

Fejezetek a kora középkori Kárpát-medence genetikai történetéből.

Bea Szeifert^{1,2}, Balázs Gyuris^{1,2}, Dániel Gerber^{1,2}, Veronika Csáky¹, Attila Türk^{3,4}, Béla Miklós Szőke⁵, Sándor Évinger⁶, Balázs Egyed², Balázs Gusztáv Mende¹, Anna Szécsényi-Nagy¹

¹Archeogenomikai Intézet, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Budapest, Magyarország

²Genetikai Tanszék, ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest, Magyarország

³Régészeti Tanszék, Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Budapest, Magyarország

⁴Magyar Őstörténet Témacsoport, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Budapest, Magyarország

⁵Régészeti Intézet, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Budapest, Magyarország

⁶Embentani Társaság, Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest, Magyarország

Míg a Kárpát-medence honfoglalás korának régészeti változásai intenzíven kutatottak, addig ebből a korból kevés genetikai adat áll a rendelkezésünkre. A magyarok megjelenésének hatása a régió genetikai folytonosságának vizsgálatával tanulmányozható.

Emberi csontmaradványokat vizsgáltunk ($n > 100$) a Dunántúl régészeti jól leírt 9-12. századi temetőiből (Zalavár, Himód). Ezáltal tanulmányozhatjuk a régió biológiai folytonosságának kérdéseit a honfoglalás körüli időszakban, detektálhatjuk a honfoglaló népesség genetikai hatását, valamint felderíthetjük a Volga-Urál régió magyarokhoz köthető népességével fennálló lehetséges kapcsolódásokat. Bemutatunk archaikus DNS adatokat ($n > 120$) a Kr.u. 6-14. századi Volga-Urál vidék azon temetőiből, melyek régészeti, kronológiailag és/vagy földrajzilag kapcsolódhatnak a Kárpát-medencei magyarokhoz és egymáshoz. Ez a kutatás kiegészíti korábbi eredményeinket (Csáky és munkatársai 2020), amikor a Transz- és Cisz-Urál-régióból mutattunk be a korai magyarokhoz köthető temetőkből genetikai adatokat.

Az uniparenális markerek (teljes mitokondriális genomok és Y kromoszóma STR profilok) vizsgálatából látszik, hogy a magyarsághoz köthető népesség genetikai összetétele már a Volga-Urál régióban is nagy változatosságot mutatott. Szoros filogenetikai kapcsolatokat az azonos és eltérő kultúrákat/lelőhelyeket reprezentáló egyének között is kimutattunk. Olyan uniparentális markereket azonosítottunk, amelyek összekötik a Volga-Urál régiót és a Kárpát-medencét (ezek: az anyai A12a, N1a1a, apai N1a-Z1936 haplocsoportok). A Kárpát-medencében vizsgált lelőhelyek jellegzetesen európai képet mutatnak genetikailag, de megtalálhatóak bennük olyan kelet-ázsiai elemek is, amelyek a késő avar kori folytonosságra vagy akár a bejövő honfoglalókra utalhatnak.

A teljes genom szintű vizsgálatok előzetes eredményei is hasonlóak. A vizsgált 9-12. századi Kárpát-medencei egyének hasonlóak más európai csoportok képviselőihez, kivéve néhányukat,

akik eddig még nem leírt kelet-eurázsiai genetikai jellemzőkkel bírnak. Érdekes módon egyes honfoglalás kori mintáink nagyon hasonlítanak ezekre a kivételt képező egyénekre. Eredményeink jelentős mértékben segítik a Kárpát-medencei kora középkori népesség genetikai történetének megértését, beleértve a magyarság etnogenezisét is.

Nyugat-magyarországi, bronzkori közösségek genetikai története és élete

Dániel Gerber^{1,2}, Bea Szeifert^{1,2}, Balázs Egyed², Ágnes Kustár³, Szilvia Fábíán³, Balázs Gusztáv Mende^{1,4}, Eszter Ari^{2,5,6}, Viktória Kiss⁴, Anna Szécsényi-Nagy^{1,2}

¹Archeogenomikai Intézet, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Budapest, Magyarország

²Genetikai Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem (ELTE), Budapest, Magyarország

³Magyar Nemzeti Múzeum, Budapest, Magyarország

⁴Régészeti Intézet, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Budapest, Magyarország

⁵Magyar Molekuláris Medicina Kiválósági Központ, Metabolikus Rendszerbiológia Laboratórium, Szeged, Magyarország

⁶Evolúciós Rendszerbiológiai Műhely, Biokémiai Intézet, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Szeged, Magyarország

A bronzkori Európa otthon adott számos, jól dokumentált kultúrának, melyek egymással való interakciója adta meg a mai népségek genetikai alapjait. Mindazonáltal a regionális demográfiai és genetikai folyamatok még zömében leírásra várnak.

