

MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI KUTATÓCSOPORT KIADVÁNYOK

← - - - - -
STUDIA AD ARCHAEOLOGIAM PAZMANIENSIA



HADAK ÚTJÁN

A népvándorláskor
fiatal kutatóinak
XXIX. konferenciája

Budapest, 2019. november 15–16.

Főszerkesztő: Türk Attila

BÖLCSESZETTUDOMÁNYI KUTATÓKÖZPONT
MAGYAR ŐSTÖRTÉNETI KUTATÓCSOPORT

PÁZMÁNY PÉTER KATOLIKUS EGYETEM
RÉGÉSZETTUDOMÁNYI INTÉZET

MARTIN OPITZ KIADÓ

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia

A PPKE BTK Régészettudományi Intézetének kiadványai

Archaeological Studies of PPCU Institute of Archaeology

Volume 24.2

Bölcészettudományi Kutatóközpont

Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok

Volume 4.2

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

Bölcsészettudományi Kutatóközpont
Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia
International Editorial Board

Heinrich Härke
Eberhard Karls Universität (Tübingen)

Oleksiy V. Komar
Institute of Archaeology (Kiev)

Abdulkarim Maamoun
Damascus University (Damascus)

Denys Pringle
Cardiff University (Cardiff)

Dmitry A. Stashenkov
Samara Regional Historical Museum (Samara)

Nikolai P. Telnov
Institute of Archaeology (Chişinău)

Magyar Őstörténeti Kutatócsoport Kiadványok
International Editorial Board

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

Pál Fodor
Honorary Director General of the RCH (Budapest)

László Klima
PPCU Institute of Archaeology (Budapest)

Hakan Aydemir
Istanbul Medeniyet University (Istanbul)

Balázs Sudár
Institute of History of RCH (Budapest)

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

„HADAK ÚTJÁN”
A NÉPVÁNDORLÁSKOR
FIATAL KUTATÓINAK
XXIX. KONFERENCIÁJA

Budapest, 2019. november 15–16.

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

Főszerkesztő
Türk Attila



BUDAPEST 2023



PÁZMÁNY PÉTER
KATOLIKUS EGYETEM



A kötet a



támogatásával valósult meg



Bölcsészettudományi
Kutatóközpont

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

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

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

Szerkesztők

Jancsik Balázs – Sudár Balázs

Munkatárs

Ambrus Edit

© szerzők

© Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténelmi Kutatócsoport

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

© Martin Opitz Kiadó

ISBN 978-615-6388-35-3

HU-ISSN 2064-8162

HU-ISSN 2786-1538

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

Kiadja:

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

Nyomda: Pauker Nyomdaipari Kft.

GENETIKAI ADATOK AZ URÁL VIDÉK KORA KÖZÉPKORI TEMETKEZÉSEIBŐL A KORAI MAGYARSÁGGAL KAPCSOLATBA HOZHATÓ RÉGÉSZETI HAGYATÉK TÜKRÉBEN

CSÁKY VERONIKA* – GERBER DÁNIEL* – SZEIFERT BEA* – EGYED BALÁZS** –
STÉGMÁR BALÁZS** – SZERGEJ G. BOTALOV*** – IVAN V. GRUDOSKO*** –
NATALJA P. MATVEJEVA**** – ALEKSZANDR SZ. ZELENIKOV**** – ANASZTASZIIA V. SZLEPCOVA**** –
RIMMA D. GOLGYINA***** – ANDREJ V. DANICS***** – MENDE BALÁZS GUSZTÁV* –
TÜRK ATTILA***** – SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA*

Kulcsszavak: *aDNS, mitokondriális DNS, Y-kromoszóma, Urál vidék, korai magyarok*

Absztrakt: *A korai magyarok az Urál vidékéről vándoroltak Kr. u. 9. században a Kárpát-medencébe a Közép-Volga vidékén és a kelet-európai sztyeppén keresztül. Egykori őshazájuk a kusnarenkovói kultúrával jellemezhető Urálon túl déli része lehetett. Az Urál nyugati előteréből pedig többek között a lomovátovói és a nyevolínói kultúrák hozhatók régészeti szempontból kapcsolatba a korai magyarsággal. Jelen tanulmány ezen régiókból származó 36 temetkezés, valamint a mai Magyarország területéről származó 9 honfoglalás kori egyén anyai és apai vonalát vizsgálja, ezen felül az urálon túli Ujelgi temető néhány egyénének teljes genom (shallow shotgun) adatait is közli.*

Az említett – valószínűleg endogám csoport által használt – Ujelgi lelőhely három horizontja között genetikai folytonosságot fedezhetünk fel. Filogenetikai és populációgenetikai elemzések segítségével szemléltetjük az Urálon túl, az Urál nyugati előtere és a Kárpát-medence közötti különböző szintű genetikai kapcsolatokat. A bemutatott új uráli eredmények az eurázsiai népességgenetikai kutatások adatsorait jellemző hiányosságot pótolják, és valamelyest átírják a 10–11. századi Magyarország területéről származó mitogénomokból és Y-kromoszómák vizsgálataiból korábban levont következtetéseket.

A tanulmány 2020. novemberében jelent meg angol nyelven a Scientific Reports folyóiratban (<https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z>).

* Eötvös Loránd Kutatási Hálózat, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Archeogenomikai Intézet, 1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4. csaky.veronika@abtk.hu; gerber.daniel@abtk.hu; szeifert.bea@abtk.hu; mende.balazs@abtk.hu; szecsenyi-nagy.anna@abtk.hu

** ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Genetika Tanszék, 1053 Budapest, Egyetem tér 1–3. egyed.balazs.dr@gmail.com; stegmarb@gmail.com

*** Dél-Urál Állami Föderatív Egyetem, Cseljabinszk, Oroszország. grig@csc.ac.ru, grudochkoivan@mail.ru

**** Tyumenyi Állami Egyetem, Tyumen, Oroszország. nataliamatveeva1703@yandex.ru, qvimen@hotmail.com

***** Orosz Tudományos Akadémia, Tyumenyi Tudományos Központ, Észak Fejlesztési Problémáinak Intézete, Oroszország. sleptsova_1993@mail.ru

***** Történeti, Régészeti és Néprajzi Tanszék, Udmurtiai Történeti és Társadalmi Intézet, Udmurt Állami Egyetem, Izsevszk, Oroszország. arch@uni.udm.ru

***** Permi Állami Bölcsészettudományi és Pedagógiai Egyetem, Perm, Oroszország. adanich@yandex.ru

***** Pázmány Péter Katolikus Egyetem BTK Régészettudományi Intézet, Budapest; Eötvös Loránd Kutatási Hálózat, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Magyar Östörténeti Kutatócsoport, Budapest. 1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4. turk.attila@btk.mta.hu

BEVEZETÉS

Számos olyan nép vándorlása érintette Urál vidékét, amelyek Európa történelmét is alakították. Ezen események régészeti lenyomata többek között a Dél-Urál vidék kora középkori, jellemzően néhány száz sírból álló temetőiben is tetten érhető, amelyek utóbbi 10-15 évben kerültek a régészek figyelmének középpontjába.¹ Régészeti, nyelvészeti és történeti elméletek szerint is a magyar népesség etnogenezise az Urál vidékére vezethető vissza.² A magyarság eredetével kapcsolatos mai *mainstream* történeti modell szerint a magyar nyelv az Urál hegység keleti oldalán alakult ki Kr. e. 1000–500 között,³ majd a Kr. u. 6. században költöztek a magyarok elődei előbb az Urál nyugati előterébe. Ezt követően egy részük valamikor a Kr. u. 8. században (nyelvészeti ismeretek alapján), vagy még inkább a 9. század első felében (írott források és régészeti ismeretek alapján) máig ismeretlen okokból átkelt a Volga folyón és a Dnyeper-Dnyeszter térségében telepedett le és ott élt a Kr. u. 9. század második felében (*I. kép*),⁴ egészen a Kr. u. 895-ben végbement Kárpát-medencei honfoglalásig (szubbotci horizont). A Kárpát-medence 10. századi anyagi műveltsége – bár gyorsan átalakult – jól kimutatható régészeti kapcsolatokat mutat az említett kelet-európai térségek hagyatékával.⁵ Az uráli régió őskori és középkori népességének genetikai háttéréről csekély információval rendelkezünk, ezzel szemben a középkori Kárpát-medence népességét a kutatók már behatóan tanulmányozták az uniparentális markerek tekintetében.⁶ Neparáczi és mtsai. tanulmánya 102 teljes mitokondriális genomot vizsgált, amelyek honfoglalás kori magyarországi temetőkből származnak.⁷ A szerzők szerint a magyar honfoglalók genetikai összetételének alapját – egyéb, eddig nem vizsgált népek mellett – a

sztyeppei nomádok (közép-ázsiai szkíták) valamint a kelet-európai Szrubnaja kultúrához tartozó populáció leszármazottjaiból álló vegyes népesség alkothatta. Az eredményeik továbbá ázsiai hun – magyar honfoglaló genetikai kapcsolatot is feltételeznek.⁸ Fontos azonban megjegyezni, hogy a vizsgált középkori mintakészlet nem foglalja magában a honfoglaló népesség egészét, mivelhogy a minták 76%-a az északkelet-magyarországi Karos-Eperjesszög lelőhelygyűjtéséből származott, amely a magyar honfoglaláskor egyik legjelentősebb lelőhelye, számos keleties lelettel.⁹ A konklúzióban tett megállapítások közül főként a Szrubnaja-kapcsolatot emelik ki, ami kérdéses, hiszen a kultúra és népessége több mint 2000 évvel a korai magyarság régészeti műveltségének első nyomainak megjelenése előtti időszakot jelöl. Emellett a további említett kapcsolatok, mint például a hszungnu birodalom népességének genetikai adatai eurázsiai szinten is elég hiányosak, a hunok genetikai örökségét pedig még nem jellemezték.

Két nemrégiben megjelent cikk a magyar honfoglalók Y-haplocsoport variabilitását vizsgálta, melyek heterogénnek írták le a honfoglaló elit réteget, jelentős arányban európai, finn-permi, kaukázusi és szibériai (ill. kelet-eurázsiai) apai vonalakkal.¹⁰ Fóthi és mtsai szerint a magyar honfoglaló népesség alapvetően három területről származik: Belső-Ázsia (Bajkál-tó – Altáj-hegység), Nyugat-Szibéria – Dél-Urál (finnugor népek) és Fekete-tenger – Észak-Kaukázus (észak-kaukázusi törökök, alánok és kelet-európaiak).¹¹ Mindkét tanulmány¹² rámutatott az N-Z1936 Y-haplocsoport (más néven N3a4-Z1936 az N-Tat/M46 alatt) jelenlétére, amely gyakori a finnugor nyelvű népeknél. Ez a vonal a mai magyarok körében is előfordul

¹ IVANOV 1999; BOTALOV 2017; BELAVIN ET AL. 2009; KOMAR 2018; TÜRK 2016.

² IVANOV 1999; FODOR 2015; RÓNA-TAS 1999.

³ HAJDÚ 1985; KLIMA 2016.

⁴ IVANOV 1999; BOTALOV 2017; BELAVIN ET AL. 2009; KOMAR 2018; TÜRK 2016; KRISTÓ 1996.

⁵ BOTALOV 2017; KOMAR 2018; TÜRK-FÜREDI 2019, 93–96.

⁶ TÖMÖRY ET AL. 2007; CSÓSZ ET AL. 2016.

⁷ NEPARÁCZI ET AL. 2018.

⁸ NEPARÁCZI ET AL. 2018.

⁹ Azóta már több eredmény is született, de a jelen tanulmány 2020-ban jelent meg, és az akkor állapotokat tükrözi.

¹⁰ FÓTHI ET AL. 2020; NEPARÁCZI ET AL. 2019.

¹¹ FÓTHI ET AL. 2020.

¹² NEPARÁCZI ET AL. 2019; FÓTHI ET AL. 2020.



1. kép. A Dél-Urál vidékéről valamint a Kárpát-medencéből származó kora középkori lelőhelyek elhelyezkedése, a korai magyarság feltételezett Őshazájával, lehetséges vándorlási útvonalakkal, és a különböző területek között hasonlóságot mutató régészeti leletanyaggal. Transz-Urál vidéke: Ujelgi temető (kushnarenkovói-karajakupovói kultúra) (1); cisz-uráli csoport: Bajanovo (késői lomovatovo kultúra) (2), Brodi (korai nevolino kultúra) (3), Bartim (nevolino kultúra, II. fázis) (4), Szukhoj Log (késői nevolino kultúra) (5); Magyar honfoglalók a Kárpát-medencében: Nyíregyháza-Oross Megapark és a M3 161. lelőhely (6), Balatonújlak-Erdő-dűlő (7), Harta-Freifelt (8), Kiszombor-Tanyahalom (9), Makó-Igási járandó (10). Hasonló típusú régészeti leletanyag a Kárpát-medencei honfoglalás kori örökségben (Kr. u. 9-10. század) különböző lelőhelyekről, a cisz-uráli vidék (Varni lelőhely Kr. u. 9-10. század) leletanyagában és a transz-uráli vidék (Kr. u. 9-10. század) Ujelgi és Szineglazovo temetők leletanyagában. Az Európa térképe a budapesti Bölcsészettudományi Kutatóközpont Régészeti Intézetének tulajdona, Adobe Illustrator CS6-ban módosították. A fényképeket Szergej G. Botalov és Türrk Attila készítették

Fig. 1. Location of investigated early medieval archaeological sites from South-Ural region and Carpathian Basin, with the possible migration routes, hypothetical Homeland of ancient Hungarians and the similar types of the archaeological finds. Trans-Ural region: Uyelgi cemetery (Kushnarenkovo-Karayakupovo culture) (1); Cis-Ural group: Bayanovo (Late Lomovatovo culture) (2), Brody (Early Nevolino culture) (3), Bartym (Nevolino culture, Phase II) (4), Sukhoj Log (Late Nevolino culture) (5); Hungarian conquerors in the Carpathian Basin: Nyíregyháza-Oross Megapark and the M3 161. burial site (6), Balatonújlak-Erdő-dűlő (7), Harta-Freifelt (8), Kiszombor-Tanyahalom (9), Makó-Igási járandó (10). Similar type of the archaeological finds in the heritage of the Hungarian Conquest period in the Carpathian Basin (ninth-tenth centuries AD) from different sites, in the material of Cis-Ural region (Varni cemetery ninth-tenth centuries AD) and Uyelgi and Sineglazovo cemeteries in Trans-Ural region (ninth-tenth centuries AD). The map of Europe is owned by the Institute of Archaeology in the Research Centre of the Humanities, Budapest, Hungary, and was modified in Adobe Illustrator CS6. The photos were taken by Sergei G. Botalov and Attila Türk

4%-os gyakorisággal. Post és mtsai rekonstruálták az N-Z1936 Y-haplocsoport részletes filogenetikáját rámutatva bizonyos alcsoportok jelenlétére néhány népcsoport esetében. Ilyen pl. az N-Y24365/

B545, amely megtalálható a tatárok, baskiok és magyarok körében, összekötve a mai magyarokat a Volga-Urál vidékén élőkkel.¹³

¹³ POST ET AL. 2019.

Az uráli nyelveket beszélő mai népek mitokondriális DNS (mtDNS) vonalainak korábban végzett vizsgálatai alapján kijelenthető, hogy a kelet- és nyugat- eurázsiai mtDNS-vonalak megoszlását sokkal inkább a földrajzi távolságok határozzák meg, mintsem a nyelvi hovatartozás.¹⁴ Például a Volga-Urál vidékéről származó finnugor népesség inkább török nyelvet beszélő szomszédaihoz hasonlít, mintsem a nyelvi szempontból rokon balti-finn népcsoportokhoz.¹⁵ Egy 15 uráli nyelvű népet vizsgáló tanulmány szintén a szomszédos népekkel való hasonlóságról számol be, ugyanakkor kimutatta egy – valószínűleg szibériai eredetű – genetikai komponens jelenlétét is.¹⁶ Bár a mai magyarok egyes mitokondriális vonalai szibériai származással bírnak,¹⁷ a magyarok génállománya eltér a többi uráli nyelvet beszélő népességtől.¹⁸

A jelen tanulmány fő célja az uráli régió kora középkori népességeivel kapcsolatos aktuális régészeti ismeretek bővítése archeogenetikai módszerek segítségével. A tanulmányban feldolgozott 36 Urál vidéki embertani minta gyűjtése során a legfőbb cél az volt, hogy kizárólag olyan szakmailag feltárt és megfelelően dokumentált Dél-Urál vidékén található temetőkből gyűjtsünk mintákat, amelyek korszak és kulturális hagyaték tekintetében (közvetlenül vagy közvetve) kapcsolódnak a magyarok őseihez (*1. kép és a Melléklet 7–14. képei*).

A Kárpát-medence 10. századi hagyatékához legközelebbi és legtöbb régészeti párhuzamát az Urálon túl fekvő Ujelgi lelőhelyről ismerjük, mintaszámunk innen a legnagyobb (*1. kép és a Melléklet 11–14. képei*). A késő kusnarenkovói kultúrához köthető temetőt a Kr. u. 8. század végétől a 11. századig, valószínűleg több népesség használta különböző periódusokban.¹⁹

A különböző régészeti-történeti koncepciók okán a mintavételünket a lehető legszélesebb körre terjesztettük ki az Urál nyugati oldalának kora középkori régészeti kultúráinak tekintetében a Káma folyó völgyében. Mivel a Kr. u. 8–9. század fordulóján a Nyevolino kultúra megszűnését korábban több kutató is a magyarok elődeinek elköltözésével hozta összefüggésbe,²⁰ így ennek a kultúrának mindhárom időrendi fázisából vizsgáltunk csontmintákat: Szukhoj Log (7–8. sz.), Bartim (5–6. sz.) és Brodi (3–4. sz.) lelőhelyekről egyaránt (*1. kép*).²¹ A Nyevolino kultúra eltérő időrendi fázisainak nevet adó lelőhelyek népességének vizsgálata során arra is választ vártunk, hogy az eltérő régészeti fázisokat vajon azonos vagy hasonló népesség hozta-e létre. A Nyevolino kultúrával szoros kapcsolatokat mutató északi szomszéd, a Lomovotovo kultúra²² déli változatánál a kiemelkedően gazdag és jellegzetes leleteket adó Bajanovo temetőből (9–10. sz.) vizsgáltunk csontmintákat (*Melléklet, 8–10. képek*), noha itt a csontok megtartása a talajadottságok miatt nagyon gyenge volt.²³

Továbbá kilenc – Csósz és mtsai²⁴ által korábban közölt – 10–12. századi Kárpát-medencei mintát elemeztünk újra teljes mitogénom szinten, melyek az mtDNS I hipervariábilis régió (HVRI) szintjén már azonosságot mutattak a vizsgált uráli mintákkal.

