

MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI KUTATÓCSOPORT KIADVÁNYOK

← ————
STUDIA AD ARCHAEOLOGIAM PAZMANIENSIA



HADAK ÚTJÁN

A népvándorláskor
fiatal kutatóinak
XXIX. konferenciája

Budapest, 2019. november 15–16.

Főszerkesztő: Türk Attila

BÖLCSÉSZETTUDOMÁNYI KUTATÓKÖZPONT
MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI KUTATÓCSOPORT

PÁZMÁNY PÉTER KATOLIKUS EGYETEM
RÉGÉSZETTUDOMÁNYI INTÉZET

MARTIN OPITZ KIADÓ

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia

A PPKE BTK Régészettudományi Intézetének kiadványai

Archaeological Studies of PPCU Institute of Archaeology

Volume 24.2

Bölcészettudományi Kutatóközpont

Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok

Volume 4.2

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

Bölcsészettudományi Kutatóközpont
Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia
International Editorial Board

Heinrich Härke
Eberhard Karls Universität (Tübingen)

Oleksiy V. Komar
Institute of Archaeology (Kiev)

Abdulkarim Maamoun
Damascus University (Damascus)

Denys Pringle
Cardiff University (Cardiff)

Dmitry A. Stashenkov
Samara Regional Historical Museum (Samara)

Nikolai P. Telnov
Institute of Archaeology (Chişinău)

Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok
International Editorial Board

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

Pál Fodor
Honorary Director General of the RCH (Budapest)

László Klima
PPCU Institute of Archaeology (Budapest)

Hakan Aydemir
Istanbul Medeniyet University (Istanbul)

Balázs Sudár
Institute of History of RCH (Budapest)

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

„HADAK ÚTJÁN”
A NÉPVÁNDORLÁSKOR
FIATAL KUTATÓINAK
XXIX. KONFERENCIÁJA

Budapest, 2019. november 15–16.

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

Főszerkesztő
Türk Attila



BUDAPEST 2023



PÁZMÁNY PÉTER
KATOLIKUS EGYETEM



A kötet a



támogatásával valósult meg



Bölcsészettudományi
Kutatóközpont

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

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

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

Szerkesztők

Jancsik Balázs – Sudár Balázs

Munkatárs

Ambrus Edit

© szerzők

© Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténelmi Kutatócsoport

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

© Martin Opitz Kiadó

ISBN 978-615-6388-35-3

HU-ISSN 2064-8162

HU-ISSN 2786-1538

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

Kiadja:

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

Nyomda: Pauker Nyomdaipari Kft.

AZ APAI VONALÚ N HAPLOCSOPORT LEHETSÉGES SZEREPE A KORAI MAGYAROK GÉNÁLLOMÁNYÁBAN

NÉMETH ENDRE*

Kulcsszavak: *populációgenetika, apai vonalak, N-Z1936 és N-B539 alcsoport, Magna Hungaria, baskirok, ugorok*

Absztrakt: *A magyar őstörténet számos nyitott kérdése migrációs vagy demográfiai vonatkozású. Egy észt kutatókkal közös, nemzetközi kutatás során a korábbiaknál jóval tágabb keretrendszerben sikerült megvizsgálni néhány, nagy valószínűséggel a korai magyarokban is jelen lévő Y-SNP alcsoportot. Az apai vonalú N-Z1936 alcsoport belső struktúrájának feltérképezése és alcsoportjainak földrajzi elterjedése azt jelzi, hogy az N-Z1936 egyik alcsoportja, az N-B539 alcsoport valamiképpen összefüggésbe hozható ugor csoportok vándorlásával. Az eredmények alapján az valószínűsíthető, hogy több magyar maradt az Urál-vidéken, mint korábban gondoltuk. Továbbá, ha figyelembe vesszünk más, az Urál-vidékkel foglalkozó populációgenetikai, történeti, nyelvészeti és embertani tanulmányokat, akkor az a legvalószínűbb, hogy a honfoglalók ősei a mai Északnyugat-Baskíriából, és esetleg a szomszédos Kelet-Tatársztánból indultak nyugat felé; valamint törzsszövetségük jelentős arányban tartalmazhatott onogur-bolgár csoportokat.¹*

BEVEZETÉS

A magyar őstörténet számos nyitott kérdése migrációs vagy demográfiai kérdés. Mikor és hol váltak el egymástól a magyarok és az obi-ugorok nyelvi értelemben vett ősei? Milyen népek csatlakoztak a honfoglaló magyarok elődeihez vándorlásaik során? Honnan és milyen fontosabb állomásokon keresztül jöttek a magyarok a Kárpát-medencébe? Mi lehetett az Urál-vidékről nyugatra induló és a keleten maradt magyarok aránya? Milyen volt a honfoglalók és a Kárpát-medencében talált népek aránya? És végül merre vándoroltak, hol maradtak nagyobb arányban, milyen népekbe olvadtak be a keleten maradt magyarok? Ezeknek a kérdéseknek a megválaszolásában segíthet – kisebb vagy nagyobb mértékben – egy kifejezetten fia-

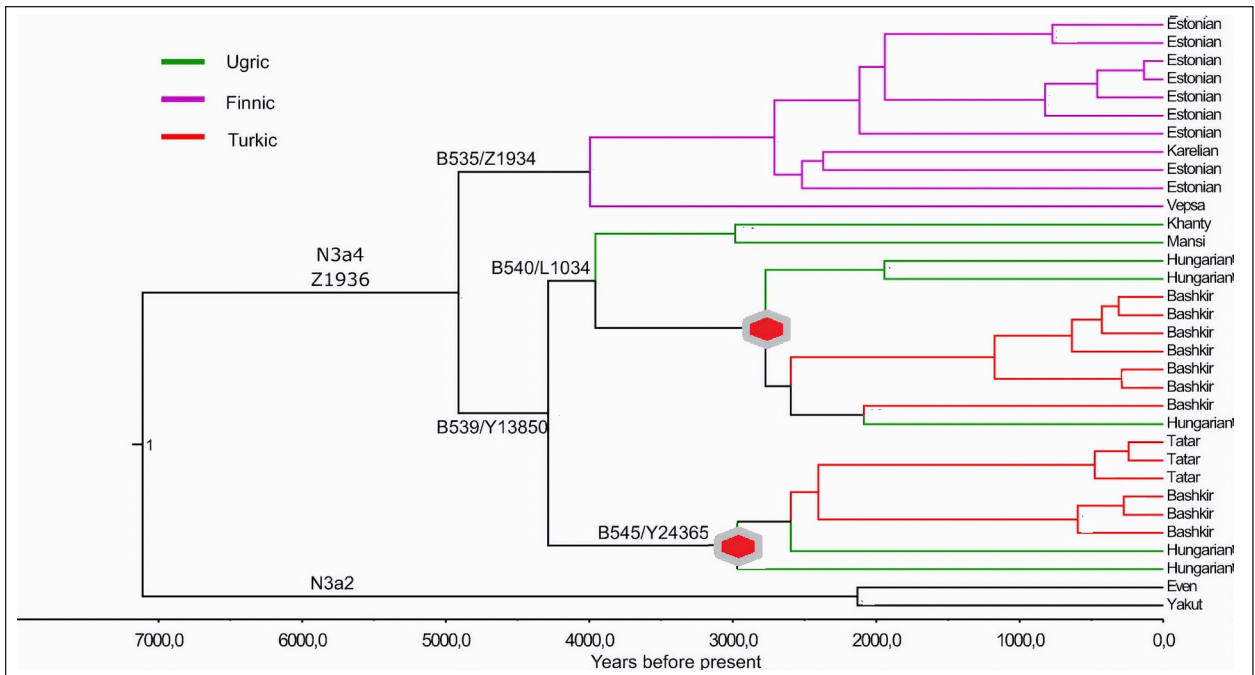
tal tudományág, a történeti genetika vagy humán populációgenetika.

A magyar őstörténettel foglalkozó genetikai kutatások korábban kizárólag mai és 10. századi magyar mintákon mérték meg – a nemzetközi kutatásokban bevett –, már korábban definiált markerek előfordulási arányát. Aztán ezeket a magyar csoportokra vonatkozó mérési eredményeket – általában valamilyen genetikai távolságot használva – összehasonlították más népek vagy régészeti kultúrához tartozó csoportok szintén már publikált adatsoraival. Így derült ki, hogy a mai magyarok egyaránt relatíve távol állnak a vizsgált humángenetikai dimenziók mentén a honfoglalóktól és más finnugor népektől.² És az is egyértelművé vált, hogy

* Veritas Consulting Kft., 1037 Budapest, Montevideo utca 8. endre.nemeth@gmail.com

¹ A tanulmány eredményei már korábban, az *Anthropologiai Közleményekben* (*Anthrop. Közl.* 60; 43–63, 2019. DOI: <https://doi.org/10.20330/AnthropKozl.2019.60.43>) közlésre kerültek. Az *Anthropologiai Közlemények* c. folyóirat Kiadója, a Magyar Biológiai Társaság az elemzés elkészítéséhez használt anyagok és módszerek bemutatásának, illetve az ábráknak és a táblázatoknak újbóli, változatlan formában történő közléséhez hozzájárult. Az összefoglaló és a kutatási tervet tartalmazó következő lépések alfejezet döntő mértékben ezen a korábban megjelent tanulmányon alapszik.

² CSÖSZ ET AL. 2016; NÉMETH ET AL. 2017; NEPARÁCZKI ET AL. 2019.



1. kép. Az N-Z1936 alcsoport topológiája
Fig. 1. Topology of N-Z1938 subclade

a 10. századi magyarok rendre a volgai tatárokhoz vagy baskírokhoz hasonlítanak relatíve legjobban a vizsgálatokba eddig bevont populációk közül.³ Az egybecsengés azért is feltűnő, mert a felsorolt tanulmányok eltérő módszertannal és más adatbázison dolgoztak. (A volgai tatárok azokban a tanulmányokban kerültek legközelebb a 10. századi magyar mintákhoz, ahol a baskírok kimaradtak az összehasonlításból.)

Egy nemzetközi kutatás keretében egy szűk, de fontos szegmensben a korábbiaknál jóval tágabb keretrendszerben nyílt lehetőség a magyarok genetikai kapcsolatrendszerének vizsgálatára.⁴ Egy jól megválasztott, az N-Z1936 marker által azonosított, apai vonalú alcsoport belső struktúráját térképezték föl 33 ma élő férfitől származó Y-kromoszómá-

jának közel 10 millió bázispárjának elemzésével (1. kép).⁵ Fontos látni, hogy a mély filogenetikai elemzésnek alávett 33 mintát, nem finnugor vagy valamilyen magyar őstörténeti prekonceptió mentén választották ki a kutatók. Egyszerűen azokból a populációkból és régiókból kerültek ki a minták, ahol az N-Z1936 alcsoport nagyobb arányban előfordul vagy legalábbis a szomszédos régiókhoz képest relatíve magas arányban van jelen. Majd az így feltérképezett leszármazási vagy filogenetikai fa struktúrájában azonosított 4 fontosabb „csomópont”, azaz 4 marker előfordulását 46 populáció közel 5000 mintáján vizsgálták meg. Azaz új markereket azonosítottak és vontak be az ést kutatók a magyar őstörténeti kutatásokba, amire korábban nem volt példa.

