

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

A X-XI. SZÁZADI KÁRPÁT- MEDENCEI KÖZNÉP ANYAI VONALAINAK JELLEMZÉSE ARCHEOGENETIKAI MÓDSZEREKKEL

KIVONAT: A honfoglaló magyarok nomád csoportjai meghatározó szerepet játszottak a magyar őstörténetben, de genetikai adatok csak a bevándorló elit rétegből állnak rendelkezésre. A X-XI. századi Kárpát-medencei maradványok nagy része a köznéphez tartozik, akiknek származása és a bevándorló elithez való viszonya széles körben vitatott. A mitogenom-szekvenciákat 202 egyedből nyertük ki újgenerációs szekvenálás és hibridizációs dúsítás kombinációjával. A filogenetikai vizsgálatokhoz Median-Joining Network-elemzést használtunk. A köznépi populációt 87 ősi eurázsiai populációval hasonlítottuk össze szekvenciaalapú (Fst) és haplocsoport-alapú populációgenetikai módszerekkel. A köznép haplocsoport-összetétele markánsan eltér az elitétől, és az ellittel ellentétben a köznép európai populációkkal csoportosult. Emellett a megfigyelhető alhaplocsoport-megoszlás az elit és a köznép közötti keveredést jelzi. A X-XI. századi köznép többsége nagy valószínűséggel a Kárpát-medence ősi helyi la-

kosságát képviseli, amely keveredett a keleti eredetű bevándorló csoportokkal (akik között voltak honfoglaló magyarok is).

KULCSSZAVAK: régészeti genetika, archaikus DNS, mitogenom, filogenetika, populációgenetika

Bevezetés

A magyarság történelmét meghatározták a honfoglaló magyarok, akik a IX. század végén hét törzs szövetségként a kelet-európai sztyeppéről érkeztek a Kárpát-medencébe. A szövetség vezetői, Álmos és fia, Árpád az Avar Kagánátus^{1, 2} hamvain sztyepei államot hoztak létre, majd leszármazottjaik megalapították a Magyar Királyságot. A honfoglalók régészeti hagyatéka jól körülhatárolható, különösen a X. századi katonai vezetői rétegek kis temetőiben, amelyek sírleleteiben nemesfém ékszerek és ruhadíszek, valamint lovagláshoz és fegyverekhez kapcsolódó díszített tárgyak is voltak.³ A köznépnek tulajdonított nagyobb temetők többsége valamivel későbbre, a X-XII. századra datálható. Ezekben az úgynevezett falusi temetőkben egyszerűbb ékszerekkel és sírtárgyakkal temették el az embereket, a fegyverek vagy hámtartozékok szórányosan jelentek csak meg. Általános egyetértés van abban, hogy a tipikus sírmellékletekkel ellátott elit sírok első vagy második generációs bevándorló hódítókat képviselnek, de a falusi temetőkben élők hovatartozása már kevésbé egyértelmű. 50 éven keresztül azonosították őket a helyi szláv nép Bijelo Brdo kultúrájával, mígnem 1962-ben felismerték a bevándorló honfoglalókkal való kapcsolatukat.⁴ Azonban az, hogy ez a köznépi réteg mennyire azonosítható a bevándorló honfoglalókkal, szemben a korábbi helyi lakossággal, még nem

1 Róna-Tas 1999.

2 Szabados 2019.

3 Hampel 1907.

4 Szőke 1967.

tisztázott. A kérdésre adott válasz nagymértékben meghatározza a honfoglalás és az azt követő Kárpát-medencei események történeti értelmezését, a genetikai adatok pedig hozzájárulhatnak a kérdés tisztázásához.

Eddig a legtöbb genetikai vizsgálat az elit sírokra irányult, mivel ezek választ ígértek a bevándorló csoportok eredetére. Az egyik ilyen tanulmányban főként a X. századi elit sírokat vizsgálták,⁵ 76 egyént választottak ki 23 temetőből. A hipervariábilis régió (HVR) szekvenciáiból azonosított anyai leszármazási vonalak 23%-a kelet-eurázsiai, 77%-a pedig nyugat-eurázsiai eredetű volt. Egy másik tanulmányban,⁶ amely az elit temetők teljes csoportjának jellemzésére irányult, 102 teljes mitogénomot szekvenáltak meg, amelyek 30%-a közép-belső-ázsiai anyai felmenőkkel rendelkezett, míg a fennmaradó leszármazási vonalak többsége Nyugat-Euráziából származott. Az Y-kromoszomális vizsgálatok⁷ azt találták, hogy a férfi vonalak filogeográfiai összetétele hasonló a nőkéhez. Minden ezzel foglalkozó tanulmány egybevágó eredményt adott, ez pedig azt mutatja, hogy a honfoglaló elit populáció valószínűleg a pontusi sztyeppén alakulhatott ki, ázsiai és európai csoportok keveredéséből.

Ezek az eredmények felvetik a következő kérdést: A köznép genetikailag hasonló volt-e az elithez, és ha igen, lehet-e egy és ugyanaz a népesség, vagy a szegényebb rétegek származása eltérő volt? Ezzel a kérdéssel foglalkozott az első HVR-alapú tanulmány,⁸ amelyben 15 temetőből 27 kiválasztott sírt csoportosítottak a sírmellékletek típusa szerint, és megállapították, hogy a „klasszikus” sírmellékletekkel rendelkező egyének nagyobb arányban hordoznak kelet-eurázsiai anyai haplocsoportokat, mint a szegényesebb régészeti maradványokkal rendelkező csoport. Ez a következtetés azonban kis mintaszámú, alacsony felbontású HVR-vizsgálaton alapult, ugyanis a köznépi populáció reprezentatív adatkészlettel történő szisztematikus jellemzését még nem végezték el.

Ennek tisztázása érdekében átfogó vizsgálatot tűztünk ki a témában. Kiválasztottunk nyolc, régészetileg a X-XI. századi köznéphez tartozó temetőt,

5 Csősz et al. 2016.

6 Neparáczki et al. 2018.

7 Neparáczki et al. 2019.

8 Tömöry et al. 2007.

amelyekből 202 teljes mitogenom-szekvenciát határoztunk meg. Filogenetikai analízist végeztünk a vizsgált maradványok anyai alhaplocsoport-eredetének megvilágítására. Összehasonlítottuk a köznépi és az elit populáció mitokondriális haplocsoport-összetételét, hogy kiderítsük genetikai rokonságukat, és különböző populációgenetikai módszereket alkalmaztunk a köznép más ősi eurázsiai populációkkal való kapcsolatának tisztázására. Ehhez egy átfogó adatbázist is építettünk az archaikus eurázsiai populációkból, amely tartalmazza az összes rendelkezésre álló publikált mitogenomadatot.