A jelen tanulmányunk fő célja az volt, hogy jellemezzük a 3–11. századi dél-uráli régió népességeinek anyai és apai genetikai vonalainak összetételét, valamint összehasonlítsuk az eredményeket a rendelkezésre álló archaikus és modern eurázsiai genetikai adatállománnyal. Ezenkívül törekedtünk a vizsgált uráli népességek és a Kárpát-medence honfoglalás kori népessége közötti lehetséges genetikai kapcsolatok leírására is.

¹⁴ BERMISHEVA ET AL. 2002; TAMBETS ET AL. 2004; DERBENEVA ET AL. 2002.

¹⁵ BERMISHEVA ET AL. 2002.

¹⁶ TAMBETS ET AL. 2018.

¹⁷ MALYARCHUK ET AL. 2018.

¹⁸ TAMBETS ET AL. 2018.

¹⁹ BOTALOV 2017; BOTALOV 2012.

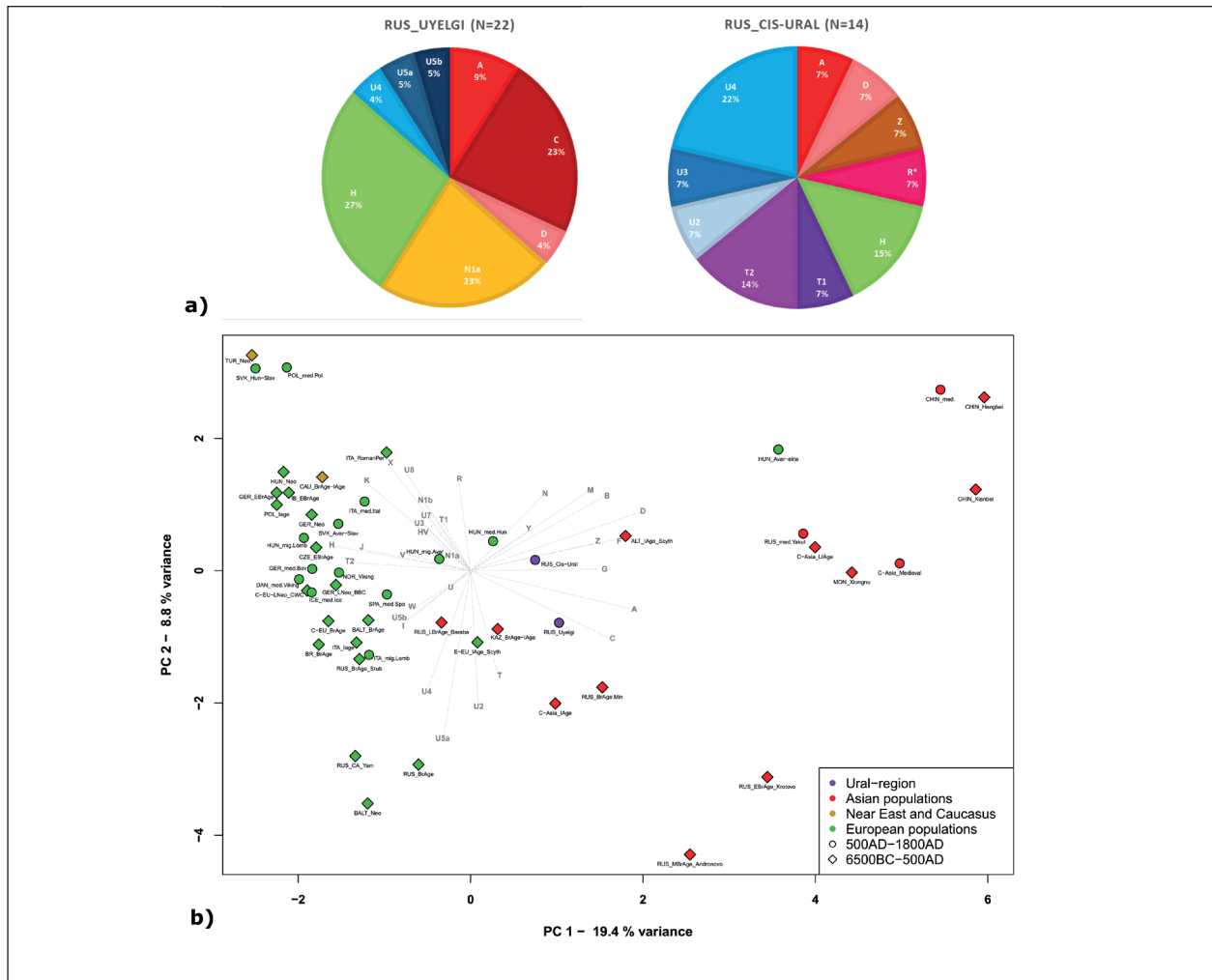
²⁰ IVANOV 1999; BOTALOV 2017; BELAVIN ET AL. 2009.

²¹ GOLDINA 2012.

²² BELAVIN ET AL. 2009.

²³ FODOR 2015.

²⁴ CSÓSZ ET AL. 2016.



2. kép. Az uráli régióból származó vizsgált populációk mitokondriális haplocsoport-gyakoriságai (a) és az 50 archaikus népséget tartalmazó PCA diagram, amely az első és a második főkomponenst ábrázolja (b). (a) A vizsgált populációk: Transz-Urál vidéki Uyelgi temető (RUS_Uyelgi) (lásd S2 és S4 kiegészítő táblázatokat); Bajanovó, Szukhoj Log, Bartim és Brodi (nevolino-lomovatovo kultúrák) temetők „Cisz-Urál” csoportban (RUS_Cis-Ural). (b) Az archaikus eurázsiai populációk mitokondriális haplocsoport frekvenciáján alapuló PCA elemzés. A képen az ázsiai (piros) és európai (zöld) népségek egyértelmű elkülönülése látható, köztük találhatóak a vizsgált cisz-uráli és Uyelgi lelőhelyek (lila): a Cisz-Urál (RUS_Cis-Ural) a magyar honfoglalók közelében (HUN_med.Hun), míg az Uyelgi (RUS_Uyelgi) a közép-ázsiai sztyeppe (C-Asia_IAge) vaskori populációja, a Minuszinski-medencéből származó bronzkori népesség (RUS_BrAge.Min), a kazahsztáni bronzkori és vaskori népesség (KAZ_BrAge-IAge) és a kelet-európai vaskori szkíták (E-EU_IAge_Scyth) között helyezkedik el.

Fig. 2. Mitochondrial haplogroup frequencies of the investigated populations from Ural region (a) and PCA plot with 50 ancient populations, representing first and second principal components (b). (a) The characterized populations: cemetery Uyelgi (RUS_Uyelgi) from the Trans-Ural region (see Supplementary Tables S2 and S3); cemeteries Bayanovo, Sukhoy Log, Bartym and Brody (Nevolino-Lomovatovo cultures) grouped into “Cis-Ural” (RUS_Cis-Ural)

(b) PCA analysis based on haplogroup frequencies in Eurasian ancient populations. Clear separation of Asian (red) and European (green) populations is visible on the plot, the investigated Cis-Ural and Uyelgi sites (violet-coloured) are located between them: the Cis-Ural (RUS_Cis-Ural) near to the Hungarian conquerors (HUN_med.Hun) and the Uyelgi (RUS_Uyelgi) is positioned between the Iron Age population from Central Asian Steppe (C-Asia_IAge), Russian Bronze Age population from Minusinsk Depression (RUS_BrAge.Min), Bronze Age and Iron Age populations from Kazakhstan (KAZ_BrAge-IAge) and the East European Iron Age Scythians (E-EU_IAge_Scyth)

VIZSGÁLT RÉGÉSZETI KULTÚRÁK, LELŐHELYEK ÉS LELETEK JELLEMZÉSE

Ujelgi és a késő kuszarenkovói/karajakupovói kultúra az Urálon túlon (Transz-Urál régió)

Az Ujelgi temető Baskíria urálon túli részén helyezkedik el, mintegy 2,5 km-re északkeletre Kanzarovka településtől (Cseljabinszk megye, Kunasak járás) Oroszország középső részén. A lelőhelye egy nagy kiterjedésű temető, amelyet több korszakban is használtak a 9–11. században. Bár a lelőhely már korábban is nyilvántartásban volt, aktív kutatása a 2009-es fémkereső műszeres felderítést követően indult meg 2010-től kezdődően Szergej G. Botalov és a Dél-Urál Egyetem régész munkatársainak vezetésével. Az Ujelgi tó nyugati teraszán fekvő lelőhelyet számos további tó fogja közre (pl. Szajgerli), amely adottság jó megtelepedési feltételeket nyújtott elsősorban a nagyállattartással foglalkozó népeknek. A lelőhelyről eddig ismertté vált, elsősorban szörványleletek alapján elmondhatjuk, hogy a honfoglalás kori leletanyag legközelebbi és egyben legnagyobb számú párhuzamokkal rendelkező lelőhelyéről van szó.

A lelőhelyen kurgán alá, annak betöltésébe és az azok közötti térségekben egyszerű aknasírokba is temetkeztek, a sírok 80%-nál jellemző a rablás/bolygatás jelensége. Eddig mintegy 20 kurgán és közel 100 objektum került feltárássra, elsősorban a lelőhely ÉK- és ÉNy-i területén.

2015-ben vált biztossá, hogy a lelőhelyen a 8. század végétől keltezhetők az első, korai sírok, közöttük a 10. és 32. számú kurgánok. Az északi és déli kiemelkedés közötti középső részén, egy laposabb, mélyebb szakaszon feküdtek. A 32. kurgánban egy gyermeksír, egy felszerszámozott lótemetkezés, egy ezüst övvel eltemetett íjász sírja került feltárássra. A 10. kurgánból összesen két, erősen bolygatott temetkezést ismerünk. A feltárt leletek, elsősorban ezüst alapú ötvözetből készült lapos övveretek a 9. századra jellemzőek, amelyek gyakran félkör alakú nyúlványokkal rendelkeznek. Az íjász sírjában egy nagyon archaikus, a 7–8. századra jellemző íjászfelszerelés került feltárássra. Ez a sír kulcsszerepet játszik a lelő-

hely korai keltezésében, amelyet a radiokarbon kormeghatározás is megerősített: Kr. u. 770–900 (95,4% konfidenciaintervallum).²⁵

A temető kései része az északi oldalon fekszik, amelynek leletanyagában a burjánzó növényi díszítés és a nielló technika is megjelenik. A 9. századot követően a 10–11. századi temetőrész között egy átmeneti fázis mutatható ki a leletanyagban (az itt feltárt leletek többsége tipológiai szempontból a 9. századhoz köthető: sima felületű lapos ezüstveretek, néhány esetben félgömbös kidudorodásokkal), bár ez régészetileg még nem teljesen egyértelmű. A 9. kurgán 7. számú gyerektemetkezése sorolható ide, amely egyszerre hordoz 9. és 10. századi jellegzetességeket. A 7. kurgán 5. sírja viszont már egyértelműen a 10–11. századi kései periódus emléke, amelyet a radiokarbon kormeghatározás is megerősített (Kr. u. 880–1150, 95,4% konfidenciaintervallum),²⁶ noha magának a kurgánnak a betöltésében elvéve még előfordultak 9. századi jellegű leletek is. Ez annak a bizonyítéka, hogy a kurgánok feltöltésébe többszörösen, több időszakban temetkeztek, vagyis körülötte már létezett az 1, 2, 3, 28, 29, 30, 34a kurgán és azok sírjai, amelyek nem keltezhetők a 10. századnál korábbra, amely horizont pedig a legjellemzőbb az Ujelgi lelőhelyre.²⁷ A lelőhelyen feltárt 9. századi leletek a helyi kuszarenkovói tradíciókat mutatják, amely a temetőt hátrahagyó népesség összetett jellegében a helyi, autochton elemet jelenti. Hasonló temetők a térségben máshol is megtalálhatók, pl. Gaultri, valamint Baskíria további 9. századi temetőit is említhetjük, amelyeket N. A. Mazsitov kutatott. Ezeket az övek helyi megformálása és díszítése miatt a szakértők uráli komponensnek nevezik, amely alapvetően különbözik a magyarsághoz legközelebb álló altaji szrosztkinszki és az Urál nyugati előterében ismert permi stílustól. Ezek együttes feltűnése egyrészt kiválóan bizonyítja a lelőhely összetett jellegét, ugyanakkor régészetileg még további magyarázatra szorul a 10. századi honfoglalás kori párhuzamok történeti értékelése tekintetében.

²⁵ GRUDCHKO ET AL. 2018.

²⁶ GRUDCHKO ET AL. 2018.

²⁷ GRUDCHKO–BOTALOV 2011.

A genetikailag releváns eredményeket adó minták közül még egyről kell külön megemlékezni, a 11. kurgán 5. temetkezéséről. Ez a sír a temető korai részéből származik (Kr. u. 720–941). Mivel a leletek között szrosztki típusúak is előfordulnak, illetve a sír másodlagosan a kurgán betöltésébe ázott, ezek a régészeti szempontok leginkább a 9. század közepére és második felére kelteznek a sírt. Azon régészeti jellegzetességei, mint a sekély sírgödör, csontcsat, aranyozott szíjvég önmagukban a 10–11. század elejére kelteznek a sírt. Így azt feltételezzük, hogy ebben a sírban a legkorábbi szrosztki típusú leletekkel jellemezhető keletről beköltöző népesség egyik legkorábbi halottja feküdt, ami arra utal, hogy ennek a népességnek a legkorábbi megjelenése az adott területen már a 9. század második felétől adatható.

Jelenleg az Ujelgi a temetőből rendelkezünk a legnagyobb mintaszámmal, melyet az orosz-magyar közös kutatás lehetősége mellett az is indokol, hogy jelenleg innen ismerjük a legnagyobb számban a legközelebbi analógiát a honfoglalás kori temetkezésekhez, ugyanakkor a temető a keleten maradt magyar népesség remélt kimutatásához is hozzájárulhat.

A nyevolinói kultúra: Brodi, Bartim és Szuhaj Log temetők (Urál nyugati előtere, Káma-völgy alsó szakasza)

A nyevolinói kultúra az Urál-hegység nyugati lábánál, a Káma-völgyben terjedt el, és a régió Kr. u. 4–9. századi történelmének egyik legjelentősebb és legalaposabban kutatott kultúrája. A kultúra végét korábban a magyarok elvándorlásával hozták összefüggésbe, ezért a régészeti kronológia szerint mindhárom időszakából vizsgáltuk az embertani mintákat. A nyevolinói kultúra (Kr. u. késő 4–9. század) a Káma menti régió egyik alaposan tanulmányozott régészeti kultúrája. A kultúrát főként az Udmurt Állami Egyetem (Izsevszk) régészeti expedíciója kutatta Rimma D. Goldina²⁸ vezetésével. Maga a kultúra kezdettől fogva uralta a Szilva-menedécét (a Szilva a Csuszovaja folyó bal parti mellékfolyója, ez utóbbi pedig a Káma mellékfolyója) a Tisz befolyásáig. A terület kiterjedése északról

délre több mint 150 km, nyugatról keletre pedig több mint 100 km. A nyevolinói kultúra részét képező, jól ismert temetők Nyevolino, Brodi, Bartim, Verh-Saja és Szuhaj Log falvak közelében találhatóak. E népesség dinamikus fejlődésében kulcsfontosságú szerepet játszott a terület földrajzi fekvése az erdők és a sztyeppe között, valamint az elágazó folyórendszer, amely összeköti a régiót déli (a Belaya folyónál), északi, nyugati, délnyugati (a Kámánál) és keleti területekkel az Urálon túlig (Szilva és Csuszovaja folyónál). A Káma mente népessége egy saját jellegzetes és eredeti kultúrát hozott létre, ami úgy a közeli szomszédokkal, mint a távoli régiókkal – Közép-Ázsiával, a szászánida Iránnal, Bizánccal, a Balti-tenger térségével és másokkal, ahonnan az emberiség akkori legnagyobb vívmányai származtak – fennálló folyamatos kapcsolatnak köszönhető.

A nyevolinói kultúrához tartozó Brodi a Kr. u. 4–5. századra, Bartim a Kr. u. 6–7. századra, Szuhaj Log – amelyről a kultúra késői szakaszát nevezték el – a Kr. u. 8–9. századra datálható. A nyevolinói kultúra körülbelül 15 000 négyzetkilométer kiterjedésű lehetett az erdős terület déli részein. A népesség távoli vidékekhez fűződő kereskedelmi tevékenységének eredményeként egyértelmű régészeti kapcsolatok figyelhetők meg az Urál keleti részével, a szászánida Iránnal, Bizánccal, Közép-Ázsiával és a Balti-tenger térségével. A terület régészeti kutatásának központja az izsevszki Udmurt Állami Egyetem Régészeti Tanszéke.²⁹

A Bajánovó temető és a lomovatovói kultúra (Urál nyugati előtere)

A lomovatovói kultúra az Urál-hegység nyugati peremén helyezkedett el, a nyevolinói kultúra területétől északkeletre, a Káma-völgyben, és Kr. u. 4–10. század végére datálható.

A bajánovói temető az Urál permi, nyugati előterének ugor eredetű népességének hagyatéka, amelyet a 9. századtól a 11. század első feléig használtak. A lelőhely a permi kerület Dobrjánkai járásában fekszik Bojanovo falu mellett. Az első régészeti feltárást 1951-ben és 1953-ban került sor

²⁸ GOLDINA–CHERNYKH 2005.

²⁹ GOLDINA–CHERNYKH 2005; GOLDINA 2012; GOLDINA ET AL. 2013.

V. A. Oborin révén, amely kutatás A. V. Danyics vezetésével 2007 óta napjainkig tart.³⁰ Ezidáig 2413 m² megkutatott területről 421 sírt ismerünk, amelyek a lomovátovói kultúra déli variánsának legkiemelkedőbb leletanyagát adták. Az archeogenetikai módszerekkel vizsgált 277-es sírban egy váz nyugodott, csontjai anatómiai rendben feküdtek, ahol a sír északi részében egy rossz megtartású koponya alsó állkapcsa maradt fenn, valamint a kéz és a láb hosszúcsontjai. A váz egy 18-25 év körüli férfihez tartozott. A 280-as számú sír egy gyermek anatómiai rendben fekvő temetkezése volt, enyhén jobbra dőlt koponyával és a hosszú csontok itt is előkerültek, továbbá borda és a medence töredékei is. A medence alapján 10-12 év körüli lány sírja lehetett. A háton, nyújtott helyzetben fekvő váz tájolása fejfelé ÉK-i irányban történt. A 365. sír esetében csak koponyatöredékeket, illetve 14 fogat tártak fel, továbbá csigolyamaradványokat, amelyek alapján ez a sír egy 20-25 év körüli nő temetkezése volt.

