., Perkova, M., Dorzhu, C., Luzina, F., Lee, H.K., Vanecek, T., Villems, R., Zakharov, I. (2007): Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in northern Asian populations. *American Journal of Human Genetics*, 81(5): 1025–1041. DOI: [10.1086/522933](https://doi.org/10.1086/522933)
- Derenko, M.V., Grzybowski, T., Malyarchuk, B.A., Dambueva, I.K., Denisova, G.A., Czarny, J., Dorzhu, C.M., Kakpakov, V.T., Miščicka-Sliwka, D., Zakharov, I.A. (2003): Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia. *Annals of Human Genetics*, 67(5): 391–411.
- Dimo-Simonin, N., Grange, F., Taroni, F., Brandt-Casadevall, C., Mangin, P. (2000): Forensic evaluation of mtDNA in a population from south west Switzerland. *International Journal of Legal Medicine*, 113(2): 89–97. DOI: [10.1007/PL00007715](https://doi.org/10.1007/PL00007715)
- Éry, K. (1978): Regionális különbségek a magyarság X. századi embertani anyagában. *Anthropologiai Közlemények*, 22: 77–86.
- Éry, K. (1987/88): Újabb jelképes trepanációk a Volga vidékéről. *Anthropologiai Közlemények*, 31: 115–120.
- Fedorova, S.A., Bermisheva, M.A., Villems, R., Maksimova, N.R., Khusnutdinova, E.K. (2003): Analysis of mitochondrial DNA haplotypes in Yakut population. *Molecular Biology*, 37(4): 643–653.
- Finnila, S., Lehtonen, M.S., Majamaa, K. (2001): Phylogenetic network for European mtDNA. *American Journal of Human Genetics*, 68(6): 1475–1484. DOI: [10.1086/320591](https://doi.org/10.1086/320591)
- Fóthi, E., Bernert, Zs., Hajdu, T., Kóvári, I. (2012): Középkori embertani leletek a Székelyföldön. In: Benkő, E. (Szerk.) *A középkori székelyföld*. MTA BTK Régészeti Intézet, Budapest. p. 473–662.
- Gokcumen, O., Dulik, M.C., Pai, A.A., Zhadanov, S.I., Rubinstein, S., Osipova, L.P., Andreenkov, O.V., Tabikhanova, L.E., Gubina, M.A., Schurr, T.G. (2008): Genetic Variation in the Enigmatic Altaian Kazakhs of South-Central Russia: Insights into Turkic Population History. *American Journal of Physical Anthropology*, 136(3): 278–293. DOI: [10.1002/ajpa.20802](https://doi.org/10.1002/ajpa.20802)
- Goltsova, T.V., Osipova, L.P., Zhadanov, S.I., Villems, R. (2005): The effect of marriage migration on the genetic structure of the Taimyr Nganasan population: genealogical analysis inferred from MtDNA markers. *Genetika*, 41(7): 954–965.
- González, A.M., Karadsheh, N., Maca-Meyer, N., Flores, C., Cabrera, V.M., Larruga, J.M. (2008): Mitochondrial DNA variation in Jordanians and their genetic relationship to other Middle East populations. *Annals of Human Biology*, 35(2): 212–231. DOI: [10.1080/03014460801946538](https://doi.org/10.1080/03014460801946538)

- González-Ruiz, M., Santos, C., Jordana, X., Simón, M., Lalueza-Fox, C., Gigli, E., Aluja, M.P., Malgosa, A. (2012): Tracing the origin of the east-west population admixture in the Altai region (Central Asia). *PLoS One*, 7(11): e48904. DOI: [10.1371/journal.pone.0048904](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048904)
- Gulya, J. (1977): Megjegyzések az ugor őshaza és az ugor nyelvek szétválása kérdéséről. Bartha, A., Czeglédy, K., Róna, T-A. (Szerk.) *Magyar őstörténeti tanulmányok*. Akadémiai Kiadó, Budapest. pp. 115–123.