MÓDSZERTANI KÉRDÉSEK

Mielőtt rátérünk a konkrét eredmények ismertetésére, érdemes áttekintünk a populációgenetika fonto-

sabb módszertani kérdéseit és a populációgenetika társadalmi interpretációjának problémakörét.

³ CSÓSZ ET AL. 2016; NÉMETH ET AL. 2017; NEPARÁCZKI ET AL. 2019.

⁴ POST ET AL. 2019.

⁵ A kép a szóban forgó ést tanulmány alapján készült: POST ET AL. 2019.

Populációgenetika, történeti genetika

A genetika fiatal tudományág a csillagászathoz, a matematikához, a történettudományhoz, de még a nyelvészethez képest is. Gregor Mendel, a „genetika atyja” a 19. század közepén fedezte föl az öröklődés alapvető törvényeit ivarosán szaporodó populációkban, de eredményei csak a 20. század elején váltak közismertté és elfogadottá. A populációgenetika alapjait a 20. század első felében fektették le a kutatók. Az új kutatási terület a populációkon belüli, illetve a populációk közötti genetikai különbségeket vizsgálta biomatematikai módszerekkel. A populációgenetika eredetileg az új fajok kialakulásához vezető folyamatokat vagy éppen az egyes fajok időbeli stabilitásának genetikai hátterét vizsgálta. És így a populációgenetika az evolúciobiológia egyik részterülete volt.

A 20. század utolsó harmadában tudatosodott a kutatókban, hogy a populációgenetika eszköztárával nemcsak evolúciobiológiai kérdések vizsgálhatók hatékonyan, de humán migrációs és demográfiai folyamatok is. A populációgenetika különösen ígéretes lehetőségnek tűnt a rendkívül forráshiányos, korai történelmi korszakok kutatásában. Az új kutatási terület egyik vezető kutatója Luigi Cavalli-Sforza volt, akinek két emblemikus könyve jelent meg szerzőtársaival a témában: 1994-ben a *The History and Geography of Human Genes* és 2000-ben *Genes, Peoples, and Languages*.

Az evolúciobiológiában bevált biomatematikai módszerek azonban csak korlátozottan ültethetők át az emberi közösségek vizsgálatába. Az emberi faj evolúciós szemszögből nézve rendkívüli alkalmazkodó képességgel rendelkezik és kiugróan mobilis is más emlősökhöz képest. Az ember viharos sebességgel alkalmazkodott öt kontinensen, a hómézőktől a sivatagon keresztül a trópusi esőerdőig a legkülönbözőbb éghajlatú területekhez. Az ember alkalmazkodási sikere döntően kulturális tényezőkre vezethető vissza. Ez azt is jelenti a humán populációgenetika szempontjából, hogy a kultúra nagyban befolyásolhatja az emberi gének terjedését és változatosságát.

Az embert, mint kulturális lényt eleve inkább a kultúrák (nyelvi, etnikai, régészeti stb.) kialakulása foglalkoztatja. A magyar kutatókat különösen a magyarok eredete és a Kárpát-medence benépesülése.

Az ilyen típusú kérdésre azonban a hagyományos populációgenetika eszköztárával csak megközelítő válaszokat lehet adni. Elsősorban azért, mert egy nyelvi közösséghez vagy tágabb értelemben vett kulturális egységhez tartozó emberek nem alkotnak populációt biológiai értelemben. Tulajdonképpen a történeti genetika kifejezés sem pontos, mert a genetika nagyítóján keresztül a rendkívül komplex történelmi folyamatoknak csak egy-egy fontos, de mégis csak szűk szeletét lehet vizsgálni: a migrációs és demográfiai folyamatokat. Ugyanígy pontatlan lenne az etnogenetika kifejezés is, mert legtöbb esetben esélytelen, hogy biztos etnikai jelzővel lássuk el az csontokból kinyert DNS mintákat.

Apai és anyai vonalak, autoszomális markerek

„*Adjatok egy fix pontot és kifordítom a sarkaiból a világot*” – mondta Arkhimédész. Az uniparentális, azaz egyszülős markerek forradalmi jelentősége abban áll, hogy ugyan csak egy-egy tú vékonyságú szálon, de ezen a két szálon rendkívüli megbízhatósággal képes lefűrni az emberi történelem több tízezer éves mélységeibe. A tisztán apai és anyai vonalak terjedésének legfontosabb tér-, és időbeli állomásai az Y kromoszóma és mitokondriális DNS mentén gyakorlatilag a közös afrikai őshazánkig visszakövethetők.

Az autoszomális markerek segítségével egy személy teljes génállományának kapcsolatrendszere is nyomon követhető, de a feladat komplexitása miatt ilyenkor több tíz- vagy százezer marker vizsgálatára van szükség. Ez egy költséges megközelítés az uniparentális markerekhez képest, mert az apai és anyai vonalak esetében általában pár tucatnyi vagy pár száz markerrel dolgoznak a kutatók. Függetlenül attól, hogy egyszülős vagy autoszomális markereket vizsgálunk, matematikai értelemben mindig az a kérdés, hogy az adott genetikai dimenzió mentén vizsgált egyének közötti genetikai távolságokat hogyan lehet összesíteni és csoportokra vonatkoztatni. A kérdés megválaszolása – az egyének közötti távolságok kumulálása – távolról sem triviális vagy éppen egyértelmű feladat.

Minden kutatónak fel kell tennie azt a kérdést, hogy mely kérdések állnak kutatása középpontjában és ezeknek a kérdéseknek a vizsgálatára melyik a leghatékonyabb eszköz – figyelembe véve a ren-

delkezésre álló anyagi lehetőségeket. Nem elhanyagolható érvek szólnak amellet, hogyha a korai magyarokat érintő migrációs kérdésekre szeretnénk választ kapni, akkor az apai vonalú, Y-kromoszómához köthető speciális markerek vizsgálatával jutunk a legtöbb információhoz a kiadásokhoz viszonyítva.

Vitán felül áll, hogy a teljes génállomány hordozza messze a legtöbb adatot egy személy vagy közösség biológiai kapcsolatrendszeréről. De kérdés, hogy ez a jóval költségesebb eljárás valóban a költségekkel arányosan több információt is hordoz-e. És kérdés az is, hogy egy olyan kutatási fázisban, amikor még világszerte viszonylag kevés a rendelkezésre álló, hasonló mélységben bontott adatsor, milyen súlyú következtetéseket vonhatunk le.

Másrészt a teljes biológiai kapcsolatrendszer, ha nem is elfedi, de paradox módon sokszor valamelyest elhalványítja a vizsgált közösséget meghatározó kulturális hálózatot. Visszatérő megfigyelés a genetikai adatok alapján, hogy a magyar őstörténet szempontjából különösen fontos finnugor és „sztyeppei” népek körében az apai vonalak homogénebbek anyai vonalaknál. És nemcsak homogénebbek, de ezzel összefüggésben az apai vonalak általában egyértelműbb információkat hordoznak egy nép múltjára vonatkozóan. Az állhat a jelenség háttérében, hogy ezekben a közösségekben a férfiaknak nagyobb szerepe volt a politikai hatalom, és így közvetve a kulturális identitás örökítésében, mint a nőknek. Markáns állítás ez, lehetnek kivételek is szép számmal (pl. egyes szamojéd népek), tendenciaként mégis megfogalmazhatjuk.

Ha egy népesség közepes felbontású, de mégis teljes biológiai kapcsolatrendszerére vagyunk kíváncsiak, akkor – az előbbi okok miatt – a minket leginkább érdeklő finnugor és „sztyeppei” népek esetében a gyakorlatban az anyai vonalak vizsgálata is jó megközelítést jelenthet, amely jóval olcsóbb eljárás a nagyfelbontású autoszomális vizsgálatoknál. Az anyai vonalak problémája történeti szempontból az, hogy a mitokondriális DNS csak 16569 bázispárból áll, és az mtDNS nagyobb része meglehetősen stabil, történelmi léptékben alig változik.

Éppen ezért a kutatók általában csak két szakaszt vizsgálnak az mtDNS-en: a hipervariábilis 1. régiót (HV1), amely a 16024–16365 és a hipervariábilis 2. régiót (HV2), amely a 73–340 bázistartományra

terjed ki. Összehasonlításuképpen az apai vonalakat reprezentáló Y-kromoszóma több mint 50 millió bázispárral írható le, és a változások sebességét is figyelembe véve nagyságrendekkel informatívabb az mtDNS-nél tisztán biológiai értelemben. Technikai értelemben az Y-kromoszóma és az mtDNS teljes szekvenálása is lehetséges, de a hozzáadott értéke viszonylag kevés az ilyen vizsgálatoknak. Y-kromoszóma esetén azért, mert tízmillió pont is bőséges információt hordoz, mtDNS esetén pedig azért, mert az mtDNS meghatározó szakaszai történeti léptékben egyáltalán nem, vagy alig változnak.

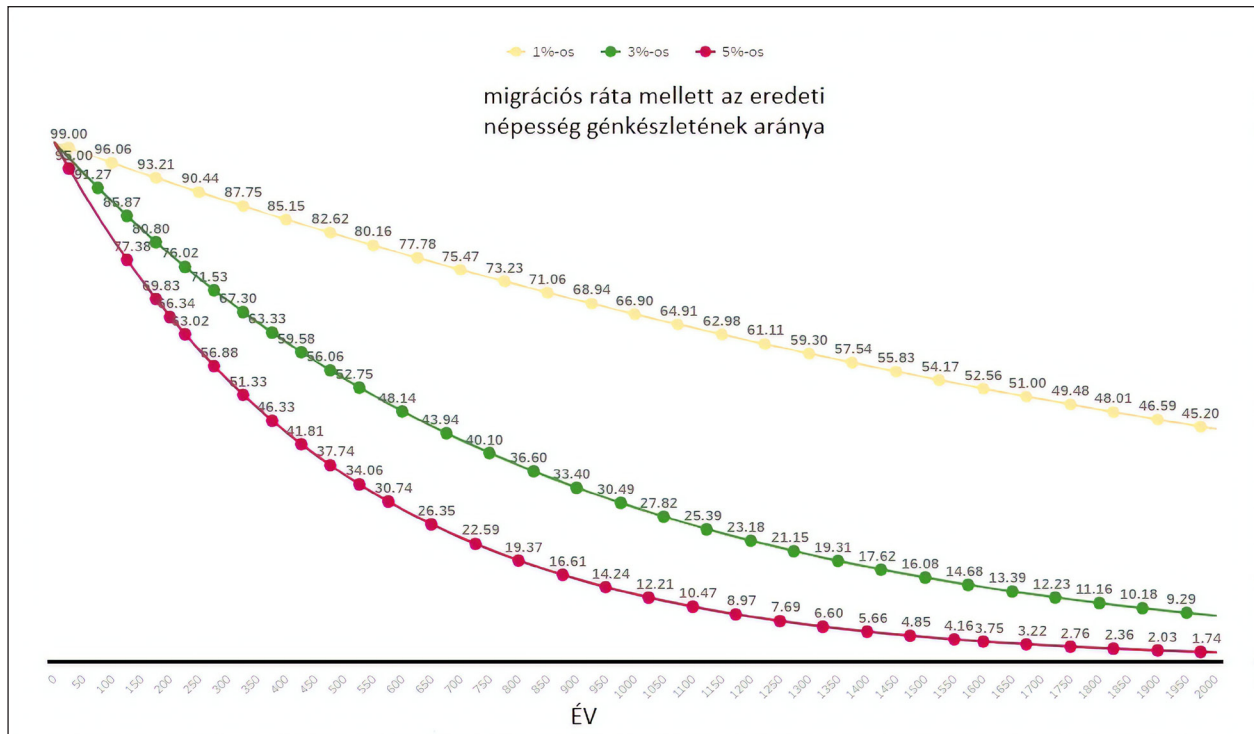
Természetesen több olyan kérdés is van, amelyre az apai vonalak vizsgálata nem képes választ adni, de a teljes génállományt reprezentáló autoszomális markerek vizsgálata igen. Például ilyen kérdés, ha népességek közötti múltbeli keveredések mértékét és időbeliségét szeretnénk vizsgálni.