Sajnos a régió egész kora középkori hagyatékkára jellemző a csontok igen gyenge megtartása elsődlegesen a kedvezőtlen talajviszonyok miatt. A lomovátovói kultúra és a bajanovói temető halotti maszk leletei, női ékszerei, az aranyozott háterű ezüst díszítmények ezen sírokat sok szempontból rokonítják régészeti és honfoglalás kori magyar hagyatékkal.

A vizsgált honfoglalás kori temetők a Kárpát-medencéből

A Kárpát-medencében eddig archeogenetikailag vizsgált temetkezések döntő többsége az elmúlt 20 év jól dokumentált friss feltárásaiból származik.

Harta-Freifelt lelőhely a Kárpát-medence középső régiójában fekszik és a 10. századi klasszikus honfoglalás kori régészeti hagyatékká jellemző rá.³¹ Érdekessége az archeogenetikai vizsgálatok tekintetében, hogy a 22 síros lelőhelyen egykor eltemetettek anyai ágon nem álltak rokoni kapcsolatban egymással.³²

A Balatonújlak-Erdődülő-i lelőhelyen (a Kárpát-medence nyugati felében), egy kis sírszámú temetőben megtalálhatóak a karakteres 10. századi leletek. Az említett két lelőhely (Harta-Freifelt és Balatonújlak-Erdődülő) esetében a régészeti értelmezés alapján megalapozottan várhatunk keleti kapcsolatokat biológiai értelemben is.³³

A Kárpát-medence ÉK-i régiójában fekvő Karos-Eperjesszög II. és III. temető a korszak régészeti leggazdagabb lelőhelye, melyet szokás a honfoglalás kori fejedelem és a körülötte lévő elit hagyatékkaként is értelmezni.³⁴

A vizsgált régió déli, délkeleti részét a M43 Makkó-Igási járandó lelőhely temetkezései fedik le,³⁵ ahol a jellegzetes 10. századi leletek mellett már a 11–12. századra jellemző leletek is megjelennek.

EREDMÉNYEK ÉS ELEMZÉSÜK

29 férfi és 16 női mintát vizsgáltunk. Teljes mitokondriális DNS és 3122 genomi egypontos nukleotid polimorfizmus (angol kifejezés alapján a továbbiakban SNP) célzott dúsítását végeztük el, kombinálva *shallow shotgun* szekvenálással. Ez utóbbi autoszómális és Y-kromoszómális SNP-eket is eredményezett, melyek segítségével sikerült 45 egyén genetikai nemét meghatározni. Ezek öt különböző Urál vidéki temetőből és hat, a mai Magyarország területén

található lelőhelyről származtak. Továbbá 20 Urál vidéki férfi Y rövid tandem ismétlődés (angol kifejezés alapján a továbbiakban STR) profilját is leírtuk. Részletes ismeretekért lásd a Melléklet *táblázatait* valamint az angol nyelvű cikk *S1, S2, S13 táblázatait* (<https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z>). A radiokarbon kormeghatározáshoz és a stabil izotóp adatokhoz lásd a Melléklet 2. fejezetét és az *1., 14. táblázatokat*.

³⁰ DANICH 2008.

³¹ KUSTÁR–LANGÓ 2003.

³² LANGÓ ET AL. 2016.

³³ LANGÓ–SIKLÓSI 2013.

³⁴ RÉVÉSZ 1996.

³⁵ BALOGH 2016.

Elsődleges eredmények

Negyvenöt jó lefedettségű mitokondriális genomot kaptunk (szekvenálási mélység $8,71 \times$ -tól $154,03 \times$ -ig), $71,16 \times$ átlagos lefedettséggel, melyek átlagos kontaminációs aránya 0,2% volt. Az új adatsor kilenc mitokondriális makrohaplocsoportból (A, C, D, H, T, U, N, R, Z) áll (2a kép). A nyugat-eurázsiai eredetű haplocsoportokat az U (U2e1, U3a1, U4a1d, U4b1a1a1, U4d2, U5a1a1, U5b2a1a1, $n=12$), a H (H1b2, H3b, H40b, $n=9$), az N (N1a1a1a1a, $n=5$) és a T (T1a1, T1a2, T2b4h, $n=5$) alkotják, bár a filogeográfiai elemzések némelyik alhaplocsoport esetében keleti eredetet mutatnak, lásd a 15. táblázatot és a Melléklet 19–26. képeit. A kelet-eurázsiai vonalakat az A (A+152+16362, A12a, $n=4$), a C (C4a1a6, C4a2a1, $n=6$), a D (D4j, D4j2, $n=2$), valamint egy R11b1b és egy Z1a1a csoportok képviselik (2a kép).

A Kárpát-medencei honfoglalás kori minták kiválasztásánál az alapot az Urál vidékéről származó mintákkal való mtDNS HVRI egyezések jelentették. Ugyan a párok a teljes mitokondriális DNS szintjén már nem bizonyultak azonosnak, viszont filogenetikailag kapcsolatot mutattak egymással (lásd a Melléklet 19–26. képeit).

Néhány mitokondriális vonal összeköti a transz-uráli (Urálontúl) és a cisz-uráli (Urál nyugati előtere) régiókat: pl. az Ujelgi és Szuhaj Log területéről származó minták az A+152+16362 haplocsoport filogenetikai fáján egy ágon helyezkednek el (Melléklet: 20. kép), továbbá Ujelgi és Brodi temetőből származó minták (D4j2 haplocsoporttal), valamint az Ujelgi és Bartim területéről származó minták (U4d2 haplocsoporttal) szintén egy ágon foglalnak helyet (Melléklet: 22. és 25. képek).

A mitokondriális vonalakkal összevetve az STR és/vagy SNP adatokon alapuló Y-kromoszomális adatok sokkal homogénebb összetételt mutatnak: A férfi minták 83,3%-a N-M46, 5,5%-a G2a (G-L1266), 5,5%-a J2 és 5,5%-a R1b haplocsoportokba tartozik (2. táblázat). Az Ujelgi temetőből származó 19 férfi közül 13 hordozza az N Y-haplocsoportot különböző szintű alhaplocsoport besorolással (mely főként a DNS megtartásával hozható

összefüggésbe, ugyanis minél rosszabb a DNS álmány, annál nehezebb a pontos alhaplocsoport meghatározás). Az Urál nyugati előterén három N-M46 Y-haplocsoportot azonosítottunk (Brodi, Bartim és Bajanovo temetőiből származó minták esetében). A Szukhoj Logból és a Bartimból származó csont- és fogminták általános rossz állapota ellehetetlenítette a további Y-kromoszóma-alapú elemzéseket (2. táblázat).

Az anyai vonalak és genomi adatok összehasonlító populációgenetikai elemzései

A kinyert adatokkal populációgenetikai elemzéseket is végeztünk. Az 50 archaikus és 64 ma élő népesség haplocsoport frekvencián alapuló főkomponens analízisét (PCA) és Ward-féle klaszterelemzését külön-külön végeztük el (2b kép, Melléklet: 27–28. képek, 3–4. táblázatok). A PCA alapján a magyar honfoglalók állnak a legközelebb a cisz-uráli csoporthoz (a PC1 és PC2 komponensek mentén, lásd a 2b képet). Ez a népesség viszonylag közel áll az Ujelgi csoporthoz (a közép-ázsiai vaskori népek és a kelet-európai szkíták mellett) a PC1 és PC3 komponensek mentén, ugyanis ezek az archaikus populációk nyugat- és kelet-eurázsiai vegyes makrohaplocsoportokkal rendelkeznek, ami nem jellemző a PC1 mentén elkülönülő európai és ázsiai népekre. A cisz-uráli és Ujelgi populációk magyar honfoglalókkal való közeli kapcsolata a szintén haplocsoport frekvencián alapuló Ward-féle klaszterező fán is megmutatkozik, ahol ugyanazon a főágon jelennek meg (Melléklet: 27. kép). Néhány mai közép-dél-ázsiai és finnugor nép (pl. hanti és manysi) szoros kapcsolatot mutat a vizsgált cisz-uráli és Ujelgi csoportokkal a Ward-féle klaszter analízis és a PCA alapján (Melléklet: 28. kép).

A teljes mitokondriális szekvenciák alapján számolt páronkénti genetikai távolság (F_{ST} -értékek) alapján a cisz-uráli csoport 13 archaikus populációtól nem mutat szignifikáns különbséget (5. táblázat), melyek közül a magyar honfoglalókhöz³⁶ állnak genetikailag a legközelebb ($F_{ST} = 0,00224$) (további F_{ST} értékekhez, p értékekhez és hivatkozásokhoz lásd az 5. táblázatot).

³⁶ NÉPARÁCSKI ET AL. 2018.

A linearizált Slatkin F_{ST} értékeken alapuló 28 archaikus populáció MDS diagramja (Melléklet: 29. kép) szerint a cisz-uráli népesség kapcsolatot mutat többek között a magyar honfoglalókkal az 1. és 2. koordináta mentén az európai és ázsiai népek között elhelyezkedve, ami az F_{ST} értékekben is tükröződik. Az Ujelgi az ábra ázsiai részén található, viszonylag távol minden archaikus populációtól, ami valószínűleg a tőlük való szignifikáns genetikai távolságával (a közép-ázsiai késő vaskori nép kivételével³⁷) és az ázsiai összehasonlító mitogénom adatállomány hiányával, valamint az Ujelgi népességen belüli rokoni vonalak nagy számával magyarázható. Az archaikus populációk F_{ST} -értékeinek rangkorrelációs hőterképe (lásd az *S9 kiegészítő ábrát* az angol cikk mellékletében: (<https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18>) Supplementary Information/ Supplementary Figures, 5. fejezet) alátámasztja az MDS diagrammot, amelyen az Ujelgi és Cisz-Urál vidékről származó népességek ugyanazokkal az archaikus populációkkal klasztereződnek, amelyek hozzájuk közel helyezkednek el az MDS ábrán is.

A cisz-uráli népesség és a magyar honfoglalók genetikai kapcsolata nyilvánvaló a páronkénti genetikai távolság (F_{ST}) számítás alapján, és jól látható a PCA ill. MDS diagramokon is, bár közvetlen filogenetikai kapcsolat alig akad közöttük. Ez inkább egykori letelepedési helyük földrajzi közelségére utalhat, mintsem közvetlen kapcsolatra.

Neparáczi és mtsai szerint a magyar honfoglalók mitogénom diverzitása lényegében a Szrubnaja kultúrához tartozó és ázsiai nomád populációk keveréke. Elemzéseiket és az eredményeik értelmezését megnehezítette, hogy eddig nem voltak archaikus minták az Urál vidékéről. Ezek a mostani tanulmányban közölt új adatok pontosítják a korábbi következtetéseket.³⁸ Ezen túlmenően fontos megjegyezni, hogy a korábban vizsgált magyar honfoglalás kori népesség eredete vegyes, tehát nemcsak „bevándorlóból”, hanem helyi vegyes Kárpát-medencei népességből is állt.

A cisz-uráli népesség nem mutat szignifikáns genetikai eltérést a közép-ázsiai hegyvidék négy

ma élő populációjától, továbbá hét közel-keleti és kaukázusi régió, valamint hat európai népességtől sem (lásd a 6. táblázatot), ami ennek a populációnak a vegyes jellegére enged következtetni. Ez jól látható az MDS diagramon is (lásd az *S10 kiegészítő ábrát* az angol cikk mellékletében: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18> Supplementary Information/ Supplementary Figures, 5. fejezet).

Érdekes módon, Ujelgi szignifikáns különbséget mutat a genetikai távolság tekintetében szinte az összes archaikus és mai népességtől, beleértve a magyar honfoglaló populációt is, annak ellenére, hogy velük egyéni szinten jelentős filogenetikai kapcsolatokat mutattunk ki.

A továbbiakban bemutatjuk öt Ujelgi lelőhelyről származó egyén sejtmagi genom SNP eredményei alapján leírt genotípusát PCA-án. Ezek a minták átlagosan 10 828 nukleáris genomi SNP-vel rendelkeztek, amelyeket együttesen a 3000 SNP *capture* és *shallow shotgun* szekvenálási adatból kaptunk (598 094 SNP-t hívtuk le, melyből 524 301 SNP-t használtunk a PCA számolásához, lásd a Melléklet 3. fejezetét). A PCA ábrák (3. kép, *S3 kiegészítő ábrák* az angol cikk mellékletében: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18> Supplementary Information/ Supplementary Figures, 5. fejezet) a mai népességek földrajzi elhelyezkedését tükrözik: a PC1 elkülöníti a nyugati és a keleti eurázsiai csoportokat, a közép-eurázsiaiak pedig középen helyezkednek el; a PC2 elkülöníti az európaiakat a délnyugat-ázsiaiaktól, valamint a kelet-eurázsiaiakat az észak-déli vonal mentén. Az öt Ujelgiből származó egyén ezen a genomi PCA-n (3. kép) az európai és ázsiai népek közé esik. A PC1-PC2 alapján az uráli népeknél jelennek meg, közel a mai manysikhoz és szölkupokhoz, továbbá a baskírokhoz, a szibériai tatárokhoz (az erdős sztyeppe északi részéről, Zabolotnije térségéből) és aleutokhoz is. A PC3 alapján a szibériai tatárok állnak a legközelebb az ujelgi klaszterhez (lásd az *S3d kiegészítő ábrát* az angol cikk mellékletében: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18> Supplementary Information/ Supplementary Figures,

³⁷ DAMGAARD ET AL. 2018.

³⁸ NEPARÁCZI ET AL. 2018.

3. fejezet). Amint más archaikus populációkat is vetítettünk a PCA ábrára, az ujelgi minták az altáji bronzkori okunevói népeiséggel³⁹, valamint a kazahsztáni sztyepei bronzkori népeiséggel³⁸ csoportosulnak, illetve közel vannak a Kola-félszigeten élt bronzkori populációhoz⁴⁰ az első két komponens mentén (3. kép). A Jeong és mtsai által leírt genetikai és nyelvi összefüggések alapján⁴¹ az Ujelgi populáció a mai uráli nyelvet beszélő és az eurázsiai sztyepei török nyelvet beszélő népeiségek között helyezkedik el.

Mivel a PCA segítségével nem mutatható ki az adott népeiség rétegződése és keveredése, úgynevezett ADMIXTURE (K=16) vizsgálatot végeztünk a kibővített SNP-k halmazán (Melléklet, 3. fejezet, unsupervised ADMIXTURE). Az öt ujelgi minta (átlagosan 22 540 SNP-vel számolva) a mai manysikkal és Irtis-Baraba tatárokkal, valamint az eurázsiai sztyepei régióból származó különböző archaikus mintákkal mutat leginkább hasonló genetikai összetételt⁴² (lásd az *S3f kiegészítő ábrát* az angol cikk mellékletében: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18> Supplementary Information/ Supplementary Figures, 3. fejezet).

Az egyes népeiségek közötti, több ezer éves lehetséges populációgenetikai események közötti pontosabb összefüggések feltárásához sokkal több archaikus referencia mintára és mélyebb szekvenálásra van szükség.

Az urálon túli Ujelgi temető horizontjai közötti genetikai kontinuitás

Az Ujelgi lelőhelyen található kurgán sírok a régészeti hagyaték szerint három időrendi horizontra oszthatók: I.) 9. század, II.) 9–10. század és III.) 10–11. század (lásd *am11–14. képeket*). Az uniparentális genetikai markerek genetikai kontinuitást mutatnak ezen horizontok között anyai vonalon endogám népeiségre utalva, amit régészetileg nem lehetett megfigyelni a temetőben található bolygatott sírok nagy száma miatt. Az N1a1a1a1a, C4a1a6 és H40b mitokondriális haplocsoportok filogenetika-

ilag azonos vagy monofiletikus vonalakkól állnak, kapcsolatot mutatva a három horizonton belül és azok között is (lásd a *4–5. képeket* és a Melléklet *21. és 23. képeit*). Ez a tendencia megfigyelhető az apai vonalak haplotípus- és hálózatelemzése alapján is (*4. és 6. kép*).

Az N-M46 Y-haplocsoport haplotípusai – kisebb különbségekkel az STR-profilokban – mindhárom horizontban megjelennek (*2. táblázat*). A legrégebbi és a középső horizont csak N-M46 haplotípusokat tartalmaz, köztük két azonos STR profilút a 32. kurgánban (9. század). Három azonos Y-STR profilt mutattunk ki a 28., 29. és 30. kurgán mintái között is (*4. és 6. kép*). Ebben a temetőben valószínűleg további azonos Y-haplotípusok is lehetnek, de a csontállomány rossz állapota miatt nem lehetett rekonstruálni hét férfi teljes Y-STR profilját (lásd a *2. táblázatot*). Ezen eredmények alapján azt feltételezzük, hogy az Ujelgi temetőt egy patrilokális közösség használta.

Az uniparentális markerek, valamint a sírok csoportosulása a vizsgált egyének közötti bizonyos fokú vérrokonságára utalnak. Sajnos a mélyebb rokonsági elemzéshez szükséges autoszomális SNP-k nem haladják meg a 400-at a páronkénti összehasonlításban, így ezek a vérrokonsági kapcsolatok egyelőre csak feltételezettek.

A Dél-Urál vidék népeisége és a magyar honfoglalók közötti lehetséges genetikai kapcsolat anyai vonalak tekintetében

Az urálon túli Ujelgi temető és a Kárpát-medencei 10. századi magyar honfoglalás kor népeisége genetikai kapcsolatát az alábbi egyének szoros anyai rokonsága jelzi: az Uyelgi3 minta (28. kurgán, 5–6. sír (bolygatott)) és három magyar honfoglaló a Karos II temetőből⁴³ azonos U4d2 mitokondriális DNS haplotípussal rendelkezik (*25. kép*). Ezen kívül a Hconq3 (30–40 éves nő a hartai temetőből, Kr. u. 10. század első feléből) mtDNS A12a vonala az Uyelgi7 (30. kurgán) mtDNS vonal filogenetikai őse (*19. kép*).