- Haber, M., Youhanna, S.C., Balanovsky, O., Saade, S., Martínez-Cruz, B., Ghassibe-Sabbagh, M., Shasha, N., Osman, R., El Bayeh, H., Koshel, S., Zaporozhchenko, V., Balanovska, E., Soria-Hernanz, D.F., Platt, D.E., Zalloua, P.A. (2011): mtDNA Lineages Reveal Coronary Artery Disease-Associated Structures in the Lebanese Population. *Annals of Human Genetics*, kötet: 76 1-8 oldal. 20. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2011.00682.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2011.00682.x)
- Harmatta, J. (1997): Iráni nyelvek hatása az ősmagyar nyelvre. In: Kovács, L., Veszprémy, L. (Szerk.) *Honfoglalás és nyelvészet*. Balassi Kiadó, Budapest. pp. 71–83.
- Ilumae, A.M., Reidla, M., Chukhryaeva, M., Järve, M., Post, H., Karmin, M., Saag, L., Agdzhoyan, A., Kushniarevich, A., Litvinov, S., Ekomasova, N., Tambets, K., Metspalu, E., Khusainova, R., Yunusbayev, B., Khusnutdinova, E.K., Osipova, L.P., Fedorova, S., Utevska, O., Koshel, S., Balanovska, E., Behar, D.M., Balanovsky, O., Kivisild, T., Underhill, P.A., Villems, R., Rootsi, S. (2016): Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *American Journal of Human Genetics*, 99(1): 163–173. DOI: [10.1016/j.ajhg.2016.05.025](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025)
- Irwin, J.A., Ikramov, A., Saunier, J., Bodner, M., Amory, S., Röck, A., O'Callaghan, J., Nuritdinov, A., Atakhodjaev, S., Mukhamedov, R., Parson, W., Parsons, T.J. (2010): The mtDNA composition of Uzbekistan: a microcosm of Central Asian patterns. *International Journal of Legal Medicine*, 124(3): 195–204. DOI: [10.1007/s00414-009-0406-z](https://doi.org/10.1007/s00414-009-0406-z)
- Janhunen, J. (2014): A legkeletibb uráliak. In: Csúcs, S. (Szerk.) *Finnugor Világ*. Reguly Társaság, Solymár.
- Jeran, N., Havas, A.D., Grahovac, B., Kapović, M., Metspalu, E., Villems, R., Rudan, P. (2009): Mitochondrial DNA heritage of Cres Islanders – example of Croatian genetic outliers. *Collegium Anthropologicum*, 33(4): 1323–1328.
- Keyser-Tracqui, Ch., Crubézy, E., Ludes, B. (2003): Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2,000-Year-Old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *American Journal of Human Genetics*, 73: 247–260. DOI: [10.1086/377005](https://doi.org/10.1086/377005)
- Kong, Q.P., Yao, Y.G., Liu, M., Shen, S.P., Chen, C., Zhu, C.L., Palanichamy, M.G., Zhang, Y.P. (2003): Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China. *Human Genetics*, 113(5): 391–405. DOI: [10.1007/s00439-003-1004-7](https://doi.org/10.1007/s00439-003-1004-7)
- Koryakova, L., Epimakhov, A. (2007). *The Urals and Western Siberia in the Bronze and Iron Ages*. Cambridge University Press, Cambridge. p. 338.
- Kralovánszky, A. (1966): Antropológiai adatok a honfoglalók sámánhitéhez. *Anthropologiai Közlemények*, 10: 91–98.
- Lappalainen, T., Laitinen, V., Salmela, E., Andersen, P., Huoponen, K., Savontaus, M.L., Lahermo, P. (2008): Migration Waves to the Baltic Sea Region. *Annals of Human Genetics*, 72(3): 337–348. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x)
- Lehocky, I., Baldovic, M., Kádasi, L., Metspalu, E. (2008): A database of mitochondrial DNA hypervariable regions I and II sequences of individuals from Slovakia. *Forensic Science International: Genetics*, 2(4): e53–59. DOI: [10.1016/j.fsigen.2007.12.008](https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.12.008)
- Lipták, P. (1959): Embertan és történeti embertan. *Anthropologiai Közlemények*, 3(3–4): 111–120.
- Lipták, P. (1970): A magyarság ethnogenezisének paleoantropológiája. Doktori értekezés tézisei. *Anthropologiai Közlemények*, 14: 85–94.