Anyagok és módszerek

Mintaválasztás

Szemben a magyar honfoglaló elitet reprezentáló, jellegzetes sírmellékletekkel rendelkező X. századi kis temetőkkel,⁹ a régészek a X-XI. századi nagy, szegényes sírokat, melyek az elitre jellemző mellékleteket csak elvétele tartalmaznak, a magyar köznéphez tartozónak határozták meg. Vizsgálatunkhoz tíz köznépi réteghez köthető régészeti lelőhelyről (1. ábra) összesen 229 emberi maradványból vettünk sziklacsontot, vagy ahol ezek nem voltak elérhetők, fogakat. Törekedtünk a reprezentatív mintavételre, így a temetők minden részéből választottunk sírokat, beleértve a sírmelléklettel rendelkező és melléklet nélküli férfiakat és nőket, valamint minden antropológiai típust. Az egyes temetőkből begyűjtött, feldolgozott és elemzett minták számát az 1. táblázat foglalja össze.

A legnagyobb X. századi köznépi temetőt, melyben nagy arányban fordultak elő íjászfelszerelést és kengyelt tartalmazó sírok, Sárrétudvari–Hízóföldön¹⁰ tárták fel. Erről a helyről 31 mitogenomot nyertünk ki, és további 8 szekvenciát adtunk hozzá korábbi vizsgálatunkból.^{11,12}

9 Neparáczi et al. 2017a.

10 Nepper 2002.

11 Neparáczi et al. 2018.

12 Neparáczi et al. 2017b.

A közeli Püspökladány–Eperjesvölgyben¹³ található egy másik nagy köznépi temető 637 sírral. Ez a temető tartalmaz egy „pogány” és egy „keresztény” részt. A temető mindkét részéből vettünk mintát, és összesen 31 mitogénomot határoztunk meg.

A 269 síros ibrány–esbó-halmi köznemesi temető szintén a keresztény korba nyúlik vissza.¹⁴ Erről a lelőhelyről 32 maradványt elemeztünk, és 26 mitogénomot határoztunk meg.

A régészek által a „honfoglalás kori köznép tipikus temetőjeként” emlegetett, a Duna–Tisza közén feltárt 206 síros Homokmégy–Székes-temetőből¹⁵ 36 maradványt tanulmányoztunk, melyből 34 egyén mitogénomját sikerült meghatározni.

A vizsgált temetők közül a Magyarhomorog–Kónyadomb¹⁶ kivételes eset, régészetiileg két részre osztható: egy 17 egyénből álló kis szakaszt feltehetően a X. századi honfoglaló elit használt, míg az 523 sírt tartalmazó nagyobb feltehetően a X-XI. századi köznép. Az elit részből 14, a köznépi részből 25 mintát szekvenáltunk.

A dunántúli régióból a Vörs–Papkert B temetőt vontuk be vizsgálatunkba,¹⁷ melynek 716 feltárt temetője nagyrészt késő avar és Karoling-korból származik, azonban 33 egyén a honfoglalás korára tehető. A temető megszakítatlan használata felveti annak lehetőségét, hogy az egymást követő időszakok ugyanazt a lakosságot képviselik, így minden korszakból mintát vettünk a sírokból az 1. táblázat szerint.

Végül kiegészítettük a mintakészletünket 13 egyénnel, akik a nagytarcsahomokbányai, a szegvár–oromdűlői és a szegvár–szőlőkaljai köznépi temetők-ből származtak. Mind a 13 minta szegény vagy régészeti mellékletekkel nem rendelkező sírokból származott.

13 Nepper 2002.

14 Istvánovics 2003.

15 Gallina et al. 2016.

16 Kovács 2019, 3.

17 Költő 1996.

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

1. táblázat. A vizsgált mintaszámok összegzése az egyes temetőkből

Mintavétel, feldolgozás, elemzés

A mintavétel sziklacsontból vagy fogból történt. Az elporított csontból kivontuk a DNS-t, melyből ezután Illumina szekvenáló rendszerrel kompatibilis újgenerációs könyvtárakat építettünk. A DNS-molekulák két végét minden mintánál egyedi indexkombinációkkal láttuk el, hogy az összevont szekvenálás után bioinformatikai módszerekkel el tudjuk egymástól különíteni az egyéneket. Először alacsony lefedettségű *shotgun* szekvenálással megbecsültük a minták endogén (humán) DNS-tartalmát, majd a közel azonos endogéntartalmú mintákat csoportosítva hibridizációval mitogenom-dúsítást végeztünk. Ezután új generációs szekvenálással meghatároztuk az egyes minták mitokondriális DNS-ének teljes szekvenciáját, majd megállapítottuk az egyénre jellemző haplotípust és haplocsoportot. Összesen 202 egyén anyai vonalát tudtuk meghatározni, melyeket 154 haplocsoportba soroltunk be.

Ahhoz, hogy az egyes haplocsoportok filogenetikai és filogeográfiai kapcsolatait elemezni tudjuk, létrehoztunk egy mai eurázsiai populációk mitogenom-szekvenciáit, valamint az ismert archaikus mintogenomokat tartalmazó adatbázist. Ezután meghatároztuk az összes szekvencia haplocsoportját, és ezek szerint rendeztük őket, majd kiválasztottuk a szekvenciák azon részalmazait, amelyek megfelelnek az egyes honfoglaláskori köznép haplocsoportjainak. A kiválasztott szekvencia-részalmazok genetikai hálózatait ezután egy program segítségével vizualizáltuk, így lehetőségünk nyílt az egyes egyének filogenetikai elemzésére. A köznépi egyénekhez legközelebb eső szekvenciák földrajzi származási helyét az adatbázisból, valamint a szakirodalomból visszakerestük, így fényt derítve a mintáink filogeográfiai eredetére is.

Három független módszert alkalmaztunk a honfoglaló köznép más ősi populációktól való genetikai távolságának mérésére. Az első elemzésben az összes minta haplocsoportját főhaplocsoportokra redukáltuk. A részleges adatvesztés ellenére ez a módszer alkalmas arra, hogy a főbb összefüggéseket megjelenítsük. Ezután kiszámítottuk a főhaplocsoport-frekvenciákat, és főkomponens-analízist (PCA) végeztünk. A populációk kapcsolatrendszerét kétdimenziós térben vizualizáltuk.

Egy másik megközelítésben hagyományos szekvenciaalapú módszert használtunk, és a teljes mitokondriális DNS-genomokból a páronkénti populáció-

differenciálódási értékeket (Fst) számítottuk ki. A linearizált Slatkin Fst-értékek mátrixán többdimenziós skálázást (*Multidimensional scaling* – MDS) alkalmaztunk, és az értékeket a kétdimenziós térben jelenítettük meg.

A harmadik megközelítésben a megosztott haplocsoporttávolság-értékeket (*Shared Haplogroup Distance* – SHD) mértük a populációk között, amely kiszámítja a populációk közötti azonos terminális alhaplocsoportok (a legmélyebben meghatározott haplocsoportszint) gyakoriságát, mivel ezek a közös alhaplocsoportok azonos származásról vagy múltbeli keveredésről tanúskodnak.

Eredmények

Szekvenálási eredmények

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

Rokonsági vizsgálat

Megvizsgáltuk a temetők közötti és a temetőkön belüli lehetséges rokoni kapcsolatokat. A temetőkön belül 10 pár azonos mitokondriális haplotípust, a temetők között pedig 4 párat mutattunk ki (2. táblázat), ez ezeknek az egyéneknek az esetleges közvetlen anyai rokonságára utalhat, de nem feltétlenül jelent szoros vagy közeli családi kapcsolatot.