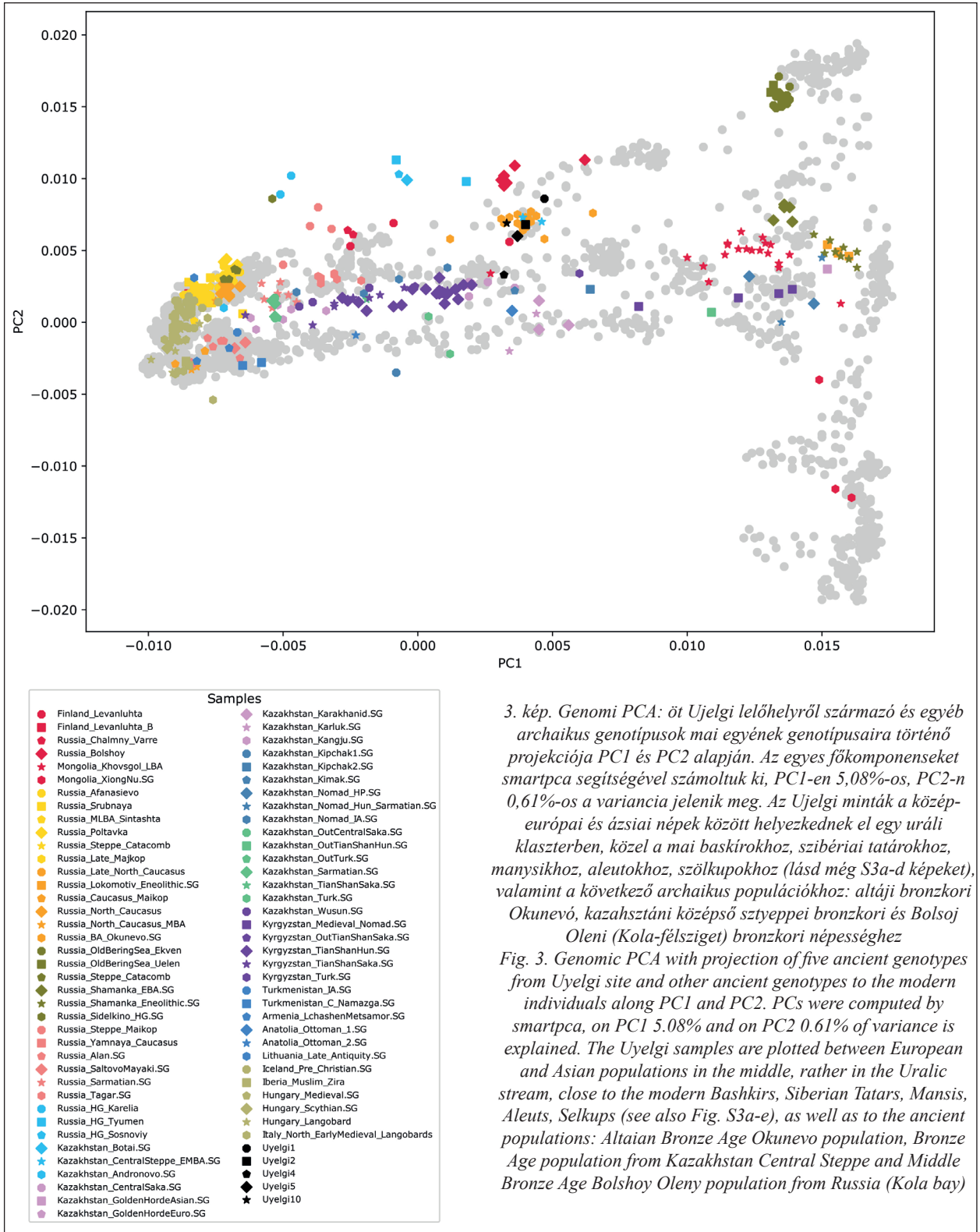
³⁹ DAMGAARD ET AL. 2018a.

⁴⁰ LAMNIDIS ET AL. 2018.

⁴¹ JEONG ET AL. 2019.

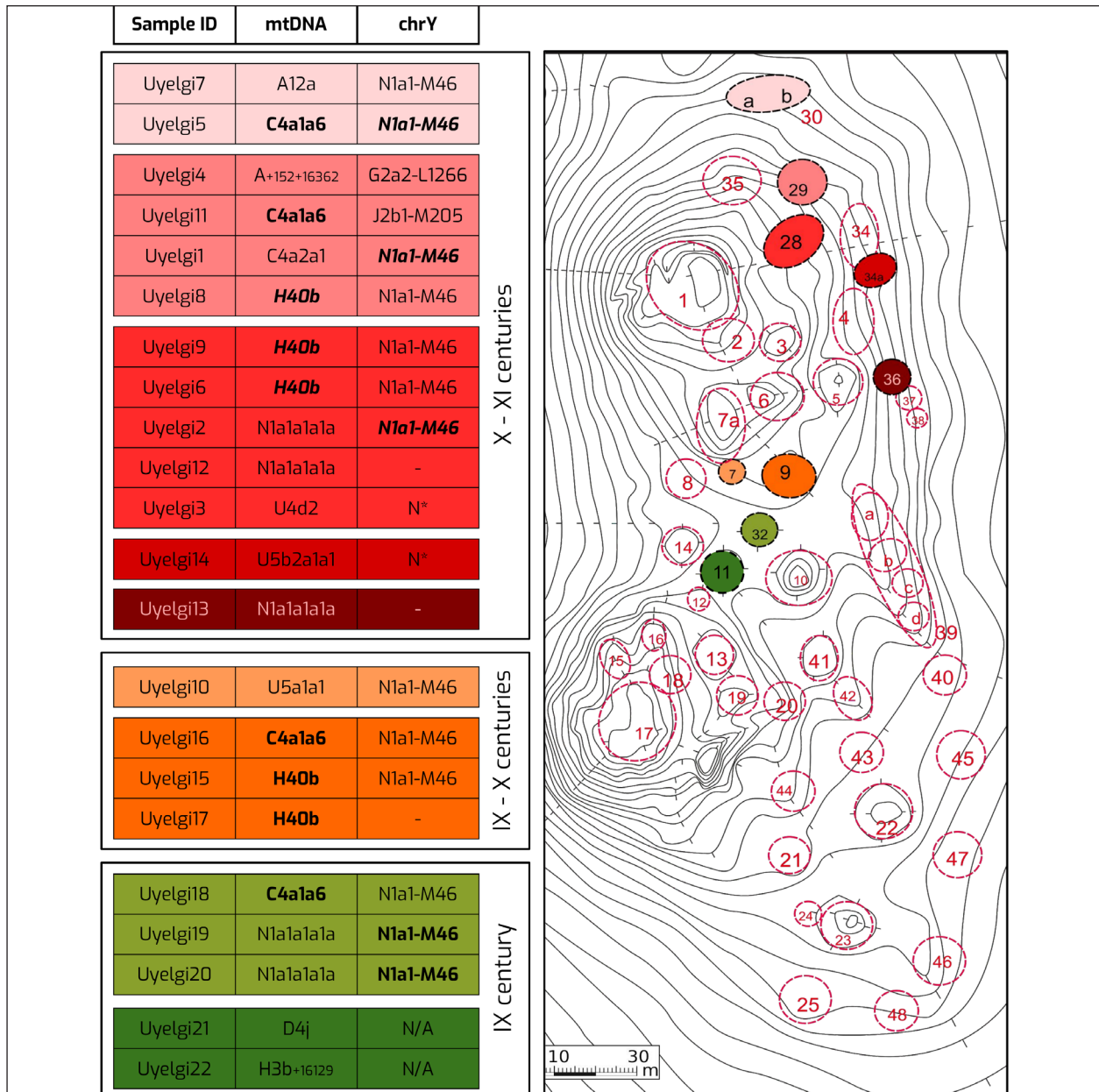
⁴² DAMGAARD ET AL. 2018a.

⁴³ NÉPARÁCZKI ET AL. 2018.



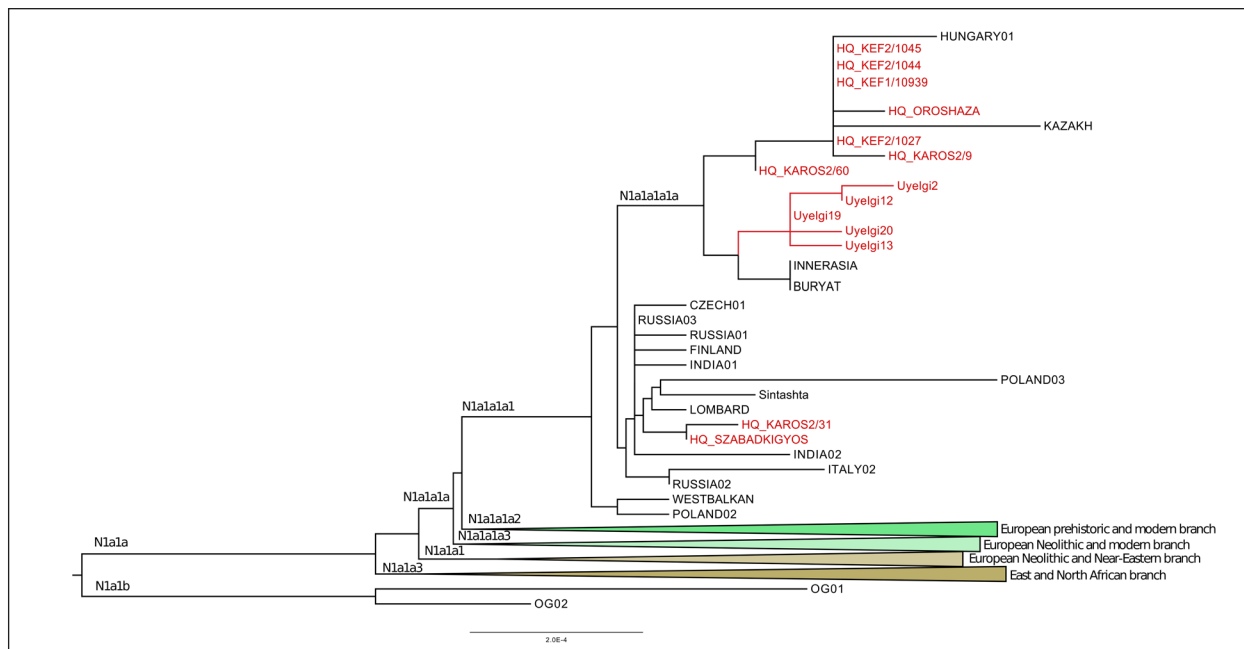
3. kép. Genomi PCA: öt Uyelgi lelőhelyről származó és egyéb archaikus genotípusok mai egyének genotípusaira történő projekciója PC1 és PC2 alapján. Az egyes főkomponenseket smartpca segítségével számoltuk ki, PC1-en 5,08%-os, PC2-n 0,61%-os a variancia jelenik meg. Az Uyelgi minták a közép-európai és ázsiai népek között helyezkednek el egy uráli klaszterben, közel a mai baskirokhoz, szibériai tatárokhoz, mansyikhoz, aleutokhoz, szőlőkupokhoz (lásd még S3a-d képeket), valamint a következő archaikus populációkhoz: altáji bronzkori Okunevó, kazahsztáni középső sztyeppei bronzkori és Bolsoj Oleni (Kola-félsziget) bronzkori népességhez

Fig. 3. Genomic PCA with projection of five ancient genotypes from Uyelgi site and other ancient genotypes to the modern individuals along PC1 and PC2. PCs were computed by smartpca, on PC1 5.08% and on PC2 0.61% of variance is explained. The Uyelgi samples are plotted between European and Asian populations in the middle, rather in the Uralic stream, close to the modern Bashkirs, Siberian Tatars, Mansis, Aleuts, Selkups (see also Fig. S3a-e), as well as to the ancient populations: Altai Bronze Age Okunevo population, Bronze Age population from Kazakhstan Central Steppe and Middle Bronze Age Bolshoy Oleny population from Russia (Kola bay)



4. kép. Az Uyelgi temető három horizontjának kurgánjai között fellelhető hasonlóságok mitokondriális haplotípusok, illetőleg Y-kromoszóma típusok tekintetében. A temető három időrendi horizontot foglal magában: a legrégebbi horizont a Kr. u. 9. századból (zöld színnel jelölve), a középső horizont a 9–10. századból (narancssárgával jelölve) és a legfiatalabb horizont a 10–11. századból (piros színnel jelölve). A félkövér és dőlt betűk különböző mitokondriális és/vagy Y-STR haplotípus egyezéseket jeleznek azon kurgánokon belül és között, amelyek elhelyezkedése a kép jobb oldalán látható. A C4a1a6 haplocsoportba tartozó négy azonos mitokondriális DNS haplotípus mindhárom horizontban, négy különböző kurgánban is megjelenik, továbbá a H40b haplocsoport két identikus haplotípusa a középső horizontból származik, és további három szintén azonos, azonban a H40b egy eltérő haplotípusa a két legfiatalabb horizont kurgánjából került elő. Ezenkívül az N1a1a1a1a mtDNS haplocsoportba tartozó öt egyén három, a legrégebbi és legfiatalabb horizontból származó kurgánba lett temetve

Fig. 4. Mitochondrial haplotype and Y-chromosomal similarities between the kurgans of the three horizons of Uyelgi cemetery. Three chronological horizons were defined in the cemetery: an oldest horizon from ninth century (marked with green), a middle horizon from ninth–tenth centuries (marked with orange) and the youngest horizon from tenth–eleventh centuries (marked with red colour). The bold and italic highlighted letters indicate different mitochondrial and/or Y-STR haplotype matches within and between the kurgans whose localization is visible on the right part of the figure. Four identical mitogenome haplotypes belonging to C4a1a6 haplogroup appear in all three horizons in four different kurgans, furthermore two identical haplotypes of H40b haplogroup are from the middle horizon and three also identical but different from the previous haplotypes of H40b come from two kurgans of the youngest horizon. Additionally, the five individuals with mtDNA haplogroup N1a1a1a1a are distributed in three kurgans from the oldest and youngest horizons



5. kép. Az N1a1 mitokondriális haplocsoport filogenetikai fája. N1a1a1a1a alhaplocsoportot öt egyénnél detektáltunk, akik az Uyelgi temető két horizontjából kerültek elő: Az Uyelgi19 és Uyelgi20 a legrégebbi (9. századi) horizontból, valamint Uyelgi2, Uyelgi12 és Uyelgi13 a legfiatalabb horizontból (10–11. század). A filogenetikai fán további kilenc 10. századi Magyarország különböző temetőiből származó honfoglaló minta és egy mai magyar egyén is látható. Az uyelgi csoportosulás kompakt, egyértelműen összeköti a legidősebb és legfiatalabb horizontot; az Uyelgi és a magyar honfoglalók anyai vonalai szomszédos alágakon különülnek el (további információkat lásd az S8 táblázatban)

Fig. 5. Phylogenetic tree of mitochondrial haplogroup N1a1. The subhaplogroup N1a1a1a1a was detected in five individuals assigned to two horizons of Uyelgi cemetery: Uyelgi19 and Uyelgi20 from the oldest (ninth century) horizon and the Uyelgi2, Uyelgi12 and Uyelgi13 from the youngest horizon (tenth–eleventh centuries), furthermore, in nine tenth centuries Hungarian conqueror graves from various cemeteries in Hungary, and in one modern Hungarian individual. The Uyelgi branch of the tree is very compact, clearly connects the oldest and youngest horizons together; however, the maternal lineages of the populations from Uyelgi and the Hungarian conquerors are separated (for the abbreviation and further information see Table S7)

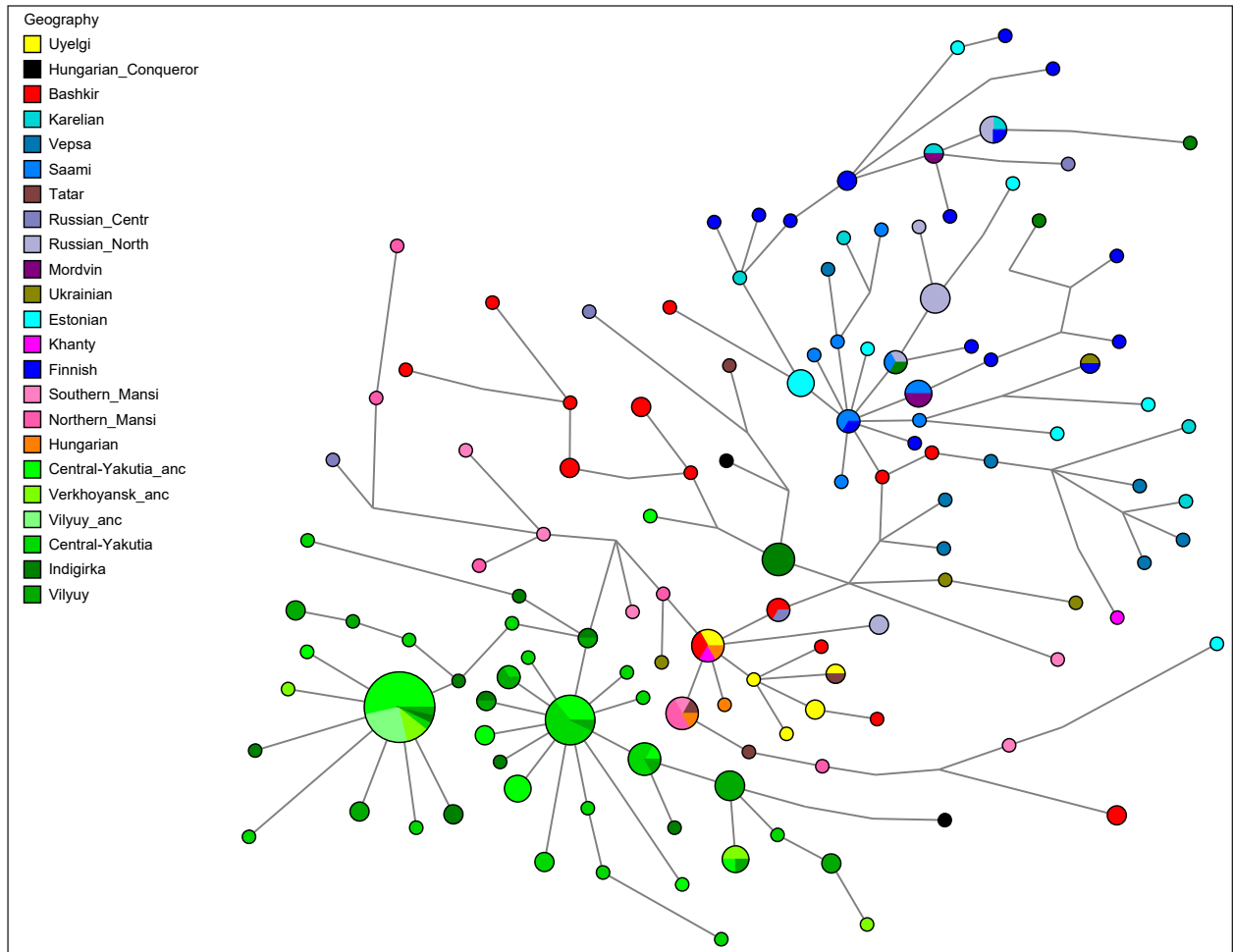
Régészeti szempontból az említett Uyelgi mintákról elmondhatjuk, hogy a leletanyagra a Szosztki kultúrára (Minuszinszki-medence, Baraba sztyepp Szibériában és az Altaj hegység térsége) jellemző növényi motívumokkal rendelkező aranyozott ezüst veretek jellemzőek (1. kép). Fontos továbbá megjegyeznünk, hogy ezen kurgánok régészeti leletei nem datálhatók korábbra, mint Kr. u. 10. századra, azaz már a Kárpát-medencei magyar honfoglalás utáni időszakra. Az U4d2 filogenetikai fára sorolt, karosi temetőből származó magyar honfoglalók és a velük azonos mitokondriális DNS szekvenciák az uyelgi népességből a két csoport szoros biológiai kapcsolatára vagy közös forráspopulációjukra utalhatnak.