- Lipták, P. (1983): *Avars and Ancient Hungarians*. Akadémiai Kiadó, Budapest. pp. 207.
- Lutz, S., Weisser, H.J., Heizmann, J., Pollak, S. (1998): Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany. *International Journal of Legal Medicine*, 111(2): 67–77. DOI: [10.1007/s004140050117](https://doi.org/10.1007/s004140050117)

- Macaulay, V., Richards, M., Hickey, E., Vega, E., Cruciani, F., Guida, V., Scozzari, R., Bonn -Tamir, B., Sykes, B., Torroni, A. (1999): The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *American Journal of Human Genetics*, 64(1): 232–249. DOI: [10.1086/302204](https://doi.org/10.1086/302204)
- Malyarchuk, B.A., Derenko, M.V. (2001): Mitochondrial DNA variability in Russians and Ukrainians. *Annals of Human Genetics*, 65(1): 63–78.
- Malyarchuk, B.A., Grzybowski, T., Derenko, M.V., Czarny, J., Woźniak, M., Miścicka-Sliwka, D. (2002): Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Annals of Human Genetics*, 66(4): 261–283. DOI: [10.1017/S0003480002001161](https://doi.org/10.1017/S0003480002001161)
- Malyarchuk, B.A., Perkova, M.A., Derenko, M.V., Vanecek, T., Lazur, J., Gomolcak, P. (2008): Mitochondrial DNA Variability in Slovaks, with Application to the Roma Origin. *Annals of Human Genetics*, 72(2): 228–240. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2007.00410.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00410.x)
- Marjalaki, K.L. (1987): Gondolatok a magyar n p eredet r l. T rt neti tanulm nyok. *Miskolc V rost rt neti K zlem nyek*, 1: 89–124.
- Meinila, M., Finnila, S., Majamaa, K. (2001): Evidence for mtDNA admixture between the Finns and the Saami. *Human Heredity*, 52(3): 160–170. DOI: [10.1159/000053372](https://doi.org/10.1159/000053372)
- Metspalu, M., Kivisild, T., Metspalu, E., Parik, J., Hudjashov, G., Kaldma, K., Serk, P., Karmin, M., Behar, D.M., Gilbert, M.T., Papiha, S.S., Skorecki, K., Villems, R. (2004): Most of the extant mtDNA boundaries in south and southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans. *BMC Genetics*, 31(5): 26–31. DOI: [10.1186/1471-2156-6-41](https://doi.org/10.1186/1471-2156-6-41)
- Mielnik-Sikorska, M., Daca, P., Malyarchuk, B., Derenko, M., Skonieczna, K., Perkova, M., Dobosz, T., Grzybowski, T. (2013): The History of Slavs Inferred from Complete Mitochondrial Genome Sequences. *PLoS ONE*, 8(1): e54360. DOI: [10.1371/journal.pone.0054360](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054360)
- Molodin, I., Pilipenko, A.S., Romaschenko, A.G., Zhuravlev, A.A., Trapezov, R.O., Chikisheva, T.A., Pozdnyakov, D.V. (2012): Human migrations in the southern region of the West Siberian Plain during the Bronze Age. In: Kaiser, E., Burger, J., Schier, W. (Eds) *Population Dynamics in Prehistory and Early History*. pp. 92–102. DOI: [10.1515/9783110266306](https://doi.org/10.1515/9783110266306)
- Mooder, K. (2006): Population affinities of Neolithic Siberians. *American Journal of Physical Anthropology*, 129(3): 349–361. DOI: [10.1002/ajpa.20247](https://doi.org/10.1002/ajpa.20247)
- Naumova, O.Y., Rychkov, S.Y., Morozova, I.Y., Hayat, S.S., Semikov, A.V., Zhukova, O.V. (2008) Mitochondrial DNA diversity in Siberian Tatars of the Tobol-Irtysh basin. *Russian Journal of Genetics*, 44: 215–226. DOI: [10.1134/S1022795408020154](https://doi.org/10.1134/S1022795408020154)
- N meth, E., Feh r, T., Pamjav, H. (2016): Apai lesz rmaz si vonalak (a magyar  s a manysi n pess g  sszehasonlításának p ldáj n). In: Cs ji, K. (Szerk.) *Genetika  s  st rt net*. Napk t Kiad , Budapest. pp. 162–172.