Ebben a tanulmányban bemutatunk hús, újonnan megszekvenált egyént Balatonkeresztúr lelőhely három régészeti horizontjából (Kr.e. ~2400-1650), átlagosan 0,1x lefedettséggel, melyek mindegyike korábban kevéssé tanulmányozott régészeti kultúrákhoz tartozik.

Eredményeink alapján Kr.e. 2200 környékén az első régészeti horizontot követően egy népességcsere zajlott le, melynek során egy korábban ismeretlen, a korszakban rendkívül magas (~42%) vadászó-gyűjtögető komponenssel rendelkező csoport telepedett meg. Ez a populáció a megtelepedést követően a második és harmadik horizontban is jelen volt, ugyanakkor folyamatos, nőági keveredés figyelhető meg az idő előre haladtával, valószínűleg helyi csoportokkal. A vadászó-gyűjtögető komponens eredete feltehetően Kelet-Európába vezet, nyomaikat elszórta több populációban megtaláltuk, míg a legmarkánsabban a Baltikumban mutatható ki a jelenlétük a Kr.e. második évezred közepétől. A rokonsági kapcsolatok és az uniparentális (anyai és apai vonalat

jelentő) genetikai markerek egy patrilokális szociális struktúráról árulkodnak, mely egybevág a korszakot és régiót vizsgáló tanulmányok korábbi megfigyeléseivel.

Mindezek mellett örökletes genetikai betegségeket is vizsgáltunk egy általunk bővített, ~3800 klinikai variánst tartalmazó panel segítségével. Az eredményeink rávilágítanak különböző patogén variánsok meglétére, köztük LHON-t, Lig4 szindrómát, Coffin-Siris szindrómát és MRT53-at okozó mutációkra, ugyanakkor ezek valódiságát vagy manifesztációját az antropológiai markerek jelenlétében is körültekintéssel kell kezelni. A jövőben terveink szerint folytatjuk a patogén variánsok vizsgálatát, ezzel új lehetőségeket teremtve az archeogenetikai kutatások számára.

A Kárpát-medence genetikai térképének építése

Noémi Borbély¹, Dániel Gerber^{1,3}, Bea Szeifert^{1,3}, Horolma Pamjav², Balázs Gusztáv Mende¹, Balázs Egyed³, Anna Szécsényi-Nagy¹

¹ Archeogenomikai Intézet, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Budapest, Magyarország

²Nemzeti Szakértői Kutató Központ, Genetikai Szakértői Intézet, Referencia Mintavizsgáló Osztály, Budapest, Magyarország

³ Genetikai Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest, Magyarország

Kutatásunk célja a Kárpát-medencében a 19. század végén és a 20. század elején élt népesség genetikai struktúrájának és apai génállományának vizsgálata volt. Ennek részeként teljes mitokondriális DNS és Y-kromoszóma genotipizálást végeztünk Erdély (Románia), Drávaszög (Horvátország) és Zoboralja (Szlovákia) falvainak magyar anyanyelvű lakosságán. Feltételezésünk volt, hogy az elszigetelt falvakban élő idős mintaadók genetikai vizsgálatával és leszármazásuk alapos dokumentálásával rekonstruálhatjuk a 100-150 évvel ezelőtt élt magyarul beszélő lakosság uniparentális génállományát. A kutatás célja a regionális genetikai szerkezetben található eltérések nyomon követése, valamint megerősíteni a korábbi uniparentális genetikai vizsgálatok eredményeit, miszerint a nagyobb városok népességéhez képest, az elszigetelt populációkban nagyobb arányban találunk kelet-eurázsiai leszármazási vonalakat.