A D4j filogenetikai fa egy érdekes jelenséget mutat: Uyelgi21 (11. kurgán, 5. sír) egy csoportban

van egy ma élő magyarországi egyénnel (Melléklet: 22. kép). E 11. kurgán Szosztki kultúra jegyeit mutató leletei hasonlóságot mutatnak a Kárpát-medencei honfoglaló magyarok tipikus régészeti leleteivel is (lásd az 1. és 14. képet).

Az U5a1a1 haplocsoport filogenetikai fán az Uyelgi10 minta mitogenom szekvenciája, valamint a Balatonújlak-Erdődűlőről származó két magyar honfoglaló (Hconq1 és Hconq6) és a Makó-Igási járandó temetőből származó 11. században eltemetett egyén (Hconq9) identikus mitokondriális vonala egy ágon csoportosul (Melléklet: 26. kép). Az Uyelgi10 (7. kurgán, 5. sír) régészeti szempontból vegyes jellegűt mutat: a leletek a Kr. u. 9. századhoz, valamint a szosztki kultúra hatásaihoz is köthetők (radiokarbon dátuma 880–1150 cal AD, a részletes információkért lásd a Mellékletet).⁴⁴ Balatonújlak-Erdődűlő lelőhely

⁴⁴ GRUDUCHKO ET AL. 2018; GRUDUCHKO–BOTALOV 2011.



6. kép. Az N-M46 Y-kromoszomális haplocsoport Median Joining típusú hálózatelemzése 17 STR alapján, 238 minta bevonásával. Mind a hét Uyelgi apai vonal (sárgával jelölve, két-két minta azonos Y-STR profillal rendelkezik: Uyelgi1–Uyelgi5 és Uyelgi19–Uyelgi20) szomszédos egymással, továbbá öt mansi, négy baskir, két magyar Y típusú, egy Volga–Urál területéről származó tatár mintával és egy közép-országi mintával. Az Uyelgi1 és Uyelgi5 Y-STR haplotípusa megegyezik két mai, a Volga–Urál területéről származó baskirral, egy Nyugat-Szibériából származó hantival és egy magyar egyénnel. Az Uyelgi16 azonos Y-STR szettel rendelkezik egy Volga–Urál területéről származó tatár egyénnel (lásd az S10 kiegészítő táblázatot)

Fig. 6. Median Joining network analysis of the N-M46 Y-chromosomal haplogroup based on 17 STRs in 238 samples. All seven samples from Uyelgi (marked with yellow) besides two-two identical samples (Uyelgi1–Uyelgi5 and Uyelgi19–Uyelgi20) are one-step neighbours of each other, as well as to five Mansi, four Bashkir, two Hungarian samples, one Tatar sample from Volga-Ural region and one Central Russian sample. The Uyelgi1 and Uyelgi5 share identical STR haplotype with two present-day Bashkir individuals from Volga-Ural region, one Khanty individual from Western-Siberia and one Hungarian individual. Uyelgi16 has identical STRs with a Tatar individual from Volga-Ural region (see Supplementary Table S8)

a honfoglaló magyarok által ritkán megszállt és a klasszikus magyar leletekkel jóval kevésbé jellemezhető Dunántúlon került elő. Mindkét temetkezés felnőtt nő sírja volt, gazdag mellékletekkel, aranyozott ezüst hajfonatkoronggal, az egyik keleti eredetű padmalyos sírgödör kialakítással. A temetkezések régészeti a 10. század középső harmadára, annak

is inkább az első felére keltezhető.⁴⁵ A Makó-Igási járandóból származó lelet nélküli sír a 11. század középső harmadára, vagyis az Árpád-korra datálható, amikor is a honfoglalók és a helyi lakosság már feltehetően összeolvadtak. Érdekes megfigyelés ugyanakkor, hogy a sírban eltemetett 25-30 éves európai férfi ugyanúgy mongoloid antropológiai jegyeket

⁴⁵ LANGÓ–SIKLÓSI 2013.

ennél a populációnál (N-F4205, N1a1a1a1a3a az ISOGG 14.255-ben), amely ma főként a Bajkál-tó körüli mongol nyelvű népekre jellemző.⁵³ Az avar elit népességtörténete eltérő a jelen tanulmányban vizsgált populációkhoz képest, ezért nem összevetendők egymással.⁵¹

Az Uyelgi11 (29. kurgán, 7. sír) a J2 Y-haplocsoportba tartozik. A Közel-Keletről származó J Y-haplocsoport napjainkban széles körben elterjedt.⁵⁴ Egy Sárrétudvari-Hízóföldről származó magyar honfoglaló (SH/81) minta a J2a1a alcsoportba tartozik,⁵⁵ azonban az Uyelgi11 mintát sajnos a J2 haplocsoporton belül pontosabban nem lehet meghatározni, ezért ezen a szinten további feltételezések nem tehetők.

Az Uyelgi4 (29. kurgán, 1-2. sír (bolygatott)) a G-L1266 alhaplocsoportba tartozik (G2a2b2a1a1a1b az ISOGG 14.255-ben), ami tulajdonképpen

a G csoport Európában elterjedt G-L140 haplocsoportjába tartozik, ám ez a G-L1266 érdekes módon Európán kívül is megjelent. A magyar honfoglalók körében a G-L30 (G2a2b az ISOGG 14.255-ben) jelenlétét a Karos II-ben (K2/33) Neparáczi és mtsai⁵⁴ kimutatták, ám további (részletesebb) klaszifikáció és STR adatok nem állnak rendelkezésre, ezért nem tudjuk összevetni a vizsgált Ujelgi mintával. A Fóthi és mtsai⁵⁶ által megjelentetett közleményben publikált, G-L1266 haplocsoporttal rendelkező honfoglaló mintát viszont bevontunk az MJ elemzésbe 14 Y-STR felhasználásával. Az adatbázis korlátaira vezethető vissza, hogy az MJ hálózati kaukázusi affinitást mutat mind a magyar honfoglaló (RP/2), mind az Ujelgi minta esetében (*S11 kiegészítő ábra*, <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#MOESM2>, 9. táblázat), ugyan közöttük nincs szorosabb kapcsolat.

KÖVETKEZTETÉSEK

Az Urál vidéke fontos szerepet játszott a magyarok etnogenezisében a régészeti, nyelvi és történeti források alapján is, bár ezen kutatási területek eredményei kronológiai és kulturális szempontból is kisebb eltéréseket mutatnak. Az itt bemutatott új, Dél-Urál vidékéről származó mitokondriális DNS, Y-kromoszóma és *shallow shotgun* autoszomális adatok alátámasztják a régió jelentőségét populációgenetikai szempontból is.

Míg a vizsgált 36 uráli minta anyai vonalainak filogenetikai és filogeográfiai szempontból nyugati és keleti komponensek kevert jellegére utalnak, addig az apai vonalak sokkal homogénebb képet mutatnak a Volga-Urál vidékre jellemző Y-haplocsoportokkal. Az Ujelgi népesség mitokondriális haplotípusait összességében nem lehet egyértelműen a keleti/nyugati komponensek mentén értelmezni, mivel mindkettő jellemző a populációra. Az európai eredetű N1a1a1a1a és H40b mitokondriális haplocsoportokba tartozó vonalak diverzifikációja az egyes horizontok közötti kapcsolatot támasztják alá, ami inkább egy nyugati jellegű

alappopulációra utal. Ezzel szemben viszonylag friss bekeveredésre enged következtetni a keleti filogeográfiai kapcsolatokkal rendelkező haplocsoportok markáns jelenléte, leginkább a fiatalabb horizontokon belül (pl. az A, A12a, C4a2a1 vagy az identikus C4a1a6 haplotípusok). A genetikai és régészeti tekintetben is felvetődött „váltásnak” azonban ellentmond az archaikus komponensek alacsony diverzitása, a genomi PCA-n való elhelyezkedés, az apai vonalak homogenitása (bár ez önmagában a patrilokalitással is magyarázható), valamint a mindhárom horizontban jelen lévő keleti komponens (C4a1a6). Annak ellenére, hogy ezen a szinten nem zárhatjuk ki a szrosztki kultúrához tartozó népesség genetikai hatását, valószínűbb, hogy a keleti komponensek jelentős része már az Ujelgi temető használata előtt bekeveredhetett. Az Ujelgiből származó népesség uniparentális genetikai összetétele egy olyan forráspopulációra utal, mely kronológiailag és/vagy földrajzilag kapcsolatba hozható a korai magyarsággal. Továbbá, az előzetes autoszomális vizsgálatok alapján tett

⁵³ ILUMÄE ET AL. 2016.

⁵⁴ FINOCCHIO ET AL. 2018.

⁵⁵ NEPARÁCZI ET AL. 2019.

⁵⁶ FÓTHI ET AL. 2020.

megállapítások, melyek szerint Ujelgi hasonló a mai uráli és nyugat-szibériai populációkhoz, akik nyelvészeti vagy történeti szempontból kapcsolatba hozhatók a magyarokkal, támpontot adhat a jövőbeli kutatásokhoz.

Ujelgi anyai vonalai közvetett (monofiletikus) és közvetlen (identikus vagy szomszédos) kapcsolatokat is mutatnak a honfoglaló magyarokkal. Érdekes módon a közvetett biológiai kapcsolatok genetikailag inkább a „nyugati alappopulációban” fordulnak elő, míg a közvetlen kapcsolatok szinte kizárólag a bekeveredett keleti komponensekhez köthetők. Ennek egyik lehetséges magyarázata, hogy a honfoglaló magyarok és az Ujelgi populáció elődei egy közös ősi népességet alkottak, mely még a keleti komponens bekeveredése előtt szétvált, ez a keleti komponens pedig utólag került be mindkét populációba. Ennek a keleti komponensnek pontos eredete vagy azonosítása jelen információk alapján nem határozható meg, azonban a teljes genomi admixture eredmények és a filogenetikai kapcsolatok Közép-Ázsia felé mutatnak.

Az Urál nyugati előterének filogenetikai elemzése nem mutatja kifejezetten egységesnek és folytonosnak ezt a vizsgált populációt; itt azonban fontos megjegyeznünk, hogy a hiányos adatok nem teszik lehetővé az átfogó vizsgálatokat és következtetéseket.

A honfoglaló magyarok és az Urál nyugati előteréből származó népesség anyai ágú filogenetikai (egyéni) kapcsolatai szórványosak, azonban egy regionális jellegű affinitás megfigyelhető, ami jól látszik a populáció egészét vizsgáló MDS és PCA elemzéseken. A kizárólag magyar honfoglalók genetikai összetételét vizsgáló tanulmányok a nem európai vonalakat különböző keleti régiókhoz kötötték, azonban ezek (és főként a ritka kelet-eurázsiai haplotípusok) késő vaskori és kora középkori Urál nyugati előterében lévő jelenléte finomíthatja jövőben az effajta következtetéseket.

Későbbi vizsgálatainkban az adatokat nagy lefedettségű genomi elemzésekkel, valamint a korai magyarsághoz köthető és a velük szomszédos régiók temetőiből származó további minták bevonásával tervezzük bővíteni.

MELLÉKLET

Táblázatok (1–13 táblázatok)

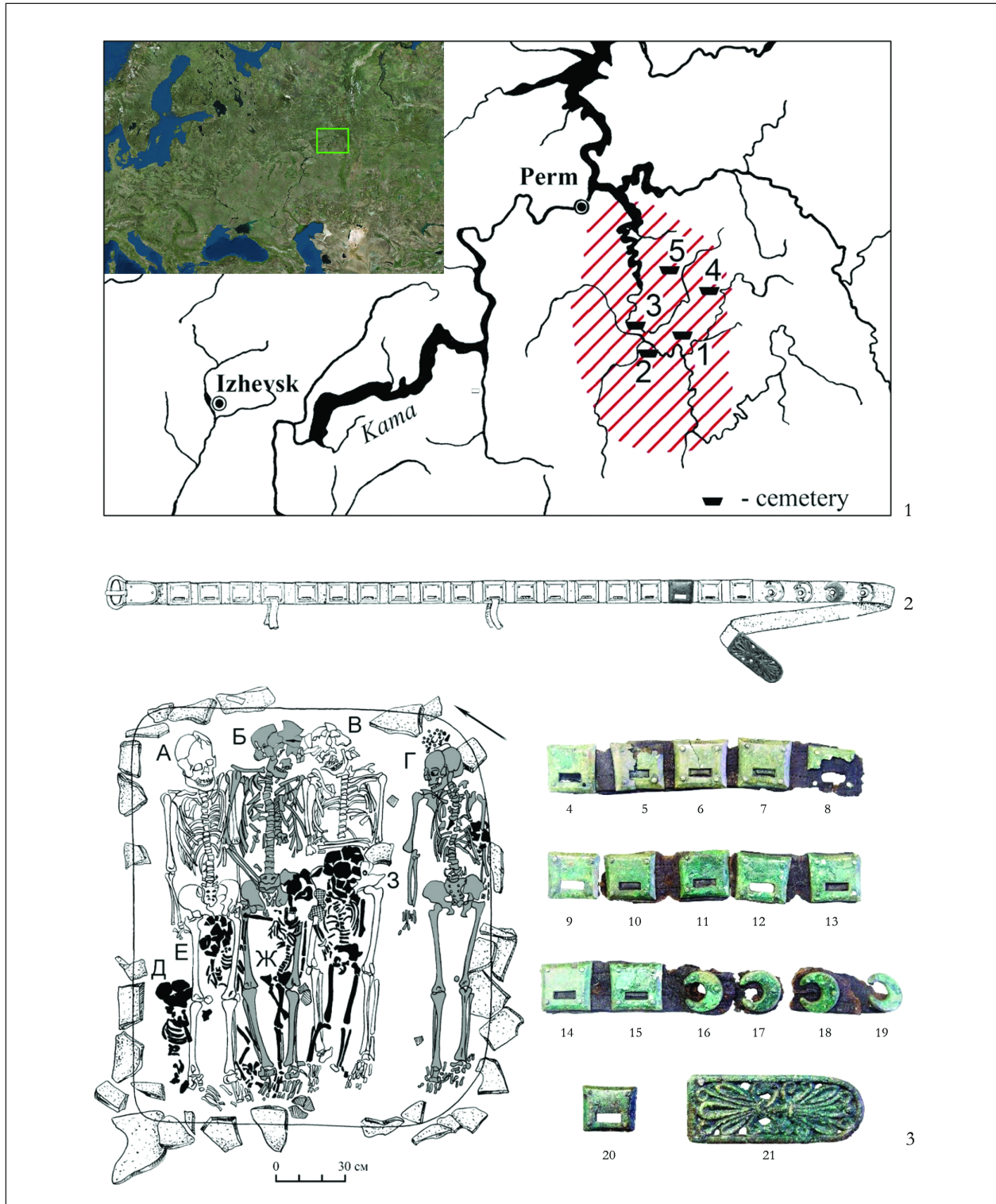


A vizsgált Urál vidéki temetők régészeti lelőhelyei és leletei (7–14. képek)

A vizsgált sírhelyek ¹⁴C keltezései és stabil izotóp adatai

Az Ujelgi SPb és DeA embertani mintákat Grudochko és társai elemezték.⁵⁷ (15–17. képek, 14. táblázat)

⁵⁷ GRUDOCHKO ET AL. 2018.