Identikus mtDNS haplocsoporttal rendelkező egyének

H	MHper50	szomszédos sírok, 51 felnőtt nő, 50 sub-adult lány
	MHper51	
H1aj	SHper102	távoli sírok, 41 felnőtt férfi, 102 juvenis nő
	SHper41	
H1u2	HMSZper50	
	IBEper39	
H3	SHper258	szomszédos sírok, 259 felnőtt férfi, 258 juvenis férfi
	SHper259	
H47a	VPBper118	nem túl távoli sírok, 122 fiatal felnőtt férfi, 118 fiatal felnőtt nő
	VPBper122A	
H5e1a	IBEper194	
	VPBper57	
J1c2j	HMSZper143	távoli sírok, 33 mongolid felnőtt férfi, 143 europid felnőtt nő.
	HMSZper33	
N1a1a1a1a	HMSZper35	szomszédos sírok, fiatal férfiak
	MHper4	
	MHper5	
U4a2	HMSZper231	szomszédos sírok, 231 idős férfi, 232 felnőtt férfi
	HMSZper232	
	PLEper205	
U5a1a1h	PLEper441	szomszédos sírok, 442 felnőtt férfi, 441 fiatal férfi.
	PLEper442	
V7a	HMSZper241	távoli sírok, 41 felnőtt férfi, 241 felnőtt férfi.
	HMSZper41	
W3a1	SHper199	nagyon távoli sírok, 199 sub-adult férfi, 233 fiatal felnőtt nő
	SHper233	

2. táblázat. Azonos mtDNS-szekvenciákat tartalmazó minták listája

Filogenetikai elemzés

Mivel egyes mitokondriális alhaplocsoportok sajátos földrajzi eloszlással rendelkezhetnek,^{18,19} az egyes mitogenom-szekvenciák filogenetikai kapcsolatait Median-Joining-hálózatok segítségével tisztáztuk. A legközelebbi szekvencia-

18 Derenko et al. 2014.

19 Kivisild et al. 2015.

egyezések a legtöbb esetben egy jól körülhatárolható földrajzi régióra mutatnak, ezt a 2. ábrán foglaltuk össze.

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

Az egyes temetők haplocsoport-összetétele

A 34 vizsgált homokmégyszékesi minta 30 féle haplocsoportba tartozott (3. táblázat). Ami a leszármazást illeti, 47,1%-uk európai, 14,7%-uk kelet-eurázsiai eredetű, míg 38,2%-uk általános eurázsiai elterjedést mutatott (2B. ábra).

A püspökladány–eperjesvölgyi temetőből 31 maradványt elemeztünk. Az anyai leszármazást 28 haplocsoportba soroltuk be (3. táblázat). 54,8%-uk nyugat-eurázsiai, 19,4%-a kelet-eurázsiai és 12,9%-a eurázsiai származású, míg 12,9%-uk kaukázusi–közel-keleti affinitást mutatott (2C ábra).

A Sárrétudvari–Hízóföld-temetőből származó 31 egyén újonnan közölt mitogenomjai 26 haplocsoporthoz tartoztak (3. táblázat). Egy korábbi tanulmányban nyolc egyén mitokondriális származását határozták meg ebből a temetőből.²⁰ Ezeket az adatokat összevonva a leszármazások 59%-a nyugat-eurázsiai, 10,3%-a kelet-eurázsiai, 28,2%-a eurázsiai és 2,6%-a kaukázusi–közel-keleti anyai felmenőkkel rendelkezett (2D. ábra).

Az ibrány–esbóhalmi temetőt 26 minta képviselte, amelyeket 26 különböző haplocsoportba soroltunk (3. táblázat). Az anyai leszármazási ágak 46,2%-a Európából, 7,7%-a Kelet-Euráziából, 19,2%-a a Kaukázus–Közel-Kelet régióból, míg 26,9%-a Euráziából származott (2E. ábra).

A Magyarhomorog–Kónyadomb elit részéből származó 17 maradványból 14 mitogenomot szekvenáltunk, amelyek haplocsoport-összetétele nagyon hasonló volt a korábban vizsgált elit temetőkéhez.²¹ A leszármazási vonalak 35,7%-a kelet-eurázsiai, 42,9%-a európai és 21,4%-a eurázsiai eredetű. Az N1a-

20 Neparáczi et al. 2018.

21 Neparáczi et al. 2018.

1a1a1a és T1a1 magas gyakorisága, valamint az N1a1a1a1 és D4 előfordulása ebben a kis temetőben nagyon hasonlóná teszi a karosi és kenézlii elit temetőkhöz,²² alátámasztva a régészeti értékelést, így azokat az adatokat beépítettük az elit adatkészletbe.

Magyarhomorog XI-XII. századi köznépi részéből 25 mintát szekvenáltunk, amelyek 22 mitokondriális haplocsoporthoz tartoztak (3. táblázat), és kiegészítettük egy korábban publikált, erről a lelőhelyről származó mintával.²³ A 26 minta 61,5%-a nyugat-eurázsiai, 34,6%-a eurázsiai, 3,8%-a pedig Kaukázus–Közel-Kelet affinitású (2F. ábra). Így a genetikai adatok is alátámasztották azt a hipotézist, hogy a nagy temető egy elkülöníthető népességet képvisel.

Különleges eset a vörs–papkerti temető, amelyet évszázadokon át az egymást követő avarok, Karolingok és honfoglalók csoportjai használták. Az ebből a temetőből származó teljes 28 minta együttes értékelése (2G. ábra) nagyon hasonló összképet mutatott, mint a többi köznépi temetőé, 25 haplocsoporttal, amelynek 67,9%-a nyugat-eurázsiai eredetű, 7,1%-a kelet-eurázsiai, 21,4%-uk eurázsiai eredetű, 3,6%-uk pedig Kaukázus–Közel-Kelet affinitású. A H-haplocsoport uralta ezt a temetőt, mivel a 28 maradványból 16 ebbe a haplocsoportba tartozott, történelmi időszaktól függetlenül. Az ázsiai hatás gyenge jeleként a vizsgált köznépi egyének közül egyetlen D4e4-haplocsoport, az avar kori minták között pedig egyetlen A16-haplocsoport volt kimutatható. A populációgenetikai elemzéshez az avar és Karoling mintákat eltávolítottuk az adathalmazból.

Megvizsgáltunk néhány más köztemetőből származó egyént is: 4 darab nagytarcsa–homokbányai, 4 darab szegvár–oromdűlői és 5 darab szegvár–szőlőkaljai mintát, melyek elemzése során az európaiakon kívül két kelet-eurázsiai leszármazást találtunk (3. táblázat).

A lelőhelyenkénti átlagos 30 minta gyengén reprezentálja az egyes temetőket, de az összesített 182 köznépi maradvány a populációgenetikai elemzés szempontjából reprezentatívnak tekinthető.