Az eddig felsorolt szempontok egyáltalán nem azt jelentik, hogy kizárólag az apai vonalak vizsgálatát tartjuk fontosnak és az anyai vonalakkal vagy éppen az autoszomális markerekkel fölösleges volna foglalkozni. Nem állítunk többet, minthogy mind a három módszernek megvannak a maga előnyei és hátrányai, és a szükséges módszer kiválasztásához figyelembe kell venni a vizsgálat tárgyát, a rendelkezésre álló adatokat és anyagi forrásokat. Illetve egy hosszabb kutatási folyamatban gondolkodva előbb az apai és anyai vonalakat célszerű részletesen feltérképezni, majd a fontosabb régiók, populációk azonosítása után célzottan érdemes a jóval költségesebb teljes genom szekvenálás vagy mélyfelbontású autoszomális vizsgálatok irányába elmozdulni.

Speciális markerek, genetikai távolság

Visszatérő állítás, hogy a mai és a 10. századi magyarok között a genetikai távolság nagy, és ezért nincs különösebb értelme a mai magyarok genetikai vizsgálatának a korai magyar vándorlások szempontjából. Két megjegyzést érdemes fűzni – ehhez a sokszor nem elég egyértelműen megfogalmazott – kritikai észrevételhez.

Először is semmi meglepő nincs abban, hogy a mai és a 10. századi magyarok génállománya jelentősen különbözik. Kifejezetten alacsony asszimilációs ráta mellett is igen gyorsan átalakulhat egy nép génállománya, mert matematikai értelemben



2. kép. Az eredeti népesség arányának változása idő és migrációs ráta függvényében
 Fig. 2. Change of proportion of the original population as a function of time and migration rate

ügynevezett exponenciális folyamatról van szó.⁶ Azaz évszázadok alatt gyökeresen átalakulhat egy nép génállománya úgy, hogy a nemzedékek között még lényegében biológiai folytonosság áll fenn (2. kép). A 2. képen azt láthatjuk, hogy csökken egy népességben az eredeti génállomány aránya 1%-os, 3%-os és 5%-os bevándorlási ráta mellett az idő függvényében, 25 éves generációkkal számolva 2000 év alatt.

Fokozottan igaz ez az olyan magas presztízsű, erős asszimilációs potenciállal rendelkező népek esetében, amelyek jelentősen eltávolodnak eredeti szállásterületeiktől, „géc centrumukra” jellemző társadalmi és földrajzi környezettől. Ilyen esetekben a nyelvi kölcsönhatások domináló jellege gyakran elfedi az adott nép sokszínű demográfiai, végső soron sokszálú etnikai eredetét. Jó példa erre a Közép-Szibériától Anatóliáig terjedő hatalmas sávban élő törökségi népek esete, amelyek a teljes génállományt reprezentáló autoszomális markerek tekintetében rendkívüli mértékben eltérnek egymástól.⁷

A másik megjegyzés, hogy valójában – apai vonalak esetében legalábbis – a történeti genetika is a ma élő emberekből vett mintákból meghatározott markerek koordináta-rendszerében mozog. Rendkívül ritka, – ha előfordult már egyáltalán –, hogy olyan Y-SNP markereket vizsgáljanak az archeogenetikások, amelyet történeti mintákban azonosítottak először. (Ilyesmi inkább a kevésbé informatív Y-STR haplotípusok esetében fordult és fordulhat elő.) A kutatási folyamat első lépése, véleményünk szerint, olyan alcsoportok azonosítása, amelyek valamilyen szempontból: kulturális vagy földrajzi téren speciálisak. Alig értelmezhetőek társadalomtudományi nézőpontból azok a távoli múlt homályában keletkezett markerek, amelyek kontinensnyi területekre jellemzők, és akár Eurázsia két átellenes szélén is egyformán gyakoriak. Ilyen az N haplocsoport is, amely a lappok és a csukcsok domináns haplocsoportja. Egyértelmű, hogy amennyiben az N haplocsoport fényében szeretnénk megvizsgálni a korai magyarok történelmét, akkor az N haplo-

⁶ CAVALLI-SFORZA ET AL. 1994.

⁷ YUNUSBAYEV ET AL. 2015.

csoportot további, lehetőleg már valamilyen mértékben speciális alcsoportokra kell bontani. Bár a speciális markerek feltérképezése az egyik leginkább elhanyagolt kutatás terület a magyar őstörténetben, fontos látni, hogy a speciális markerek alkalmazása nemcsak teljesen bevett, de az egyik leginkább hatékony módszer migrációs kérdések vizsgálatában.

Ilyen eszköztárral elemezték például a roma migráció kérdését is. Tíz európai roma népesség apai vonalú vizsgálatok az találták, hogy az európai roma közösségek génállománya nem csekély mértékben tér el egymástól, ugyanakkor van néhány olyan alcsoport, amely az összes vizsgált európai roma populációt összeköti, az összes vizsgált populációban megtalálható.⁸ Ilyen a H haplocsoport, amely Európában a nem roma népességből gyakorlatilag hiányzik, Indiában viszont kifejezetten gyakori. Mindez arra utal, hogy a romák legalábbis részben Indiából származnak.

Általánosabb nézőpontból is merülnek föl kérdések a genetikai távolság társadalomtudományi interpretációjával kapcsolatban. Jó érzékkel vette

észre Bálint Csanád, hogy a különféle genetikai távolságok történeti relevanciája korlátozott.⁹ Egész egyszerűen azért, mert a demográfiai és a kulturális folyamatok természete jelentős mértékben eltér egymástól. A genetikai távolság egy rendkívül egyszerű, egydimenziós kapcsolatrendszerre redukálja a népek közötti, sokszor igen komplex összefüggéseket.

Matematikai szempontból nézve a genetikai távolság egyfajta átlag, amely természetéből fakadóan elfedi, vagy legalábbis elfedheti a kiugró értékeket és a speciális genetikai kapcsolatokat. Például a mai magyarok valóban relatíve távol állnak az obi-ugoroktól bármilyen genetikai távolságot vesszük is figyelembe. De egy komponens, az N-B540 (korábbi nevén N-L1034) alcsoport mégis összeköti az obi-ugorokat és a magyarokat egymással.¹⁰ Illetve az sem lényegtelen matematikai szempontból, hogy a népek közötti demográfiai kapcsolatok csak ritkán szimmetrikusak. Márpedig a legtöbb történeti genetikai munkában alkalmazott genetikai távolság szimmetrikus. Így a genetikai távolság emiatt sem képes pontosan modellezni a népek közötti demográfiai kapcsolatokat.

AZ N HAPLOCSOPORT ÉS ALC SOPORTJAI

Kutatási vízió

Kutatásainkat az a vízió vezette, hogy a genetikai felbontások finomodásával előbb-utóbb találhatunk olyan markereket, amelyek egyszerre elég speciálisak és általánosak ahhoz, hogy segítségükkel jobban megérthessük a korai magyarok demográfiai és migrációs folyamatait. Azaz olyan markereket kerestünk, amelyek segítségével a honfoglalásnál távolabbi időszakon zajló folyamatokat is vizsgálni lehet. Másrészt a keresett markerektől elvárásunk volt az is, hogy nagyobb arányban csak olyan régiókban vagy populációkban forduljanak elő, amelyek történetileg valamiképpen kapcsolatba hozhatók ugor vagy korai magyar csoportokkal.

Egész pontosan olyan sikeres ősapákat kerestünk – ma élő apai vonalú leszármazottakon keresztül – akik hozzávetőlegesen legalább 1500 és legfeljebb

4000 éve éltek az ugor vagy korai magyar közösségekben. Fontos látni, hogy gyakorlatilag lényegtelen, hogy milyen alacsony a mai magyarokban az ilyen speciális markerek aránya, mert a specialitás nem mennyiségi, hanem minőségi kérdés. És az sem kérdés, hogy a kutatási folyamatot az archeogenetikai kutatások zárják. Az archeogenetikai kutatások feladata megerősíteni, vagy éppen megcáfolni, hogy a kérdéses markerek a honfoglaló vagy éppen az Urál-vidéki „magyargyanús” temetőkből fordulnak vagy sem.

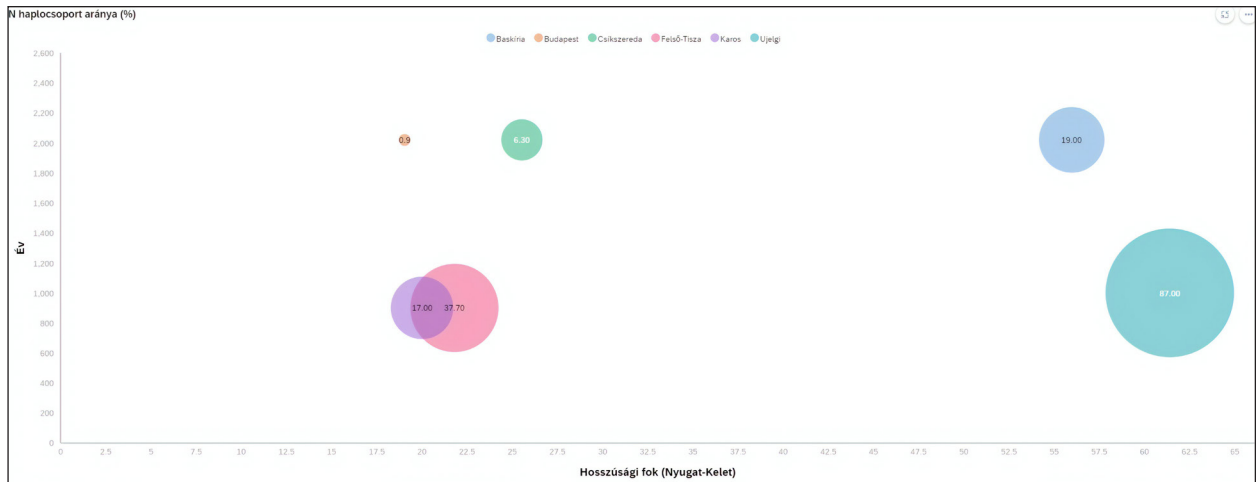
Az N haplocsoport és a korai magyarok

Egyértelmű, hogy várhatóan az N haplocsoporton kívül más haplocsoportban is azonosítanak magyar őstörténeti szempontból fontos, speciális markereket (pl. az R1a-Z93 alcsoportban). De az is egyértelmű,

⁸ MARTINEZ-CRUZ ET AL. 2015.

⁹ BÁLINT 2018.

¹⁰ FEHÉR ET AL. 2015.