7. kép. A nevolinói kultúrához tartozó temetők elhelyezkedése (1: Szukhoj Log; 2: Nyevolino; 3: Brodi; 4: Bartim; 5: Verkh-Saya) (a térképet készítette: R. D. Goldina) (1. rész). A nevolinói kultúra legjellemzőbb leletei és övveretei (2–21. rész): Bartim temető, 16. sír (az illusztrációkat és a fényképeket készítette: R. D. Goldina)

Fig. 7. Location of cemeteries of Nevolino culture (1: Sukhoy Log; 2: Nevolino; 3: Brody; 4: Bartym; 5: Verkh-Saya) (map by R. D. Goldina) (part 1). The most typical finds and belt sets of the Nevolino culture (part 2–21): Bartym cemetery, Grave 16 (illustrations and photos were taken by R. D. Goldina)



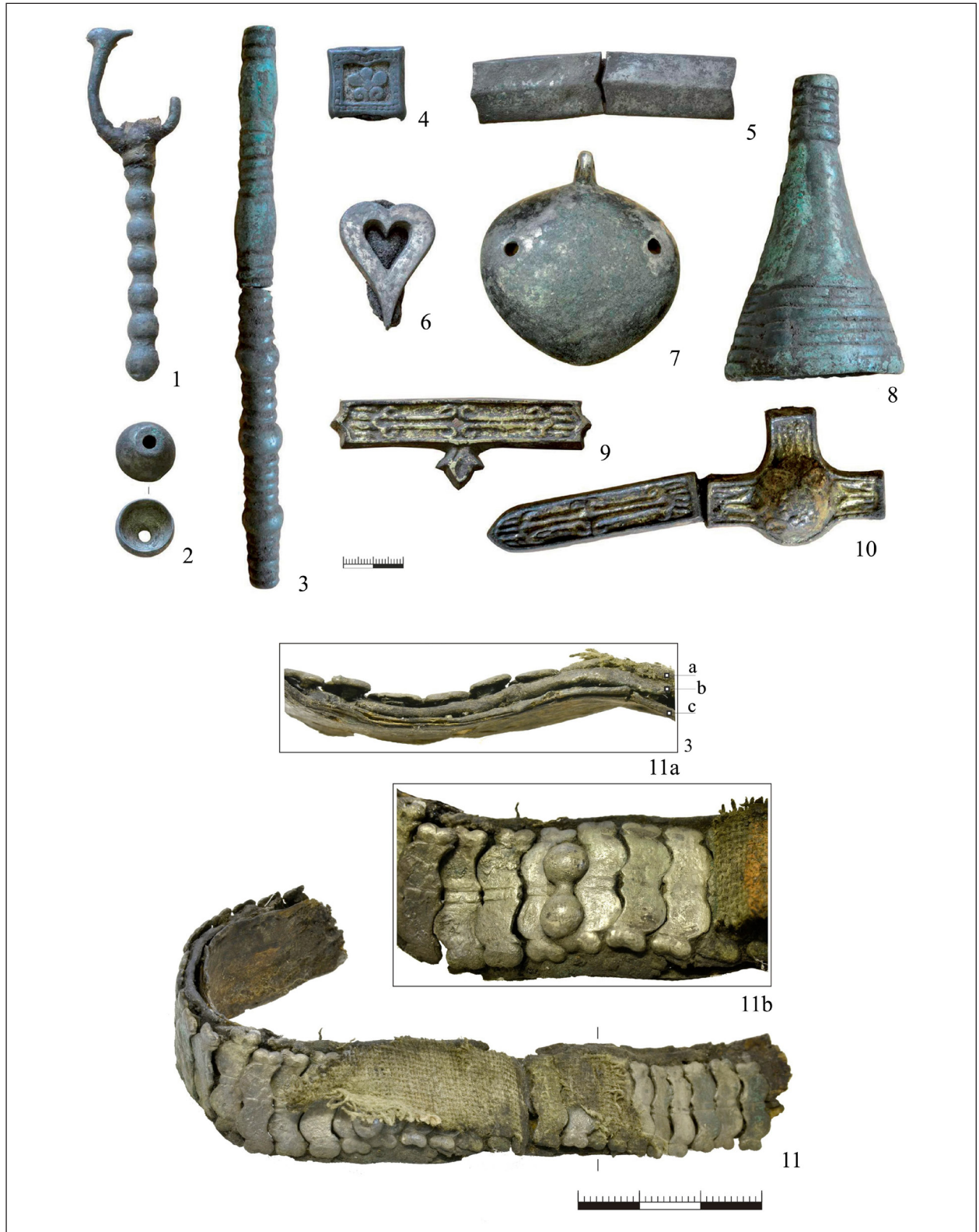
8. kép. Bajanovói temető (lomovatovói kultúra), 277. sír. A fényképeket készítette: A. V. Danich
 Fig. 8. Bayanovo cemetery (Lomovatovo culture), Grave 277. Photos were taken by A. V. Danich



9. kép. Bajanovói temető (lomovatovói kultúra), 280. sír. A fényképeket készítette: A. V. Danich
 Fig. 9. Bayanovo cemetery (Lomovatovo culture), Grave 280. Photos were taken by A. V. Danich

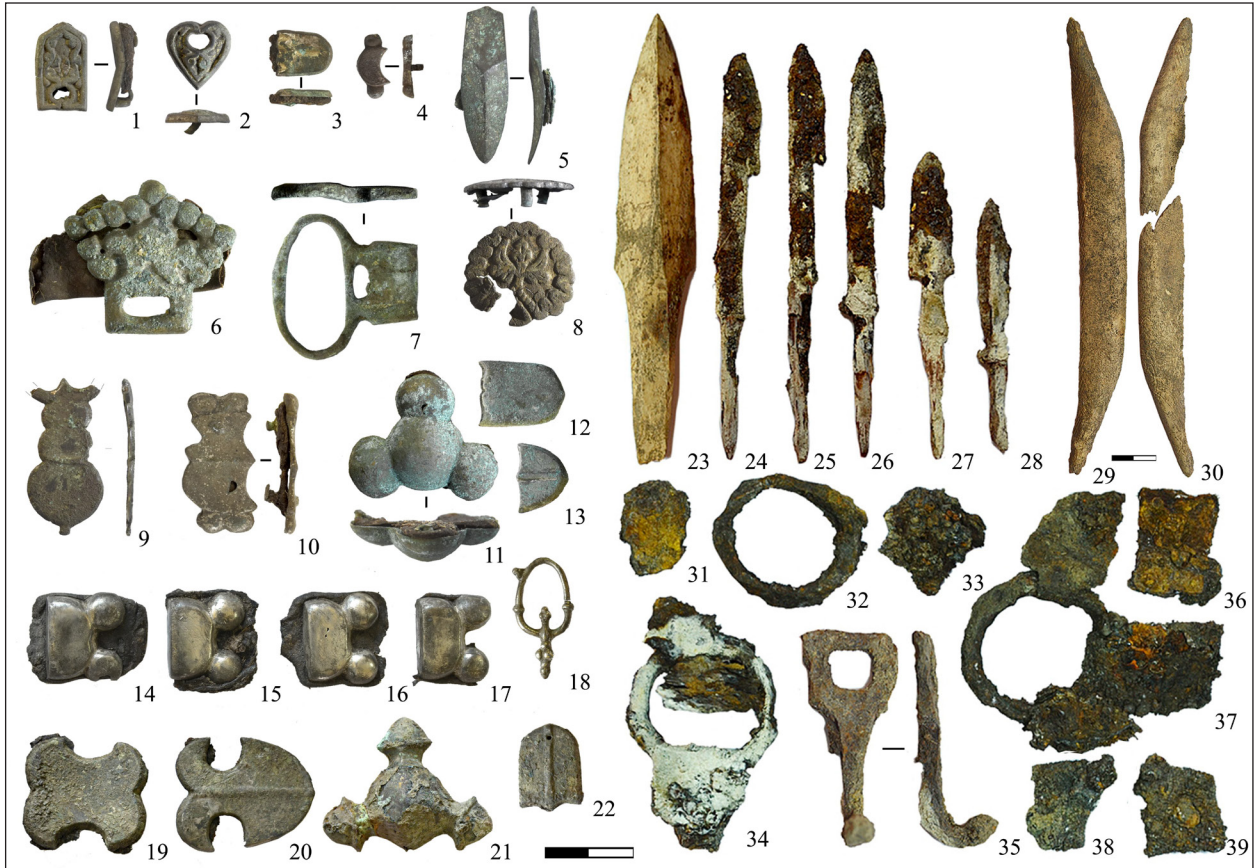


10. kép. Bajanovói temető (lomovatovói kultúra), 365. sír. A fényképeket készítette: A. V. Danich
 Fig. 10. Bayanovo cemetery (Lomovatovo culture), Grave 365. Photos were taken by A. V. Danich



11. kép. Az Uyelgi temető 9. kurgánjának 7. sírjából származó leletek (1–10. rész). Női fejdísz a 32. kurgán betöltésének 1. sírjából (11; 11a rész: Keresztmetszete; a: Veretek; b: Bőr; c: Nyírfakéreg; 11b: A fejdísz központi része). A fényképeket készítette: S. G. Botalov

Fig. 11. Finds from Kurgan 9, Grave 7 at Uyelgi cemetery (part 1–10). Woman headdress from Kurgan 32, Grave 1 (part 11; 11a: Cross section of the headdress; a: Fittings; b: Leather; c: Birchbark; 11b: The central part of the headdress). Photos were taken by S. G. Botalov



12. kép. Az Ujelgi temető korai kurgánjaiból (9. század) származó leletek. 1–9: 32. kurgán; 10: 32. kurgán, 12. sír; 11–13: 10. kurgán, 3. sír; 14–18: 32. kurgán, 14. sír; 19–22: 10. kurgán, 3. sír; 23–39: 32. kurgán, 16. sír A fényképeket készítette: S. G. Botalov

Fig. 12. Finds from the early kurgans (9th century) of Uyelgi cemetery. 1–9: Kurgan 32, embankment of kurgan; 10: Kurgan 32, Grave 12; 11–13: Kurgan 10, Grave 3; 14–18: Kurgan 32, Grave 14; 19–22: Kurgan 10, Grave 3; 23–39: Kurgan 32, Grave 16. Photos were taken by S. G. Botalov

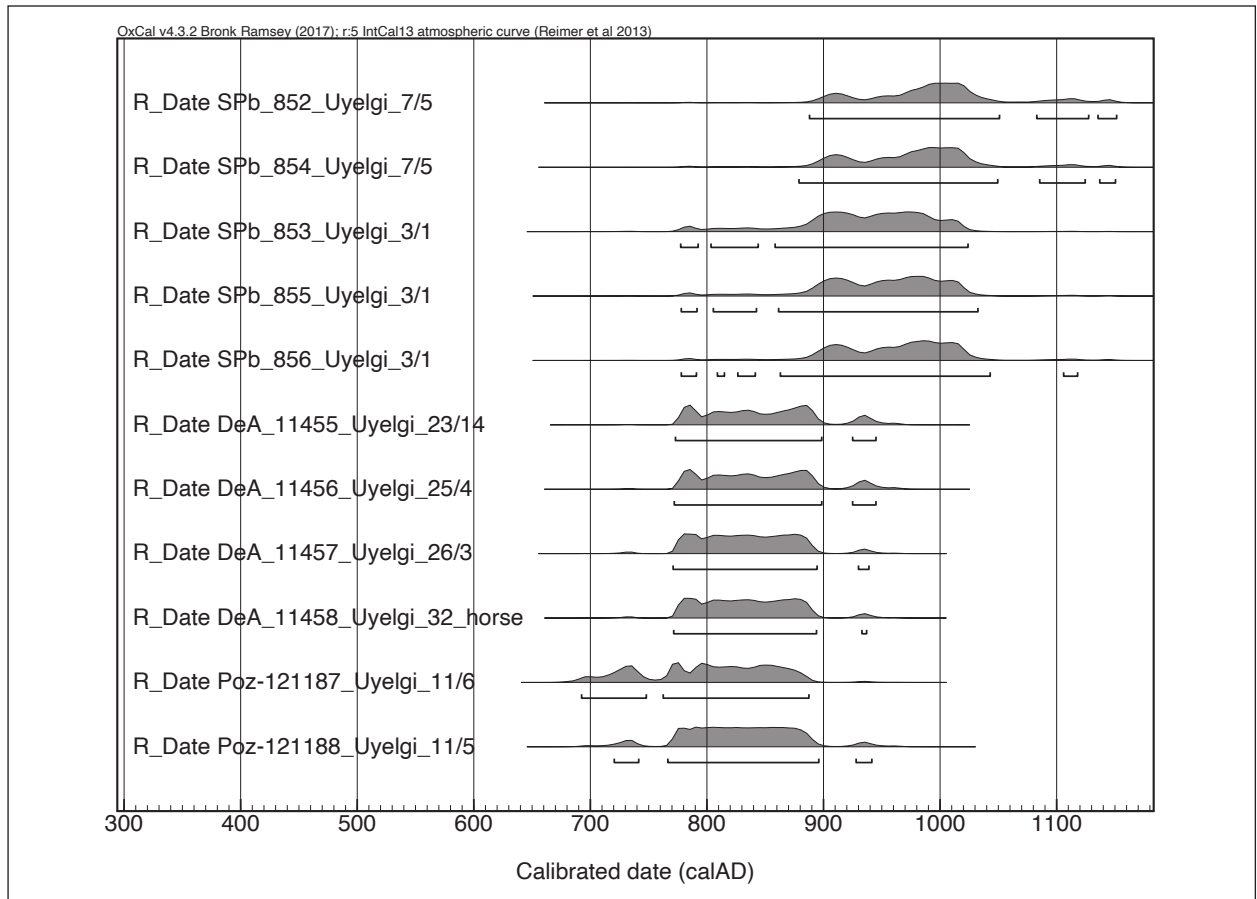


13. kép. Válogatás az Uyelgi temető jellegzetes leleteiből. „Magyar jellegű”: 1–18; Cisz-uráli jellemzőkkel bíró leletek: 19–24. A fényképeket készítette: S. G. Botalov
 Fig. 13. Findings from the Uyelgi cemetery. Artefacts with ancient Hungarian character: 1–18; Artefacts with Cis-Ural character: 19–24. Photos were taken by S. G. Botalov

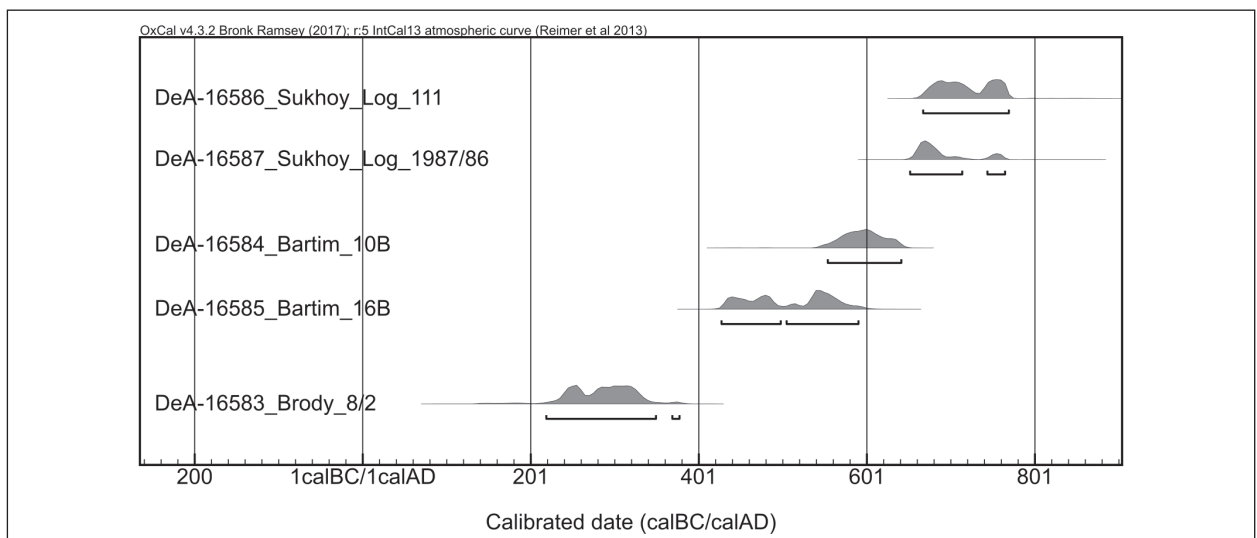


14. kép. Uyelgi temető, 11. kurgán, 5–6. sír (1–3. rész). Magyar jellegű leletek a 2019-es ásatásról (4. rész). A fényképeket készítette: Sz. G. Botalov

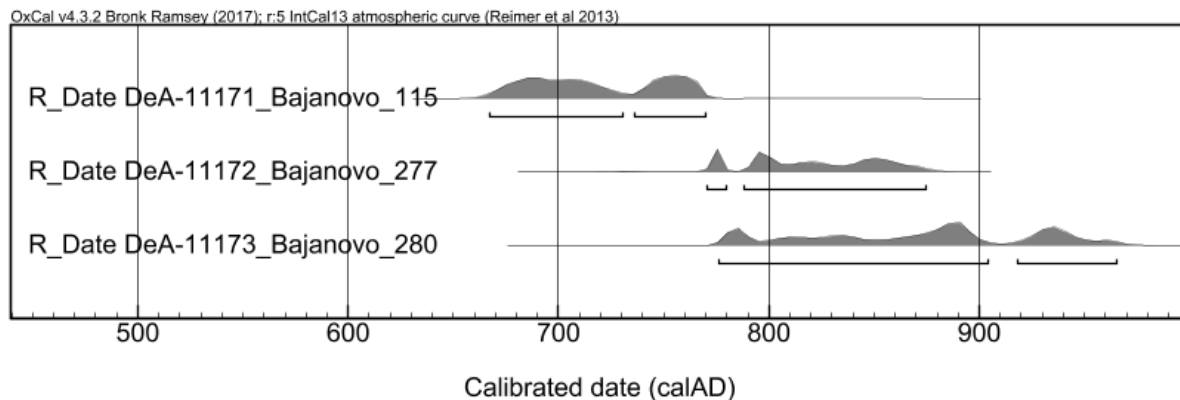
Fig. 14. Uyelgi cemetery, Kurgan 11, Grave 5–6 (part 1–3). Artefacts with ancient Hungarian characters from the excavation in 2019 (part 4). Photos were taken by S. G. Botalov



15. kép. Az Uyelgi temetőből származó minták radiokarbonos kormeghatározásai (késői kushnarenkovói kultúra). A datált minták jól jelzik a temető korai és középső/késői horizontjait. További adatok az S1 kiegészítő táblázatban találhatóak
 Fig. 15. Calibrated radiocarbon dates of the samples from Uyelgi cemetery (Late Kushnarenkovo culture). The dated samples signal well the early and middle/late horizons of this cemetery. The raw data are shown in Supplementary Table S1



16. kép. A nyevolinói kultúrához tartozó minták radiokarbonos kormeghatározásai: A nyevolinói kultúra korai fázisa: Brodi temető, nyevolinói kultúra II. fázis: Bartym temető és a nyevolinói kultúra késői fázisa: Szuhoy Log temető. További adatok az S1 kiegészítő táblázatban találhatóak
 Fig. 16. Calibrated radiocarbon dates of the samples of Nevolino culture: Early Nevolino culture: Brody cemetery, Nevolino culture Phase II: Bartym cemetery and the Late Nevolino culture: Sukhoy Log cemetery. The raw data are shown in Supplementary Table S1



17. kép. A késő lomovatovói kultúra mintáinak radiokarbonos kormeghatározásai: Bajanovói temető. A legkorábbi időszaktól származó bajanovói 115. számú sír mintáját nem használtuk fel DNS-elemzésekhez. További adatok az S1 kiegészítő táblázatban találhatóak

Fig. 17. Calibrated radiocarbon dates of the samples of Late Lomovatovo culture: Bayanovo cemetery. The sample Bayanovo Grave 115 from the earliest phase was not used for DNA analyses. The raw data are shown in Supplementary Table S1

Shallow shotgun elemzések és az Ujelgi temetőből származó genomi DNS-adatok

A pileupCallerrel nyert SNP adatokat lásd az angol cikk mellékletében: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18> (Supplementary Information /Supplementary Figures: 3. fejezet).

Csak azokat a mintákat használtuk a PCA-hoz, amelyekből több mint 8900 SNP adatot nyertünk ki. A PCA-t smartpca segítségével végeztük el (EIGENSOFT, <https://github.com/DReichLab/EIG>). A referencia adatállományt a Jeong és munkatársai által közölt⁵⁸ Human Origin Dataset alkotta.⁵⁹ A fő komponenseket 2007 májusi nyugat-eurázsiai minta alapján számoltuk és erre vittük fel az archaikus mintákat az lsqproject:YES és a shrinkmode:YES használatával. (A genomi PCA-hoz használt ősi népeiségeket és referenciáikat a 10. táblázat tartalmazza.) A PCA-t python matplotlib.pyplot package segítségével ábrázoltuk (18. kép).