22 Szőke B. 1967.

23 Neparáczki et al. 2018.

Temető	Minta laboratóriumi azonosítója	Haplocsoport (HaploGrep)
Homokmégy-Székes	HMSZper103	U4c1
	HMSZper118	T2e
	HMSZper125	U8b1a1
	HMSZper132	U4b1a3a
	HMSZper143	J1c2j
	HMSZper157	U3a1b
	HMSZper208	U4a1a
	HMSZper215	U5a1d2b
	HMSZper221	H6a1b
	HMSZper229	H5
	HMSZper231	U4a2
	HMSZper232	U4a2
	HMSZper241	V7a
	HMSZper245	T2e
	HMSZper273	U3b2a
	HMSZper274	H+16291
	HMSZper32	D4m2a
	HMSZper33	J1c2j
	HMSZper34	U5a2a1
	HMSZper35	N1a1a1a1a
	HMSZper36	N1a1a1a1a
	HMSZper38	D4I2
	HMSZper41	V7a
	HMSZper43	U5a1c2a1
	HMSZper49	H5a1
	HMSZper5	K1a1b1
	HMSZper50	H1u2
	HMSZper53	K1a1a
	HMSZper72	H1c
	HMSZper86	H5b
	HMSZper88	C5b1a
	HMSZper92	U8b1b1
	HMSZper93	U8a1a1
HMSZper95	U2e1b1	

Ibrány-Esbóhalom	IBEper106	HV1a1a
	IBEper107	I5a2+16086
	IBEper135	U5b1b1a
	IBEper154	K2b2
	IBEper161	V7a
	IBEper176	H6a1a
	IBEper192	T2e7
	IBEper194	H5e1a
	IBEper199	H5a
	IBEper20	H3h
	IBEper206	N1b1a3
	IBEper207	H1b
	IBEper208	U4a
	IBEper249	H13a2c1
	IBEper262	H10a
	IBEper264	U1a1a+16129
	IBEper267	T1a1b
	IBEper38	C4a2a1
	IBEper139	H1u2
	IBEper54	I
	IBEper55	H5a1n
	IBEper64	T1b3
	IBEper71	H1j
	IBEper79	H
	IBEper90	R1a
	IBEper94	U5b1b2

Magyarhomorog- Könyadomb	MHper1	N1a1a1a1
	MHper106	H10e
	MHper107	H11a7
	MHper11	D4h4a
	MHper13	N1b1a2
	MHper137	H11a2
	MHper14	U5b1b
	MHper15	H4a1a1a
	MHper151	T1a1
	MHper153	U5a1a1
	MHper157	H1a7
	MHper16	T1a1
	MHper17	T1a
	MHper2	V7a
	MHper207	HV4c
	MHper21	U4a1
	MHper22	H10e
	MHper23	N1a1a1a1a
	MHper26	M1b2
	MHper28	l1a1a
	MHper3	N1a1a1a1a
	MHper4	N1a1a1a1a
	MHper41	U4a2a
	MHper46	H102
	MHper47	K1a+150
	MHper5	N1a1a1a1a
	MHper50	H
	MHper51	H
	MHper56	U4a1c
	MHper58	H1c
	MHper6	H2a1
	MHper60	H3h
	MHper61	K1a4a1
	MHper66	H10e
	MHper7	H3h6
	MHper73	K1a4c1
	MHper87	l1a1a3
	MHper88	T1a4
	MHper9	T1a1

Nagytarcsa-Homokbánya	NTHper1	U5a1d2b
	NTHper19	I4a
	NTHper2	C4b
	NTHper20	T2b4a
Püspökladány-Eperjesvölgy	PLEper115	N1a1a1a1a
	PLEper13	H13a2b2
	PLEper184	U5a2a1b
	PLEper19	U5a1b1
	PLEper20	H6a1a
	PLEper200	X2f
	PLEper205	U4a2
	PLEper214	H13a2b2
	PLEper264	H1c2
	PLEper297	D5a3a1
	PLEper324	T2b+152
	PLEper327	H4a1a1a
	PLEper337	U5a2b1c
	PLEper354	U3b3
	PLEper368	U5b1b1+@16192
	PLEper384	H1q
	PLEper418	M1a1b1
	PLEper441	U5a1a1h
	PLEper442	U5a1a1h
	PLEper54	K1c1
	PLEper57	J2b1c
	PLEper84	V6
	PIEper195	H1a1
	PIEper216	C4a2c
	PIEper23	T2d2
	PIEper28	U2e1b
	PIEper38	K1a2
PIEper380	D4e4	
PIEper63	V6	
PIEper74	H13a2b2a	
PIEper95	H16a1	

Sárrétudvari-Hízóföld	SHper63	U5b1d1
	SHper84	J2a2e
	SHper110	V7a
	SHper12	U2e1
	SHper3	V13
	SHper32	H14a
	SHper41	H1aj
	SHper83	U5b2b
	SHper17	H4a1a1a
	SHper175	J2b1a
	SHper102	H1aj
	SHper182	HV15
	SHper106	W5
	SHper197	W3a1a
	SHper80	H1c
	SHper200	H11
	SHper21	D4b1
	SHper233	W3a1
	SHper245	T2b
	SHper251	U5a1a1a
	SHper259	H3
	SHper29	U5a2b
	SHper46	J2a1a1a
	SHper143	D4j+16311
	SHper53	U5a1+@16192
	SHper199	W3a1
	SHper65	H7
	SHper258	H3
SHper264	H7a1	
SHper267	D4b1	
SHper98	T2b	
Szegevár-Szőlőkalja	SZAper154	B5b4
	SZAper29	U8b1b
	SZAper44	J1c5
	SZAper52	T2c1d1
	SZAper7	H1a1c
Szegevár-Oromdűlő	SZODper376	H6b
	SZODper394	H6a1b3
	SZODper426	H6a1a4
	SZODper566	N9a9

Vörs-Papkert B	VPBper118	H47a
	VPBper122	H47a
	VPBper137	H1ak1
	VPBper167	T2b+152
	VPBper175	H48
	VPBper193	H13a2c1
	VPBper243	H4a1c1a
	VPBper264	H
	VPBper279	U2e1a1
	VPBper296	H
	VPBper31	HV10
	VPBper310	D4e4
	VPBper352	J2a2a2
	VPBper354	T2b31
	VPBper362	H10a1
	VPBper37	K1a4i
	VPBper40	H
	VPBper434	U5a1b1c2
	VPBper468	A16
	VPBper483	J1c3g
	VPBper51	U5a1d2b
	VPBper542	J1c2
	VPBper561	H17a1
	VPBper57	H5e1a
	VPBper588	U4a2
	VPBper600	H13a2b2a
VPBper620	H4a1	
VPBper661	H11a	

3. táblázat: Egyes mintákhoz tartozó haplocsoportok listája

Populációgenetikai elemzés

Először összehasonlítottuk a honfoglalás kori elit és a köznép főhaplocsoport-eloszlását (3. ábra). A két csoport főhaplocsoportok tekintetében elég heterogén (22, valamint 19 főhaplocsoport), a két csoport haplocsoport-összetétele jelentős eltéréseket mutat. A kelet-eurázsiai főhaplocsoportok aránya a köznépben 7,69%, szemben az elit 19,64%-ával. Az elit a kelet-eurázsiai haplocsoportok

széles spektrumát tartalmazza (A, B, C, D, F, G és Y), míg a köznépénél csak a C és D fordul elő jelentős gyakorisággal, egyetlen B-haplocsoport megjelenésével.