Az előzetes, székely populációra vonatkozó eredményink főleg nyugat-eurázsiai uniparentális összetételt és a környező populációkkal való csekély mértékű keveredést mutattak. A populációt többségében európai mitokondriális haplocsoportok jellemzik, de a magyarországi magyar ajkú népességtől eltérően, érzékelhetően magasabb arányban vannak jelen a kelet-ázsiai

haplotípusok. A filogenetikai elemzések megerősítették bizonyos anyai vonalak feltételezett keleti eredetét és egyes esetekben a korai magyarok DNS adataival közvetlen kapcsolat mutatkozott.

Eddig a három régióból 286 teljes mitokondriális genom szekvenciáját és 214 férfi Y kromoszómális STR és SNP profilját határoztuk meg. További tervünk olyan teljes genom adatok létrehozása, amely alapján következtetéseket tudunk levonni az egykor élt és a mai magyarul beszélő népesség eredetére és kapcsolataira vonatkozóan.

Hasonló, vagy csak egy kicsit különböző? Két magyarul beszélő populáció a magyar-szláv kontaktzónában.

Horolma Pamjav¹ Fóthi Ábel^{2,3}, Dudás Dániel¹, Fóthi Erzsébet²

¹Nemzeti Szakértői Kutató Központ, Genetikai Szakértői Intézet, Referencia Mintavizsgáló Osztály, Budapest, Magyarország

²Archeogenomikai Intézet, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Budapest, Magyarország

³Enzimológiai Intézet, Természettudományi Kutatóközpont, Budapest, Magyarország

Két magyarul beszélő népesség (Rétköz (Magyarország) és Vág völgy (Szlovákia)) Y kromoszómális haplotípus és haplocsoport eloszlását vizsgáltuk; mindkét település a magyar-szláv kontaktzónában helyezkedik el. A két régió közös jellemzője, hogy számos honfoglalás kori temetőt találunk a területen. Huszonhárom férfi-specifikus Y-STR markert és több mint 30 Y-SNP-t vizsgáltunk 106 rétközi és 48 vágvölgyi független férfi leszármazási vonalon.

A rétközi populáció Y-STR analízise tíz haplocsoportból álló Y kromoszóma összetételt mutatott. A következő, elsősorban európai haplocsoportok voltak jelen: E1b1-M78 (7,5%), G2a-L156 (6,6 %), I1-M253 (4,7%), I2a (8,5 %), J2a és J2b (3,8 %), R1a-Z280-M458 és Z93 (38,7 %), R1b-312, -P25 és U106 (23,6 %). Az adatbázisunkba három eurázsiai haplocsoport fordult elő (H1a-M82 0,9%, N-Tat 2,8%, Q-M242 2,8 %). Három férfinak volt N-Tat haplotípusa (2,8 %), egyenként N1c-L1034, N1c-Z1936, N1c-VL29.

A rétközi populációtól eltérő módon a Vág völgy kevésbé heterogénnek bizonyult, csupán hét haplocsoportjával 100%-ban lefedte a vizsgált Y kromoszómális variabilitást. Különösen feltűnő az N-Tat, Q-M242 és az R1a-Z93 markereknek teljes hiánya, melyek feltehetően a magyar honfoglalókhöz köthetők.

Fst genetikai távolságot (többdimenziós skálázás diagram (MDS)) számítottunk 76 modern populáció alapján, amelyen a magyar csoportok egymáshoz közel helyezkednek el. A rétközi

populáció hasonlít leginkább a bodrogihoz, amely földrajzilag is a legközelebb esik hozzá. A Vág völgyben egy kicsit távolabb található tőlük.

A magyar-szláv kontaktzónában élő két magyarul beszélő népesség csak kevéssé tér el egymástól. Nagyon valószínű, hogy mindkét magyarul beszélő populáció nagy többségében a neolitikumi és a bronzkori emberek leszármazottjaiból áll, valamint a keleti és a nyugati szlávokéból. A mai rétközi populációnak csupán a 10%-a eredeztethető az ősi magyaroktól, míg a ma élő vág völgyben nem találjuk meg ezt a réteget.

Median joining (MD) hálózatelemzést végeztünk 183 E1b1-M78, 179 N1c-Tat, 166 Q-M242, 121 R1a-z93 haplocsoportok haplotípusai alapján, hogy mélyebb betekintést nyerjünk a vizsgált populációk eredetére vonatkozóan.