ADMIXTURE elemzés

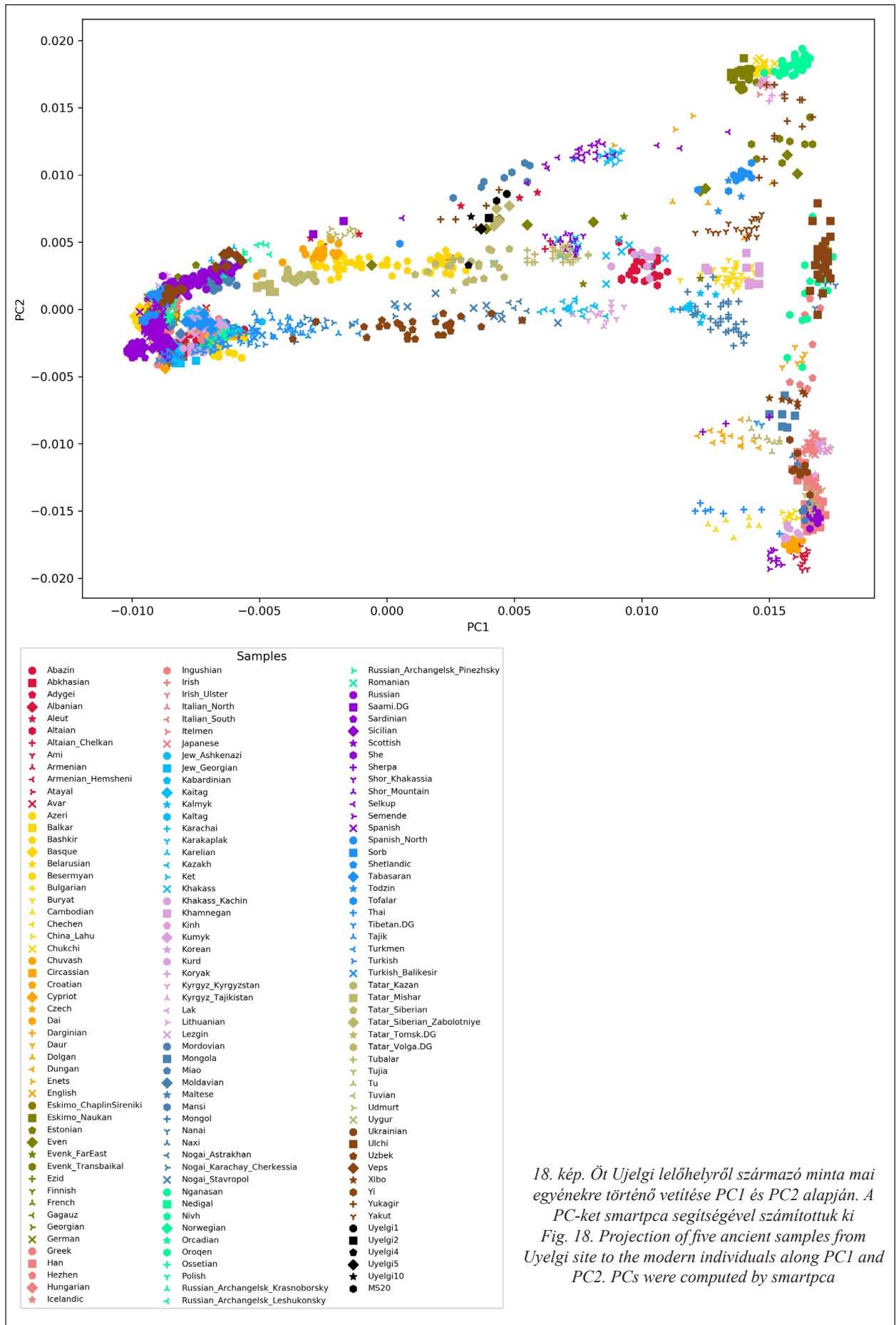
Az emberiség Afrikát elhagyva a Föld szinte összes pontjára eljutott, azonban korai története során elsősorban földrajzi (tenger, hegység stb.) határoknak

köszönhetően a különböző területeken élő csoportok egymástól genetikailag egyre távolabb kerültek. Az egymástól távol eső területeken egy azokra jellemző genetikai összetétel jött létre, melyek aztán a történelem nagy népvándorlásai során egymással különféle módon keveredtek. Az admixture analízis ún. eredet-komponenseket határoz meg, és azokat alapul véve ad egy becslést arról, hogy az általunk vizsgált egyénekben mely területek genetikai összetevői és milyen arányban találhatóak meg, így módon becslést ad arról, hogy egy adott népesség eredetét merre érdemes keresni. A népcsoportok eredet-komponens összetétele és aránya ezáltal jellemző az adott területre, így például spanyolokban az európai komponens dominál, de történelme során az arabokkal való intenzív kapcsolatoknak köszönhetően kis mértékben afrikai és közel keleti eredet-komponensek is előfordulnak bennük.

Az Ujelgi temetőből származó minták eredetkomponenseinek affinitását azon mai népeiségek segítségével jellemezhetjük, amelyekben az öt minta komponensei maximalizálva lettek: az Ujelgi populáció mai európai eredetkomponenseket, egy észak-szibériai, egy kelet-ázsiai és egy olyan eredetkomponenst tartalmaz, amely a Tyumen és Afontova Gora 3 vadászó-gyűjtögető mintákban lett maximalizálva (lásd

⁵⁸ JEONG ET AL. 2019.

⁵⁹ <https://reich.hms.harvard.edu/datasets>



18. kép. Öt Uyelgi lelőhelyről származó minta mai egyénekre történő vetítése PC1 és PC2 alapján. A PC-ket smartpca segítségével számítottuk ki
 Fig. 18. Projection of five ancient samples from Uyelgi site to the modern individuals along PC1 and PC2. PCs were computed by smartpca

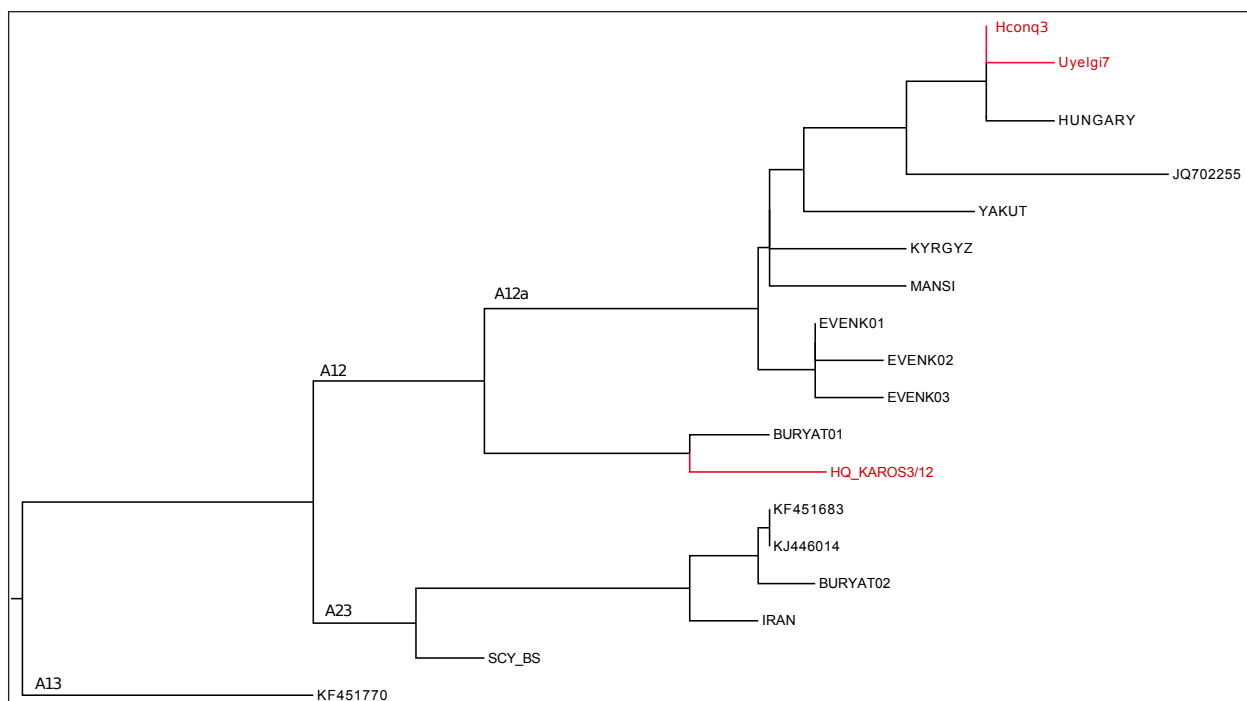
az *S3f kiegészítő ábrát* az angol cikk mellékletében: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75910-z#Sec18> Supplementary Information/ Supplementary Figures, 3. fejezet). Az eredetkomponens kisebb része az összehasonlító vizsgálatban a Kaukázusból/ Közép-Ázsiából származhat a mai adige, pathan és tádzsik genomok alapján.

Az öt Ujelgi embertani minta, átlagosan 22 540 SNP-vel, a mai manysikkal és Irtis-Baraba tatárokkal⁶⁰ mutatott leginkább hasonló eredet-klaszter arányokat. Az eredet-komponensek szerkezete eltér az Ujelgitől az Okunevo esetében, amely inkább

észak-szibériai és kelet-ázsiai származást mutat. A jelenleg közzétett adatbázisokban a legközelebbi archaikus proxyk a vaskori közép-szakákhoz (belső-ázsiai szkíták) kapcsolódó genomok és a mai Észak-Kazahsztánból származó kora középkori kima genomok.

Mitokondriális filogenetikai fák és leírások (15. táblázat) (19–26. képek)

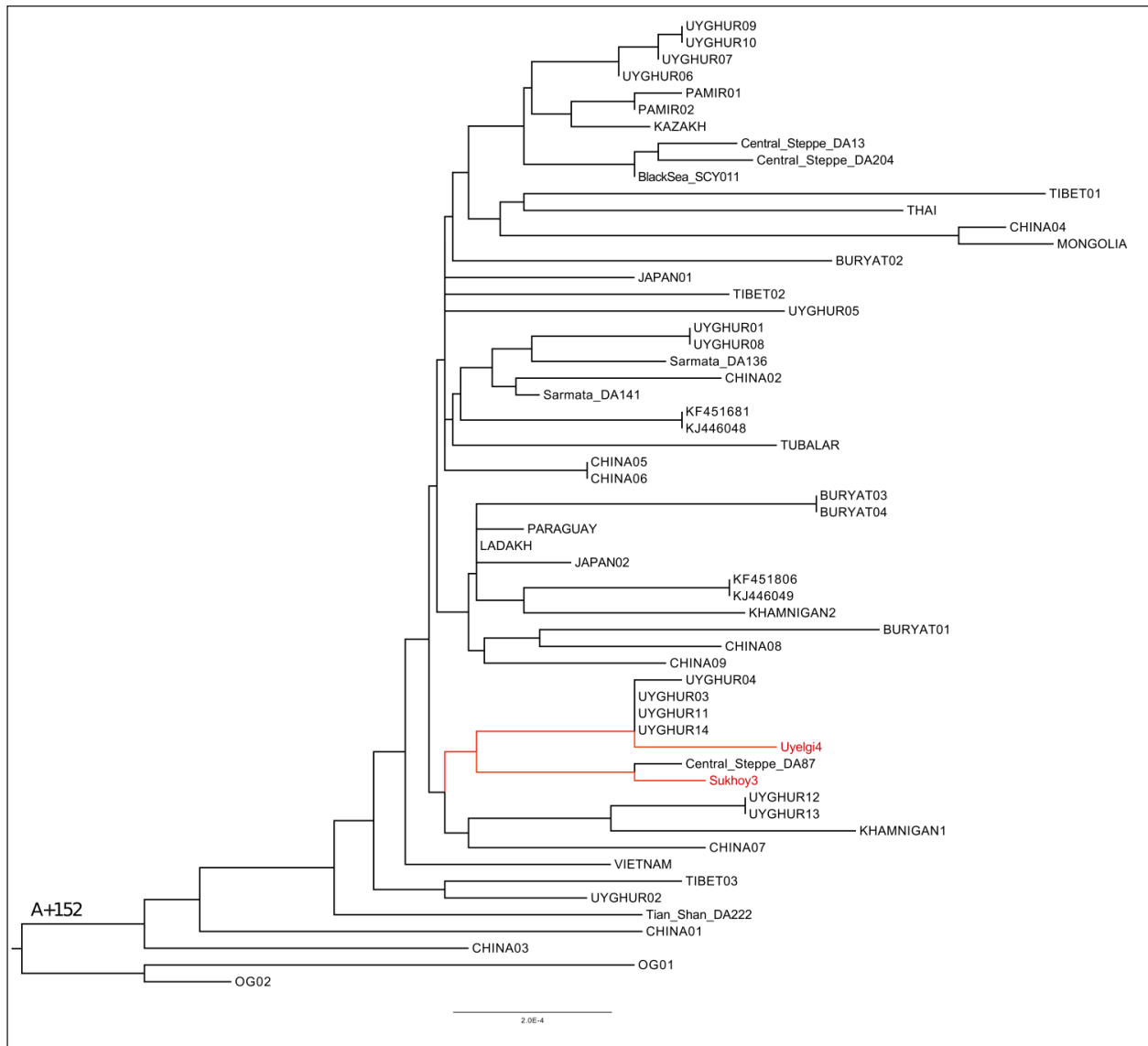
A mitokondriális populációgenetikai elemzések eredményeinek képei és leírásai (27–29. képek)



19. kép. Az A12a haplocsoport filogenetikai fája. Az A12a alhaplocsoport az Ujelgi lelőhely legfiatalabb horizontjából (10–11. század) származó 30. kurgán sírjából származó személy (Uyelgi7), egy 10. századi hartai lelőhelyről származó magyar honfoglaló (Hconq3), valamint egy Debrecen területéről származó, mai magyar mintánál van jelen. Az e haplocsoportba tartozó alacsony mintaszám ellenére a vizsgált egyének kapcsolata nyilvánvaló, és viszonylag szoros vagy közvetlen anyai filogenetikai rokonságot feltételez ezen minták között (a rövidítést és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

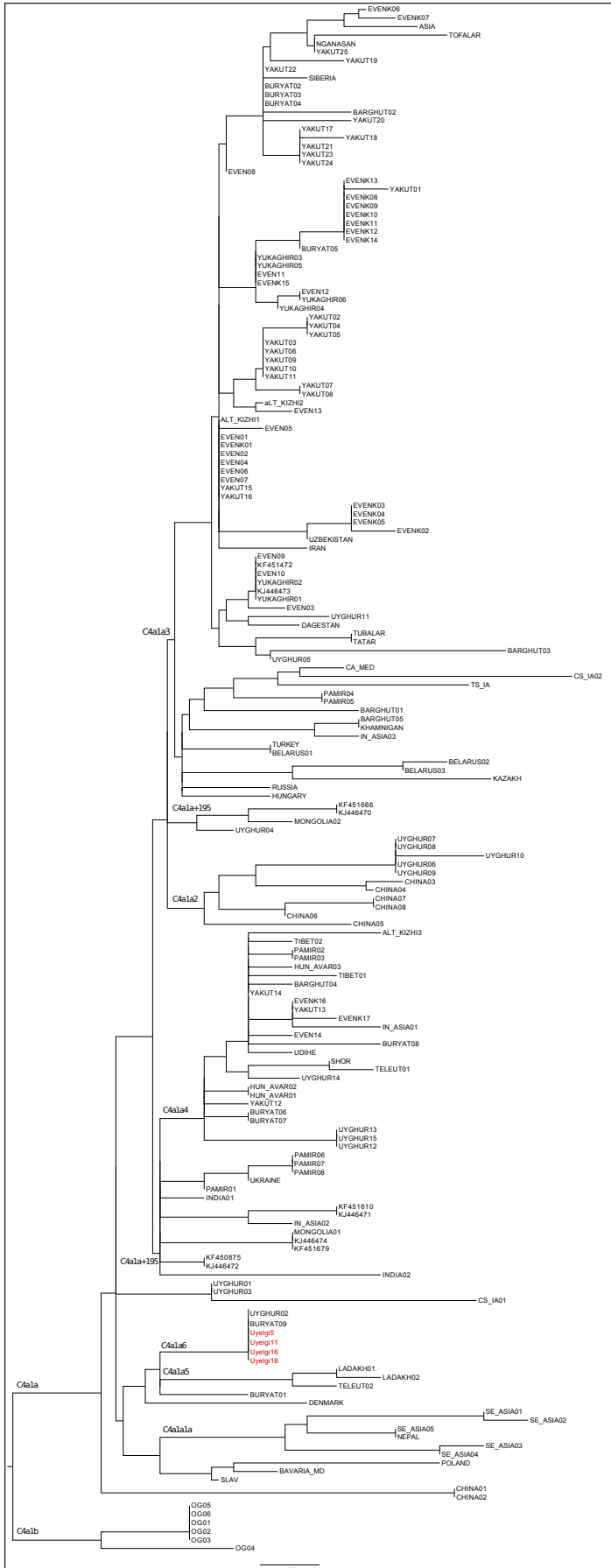
Fig. 19. Phylogenetic tree of haplogroup A12a. The subhaplogroup A12a can be found in a Kurgan 30 grave (Uyelgi7) from the newest horizon of Uyelgi site (10–11th centuries), in a Hungarian Conqueror grave from Harta site, 10th century (Hconq3), and in a modern Hungarian sample from Debrecen region. In spite of the low sample coverage of this haplogroup the close proximity of the individuals in question without any outsider is apparent and presumes relatively close or direct maternal relationship between those samples (for the abbreviation and further information see Supplementary Table S7)

⁶⁰ DAMGAARD ET AL. 2018a.