A köznép és elit populáció nyugat-eurázsiai haplocsoportjai szintén jelentős különbségeket mutatnak: HV-, I-, M-, R-, U1-, U8- és W-haplocsoportok mérsékelt gyakorisággal fordulnak elő a köznépénél, míg ezek teljesen hiányoznak az elit populációból. Három haplocsoport (N, T1 és X), amelyek jellemzően Kelet- és Nyugat-Euráziában egyaránt elterjedtek, sokkal magasabb arányt mutatnak az elitben, mint a köznépben: az N aránya 11,61% az elit populációban és 3,85% a köznépben. A T1 arányai 11,61% az elit populációban és 2,75% a köznépben, X aránya 4,46% az elit populációban és 0,55% a köznépben. Ennek az ellenkezője igaz a H és T2 esetében: a köznépi csoport körében a H a legerjedtebb haplocsoport 33,52%-os gyakorisággal, míg az elit csoportban aránya lényegesen alacsonyabb (19,64%). A T2 aránya a köznépben 6,59%, az elit populációban pedig 1,79%.

Mivel a vizsgált köznépi minták haplocsoport-összetétele jelentősen eltér az elitétől, megmértük a köznépi csoport genetikai távolságát az elitétől, valamint 87 egyéb publikált ősi eurázsiai populációtól. A 88 populáció főhaplocsoport frekvenciájából nyert PCA (4. ábra) rávilágít az elit és a köznép közötti távolságra. A köznép az európai aggregáció keleti oldalán csoportosult, a legközelebbi genetikai kapcsolatot balti bronzkori, balti vaskori, balti középkori populációkkal, valamint Bell Baker Németország és Bell Baker Nagy-Britannia bronzkori populációkkal mutatták, és nincsenek messze a sztyeppi kora-középső bronzkori (Steppe EMBA) populációktól. Ezeket a relatív távolságokat óvatosan kell értelmezni, mivel populációs adatkészletünk minden bizonnyal hiányosan reprezentálja a múlt genetikai változatosságát. Ezzel szemben a honfoglaló elit az ókori európai és ázsiai populációk között helyezkedik el, és a hozzá legközelebb eső csoportok a szarmata vaskori népesség, a Tien Shan vaskori népesség, a Karasuk késő bronzkori népesség és két, a honfoglalókkal kapcsolatba hozható csoport:²⁴ a cisz-uráli középkori populáció és az uyełgi transzuráli középkori populáció.

24 Csáky et al. 2020.

A köznép és más ősi csoportok genetikai kapcsolatának további feltárása érdekében linearizált Slatkin Fst-értékekből MDS-diagramot rajzoltunk (5. ábra). Az Fst-távolságok megerősítették, hogy a köznéphez eső legközelebbi populációk az ősi európai és közel-keleti populációk, a Pairwise Fst-mátrixban a legközelebbi csoportok az európai középkori, az anatóliai bronzkori, az izlandi középkori, a római kor előtti umbri és a római ókori egyének alkotta populáció, majd további európai bronzkori, neolitikumi és kőrézkori csoportok következnek. Ennek megfelelően ezek a csoportok az MDS-ploton egymás közelében találhatóak. Másrészt az Fst-adatok azt mutatják, hogy a köznép szignifikánsan különbözik az elittől, vagyis annak valószínűsége, hogy a két populáció azonos, nagyon alacsony.

A harmadik, általunk alkalmazott populációgenetikai módszer, az SHD hasonló eredményeket adott, de új információkat is feltárt. Ez a módszer a populációkban előforduló azonos alhaplocsoportok alapján képes megbecsülni, hogy két populáció között történt-e keveredés, vagy valamikor a múltban rendelkeztek-e közös őssel. A honfoglaló elit és köznépi csoport közötti azonos alhaplocsoportok jelenléte a két populáció közötti keveredésre utal, de a köznép más egyéb eurázsiai sztyeppi populációkkal is mutatott alhaplocsoport-egyezést.

Diszkusszió

Tanulmányunkban kísérletet tettünk a X-XI.századi Kárpát-medencében élő honfoglaló köznép genetikai karakterizálására. A 202 kinyert mitogenomból 169 köznépi, míg 14 magyarhomorogi temetőből származó minta kimutathatóan egy kis elit temetőt képvisel, amely nem kapcsolódik a szomszédos köznépi maradványokhoz. Kimutattuk, hogy az elit rétegben a kelet-eurázsiai haplocsoportok körülbelül 30%-ban vannak jelen, beleértve az olyan jellegzeteseket, mint az N1a1a1a1a-haplocsoport.

A köznépi réteg teljes haplocsoport-összetétele szignifikánsan eltér az elit rétegétől mind a kelet-, mind a nyugat-eurázsiai haplocsoportok tekintetében, ez pedig arra utal, hogy e két csoport valószínűleg eltérő eredetű. A populációgenetikai elemzés a köznépi réteget egyértelműen elsősorban európai és kö-

zel-keleti populációkkal csoportosította, elválasztva őket az elitől, ez pedig arra utal, hogy a köznépi réteg nagy részét helyben élő európai származású populációk leszármazottjai teszik ki.

A kelet-eurázsiai haplocsoportok nem elhanyagolható arányának jelenléte a köznépi populációban egyértelmű jele a keleti bevándorlókkal, feltehetően avarokkal, illetve hódítókkal való keveredésnek. Ez a hatás különbözteti meg a honfoglaló köznépi réteget a kortárs európai populációktól, valamint a modern magyaroktól, akikben a kelet-eurázsiai haplocsoportok aránya elhanyagolható. Így jelentős különbségeik ellenére a köznépi réteg bizonyos mértékig keveredett az elit réteggel.

Ezt az keveredést egyértelműen igazolja az SHD-módszer, mivel a köznépi populációnak volt a legkisebb SHD-távolsága az elit populációtól. Ez azt jelenti, hogy a vizsgált ősi populációk közül az elit populációban voltak jelen a legnagyobb arányban a köznéppel azonos alhaplocsoportok, ezt legjobban a két csoport keveredése magyarázza. A 18 megosztott haplocsoportból 4 kelet-eurázsiai eredetű, így ezek nagy valószínűséggel az elitből kerültek át a köznépbe. Különösen beszédes, hogy a leggyakoribb elit haplocsoportok (N1a1a1a1, származéka N1a1a1a1a és T1a1) számos köznépi temetőben jelen voltak. A kelet-eurázsiai N1a1a1a1 elit marker nagy valószínűséggel az Afanasievo vagy Sintashta–Tagar-kultúrából származik,^{25,26} míg az általános eurázsiai elterjedésű T1a1-haplocsoport nagy valószínűséggel mongol Chemurchek–Uyuk–Deer Stone–Khirigsuur-kultúrákból²⁷ kerülhetett a honfoglaló elitbe. A honfoglaló elit és a kora és késő bronzkori sztyeppi populációk közötti közeli SHD-távolság arra utal, hogy a köznépnél megfigyelt (4. ábra) Steppe EMBA affinitása a köznépi és elit populációk keveredésének következménye is lehet.