3. kép. Az N haplocsoport aránya térben és időben különböző magyarokkal összefüggésbe hozható populációk esetében
Fig. 3. Proportion of N haplogroup in time and space among populations possibly related to Hungarians

hogy az N haplocsoport alcsoportjainak vizsgálata megkerülhetetlen a magyar őstörténet szempontjából. Az N haplocsoport nem véletlenül fordult elő az összes magyar vonatkozású apai vonalú archeogenetikai tanulmányban. Már az első, Raskó István által vezetett kutatás is azt jelezte, hogy 7-ből 2 honfoglaló minta tartozik az N haplocsoporthoz.¹¹ Bíró András úgy találta, hogy a mai magyarok és a torgai madjarok között egyetlen haplotípus egyezés van: és ez az egyezés az N haplocsoporton belül található.¹² Amennyiben bebizonyosodik, hogy a torgaji madjarok és a kárpát-medencei magyarok önelnevezése közötti párhuzam nem véletlen, akkor Bíró Andrásé volt az első tanulmány, amely azt vetítette előre, hogy az Urál-vidéken még az N haplocsoport meghatározó tényező lehetett a magyarság génállományában.

Az újabban megjelent honfoglalókat vizsgáló archeogenetikai tanulmányok eltérő mértékben, de egyértelműen arról számolnak be, hogy az N haplocsoport jelen volt a honfoglaló génállományban: 37,5%,¹³ 19%.¹⁴ Végül a jelen kötetben Gerbert Dániel és munkatársai mutatták ki, hogy a legkeletibb „magyargyanús” temetőben, Ujégyben 87% az N haplocsoport aránya. Az adatok alapján egy meg lehetőségesen egyértelmű tendencia olvasható ki. Ahogy

közeledünk térben és időben a magyar etnogenezis forrásvidékéhez, úgy lesz egyre magasabb az N haplocsoport aránya a magyarokkal összefüggésbe hozható populációkban (3. kép).

Ha tágabb összefüggésrendszerben gondolkozunk, akkor is fontos magyar szempontból az N haplocsoport. Hiszen pont az N haplocsoport különbözteti meg leginkább a finnugor nyelvű népeket Európában a környező népektől.¹⁵ Azon indoeurópai nyelvet beszélő közösségek esetében, ahol mégis magas az N haplocsoport aránya (lett, litván és egyes észak-orosz populációk) – más-más okból –, de uráli népek beolvadását feltételezik a kutatók. Magyar kutatók is megerősítették, hogy a mai mansik és magyarok között a legfontosabb speciális genetikai kapcsolat, az N haplocsoporton belül, az N-B540 (korábban N-L1034) alcsoportban található.¹⁶

Az N haplocsoport

Nem véletlen, hogy az N haplocsoport esetleges finnugor vonatkozásai miatt észeltek kutatók foglalkoztak legintenzívebben az N haplocsoporttal, és gyakorlatilag az összes fontos tanulmány a témában

¹¹ BOGÁCSI-SZABÓ ET AL. 2008.

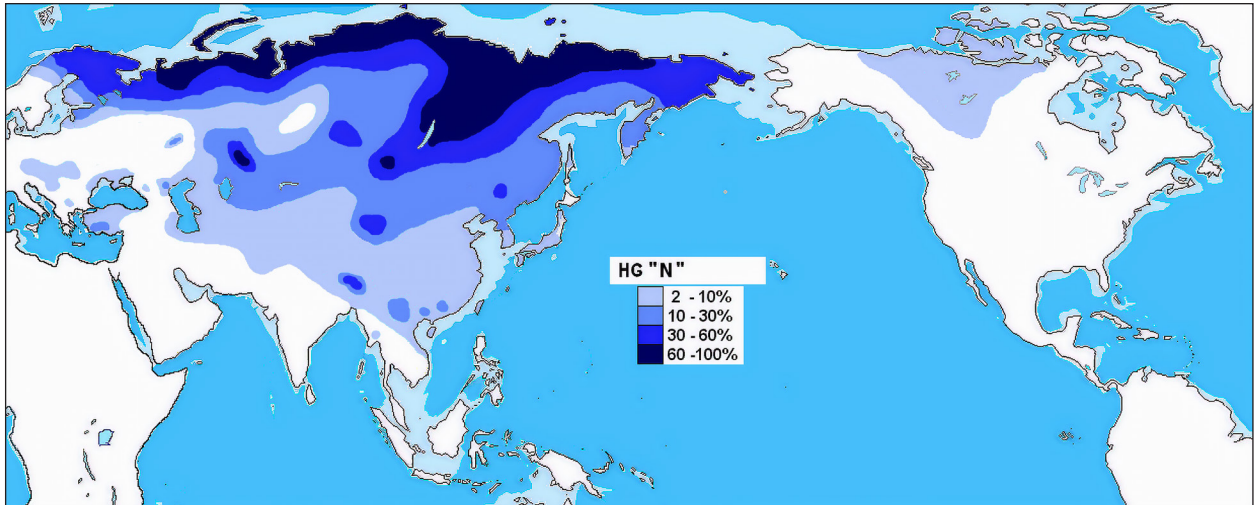
¹² BÍRÓ ET AL. 2014.

¹³ FÓTHI ET AL. 2020.

¹⁴ NEPARÁCZKI ET AL. 2019.

¹⁵ TAMBETS ET AL. 2004.

¹⁶ FEHÉR ET AL. 2015.



4. kép. Az N haplocsoport elterjedése Euráziában
Fig. 4. Frequency of haplogroup N in Eurasia

hozzájuk köthető.¹⁷ Az észti populációgenetikai iskola nem mellékesen a világ élvonalához tartozik. Ez elsősorban az iskolát alapító Richard Willems sokoldalú transzdisciplinális tudásának, illetve páratlan arány- és stratégiai érzékének köszönhető.

Az a sikeres ősapa, akiben először megjelent az N haplocsoportot meghatározó mutáció Délkelet-Ázsiában élt¹⁸ nagyjából 36800 évvel ezelőtt,¹⁹ de mai utódai egy, hozzávetőlegesen 21700 éve élt ősapától származnak.²⁰ Mindez természetesen nem azt jelenti, hogy az uráli őshazát Délkelet-Ázsiában kellene keresnünk, hiszen teljesen más idősíkról beszélünk, mint amikor a feltételezett protouráli közösség kialakult. Azt viszont jelzi az eredmény, hogy az Afrikából kivándorló emberek egy része az Indiai-óceán mentén haladt kelet felé, és egy ilyen keletre vándorló csoportban jelent meg az N haplocsoportot meghatározó mutáció. Az N haplocsoport délkelet-ázsiai gyökerei ellenére Észak-Eurázsia „őshonos” népeiben vált igazából gyakorivá (4. kép).²¹ (Az N, az N-Z1936, az N-B539 alcsoport gyakorisági térképeit a vonatkozó, észti kutatók által jegyzett tanulmányokból vagy azok aktualizált változataiból származnak és mindig a térség „őshonos”

népességeire vonatkoznak.) Az N haplocsoport mai elterjedése valószínűleg az utolsó jégkorszak után megváltozott életföldrajzi körülményekkel, a jégmezők visszahúzódásával felszabaduló új területek meghódításával van összefüggésben.

Az N-Z1936 alcsoport

Az észti kutatók második tanulmánya az N haplocsoportot bontotta tovább.²² Ebben a tanulmányban az észti populációgenetikai iskolára jellemző módszerekkel vizsgálták az N haplocsoportot. Először mély filogenetikai elemzésnek vetettek alá relatíve kevés N haplocsoportoz tartozó mintát. Második lépésben a kirajzolódott filogenetikai összefüggések alapján azonosítottak néhány fontosabb alcsoportot meghatározó markert. Végül ezeket a markereket Eurázsia szerte megvizsgálták részben a saját maguk által gyűjtött és saját laborban tárolt mintákon, illetve nemzetközi együttműködésben. Magyar szempontból az N3a4-Z1936 és az N3a2-M2118 alcsoport az érdekes, ezért ebből a második nagy észti tanulmányból csak ennek a két „testvéri viszonyban” lévő csoportnak az ismertetésére szorítkozunk.

¹⁷ ROOTSI ET AL. 2007; ILUMÄE ET AL. 2016; POST ET AL. 2019.

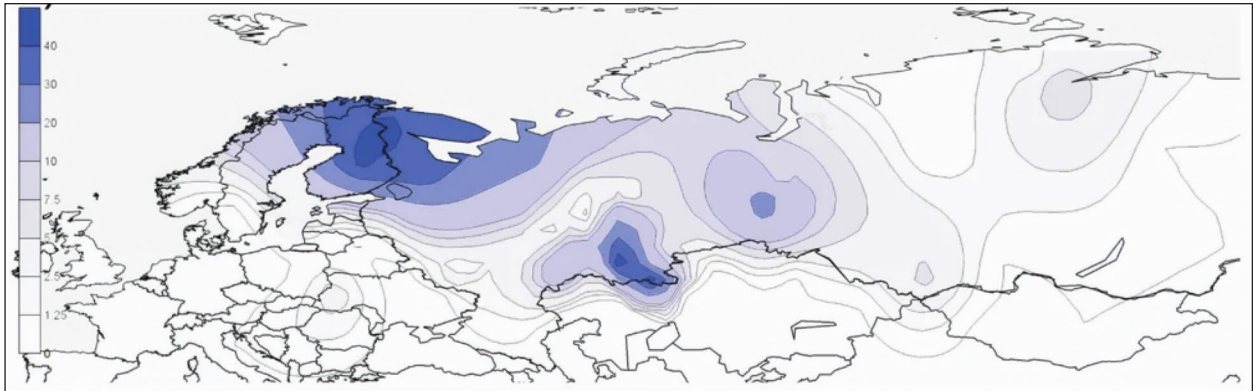
¹⁸ ROOTSI ET AL. 2007.

¹⁹ www.yfull.org

²⁰ www.yfull.org

²¹ ROOTSI ET AL. 2007.

²² ILUMÄE ET AL. 2016.



5. kép. Az N-Z1936 haplocsoport elterjedése Euráziában
 Fig. 5. Frequency of haplogroup N-Z1936 in Eurasia

Az N3a4-Z1936-nak földrajzi értelemben két lokális csúcspontja van: Északkelet-Európában és a Volga–Urál vidéken (5. kép). Az N3a4-Z1936 alcsoport a vepszék szinte kizárólagos N3-M46 alcsoportja, de meghatározó arányban van jelen a finnek, a számik (lappok), karélok, manysik (vogulok) között,²³ valamint Arhangelszk és a Pinyega folyó körzetének oroszok által lakott területein. E két utóbbi területen valószínűleg oroszok által asszimilált finnugor–szamojéd őslakosság nyomait jelzik a genetikai adatok. Előfordul továbbá Nyugat-Szibériában a hantiknál (osztjákoknál), a szibériai tatároknál. Az alcsoport előfordulása gyakorlatilag Nyugat-Szibériára és Európára korlátozódik. Az alcsoport szórványosan előfordul a közép-szibériai dolganok között, de más népességben Nyugat-Szibériától keletre egyáltalán nem mutatható ki.²⁴

Ami a mi szempontunkból különösen érdekes: az alcsoportnak van egy váratlan földrajzi maximuma Baskíriában és Tatársztánban is.²⁵ Az alacsony mintaszám ellenére figyelemreméltó, hogy az N3a4-Z1936 alcsoport előfordul a honfoglaló génállományban is (5/19 esetben,²⁶ 3/29 esetben²⁷).