- N meth, E., Feh r, T., Pamjav, H. (2016b): Anyai lesz rmaz si vonalak (az ugor nyelvi k zss g lesz rmazottainak p ldáj n). In: Cs ji, K. (Szerk.) *Genetika  s  st rt net*. Napk t Kiad , Budapest. pp. 173–210.
- Nepar czki, E. (2017): *A honfoglal k genetikai sz rmaz s nak  s rokons gi viszonyainak vizsgálata archeogenetikai m dszerekkel*. PhD disszert ci . Szegedi Tudom nyegyetem, Term szettudom nyai  s Informatikai Kar, Genetikai Tansz k, Szeged.
- Pakendorf, B., Novgorodov, I., Osakovskij, V., Danilova, A., Protodjakonov, A., Stoneking, M. (2006): Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia. *Human Genetics*, 120(3): 334–353.
- Pakendorf, B., Wiebe, V., Tarskaia, L.A., Spitsyn, V.A., Soodyall, H., Rodewald, A., Stoneking, M. (2003): Mitochondrial DNA evidence for admixed origins of central Siberian populations. *American Journal Physical Anthropology*, 120(3): 211–224.
- Pilipenko, A.S., Romaschenko, A.G., Molodin, V.I., Parzinger, H., Kobzev, V.F. (2010): Mitochondrial DNA studies of the Pazyryk people (4th to 3rd centuries BC) from northwestern. *Mongolia Archaeological and Anthropological Sciences*, 2(4): 231–236.
- Pimenoff, V.N., Comas, D., Palo, J.U., Vershubsky, G., Sajantila, A. (2008): Northwest Siberian Khanty and Mansi in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. *European Journal of Human Genetics*, 16(10): 1254–1264. DOI: [10.1038/ejhg.2008.101](https://doi.org/10.1038/ejhg.2008.101)

- Prokopenko D, Hecker J, Silverman EK, Pagano M, Nöthen MM, Dina C, Lange C, Fier C. (2016) Utilizing the Jaccard index to reveal population stratification in sequencing data: a simulation study and an application to the 1000 Genomes Project. *Bioinformatics*, 32(9): 1366–1372. DOI: [10.1093/bioinformatics/btv752](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv752)
- Pshenichnov, A., Balanovsky, O., Utevska, O., Metspalu, E., Zaporozhchenko, V., Chumosov, M., Atramentova, L., Balanovska, E. (2013): Genetic affinities of Ukrainians from the maternal perspective. *American Journal Physical Anthropology*, 152(4): 543–550. DOI: [10.1002/ajpa.22371](https://doi.org/10.1002/ajpa.22371)
- Puzyrev, V.P., Stepanov, V.A., Golubenko, M.V., Puzyrev, K.V., Maksimova, N.R., Kharkov, V.N., Spiridonova, M.G., Nogovitsyna, A.N. (2003): MtDNA and Y-chromosome lineages in the Yakut population. *Genetika*, 39(7): 975–981.
- Rubicz, R. (2007): *Evolutionary consequences of recently founded Aleut communities in the Commander and Pribilof Islands*. PhD thesis. <http://kuscholarworks.ku.edu/dspace/handle/1808/4055>
- Rubicz, R., Schurr, T.G., Babb, P.L., Crawford, M.H. (2003): Mitochondrial DNA variation and the origins of the Aleuts. *Human Biology*, 75(6): 809–835. DOI: [10.1353/hub.2004.0009](https://doi.org/10.1353/hub.2004.0009)
- Quintana-Murci, L., Chaix, R., Wells, R.S., Behar, D.M., Sayar, H., Scozzari, R., Rengo, C., Al-Zahery, N., Semino, O., Santachiara-Benerecetti, A.S., Coppa, A., Ayub, Q., Mohyuddin, A., Tyler-Smith, C., Qasim Mehdi, S., Torroni, A., McElreavey, K. (2004): Where west meets east: the complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian corridor. *American Journal of Human Genetics*, 74(5): 827–845.