A megosztott alhaplocsoportok filogeográfiai eredete egy lehetséges kölcsönös génáramlást is jelez a köznépi rétegből az elitbe, mivel a közös haplocsoportjaik (H7, K1c1, T2b és V7a) némelyike Kelet-Euráziából hiányzott, de a Kárpát-medencében a neolitikum és bronzkor óta jelen volt.

25 Allentoft et al. 2015.

26 Damgaard et al. 2018.

27 Jeong et al. 2020.

A korabeli helyi lakosság a Kárpát-medence korábbi népeinek leszármazottja, és kimutatható, hogy a korábbi avar kori egyének leszármazottjai nagy számban maradtak fenn a X. századig. Az avarok egy jelentős kelet-eurázsiai haplocsoport-készletet is magukkal hoztak, amelyek megtalálhatók köznépi egyénekből, viszont hiányoznak a honfoglaló elit csoport tagjaiból (például B5b4, C4a1b, C5b1a, D4b1, D4e4, D4l2, D4m2a és D5a3a1). Ezek a haplocsoportok avar genetikai örökséget jelenthetnek.

Konklúziók

A pontosabb következtetések érdekében több vizsgálat elvégzése szükséges, beleértve a köznépi és elit temetők nagy felbontású genomelemzését. Emellett az avar kor előtti, avar kori és a későbbi, Árpád-kori populációk genomadatai teljesebb képet adnának arról, hogy a nomád vándorlások milyen mértékben járultak házzá a Kárpát-medence demográfiai történetéhez.

A teljes tanulmány elolvasható: *Genes* 2021, 12(3), 460;

DOI: <https://doi.org/10.3390/genes12030460>

FELHASZNÁLT IRODALOM

- Csáky et al. 2020.** Csáky, V. – Gerber, D. – Szeifert, B. – Egyed, B. – Stégmár, B. – Botalov, S. – Grudochko, I. – Matveeva, N. P. – Zelenkov, A. S. – Sleptsova, A. V. – Goldina R. D. – Danich, A. V. – Mende, B. G. – Türk, A. – Szécsényi-Nagy, A.: Early medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians. *Scientific Reports*, 10. (2020) Article number: 19137. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-75910-z>
- Csősz 2016.** Csősz, A. – Szécsényi-Nagy, A. – Csákyová, V. – Langó, P. – Bódis, V. – Köhler, K. – Tömöry, Gy. – Nagy, M. – Mende, B. G.: Maternal Genetic Ancestry and Legacy of 10th Century AD Hungarians. *Scientific Reports*, 6. (2016) Article number: 33446. <https://doi.org/10.1038/srep33446>
- Derenko 2014.** Derenko, M. – Malyarchuk, B. – Denisova, G. – Perkova, M. – Litvinov, A. – Grzybowski, T. – Dambueva, I. – Skonieczna, K. – Rogalla, U. – Tsybovsky, I. – Zakharov, I.: Western Eurasian ancestry in modern Siberians based on mitogenomic data. *BMC Evolutionary Biology*, 14. (2014) Article number: 217. <https://doi.org/10.1186/s12862-014-0217-9>
- Gallina-Varga 2016.** Gallina Zsolt – Varga Sándor: *A Duna-Tisza közének Honfoglalás és kora Árpád-kori temetői, sír- és kincsleletei I. A Kalocsai Sárköz a 10–11. században.* Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei 10. Magyar Nemzeti Múzeum – MTA BTK Régészeti Intézet – SZTE BTK Régészet Tanszék – Viski Károly Múzeum: Szeged, Budapest, 2016.
- Hampel 1907.** Hampel József: *Újabb tanulmányok a honfoglalási kor emlékeiről.* MTA, Budapest, 1907.
- Istvánovics 2003.** Istvánovics Eszter: *A Rétköz honfoglalás és Árpád-kori emlékhelye.* Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei, 4. Jósza András Múzeum – Magyar Nemzeti Múzeum – Magyar Tudományos Akadémia Régészeti Intézete, Nyíregyháza, 2003.
- Jeong 2020.** Jeong, Ch. – Wang, K. – Wilkin, Sh. – Taylor, W. T. T – Miller, B. K. – Stahl, R. – Chiovelli, C. – Knolle, F. – Ulziibayar, S. – Khatanbaatar, D. – Erdenbataar, D. – Erdenebat, U. – Ochir, A. – Ankhsanaa, G. – Vanchig-

dash, C. – Ochir, B. – Munkhbayar, C. – Tumen, D. – Kovalev, A. – Kradin, N. – Bazarov, B. A. – Miyagashev D. A. – Konovalov, P. B. – Zhambaltarova, E. – Miller, A. V. – Haak, W. – Schiffels, S. – Krause, J. – Boivin, N. – Erdene, M. – Hendy, J. – Warinner, C.: A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, 183. (2020), Issue 4, Pages 890-904.e29. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>

Kivisild 2015. Kivisild Toomas: Maternal ancestry and population history from whole mitochondrial genomes. *Investigative Genetics*, 6. (2015) Article number: 3. <https://doi.org/10.1186/s13323-015-0022-2>

Kovács 2019. Kovács László: *Magyarhomorog-Kónya-domb 10. századi szállási és 11-12. századi falusi temetője*. Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei, 12. Szegedi Tudományegyetem – MTA BTK Régészeti Tanszék – Magyar Nemzeti Múzeum – MARTIN OPITZ: Szeged–Budapest, 2019.

Költő–Szentpéteri 1996. Költő László – Szentpéteri József: A Vörs-Papkert “B” lelőhely VIII–XI. századi temetője. In: Költő László – Vándor László (szerk.): *Évezredek üzenete a láp világából. Régészeti kutatások a Kis-Balaton területén 1979–1992*. Somogy Megyei Múzeumok Igazgatósága – Zala Megyei Múzeumok Igazgatósága, Kaposvár–Zalaegerszeg, 1996. 115–121.