Az N3a2-M2118 alcsoport

Az N3a2-M2118 alcsoport a közép-szibériai jakutok domináns alcsoportja, amely előfordulása gyakorlatilag Közép-Szibériára korlátozódik.²⁸ Nyugat-Szibériában az obi-ugoroknál és a szibériai tatároknál van jelen ez az alcsoport.²⁹ Európában szórványosan a magyaroknál, azon belül a székelyeknél is,³⁰ valamint Ukrajnában³¹ mutatható ki ez az alcsoport, de van egy-két szórványos előfordulása a csuvasoknál, anatóliai törököknél³², az észtekénél és Közel-Keleten is.³³

Az N3a2-M2118 alcsoport földrajzi vonatkozásain túl, az alcsoport topológiája, időbelisége is érdekes. Bár maga az alcsoportot meghatározó mutáció bő 6000 évvel ezelőtt keletkezett, az alcsoport két ismert alcsoportjának demográfiai alcsoportja egyaránt nagyjából 3800 éve kezdődött (www.yfull.org). Az egyik alcsoportban döntően jakutokat, a másikban főként törökségi népekhez és magyarokhoz tartozó mintákat találhatunk (www.yfull.org). Jelenleg nem tudjuk, hogy az obi-ugor minták a két alcsoport közül melyikbe vagy éppen egy harmadik

²³ FEHÉR ET AL. 2015; ILUMÄE ET AL. 2016.

²⁴ ILUMÄE ET AL. 2016.

²⁵ ILUMÄE ET AL. 2016.

²⁶ FÓTHI ET AL. 2020.

²⁷ NEPARÁCZKI ET AL. 2019.

²⁸ ILUMÄE ET AL. 2016.

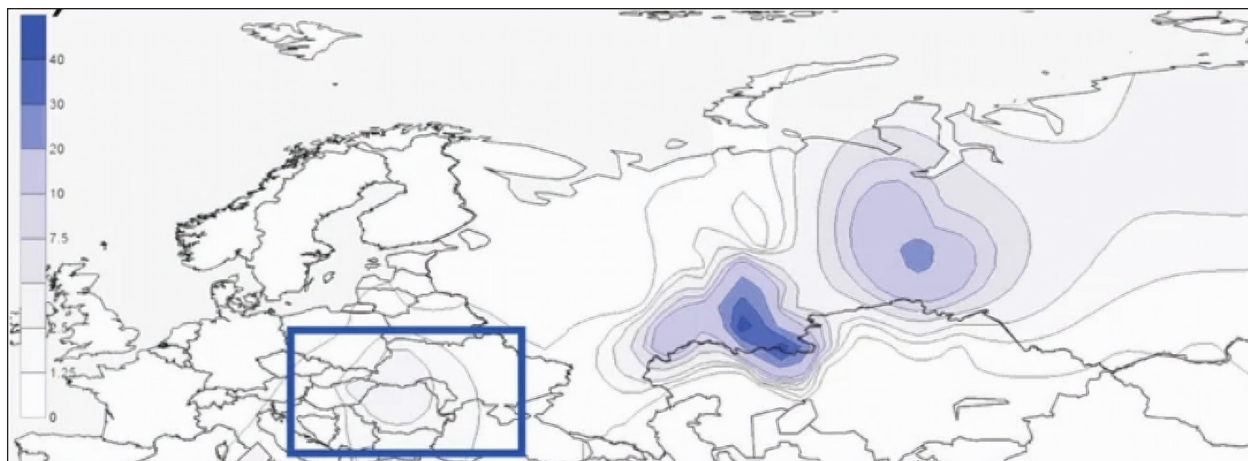
²⁹ ILUMÄE ET AL. 2016.

³⁰ BÍRÓ ET AL. 2014.

³¹ ILUMÄE ET AL. 2016.

³² www.yfull.org

³³ ILUMÄE ET AL. 2016.



6. kép. Az N-B539 haplocsoport elterjedése Euráziában
 Fig. 6. Frequency of haplogroup N-B539 in Eurasia

alcsoporthoz tartoznak. Mai tudásunk alapján az is nyitott kérdés, hogy az N3a2-M2118 alcsoporthoz törökös vagy ugor hatás a korai magyarok génállományában.

Szorosan a tárgyhoz tartozik a vezető orosz populációgenetikuskok egyik eredménye, miszerint Európában nagyobb arányban kizárólag Északnyugat-Baskíriában, és ott is csak a Jenej nemzetség tagjai között (44%) található meg.³⁴ Figyelemreméltó, hogy az N3a2-M2118 alcsoporthoz nemcsak a mai magyar, de a honfoglaló génállományban szintén kimutatható (2/19 esetben,³⁵ 2/29 esetben³⁶). És bár a baskír Jenej és a magyar Jenő etnonim közötti nyelvi átjárás lehetősége megosztja a kutatókat, az Európában rendkívül ritka N3a2-M2118 alcsoporthoz tartozó kapcsolat a honfoglalók és a Jenej nemzetség között, mindenképpen elgondolkodtató.³⁷

Az N-B539 alcsoporthoz

Az északnyugati kutatók harmadik témába vágó kutatásában már magyar szakemberek is részt vettek, és a téma választás kifejezetten ugor vonatkozású volt.³⁸ Ebben a kutatásban az derült ki, hogy az N-Z1936 alcsoporthoz két alcsoporthoz bomlik: az N-Z1934 és

a N-B539 alcsoporthoz. A két nagyjából ötezer éve elvált, ősapai mai leszármazottai, döntően két, egymástól távoli régióban találhatók meg. Az N-Z1934 a balti-finnekre és egyes észak-orosz populációkra, azon belül is leginkább a finnekre és számíkra jellemző. Az N-B539 alcsoporthoz nagy valószínűséggel az ugorokhoz köthető, mert kizárólag az obi-ugorokban, 10. századi magyarokban, a baskirokban és a volgai tatároknál található meg 10% körüli vagy afölötti arányban (6. kép). (A 10. századi magyar minták esetében egyelőre csak Y-STR alapján történő becslésről beszélhetünk, mert a magyar tanulmányok születésekor még nem volt ismert az N-B539 marker.) Figyelemre méltó, hogy bár a mai magyarokban alacsony az N-B539 előfordulási aránya, az a környező népekből gyakorlatilag hiányzik (7. kép)

Fontos látnunk, hogy az N-B539 előfordulása Baskíriában földrajzi értelemben rendkívül tagolt. Csak néhány régióban fordul el magasabb arányban. A legtöbb vizsgált régióban csak alacsony mértékben van jelen vagy éppen alig kimutatható (8. kép). Ezt az 8. képet kiegészítettük orosz kutatóknak az északnyugat-baskíriai Uran nemzetségre vonatkozó adataival.³⁹ Az orosz kutatók csak N-Z1936-ig mértek ugyan Északnyugat-Baskíriá-

³⁴ BALANOVSKA ET AL. 2017.

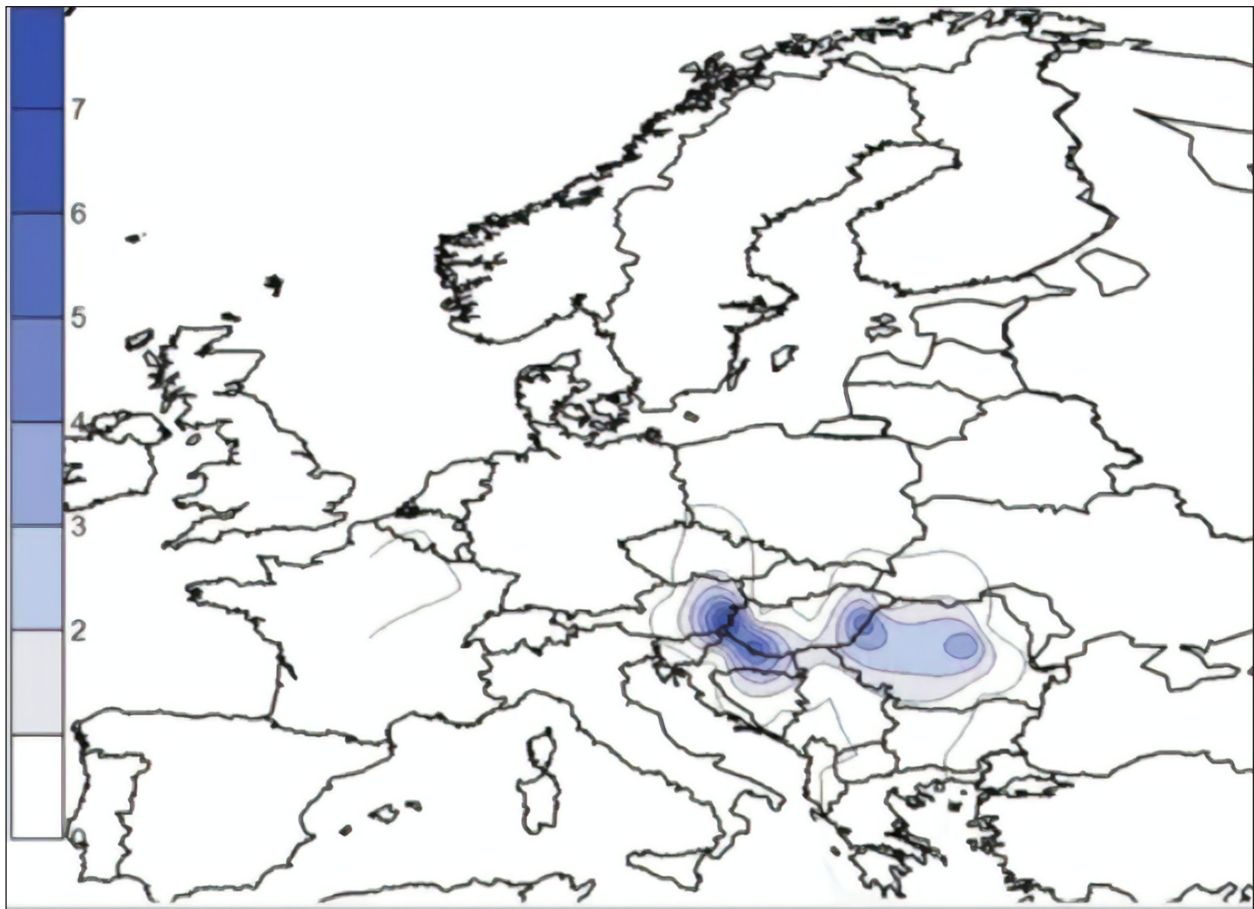
³⁵ FÓTHI ET AL. 2020.

³⁶ NÉPARÁCZKI ET AL. 2019.

³⁷ NÉMETH ET AL. 2019.

³⁸ POST ET AL. 2019.

³⁹ BALANOVSKA ET AL. 2017.



7. kép. Az N-B539 haplocsoport elterjedése Közép-Európában
 Fig. 7. Frequency of haplogroup N-B539 in Central-Europe

ban, de Volkov tanulmánya alapján ezek a minták valószínűleg a B539 alcsoportoz tartoznak.⁴⁰ Komoly különbségek mutatkoznak továbbá az N-B539 két alcsoportjának, az N-B540 és az N-B545 földrajzi előfordulásában Baskírián belül is (9. kép). A két jelenség együtt arra utalhat, hogy a nemzeti szervezeten valamilyen formában tovább élhetett a Volga-Urál vidéken, mint a Kárpát-medencében.