- Ricaut, F.X., Keyser-Tracqui, C., Bourgeois, J., Crubézy, E., Ludes, B. (2004): Genetic analysis of a Scytho-Siberian skeleton and its implications for ancient Central Asian migrations. *Human Biology*, 76(1): 109–125.
- Richard, C., Pennarun, E., Kivisild, T., Tambets, K., Tolk, H.V., Metspalu, E., Reidla, M., Chevalier, S., Giraudet, S., Lauc, L.B., Pericic, M., Rudan, P., Claustres, M., Journal, H., Dorval, I., Müller, C., Villems, R., Chaventré, A., Moisan, J.P. (2007): An mtDNA perspective of French genetic variation. *Annals of Human Biology*, 34(1): 68–79.
- Richards, M., Côte-Real, H., Forster, P., Macaulay, V., Wilkinson-Herbots, H., Demaine, A., Papiha, S., Hedges, R., Bandelt, H.J., Sykes, B. (1996): Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *American Journal of Human Genetics*, 59(1): 185–203.
- Richards, M., Macaulay, V., Hickey, E., Vega, E., Guida, V., Rengo, C., Sellitto, D., Cruciani, F., Kivisild, T., Villems, R., Thomas, M., Rychkov, Y., Gölge, M., Dimitrov, D., Hill, E., Bradley, D., Romano, V., Cali, F., Vona, G., Demaine, A., Papiha, S., Triantaphyllidis, C., Stefanescu, G., Hatina, J., Belledi, M., Di Rienzo, A., Novelletto, A., Oppenheim, A., Nørby, S., Al-Zaheri, N., Santachiara-Benerecetti, S., Scozzari, R., Torroni, A., Bandelt, H.J. (2000): Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *American Journal of Human Genetics*, 67(5): 1251–1276. DOI: [10.1016/S0002-9297\(07\)62954-1](https://doi.org/10.1016/S0002-9297(07)62954-1)
- Sajantila, A., Lahermo, P., Anttinen, T., Lukka, M., Sistonen, P., Savontaus, M.L., Aula, P., Beckman, L., Tranebjaerg, L., Gedde-Dahl, T., Issel-Tarver, L., DiRienzo, A., Pääbo, S. (1995): Genes and languages in Europe: an analysis of mitochondrial lineages. *Genome Research*, 5(1): 42–52. DOI: [10.1101/gr.5.1.42](https://doi.org/10.1101/gr.5.1.42)
- Sarkassian, C., Balanovsky, O., Brandt, G., Khartanovich, V., Buzhilova, A., Koshel, S., Zaporozhchenko, V., Gronenborn, D., Moiseyev, V., Kolpakov, E., Shumkin, V., Alt, K.W., Balanovska, E., Cooper, A., Haak, W. (2013): Ancient DNA reveals prehistoric gene-flow from Siberia in the complex human population history of North East Europe. *Plos Genetics*, 9(2): e1003296. DOI: [10.1371/journal.pgen.1003296](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003296)
- Schurr, T.G., Sukernik, R.I., Starikovskaya, Y.B., Wallace, D.C. (1999): Mitochondrial DNA variation in Koryaks and Itelmen: population replacement in the Okhotsk Sea-Bering Sea region during the Neolithic. *American Journal of Physical Anthropology*, 108(1): 1–39. DOI: [10.1002/\(SICI\)1096-8644\(199901\)108:1<1::AID-AJPA1>3.0.CO;2-1](https://doi.org/10.1002/(SICI)1096-8644(199901)108:1<1::AID-AJPA1>3.0.CO;2-1)
- Shields, G.F., Schmiechen, A.M., Frazier, B.L., Redd, A., Voevoda, M.I., Reed, J.K., Ward, R.H. (1993): mtDNA sequences suggest a recent evolutionary divergence for Beringian and northern North American populations. *American Journal of Human Genetics*, 53(3): 549–562.



- Shimada, M.K., Kim, C.G., Takahashi, A., Spitsyn, V.A., Ikeya, K., Gojobori, T., Saitou, N. (2002): Mitochondrial DNA control region sequences for a Buryats population in Russia. In: Ishida, H. (Ed.) *DNA Polymorphism Tokyo*. TOYO Shoten CO. Ltd, Tokyo, Japan. pp. 151–155.