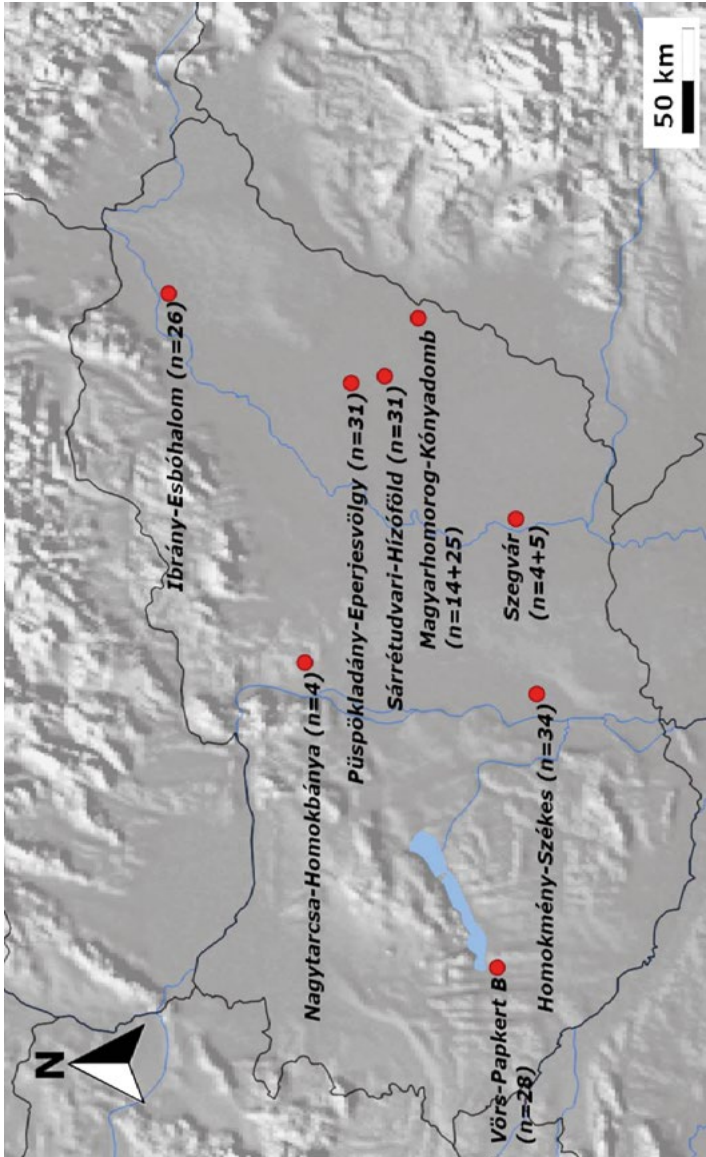
Neparáczi et al. 2017a. Neparáczi E. – Juhász Z. – Pamjav H. – Fehér T. – Csányi B. – Zink A. – Maixner F. – Pálfi Gy. – Molnár E. – Pap I. – Kustár Á. – Révész L. – Raskó I. – Török T.: Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. *Molecular Genetics and Genomics*, 292. (2017), 201–214. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1267-z>

Neparáczi et al. 2017b. Neparáczi E. – Kocsy K. – Tóth G.E. – Maróti Z. – Kalmár T. – Bihari P. – Nagy I. – Pálfi Gy. – Molnár E. – Raskó I. – Török T.: Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *PLoS ONE*, 12. (2017) e0174886. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886>

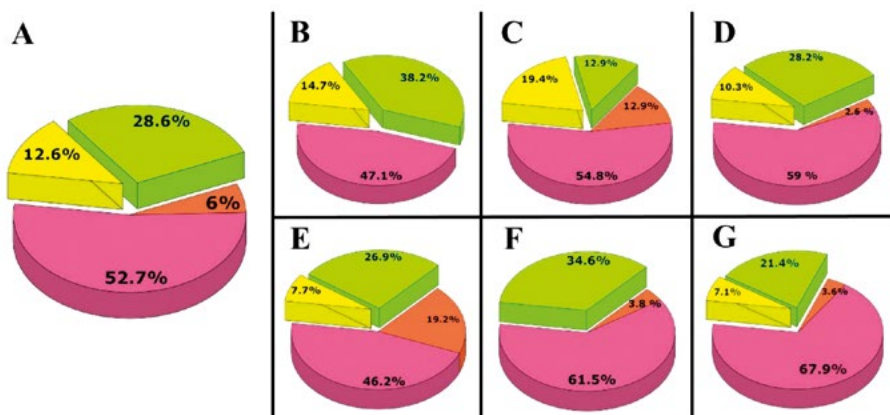
Neparáczi 2018. Neparáczi, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Kocsy, K. – Maár, K. – Bihari, P. – Nagy, I. – Fóthi, E. – Pap, I. – Kustár, Á. – Pálfi, Gy. – Raskó, I. – Zink, A. – Török, T.: Mitogenomic data indicate admixture compo-

- nents of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLoS ONE*, 13. (2018) e0205920. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- Neparáczi 2019.** Neparáczi, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Maár, K. – Nagy, I. – Latinovics, D. – Kustár, Á. – Pálfi, Gy. – Molnár, E. – Marcsik, A. – Balogh, Cs. – Lőrinczy, G. – Gál, Sz. – Tomka, P. – Kovacsóczy, B. – Kovács, L. – Raskó, I. – Török, T.: Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 9. (2019) Article number: 16569. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53105-5>
- M. Nepper 2002.** M. Nepper Ibolya: *Hajdú-Bihar megye 10–11. századi sírleletei I-II* [Magyarország honfoglalás kori és kora Árpád-kori sírleletei 3]; Déri Múzeum – Magyar Nemzeti Múzeum – Magyar Tudományos Akadémia Régészeti Intézete, Budapest–Debrecen, 2002.
- Róna-Tas 1999.** Róna-Tas András: *Hungarians and Europe in the Early Middle Ages: An Introduction to Early Hungarian History*. CEU Press, Budapest, 1999.
- Szabados 2019.** Szabados György: The origins and the transformation of the early Hungarian state. In: Miljan, S. – Simon, A. – Halász, B.É. (Eds.): *Reform and Renewal in Medieval East and Central Europe: Politics, Law and Society*. Knjižnici Hrvatske Akademije Znanosti i Umjetnosti, Zagreb, 2019. 9–30.
- Szőke 1967.** Szőke Béla: *A Honfoglaló és kora Árpád-kori magyarság régészeti emlékei. Régészeti Tanulmányok 1*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1962.
- Tömöry 2007.** Tömöry, Gy. – Csányi, B. – Bogácsi-Szabó, E. – Kalmár, T. – Czibula, Á. – Csósz, A. – Priskin, K. – Mende, B. – Langó, P. – Downes, C. S. – Raskó I.: Comparison of Maternal Lineage and Biogeographic Analyses of Ancient and Modern Hungarian Populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134. (2007) 354–368. <https://doi.org/10.1002/ajpa.20677>