Mivel állandó kérdés a genetikai minták reprezentatív volta, ezért különösen fontosnak tartjuk megemlíteni, hogy orosz kutatók⁴¹ is rendkívül hasonló eredményre jutottak, az észti kutatóktól függetlenül. Az orosz kutatók alacsonyabb mintaszámmal, de más földrajzi merítéssel dolgoztak. Kimaradtak a vizsgálataikból például a Szamara környéki baskírok, de bevonták a kutatási területükbe Észak-

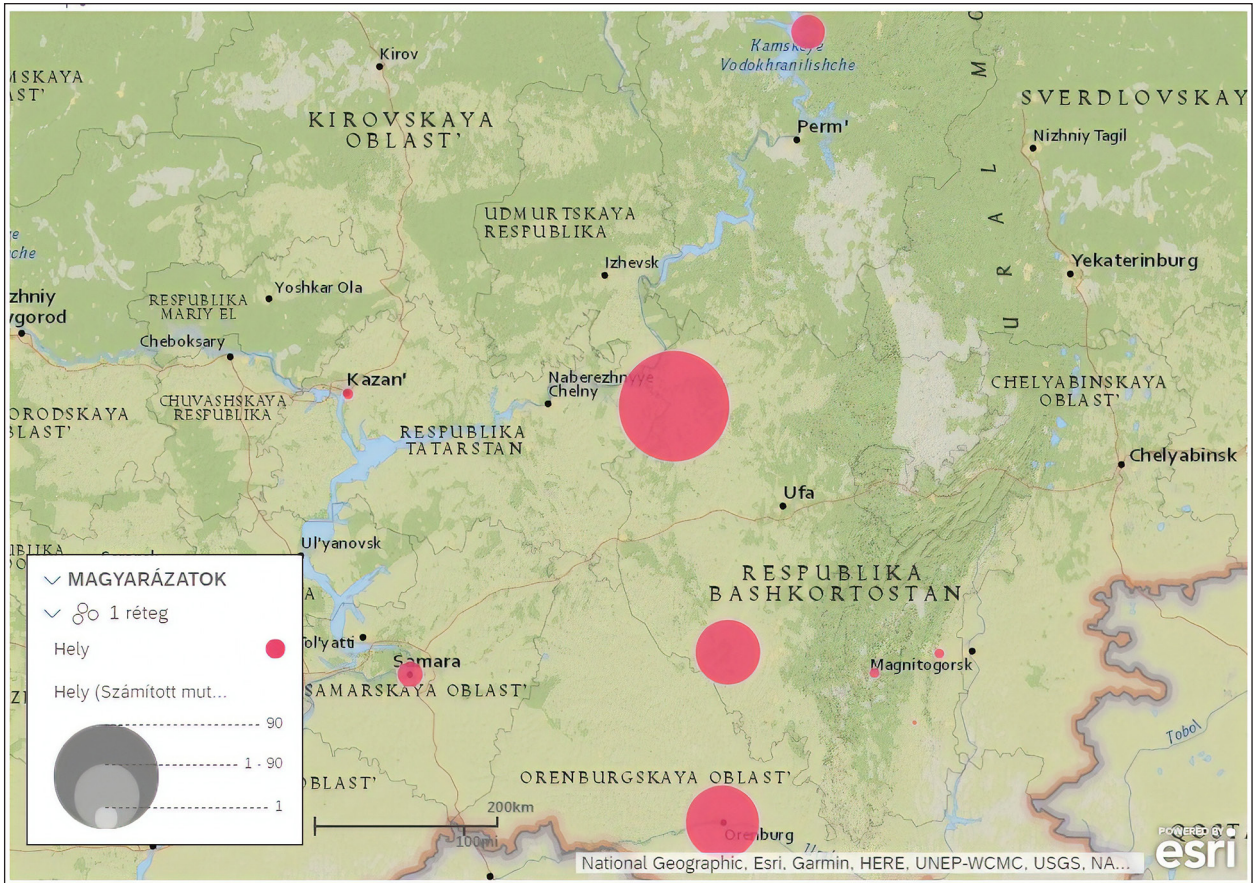
nyugat-Baskíriát és Cseljabinszk régiót is. Érdekes lehet összevetni az orosz kutatók által azonosított az N-B540 és az N-B545 alcsoportoz tartozó minták és a „magyargyanús” régészeti kultúrákhoz tartozó leletek⁴² földrajzi elhelyezkedését (10. kép). Ez alapján úgy tűnik, nem fogalmazható meg általános szabályszerűség a keleten maradt magyarok helyben maradási és szállásváltó szokásaival kapcsolatban. Úgy tűnik egyes csoportok lényegében ugyanott élnek ma is, mint ahol a régészeti leletek találhatóak. A véletlen bolyongás törvényszerűségei alapján az a legvalószínűbb, hogy ezek a csoportok helyben maradtak.

A Volkov-féle tanulmány külön érdekes abból a szempontból, hogy a genetikai adatokat nemzeti bontásban gyűjtötte. Az alábbi baskír nem-

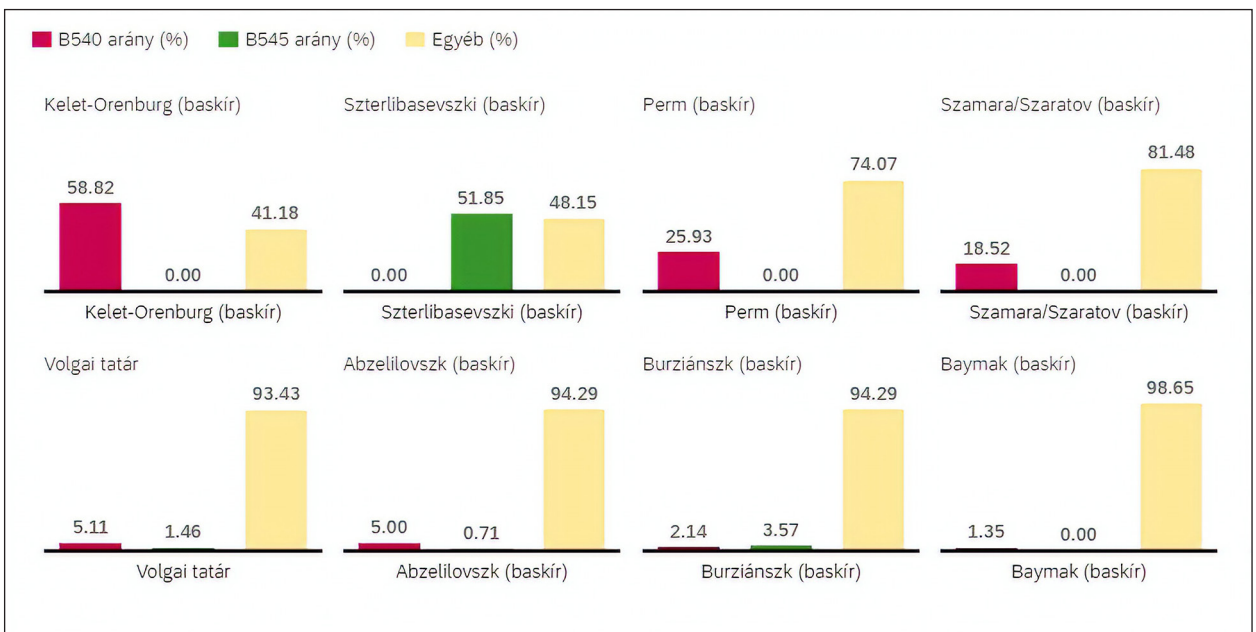
⁴⁰ VOLKOV–KARIMOV 2016.

⁴¹ VOLKOV–KARIMOV 2016.

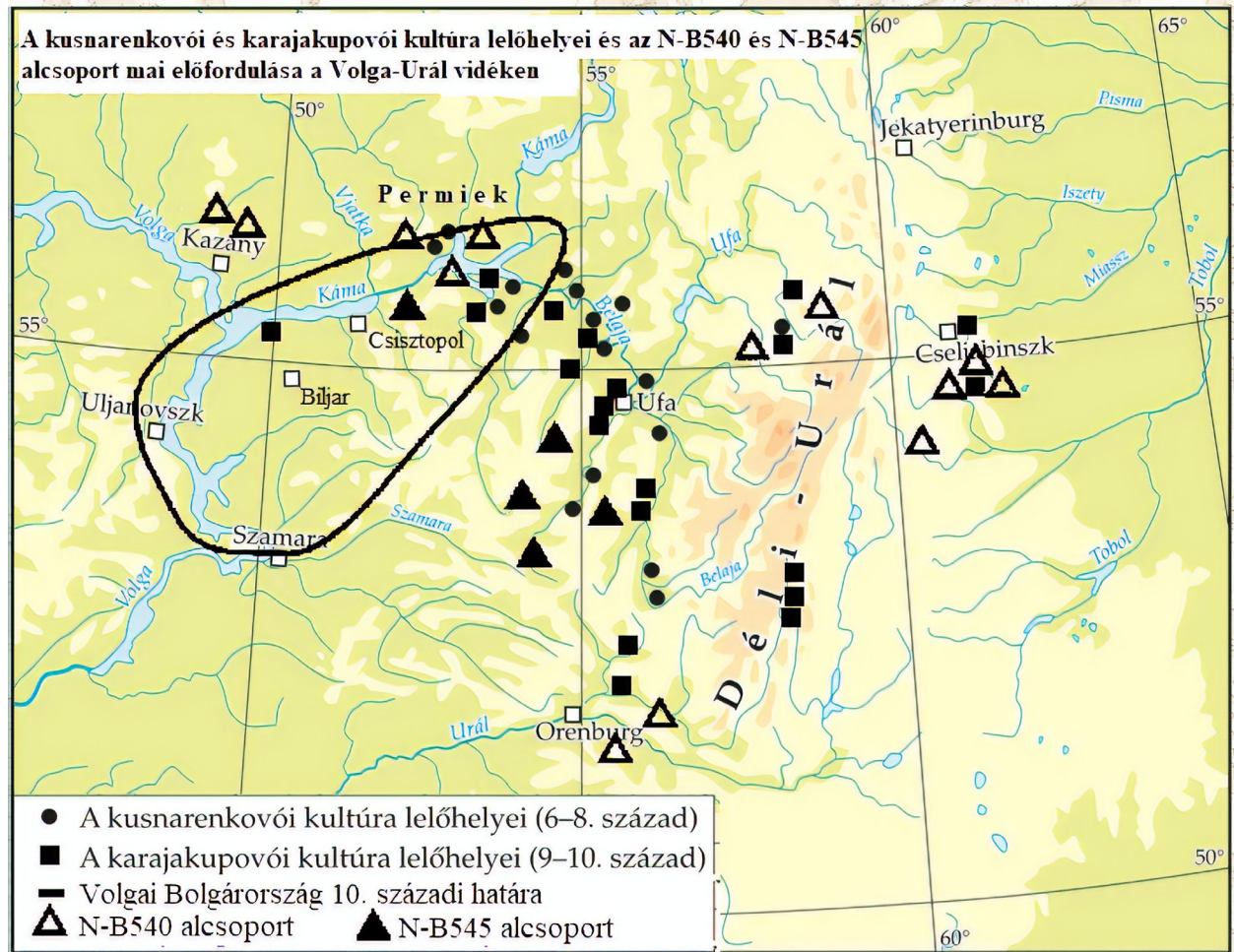
⁴² TÜRK 2014.