- Shlush, L.I., Behar, D.M., Yudkovsky, G., Templeton, A., Hadid, Y., Basis, F., Hammer, M., Itzkovitz, S., Skorecki, K. (2008): The Druze: a population genetic refugium of the Near East. *PLoS One*, 3(5): e2105. DOI: [10.1371/journal.pone.0002105](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002105)
- Starikovskaya, E.B., Sukernik, R.I., Derbeneva, O.A., Volodko, N.V., Ruiz-Pesini, E., Torroni, A., Brown, M.D., Lott, M.T., Hosseini, S.H., Huoponen, K., Wallace, D.C. (2005): Mitochondrial DNA diversity in indigenous populations of the southern extent of Siberia, and the origins of Native American haplogroups. *Annals of Human Genetics*, 69(1): 67–89. DOI: [10.1046/j.1529-8817.2003.00127.x](https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2003.00127.x)
- Tagliabracci, A., Turchi, C., Buscemi, L., Sassaroli, C. (2001): Polymorphism of the mitochondrial DNA control region in Italians. *International Journal of Legal Medicine*, 114(4–5): 224–228. DOI: [10.1007/s004140000168](https://doi.org/10.1007/s004140000168)
- Tajima, A., Hayami, M., Tokunaga, K., Juji, T., Matsuo, M., Marzuki, S., Omoto, K., Horai, S. (2004): Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *Journal of Human Genetics*, 49(4): 187–193. DOI: [10.1007/s10038-004-0131-x](https://doi.org/10.1007/s10038-004-0131-x)
- Tan, P.N., Steinbach, M., Kumar, V. (2006): *Introduction to data mining*. Addison-Wesley, Minnesota, USA.
- Thoma, A. (1987): Mit mond ma az antropológia. In: Dombosy, I. (Szerk.) *Gondolatok a magyar nép eredetéről. Történeti tanulmányok. Miskolc Várostartörténeti Közlemények, 1*: 89–124.
- Tolk, H.V., Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic, B., Campbell, H., Rudan, I., Kivisild, T., Rudan, P. (2001): The evidence of mtDNA haplogroup F in a European population and its ethnohistoric implications. *European Journal of Human Genetics*, 9(9): 717–723.
- Torroni, A., Achilli, A., Macaulay, V., Richards, M., Bandelt, H.J. (2006): Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. *Trends in Genetics*, 22: 339–345. DOI: [10.1016/j.tig.2006.04.001](https://doi.org/10.1016/j.tig.2006.04.001)
- Tóth, T. (1965): A honfoglaló magyarság ethnogenezisének problémája. *Anthropologiai Közlemények*, 9: 139–149.
- Tömöry, G., Csányi, B., Bogácsi-Szabó, E., Kalmár, T., Czibula, A., Csoz, A., Priskin, K., Mende, B., Langó, P., Downes, C.S., Raskó, I. (2007): Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134(3): 354–368. DOI: [10.1002/ajpa.20677](https://doi.org/10.1002/ajpa.20677)
- Türk, A. (2014): Uelgi in: A honfoglalók viselete. In: Sudár, B., Petkes, Zs. (Szerk.) *Magyar őstörténet I*. Helikon Kiadó, Budapest.