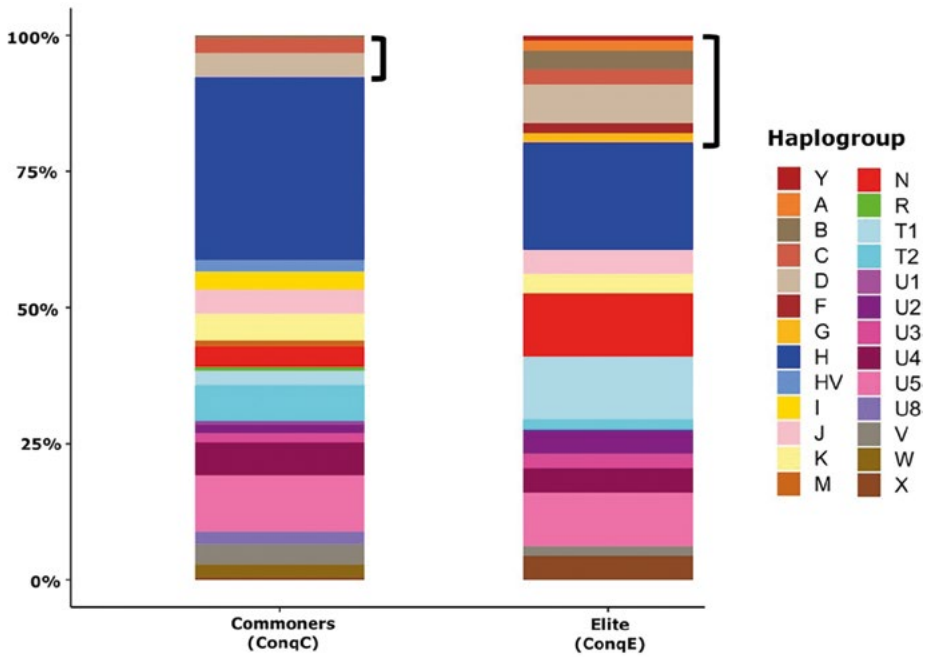
ÁBRÁK



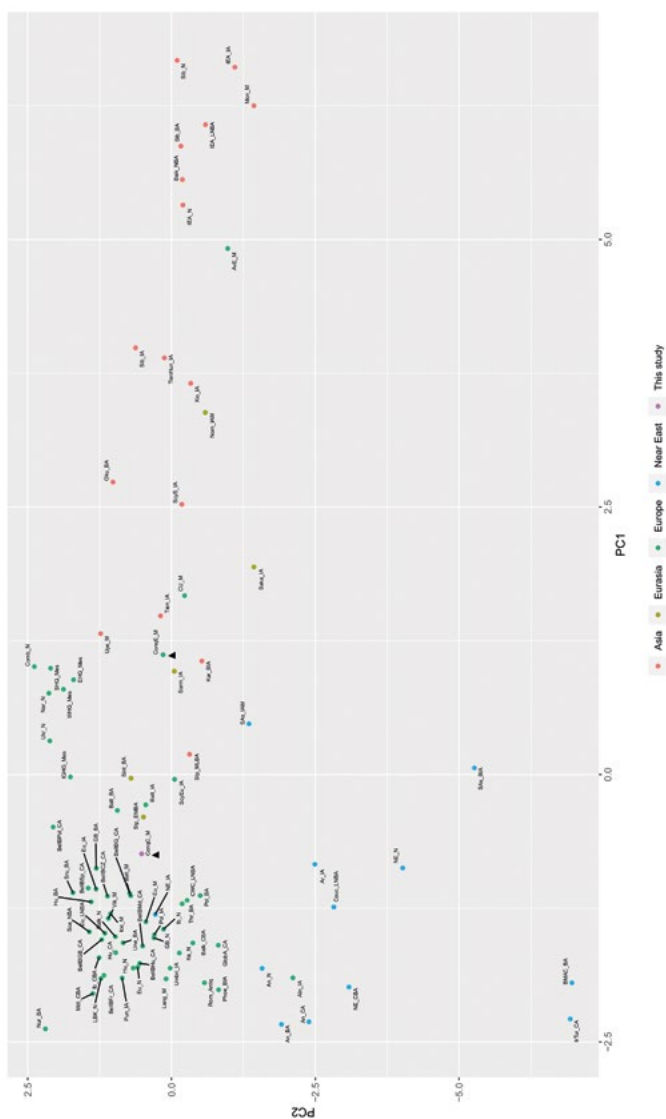
1. ábra. A vizsgált honfoglalás kori köznép (ConqC) temetőinek helyszínei. A minták száma a temető neve mellett van feltüntetve. A Magyarhomorog és Szegvár melletti két szám arra utal, hogy két egymás melletti temetőből vettünk mintát.



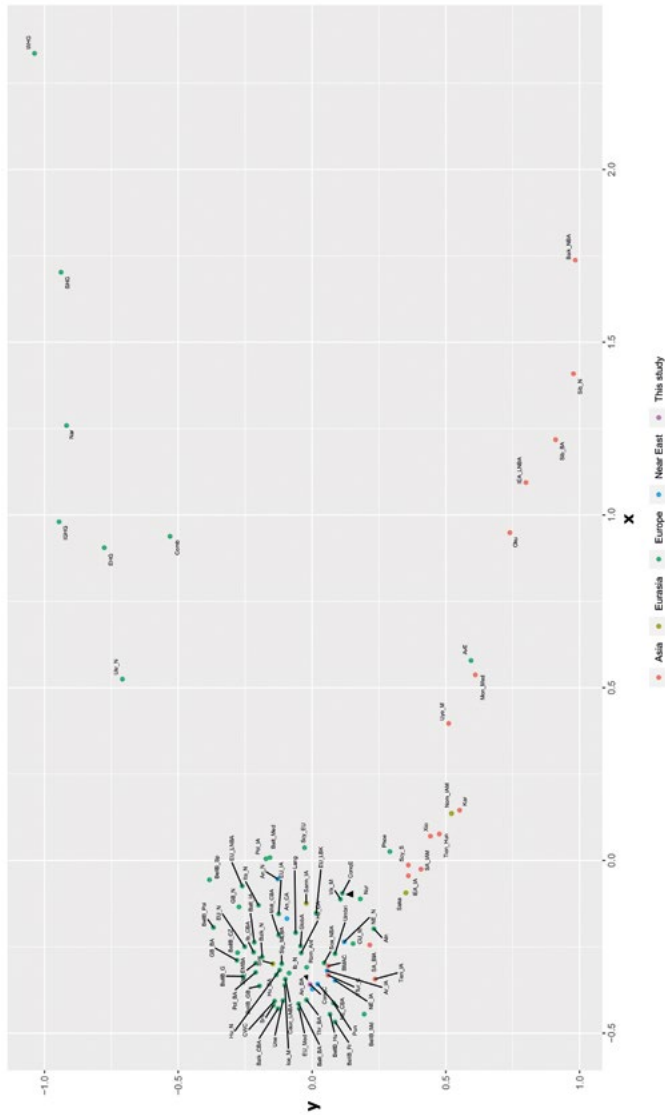
2. ábra. A honfoglaláskori köznépi anyai leszármazási vonalainak filogeográfiai eredete különböző temetőkből. A nyugat-eurázsiai haplocsoportok rózsaszínnel, a kelet-eurázsiai haplocsoportok sárgával, az eurázsiai haplocsoportok zölddel, a kaukázusi-közel-keleti haplocsoportok pedig barnával vannak jelölve.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



3. ábra. A honfoglaláskori magyarság főhaplocsoport-eloszlásának összehasonlítása. Köznépi minták: n = 182; elit minták: n = 112. A kapcsos zárójelek a kelet-eurázsiai haplocsoportokat jelölik.



4. ábra. A 88 eurázsiai populáció főhaplocsoportjainak eloszlása alapján készült főkomponens-analízis (PCA) diagramja. A színárnyalatok a feltüntetett földrajzi régiókat jelölik. A köznépi (ConqC) és az elit (ConqE) csoportokat nyílhegyek jelölik. A PC1-tengelyen balra található az európai, jobbra pedig az ázsiai populációk. A PC2-tengelyen az anatóliai–kaukázusi csoportok alulra, a vadászó-gyűjtögető csoportok pedig felülre kerültek.



5. ábra. *Multidimensional Scaling (MDS)* diagram linearizált Slatkin *F_{st}*-értékeiből. Az európai populációk a bal oldalon, az ázsiaiak pedig a jobb alsó sarokban helyezkednek el. A színárnyalatok a feltüntetett földrajzi régiókat jelölik. A köznépi (ConqC) és az elit (ConqE) populációkat nyílhegyek jelölik.