8. kép. Az N-B540 és N-B545 alcsoport előfordulási aránya régióként a Volga-Ural vidéken
 Fig. 8. The frequency of haplogroup N-B540 and N-B545 in the Volga-Ural region



9. kép. Az N-B540 előfordulási aránya régióként a Volga-Ural vidéken
 Fig. 9. The frequency of haplogroup N-B540 in the Volga-Ural region



10. kép. Az N-B540 és N-B545 és a „magyargyanús” régészeti kulturák a Volga-Urál vidéken
 Fig. 10. The frequency of haplogroup N-B540 and N-B545 and the „Hungarian-like” archeological sites in the Volga-Ural region

zetségekben azonosították az N-B539 nyomait: Elan (N-B545, ÉNY-Baskíria), Jurmat (N-B545, Középnnyugat-Baskíria), Min (N-B545, Középnnyugat-Baskíria), Uran (N-B540, ÉNY-Baskíria), Usergan (N-B540, DK-Baskíria), Tungaur (N-B540, DK-Baskíria), Kosho (N-B540, Uráli átjáró), Terszják (N-B540, DNY-Szverdlovszk és Észak-Cseljabinszk régió), Szajut (N-B540, Észak-Cseljabinszk régió), Szirzü (N-B540, Észak-Cseljabinszk régió). Mivel a Volkov féle minták az észti kutatók által gyűjtöttekhez viszonyítva nem túl nagyszámúak, ezért egyelőre korai beszélni az előfordulási arányokról nemzetségeken belül. Jelenleg annyit

érdemes megjegyeznünk, hogy ezek a csoportok néprajzi és populációgenetikai szempontból is érdekesek lehetnek a további kutatások számára.

Ha az időben messzebbre nézünk, akkor egyelőre nagyon alacsony minta szám mellett úgy tűnik, hogy az obi-ugorok és a magyarok közötti elválás nagyjából 3900 éve zajlott le. Érdekes, hogy az N3a2-M2118 alcsoportok demográfiai expanziója is ezzel közel egyidőben, 3800 éve kezdődött. Úgy tűnik, 3800-3900 évvel ezelőtt egy ugor szempontból is fontos migrációs folyamat vagy demográfiai növekedés indult el valahol Nyugat-Szibéria és Közép-Szibéria határvidékén.

ÖSSZEFOGLALÁS

Az utóbbi évek magyar vonatkozású archeogenetikai tanulmányai⁴³ rendre megerősítik, hogy a honfoglaló magyarok genetikailag a mai volgai tatárokhoz és/vagy a baskírokhoz állnak legközelebb. Ez elsősre talán logikusan hangzik, ám korántsem magától értetődő eredmény. Hiszen a kutatók többsége úgy gondolja, hogy a magyaroknak csak töredéke maradt a Volga-Urál vidéken, és a baskírok és tatárok elődei csak azután, vagy azzal egyidőben érkeztek a térségbe, hogy a honfoglaló magyarok ősei már elhagyták a Volga-Urál vidéket.

Az anomália feloldásában szerepet játszhat, hogy a legújabb kutatások rendre jelentős ugor örökséget mutatnak ki a mai baskír génállományban, amelyet a keleten maradt magyarok nyomaként értelmeznek a kutatók. Az anyai vonalak⁴⁴ – és ami ennél jóval fontosabb – a teljes génállományt reprezentáló autoszomális markerek vizsgálata is egyértelmű ugor genetikai örökséget jelez a mai baskírokban.⁴⁵ Röviden mindez azt valószínűsíti, hogy nagyobb arányban maradhatott az Urál-vidéken ugor népesség (valószínűleg magyar), mint ahogy a kutatók korábban gondolták. Jelen tanulmány is ebbe a sorba illeszkedik csak apai vonalak alapján.

Figyelemre méltó, hogy az N3a4-B540 és az N3a4-B545 alcsoport egy régió kivételével egymástól elkülönítve található meg Baskíriában. A két alcsoport együtt, egymás közelében kizárólag Északnyugat-Baskíriában fordul elő. Az N-B540 is itt éri el a legmagasabb előfordulási arányt egy baskír etnikai csoport, az Uran nemzetség tagjai között (90%).⁴⁶ Tovább erősíti Északnyugat-Baskíria fontosságát magyar őstörténeti szempontból, hogy az N3a2-M2118 kizárólag Északnyugat-Baskíriában mutatható ki, és ott is csak a Jenej nemzetség tagjai között.⁴⁷ A történeti, nyelvi és embertani adatok szintén megerősítik,

hogy Északnyugat-Baskíriának és esetleg a szomszédos Kelet-Tatársztánnak fontos szerepe lehetett a honfoglaló magyarság őseinek és a keleten maradt magyarok életében.⁴⁸ Ez a terület gyakorlatilag a Káma alsó folyásának környéke, ahol Julianus barát megtalálhatta a keleten maradt magyarokat. Legújabbban Olekszij Komar, ukrán régész vetette föl, hogy Levédia fő folyója, a Hidmasz is a Káma volt.⁴⁹

Az elválások időbeliségére vonatkozóan további kutatásokra, további minták bevonására van szükség. Említésre méltó e tekintetben, hogy egy csuvas és egy magyar N3a2-M2112 alcsoportoz tartozó személy nagyjából 1400 éve vált el egymástól.⁵⁰ Feltételezve, hogy a kérdéses leszármazási vonal folyamatosan jelen volt azóta a magyar génállományban, akkor ez az első hajszálvékony genetikai érv amellett, hogy a magyarok ősei viszonylag későn, legkorábban 620 után hagyták el a Volga-Urál térséget. (Tegyük hozzá: alig valószínű, hogy a családi elválás ideje évre pontosan megegyezzen a magyarok nyugatra vándorlásával a Volga-Urál régióból. Azaz a 620 egy kifejezetten konzervatív alsó becslés a magyar közösségek életében bekövetkezett szakadásra.)

Az *I. képen* látható két, nagyjából 2800 éve élt „ősapa” (szürkével keretezett piros hatszöggel jelölve), kapcsán említésre méltó, hogy nagyjából egy időben éltek egy ugor vagy korai magyar közösségben bekövetkezett migrációs eseménnyel. Korábbi publikált archeogenetikai modellünk szerint a Baraba-sztyeppén (Ob és Irtyis között elterülő, tavakban gazdag erdő-sztyepei terület) a szejma-turbinói, az andronovói és a késő bronzkori kultúrákban ugor csoportok éltek, amelyek pont ebben az időben, a bronzkor és a vaskor közötti átmenet idején tűntek el a térségből⁵¹ valószínűleg a korszakot jellemző lehülési csúccsal összefüggésben.⁵²

⁴³ CSÖSZ ET AL. 2016; NÉMETH ET AL. 2017; NEPARÁCZKI ET AL. 2019.

⁴⁴ NÉMETH ET AL. 2017.

⁴⁵ TRISKA ET AL. 2017.

⁴⁶ BALANOVSKA ET AL. 2017.

⁴⁷ BALANOVSKA ET AL. 2017.

⁴⁸ NÉMETH ET AL. 2019.

⁴⁹ KOMAR 2018.

⁵⁰ www.yfull.org.

⁵¹ NÉMETH ET AL. 2017.

⁵² KORYAKOVA–EPIMAKHOV 2007.

KÖVETKEZŐ LÉPÉSEK

A speciális markereket kereső, mély filogenetikai elemzéseken alapuló kutatások több vonatkozásban is folytatásra érdemesek. Egyrészt jóval több mintát kellene mély filogenetikai elemzésnek alávetni, hogy pontosabban vizsgálható legyen az N-B539 alcsoportban az obi-ugor magyar és a „baskír”-magyar elválások időbelisége. (Valójában nem beszélhetünk baskír-magyar elválásáról, hanem csak a baskírokba olvadt és a nyugatra vándorolt magyar közösségek elszakadásáról.) Modellünk alapján ugyanis pont az valószínűsíthető, hogy az N-B539 alcsoporton belül az északnyugat-baskírok és a kárpát-medencei magyarok elválása jóval későbbi lesz, mint az *I. képről* leolvasható 2200 év. (A jelenlegi kutatásban csak kevés baskír és azon belül is szinte csak déli baskírokat vetettek alá mély filogenetikai vizsgálatnak.) Valószínűleg ennek köszönhető, hogy az N-B539 alcsoportban becsült „baskír”-magyar elválás jóval magasabb a régészeti leletek ¹⁴C-es vizsgálata alapján becsülnél.

De ugyanilyen fontos lenne a csuvas, ukrán, magyar és Jenei etnikai csoporthoz tartozó N3a2-M2118 minták mély filogenetikai vizsgálata. Különösen fontos lenne északnyugat baskírokat és több az északnyugat-baskíriai térségben gyakori haplocsoportot (N-B539, N3a2-M2118, R1a-Z93, I1-M253)⁵³ bevonni a vizsgálatokba.

Az *I. képen* látható két, nagyjából 2800 éve élt „ősapa” (szürkével keretezett piros hatszöggel jelölve), akinek leszármazottai csak a magyarokban, baskírokban és tatároknál található meg. Amennyiben ez a két N-B539 alcsoportba tartozó – utódok tekintetében viszonylag sikeres ősapák – a korai magyar közösségekben élt, akkor ezek az ősapák egy-egy magyar migrációs markert határoznak meg. Ezt a meglehetősen súlyos következményekkel járó lehetőséget, archeogenetikai kutatásokkal lehet és szükséges ellenőrizni.

Szükségesnek tartjuk továbbá mély filogenetikai elemzésnek alávetni az R1a-Z93 alcsoportot is, amely nagy arányban van jelen egyes északnyugat-

baskír populációkban⁵⁴ és eltürkösödött indoiráni népesség nyoma lehet a baskír génállományban. Ezzel párhuzamosan fontos lenne bevonni az archeogenetikai kutatásokba az onogur-bolgárok központi régészeti lelőhelyét, Bolsije Tarhanit is, mert közvetett bizonyítékok szólnak amellett, hogy onogur-bolgárok is nagyobb arányban csatlakozhattak a honfoglaló magyar törzsszövetséghez.⁵⁵ Egyelőre nem eldönthető kérdés, hogy az N3a2-M2118 alcsoport inkább törökös vagy ugor csoportokkal lépett be a korai magyarok génállományába. Azt is csak sejtjük, hogy ez a csoport az 1700 éve indult demográfiai expanziónak az N-PH1612 alcsoport keretén belül.

Az N-B539 és az N3a2-M2118 alcsoportok belső topológiájának feltérképezése, az esetleges magyar migrációs markerek azonosítása nagyban hozzájárulhat a magyar vándorlás Urál-vidéket megelőző állomásainak megismerésében. Jelenleg a genetikai adatok alapján úgy tűnik, hogy a Volga-Urál vidék nemcsak egy egyszerű, hanem egy kifejezetten fontos állomás volt a magyar etnogenezisben. Az is biztos azonban, hogy a magyarok valahonnan keletről, Nyugat-Szibériából vagy Észak-Kazahsztánból érkeztek az Urál vidékre. Jelenlegi genetikai tudásunk alapján ez a terület egyelőre nem lokalizálható pontosabban, az érintett régészeti kultúra vagy kultúrák tekintetében távolról sincs egyetértés a kutatók között.

A megfelelő markerek vizsgálatával viszont vizsgálhatóvá válhat, hogy mely mai szibériai tatár és északi kazah közösségekbe olvadhattak be szibériai magyar csoportok. És kiderülhet az is, hogy – a leginkább szóba jövő – szargatkai, potcsevaszkajai, molcsanovói és bakalszkajai régészeti kultúrák közül melyeket jellemezték leginkább a korai magyarokra jellemző genetikai mintázatok. Ha anyagi korlátok miatt a térségben átfogó vizsgálatra nem lesz lehetőség, akkor elsőként a Tobolszktól kissé keletre élő szibériai tatároktól és a Pavlodar környéki kazahoktól vennék mintát.