- van Oven, M., Kayser, M. (2009): Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 30(2): E386–E394. DOI: [10.1002/humu.20921](https://doi.org/10.1002/humu.20921)
- Vernesi, C., Di Benedetto, G., Caramelli, D., Secchieri, E., Simoni, L., Katti, E., Malaspina, P., Novelletto, A., Marin, V.T., Barbujani, G. (2001): Genetic characterization of the body attributed to the evangelist Luke. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 98(23): 13460–13463. DOI: [10.1073/pnas.211540498](https://doi.org/10.1073/pnas.211540498)
- Volodko, N.V., Starikovskaya, E.B., Mazunin, I.O., Eltsov, N.P., Naidenko, P.V., Wallace, D.C., Sukernik, R.I. (2008): Mitochondrial genome diversity in arctic Siberians, with particular reference to the evolutionary history of Beringia and Pleistocenic peopling of the Americas. *American Journal of Human Genetics*, 82(5): 1084–1100. DOI: [10.1016/j.ajhg.2008.03.019](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2008.03.019)
- Yao, Y.G., Kong, Q.P., Bandelt, H.J., Kivisild, T., Zhang, Y.P. (2002a): Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *American Journal of Human Genetics*, 70(3): 635–651. DOI: [10.1086/338999](https://doi.org/10.1086/338999)
- Yao, Y.G., Kong, Q.P., Man, X.Y., Bandelt, H.J., Zhang, Y.P. (2003): Reconstructing the evolutionary history of China: a caveat about inferences drawn from ancient DNA. *Molecular Biology and Evolution*, 20(2): 214–219. DOI: [10.1093/molbev/msg026](https://doi.org/10.1093/molbev/msg026)

- Yao, Y.G., Kong, Q.P., Wang, C.Y., Zhu, C.L., Zhang, Y.P. (2004): Different matrilineal contributions to genetic structure of ethnic groups in the silk road region in china. *Molecular Biology and Evolution*, 21(12): 2265–2280. DOI: [10.1093/molbev/msh238](https://doi.org/10.1093/molbev/msh238)
- Yao, Y.G., Nie, L., Harpending, H., Fu, Y.X., Yuan, Z.G., Zhang, Y.P. (2002b): Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity. *American Journal of Physical Anthropology*, 118(1): 63–76. DOI: [10.1002/ajpa.10052](https://doi.org/10.1002/ajpa.10052)
- Yao, Y.G., Lü, X.M., Luo, H.R., Li, W.H., Zhang, Y.P. (2000): Gene admixture in the silk road region of China: evidence from mtDNA and melanocortin 1 receptor polymorphism. *Genes and Genetic Systems*, 75(4): 173–178. DOI: [10.1266/ggs.75.173](https://doi.org/10.1266/ggs.75.173)
- Yunusbayev, B. Metspalu, M., Metspalu, E., Valeev, A., Litvinov, S., Valiev, R., Akhmetova, V., Balanovska, E., Balanovsky, O., Turdikulova, S. (2015): The Genetic Legacy of the Expansion of Turkic-Speaking Nomads across Eurasia. *PLoS Genetics*, 11: 4. DOI: [10.1371/journal.pgen.1005068](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005068)
- Zsirai, M. (1937): *Finnugor rokonságunk*. Trezor Kiadó, Budapest. pp. 587.

A tanulmányhoz tartozó mellékletek a folyóirat honlapján az Elektronikus Függelék társban találhatóak ([http://www.mbt-biologia.hu/gen/pro/mod/let/let\\_fajl\\_kiiras\\_lista.php?i\\_faj\\_konyvtar\\_azo=287](http://www.mbt-biologia.hu/gen/pro/mod/let/let_fajl_kiiras_lista.php?i_faj_konyvtar_azo=287)). – The appendices of the article can be found on the website of the journal in the Electronic Storage of Supplementary Materials ([http://www.mbt-biologia.hu/gen/pro/mod/let/let\\_fajl\\_kiiras\\_lista.php?i\\_faj\\_konyvtar\\_azo=287](http://www.mbt-biologia.hu/gen/pro/mod/let/let_fajl_kiiras_lista.php?i_faj_konyvtar_azo=287)).

1. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció Jaccard távolságai. – *Appendix 1*. The Jaccard distances of the studied 168 Eurasian populations.
2. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – A haplotípusok. – *Appendix 2*. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – A haplotypes.
3. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – B haplotípusok. – *Appendix 3*. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – B haplotypes.
4. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – C haplotípusok. – *Appendix 4*. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – C haplotypes.
5. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – F haplotípusok. – *Appendix 5*. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – F haplotypes.
6. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – G haplotípusok. – *Appendix 6*. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – G haplotypes.
7. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció Jaccard távolságai – U7 haplotípusok. – *Appendix 7*. The Jaccard distances of the studied 168 Eurasian populations – U7 haplotypes.

Levelezési cím: Németh Endre  
 Mailing address: AB Consulting Zrt.  
 Petzvál József utca 56.  
 H-1119 Budapest  
 Hungary  
 andre.nemeth@gmail.com