⁵³ BALANOVSKA ET AL. 2017.

⁵⁴ BALANOVSKA ET AL. 2017.

⁵⁵ NÉMETH ET AL. 2019.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönettel tartozunk Zsákai Annamáriának és a Magyar Biológiai Társaságnak, hogy lehetővé tette tanulmányunk megjelenését annak ellenére, hogy az *Anthropológiai Közleményekben* megjelent már egy hasonló témájú írásunk. Illetve köszönettel tartozunk Horváth Gellértnek a képek egy részének *SAP Analytics Cloud* felhasználásával való elkészítésében.

IRODALOM

- BALANOVSKA ET AL. 2017: Balanovska, E. – Yusupov, Y. – Shalyaho, R. – Stepanov, G. – Asilgugin, R. – Zhabagin, M. – Balaganskaya, O. – Sultanova, G. – Borisova, E. – Daragan, D. – Balanovsky, O.: Genetic portraits of seven clans of north-western Bashkirs: contribution of the Finno-Ugric genetic component to Bashkirian gene pool. *Moscow University Anthropology Bulletin* 2017:3, 94–103.
- BÁLINT 2018: Bálint Cs.: A történeti genetika történeti relevanciájáról. *Magyar Tudomány* 179 (2018) 115–125, <https://doi.org/10.1556/2065.179.2018.1.13>
- BÍRÓ ET AL. 2014: Bíró, A. – Fehér, T. – Bárány, G. – Pamjav, H.: Testing Central and Inner Asian admixture among contemporary Hungarians. *Forensic Science International: Genetics* 15 (2014) 121–126, <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.11.007>
- BOGÁCSI-SZABÓ ET AL. 2008: Bogácsi-Szabó E. – Csányi B. – Tömöry Gy. – Blazsó P. – Csősz A. – Kiss D. – Langó P. – Köhler K. – Raskó I.: Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén. *Magyar Tudomány* 169 (2018) 1204–1216.
- CAVALLI-SFORZA ET AL. 1994: Cavalli-Sforza, L. L. – Menozzi, P. – Piazza, A.: *The history and geography of human genes*. Princeton 1994.
- CSŐSZ ET AL. 2016: Csősz, A. – Szécsényi-Nagy, A. – Csákyová, V. – Langó, P. – Bódis, V. – Köhler, K. – Tömöry, G. – 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>
- FEHÉR ET AL. 2015: Fehér, T. – Németh, E. – Vándor, A. – Kornienko, I. V. – Csáji, L. K. – Pamjav, H.: Y-SNP L1034: limited genetic link between Mansi and Hungarian-speaking populations. *Molecular Genetics and Genomics* 290 (2015) 377–386, <https://doi.org/10.1007/s00438-014-0925-2>
- FÓTHI ET AL. 2020: Fóthi, E. – Gonzalez, A. – Fehér, T. – Gugora, A. – Fóthi, Á. – Biró, O. – Keyser, C.: Genetic analysis of male Hungarian Conquerors: European and Asian paternal lineages of the conquering Hungarian tribes. *Archaeological and Anthropological Sciences* 12 (2020), article number: 31. <https://doi.org/10.1007/s12520-019-00996-0>
- ILUMÄE ET AL. 2016: Ilumäe, A. M. – Reidla, M. – Chukhryaeva, M. – Jarve, 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. – Vilems, R. – Rootsi, S.: Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *American Journal of Human Genetics* 99 (2016) 163–173, <http://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- KORYAKOVA–EPIMAKHOV 2007: Koryakova, L. – Epimakhov, A.: *The Urals and Western Siberia in the Bronze and Iron Ages*. Cambridge 2007. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511618451>
- MARTINEZ-CRUZ ET AL. 2015: Martínez-Cruz, B. – Mendizaba, I. – Harmant, C. – de Pablo, R. – Ioana, M. – Angelicheva, D. – Kouvatzi, A. – Makukh, H. – Netea, M. G. – Pamjav, H. – Zalán, A. – Tournev, I. – Marushiakova, E. – Popov, V. – Bertranpetit, J. – Kalaydjieva, L. – Quintana-Murci, L. – Comas, D.: Origins – admixture and founder lineages in European Roma. *European Journal of Human Genetics* 24 (2015) 937–943, <https://doi.org/10.1038/ejhg.2015.201>

- NÉMETH ET AL. 2017: Németh E. – Csáky V. – Székely G. – Bernert Zs. – Fehér T.: Új filogenetikai mértékek és alkalmazásuk, új nézőpontok a magyarok korai története kapcsán. *Anthropologiai Közlemények* 58 (2017) 3–36, <https://doi.org/10.20330/AnthropKozl.2017.58.3>
- NÉMETH ET AL. 2019: Németh E. – Kustár Á. – Székely G. – Klima L.: Az apai vonalú N haplocsoport szerepe a mai baskírok – tatárok és magyarok genetikai kapcsolatrendszerében. *Anthropologiai Közlemények* 60 (2019) 43–64, DOI: 10.20330/AnthropKozl.2019.60.43.
- NEPARÁCZKI ET AL. 2019: Neparáczkai, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Maár, K. – Nagy, I. – Latinovics, D. – Kustár, Á. – Pálfi, Gy. – Molnár, E. – Marcsik, A. – Balogh, Cs. – Lőrinczy, G. – Sándor, 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>
- KOMAR 2018: KOMAR, O.: *A korai magyarság vándorlásának történeti és régészeti emlékei (История и археология древних мадьяр в эпоху миграции)*. Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia 11. Magyar Őstörténeti Témacsoport Kiadványok 5. Napkút Kiadó, Ómúltunk Tára 14. Budapest 2018.
- POST ET AL. 2019: Post, H. – Németh, E. – Klima, L. – Flores, R. – Fehér, T. – Türk, A. – Székely, G. – Sahayyan, H. – Mondal, M. – Montinaro, F. – Karmin, M. – Saag, L. – Yunusbayev, B. – Khusnutdinova, E. K. – Metspalu, E. – Villems, R. – Tambets, K. – Rootsi, S.: Y-chromosomal connection between Hungarians and geographically distant populations of the Ural Mountain region and West Siberia. *Scientific Reports* 9 (2019), article number: 7786, <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44272-6>
- ROOTSI ET AL. 2007: Rootsi, S. – Zhivotovsky, L. A. – Baldovic, M. – Kayser, M. – Kutuev, I. A. – Khusainova, R. – Bermisheva, M. A. – Gubina, M. – Fedorova, S. A. – Maillumae, A. – Khusnutdinova, E. K. – Voevoda, M. I. – Osipova, L. P. – Stoneking, M. – Lin, A. A. – Ferak, V. – Parik, J. – Kivisild, T. – Underhill, P. A. – Villems, R.: A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. *European Journal of Human Genetics* 15 (2007) 204–211, <https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5201748>
- TAMBETS ET AL. 2004: Tambets, K. – Rootsi, S. – Kivisild, T. – Help, H. – Serk, P. – Loogvali, E-L. – Tolk, H-V. – Reidla, M. – Metspalu, E. – Pliss, L. – Balanovsky, O. – Pshenichnov, A. – Balanovska, E. – Gubina, M. – Zhadanov, S. – Osipova, L. – Damba, L. – Voevoda, M. – Kutuev, I. – Bermisheva, M. – Khusnutdinova, E. – Gusar, V. – Grechanina, E. – Parik, J. – Pennarun, E. – Richard, C. – Chaventre, A. – Moisan, J-P. – Barac, L. – Pericic, M. – Rudan, P. – Terzic, R. – Mikerezi, I. – Krumina, A. – Baumanis, V. – Koziel, S. – Rickards, O. – De Stefano, G. F. – Anagnou, N. – Pappa, K. I. – Michalodimitrakis, E. – Ferak, V. – Füredi, S. – Komel, R. – Beckman, L. – Villems, R.: The western and eastern roots of the Saami – the story of genetic “outliers” told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *American Journal of Human Genetics* 74 (2014) 661–682, <https://doi.org/10.1086/383203>
- TRISKA ET AL. 2017: Triska, P. – Chekanov, N. – Stepanov, V. – Khusnutdinova, E. K. – Kumar, G. P. A. – Akhmetova, V. – Babalyan, K. – Boulygina, E. – Kharkov, V. – Gubina, M. – Khidiyatova, I. – Khitrinskaya, I. – Khrameeva, E. E. – Khusainova, R. – Konovalova, N. – Litvinov, S. – Marusin, A. – Mazur, A. M. – Puzyrev, V. – Ivanoshchuk, D. – Spiridonova, M. – Teslyuk, A. – Tsygankova, S. – Triska, M. – Trofimova, N. – Vajda, E. – Balanovsky, O. – Baranova, A. – Skryabin, K. – Tatarinova, T. V. – Prokhortchouk, E.: Between Lake Baikal and the Baltic Sea: Genomic history of the gateway to Europe. *BMC Genetics* 18 (2017) 110–115, <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0578-3>
- TÜRK 2014: Türk A.: A honfoglalás kori régészeti hagyatékkal kapcsolatot mutató keleti lelőhelyek In: *A honfoglalók viselete*. Magyar őstörténet 1. Szerk.: Sudár B. – Petkes Zs. Budapest 2014, 36–64.
- VOLKOV–KARIMOV 2016: Волков, В. Г. – Каримов, А. А.: Происхождение и родственные связи башкир родов Сальют, Терсяк, Сыррян, Бикатин, Сырзы, Шуран по данным геногеографии.

In: *История башкирских родов Сальют, Терсяк, Сыңрян, Бикатин, Сырзы, Шуран* 19. Отв. ред.: Хамидуллин, С. И. Уфа 2016, 213–225.

YUNUSBAYEV ET AL. 2015: Yunusbayev, B. – Metspalu, M. – Metspalu, E. – Valeev, A. – Litvinov, S. – Valiev, R. – Akhmetova, V. – Balanovska, E. – Balanovsky, O. – Turdikulova, S.: The Genetic Legacy of the Expansion of Turkic-Speaking Nomads across Eurasia. *PLoS Genetics* 11 (2015) e1005068, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005068>

THE POSSIBLE ROLE OF PATERNAL N HAPLOGROUP IN EARLY HUNGARIAN GENE POOL

ENDRE NÉMETH

Several open questions in Hungarian prehistory have a migration or demographic aspects. In an international study with Estonian researchers, we succeeded in examining some of the Y-SNP subgroups that are likely to be present in early Hungarians, using population genetics. The mapping of the internal structure of the paternal N-Z1936 subgroup and the geographical distribution of its subgroups indicate that one of the subgroups of N-Z1936, the N-B539 subgroup, might have been associated with Ugrian groups some way. Based on the results, it is likely that more Hungarians remained in the Ural region than previously thought. Considering other studies of population genetics, history, linguistics and anthropology in the Ural region, it is most likely that the ancestors of the conquerors departed from northwestern Bashkortostan, and possibly from the neighboring eastern Tatarstan; and the Hungarian tribe alliance may have included a significant proportion of Onogur-Bulgarian groups.

29th Conference of Young Scholars
on the Migration Period

Budapest, November 15–16, 2019