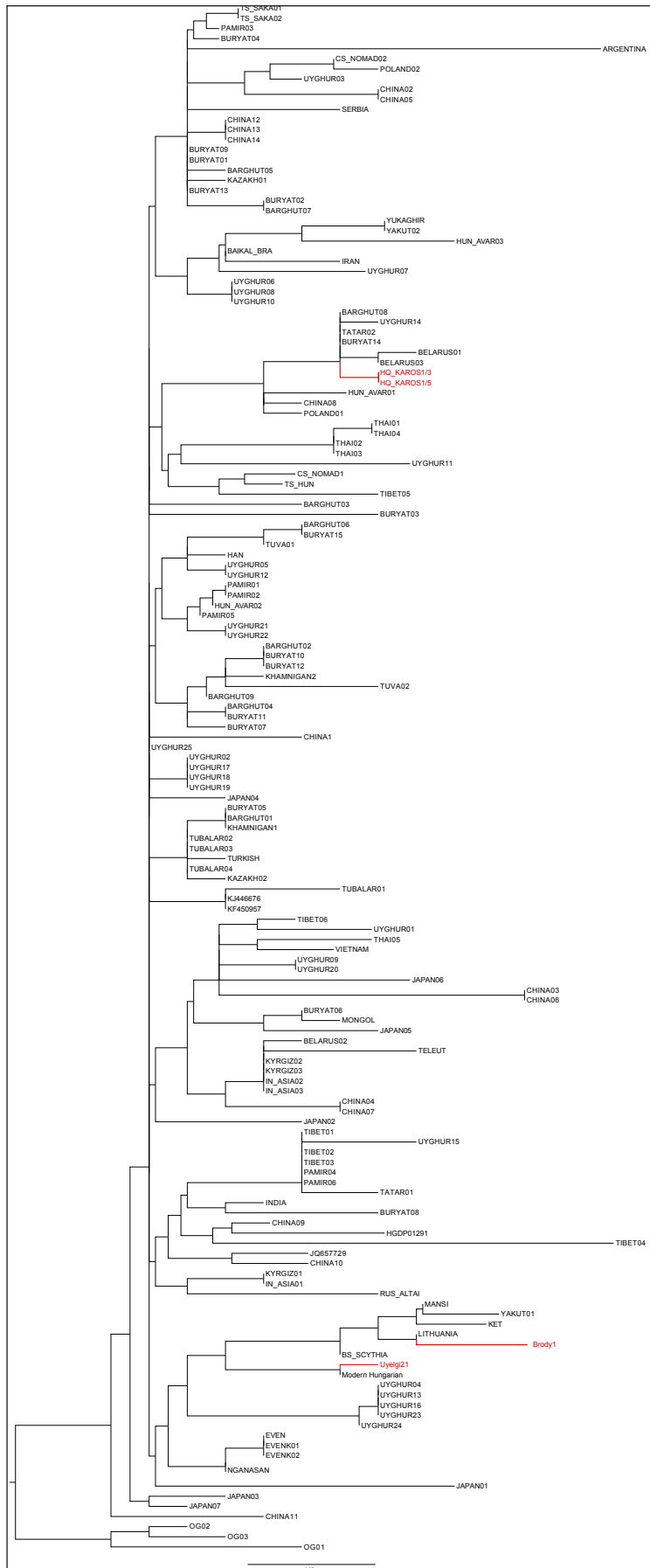
20. kép. Az A+152+16362 haplocsoport filogenetikai fája. Az A+152+16362 alhaplocsoportot az Uyelgi lelőhely legfiatalabb horizontjából származó, 10–11. századi 29. kurgánál (1., 2. sír; Uyelgi4), valamint a Szukhoj Log temető (7–8. század) 13. sírjából származó mintánál (Sukhoj3) detektáltuk. A minták egy ágon helyezkednek el, melyen belül az Uyelgi4 ujjur egyénnel csoportosul, míg a Sukhoj3 egy középkori közép-sztyeppéről származó kimak egyénnel helyezkedik el egy alágon¹⁰ (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban). A filogenetikai fa általános felépítése az anyai vonal közép-kelet-ázsiai (vagy legalábbis transz-uráli) eredetére és elterjedésére utal

Fig. 20. Phylogenetic tree of haplogroup A+152+16362. The subhaplogroup A+152+16362 can be found in a Kurgan 29 (grave 1,2) from the newest horizon of Uyelgi site, 10–11th centuries (Uyelgi4), as well as in sample from Grave 13 of Sukhoj Log cemetery (7–8th centuries) (Sukhoj3). The samples show modest proximities to each other. Within this branch, the Uyelgi4 groups together with Uyghur individuals, whereas Sukhoj3 is situated together with a medieval Kimak individual from Central Steppe16 (for the abbreviation and further information see Supplementary Table S7). The overall structure of the phylogenetic tree suggests a Central-Eastern Asian (or at least Trans-Ural) origin and distribution of this lineage



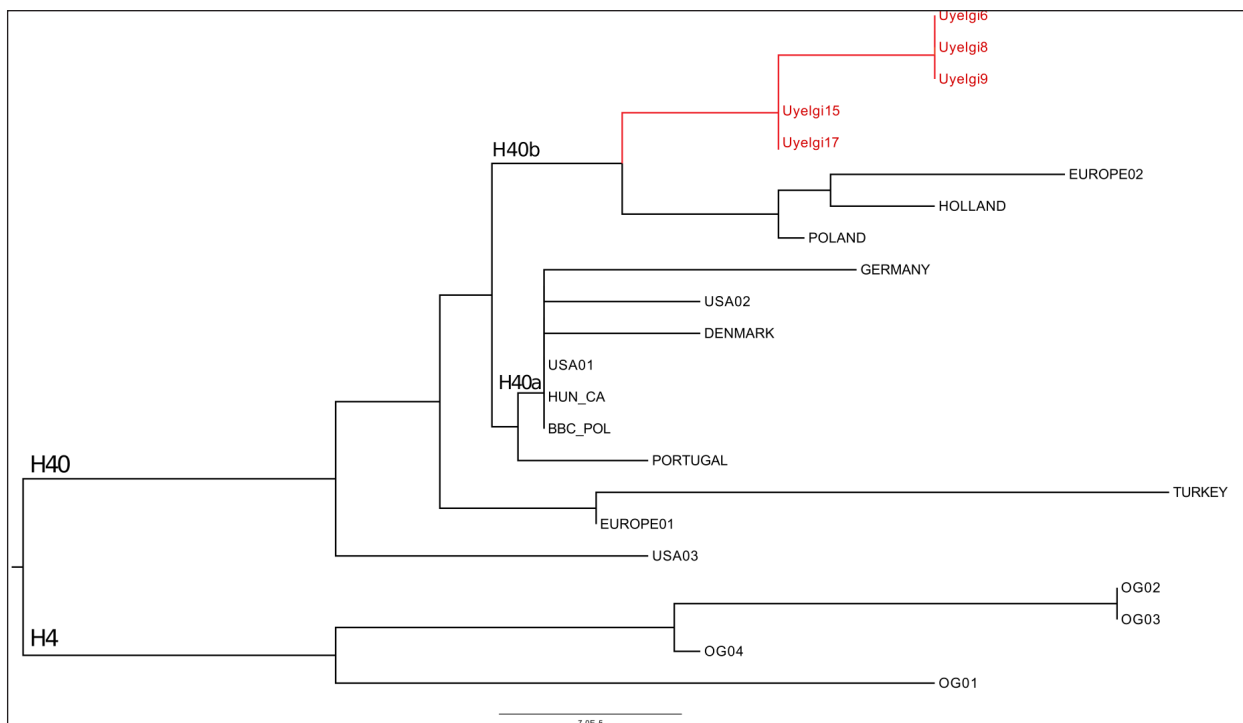
21. kép. A C4a1a6 haplocsoport filogenetikai fája. A C4a1a6 alhaplocsoport az Uyelgi lelőhely mindhárom horizontjában megtalálható: a legfiatalabb horizontból (10–11. század) előkerült 30. kurgán (Uyelgi5) és 29. kurgán 7. sírjának (Uyelgi11) egyénjénél, a középső horizont (9–10. század) 9. kurgánjának 5. sírjából előkerült mintánál (Uyelgi16) és legrégebbi horizont (9. század) 32. kurgánjának 1. sírjából származó mintánál (Uyelgi18). Ezek az Uyelgi lelőhelyről származó minták anyai vonalai mind azonosak, ami arra enged következtetni, hogy szoros kapcsolat van közöttük, látszólag összekötve a három horizontot. Ráadásul az uyelgi egyének azonosságát mutatnak egy burját és ujjur mintával is, ami inkább keleti vagy sztyeppeire eredetre utal (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

Fig. 21. Phylogenetic tree of haplogroup C4a1a6. The subhaplogroup C4a1a6 can be found in four graves from all three horizons of Uyelgi site: in Kurgan 30 (Uyelgi5) and Kurgan 29 Grave 7 (Uyelgi11) from the newest horizon (10–11th centuries), in Kurgan 9 Grave 5 (Uyelgi16) from the middle horizon (9–10th centuries) and in Kurgan 32 Grave 1 (Uyelgi18) from the oldest horizon (9th century). These samples from 23 Uyelgi site are all identical presuming a close maternal relationship between them, apparently connecting the three horizons together. In addition, the Uyelgi individuals are identical to a Buryat an Uyghur sample as well, suggesting a more eastern or steppe origin for these samples (for the abbreviation and further information see Supplementary Table S7)



22. kép. A D4j haplocsoport filogenetikai fája. Az Ujlegi temető legrégebbi horizontjából (9. század) előkerült D4j haplocsoporttal rendelkező minta (Uyelgi21, 11. kurgán, 5. sír) érdekes módon egy mai magyar egyénnel csoportosul. Egy további minta, a Brodi lelőhelyről származó D4j2 alhaplocsoportba tartozó Brody1 (3–4. század, 8. kurgán, 2. sír), litván egyénnel, valamint manysi, jakut és két mintákkal helyezkedik el egy ágon (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

Fig. 22. The subhaplogroup D4j can be found in Uylegi sample from the oldest horizon, 9th century (Kurgan 11, Grave 5), furthermore D4j2 subhaplogroup in the Brody site, 3rd–4th centuries (Kurgan 8, Grave 2). The investigated sample (Brody1) is located together with individual from Lithuania, furthermore with individual from Mansi, Yakut and Ket individuals on one branch. Interestingly, The Uylegi21 sample with D4j haplogroup clustered together with a present-day Hungarian individual (for the abbreviation and further information see Supplementary Table S7)

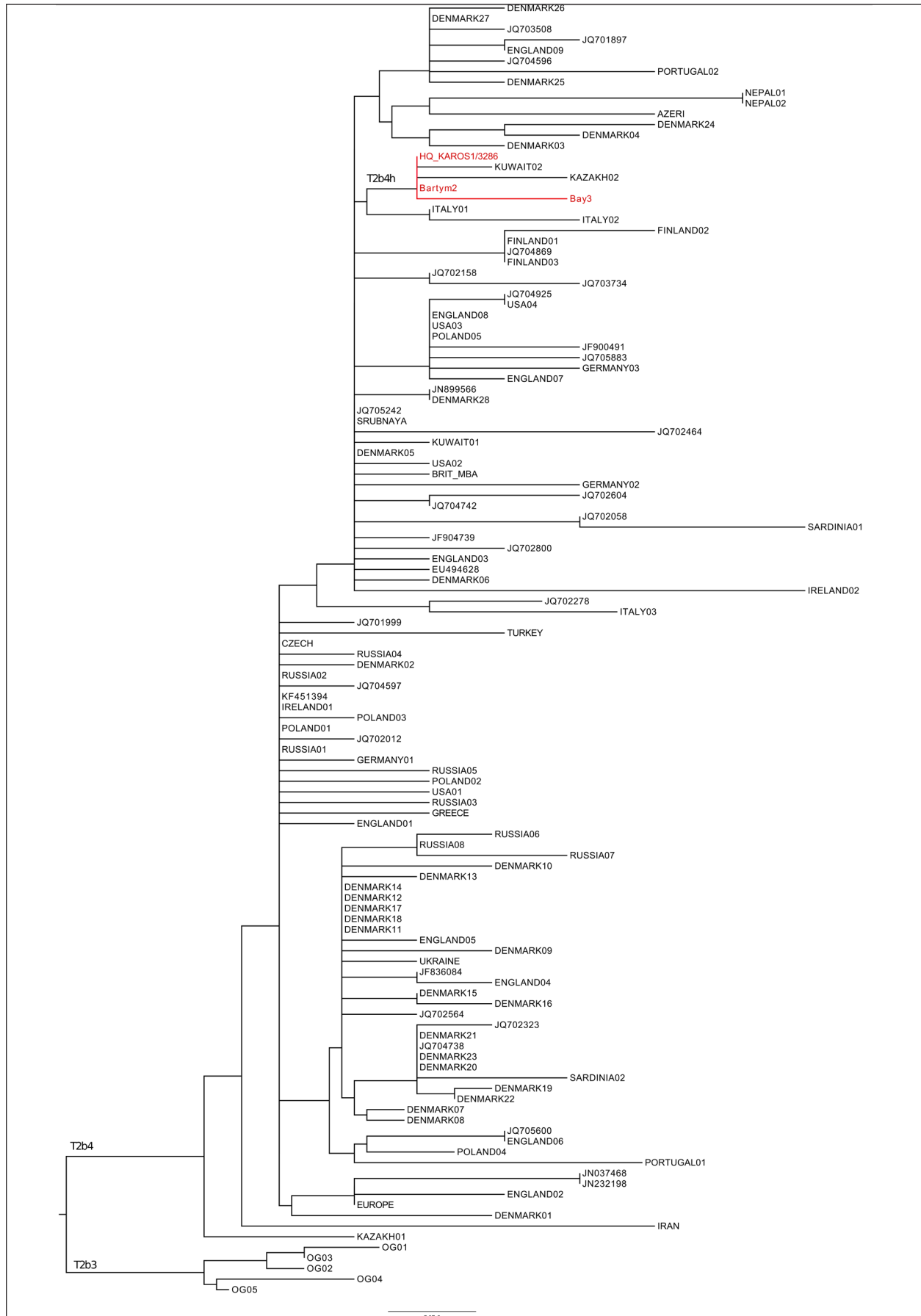


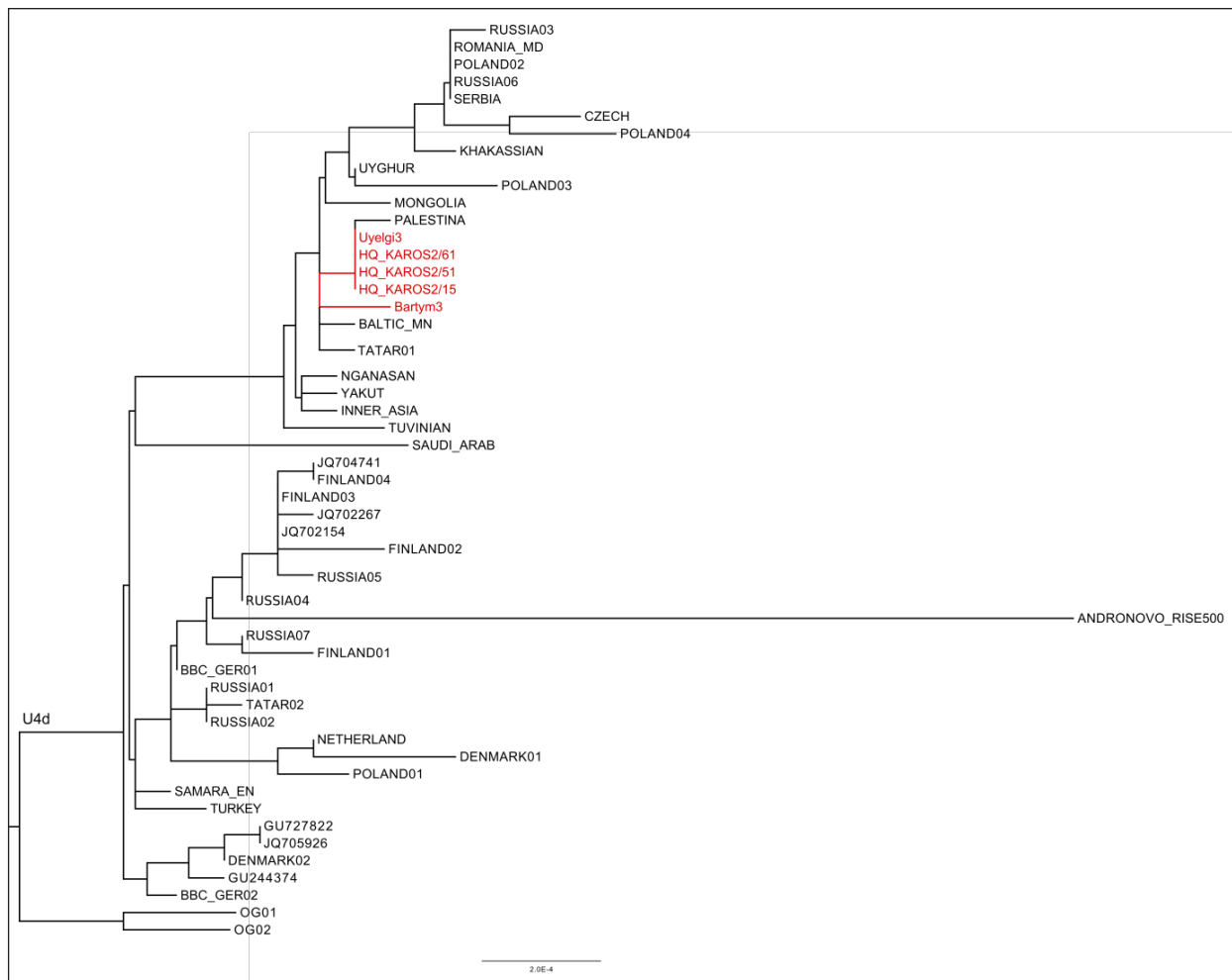
23. kép. A H40b haplocsoport filogenetikai fája. A H40b alhaplocsoport az Uyelgi temető két horizontjából is előkerült, öt mintánál detektáltuk: az Uyelgi15 és Uyelgi17 (9. kurgán 5. és 7. sírja) a középső horizontból (9–10. század), valamint a legfiatalabb horizontból (10–11. század) előkerült 28. kurgán 5. és 6. sírok (Uyelgi6 és Uyelgi9) és a 29. kurgán 1. sír (Uyelgi8) mintáinál. A középső horizontban két azonos mitokondriális vonal található, amelyek genetikailag a legfiatalabb horizont három egyforma mitogénomjának ősei ezzel összekötvén a két horizontot (a rövidítéseket és a további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

Fig. 23. Phylogenetic tree of haplogroup H40b. The subhaplogroup H40b can be found in five individuals from two horizons of Uyelgi site: Grave 5 and Grave 7 of Kurgan 9 (Uyelgi15 and Uyelgi17) from the middle horizon (9–10th centuries) and in Kurgan 28 Graves 5, 6 (Uyelgi6 and Uyelgi9) and Kurgan 29 Grave 1 (Uyelgi8) from the newest horizon (10–11th centuries). The middle horizon has two identical mitochondrial lineages, which are genetically ancestral to the three identical mitogenomes of the newest horizon, connecting the two horizons together (for the abbreviations and further information see Supplementary Table S7)

24. kép. A T2b4h haplocsoport filogenetikai fája. A T2b4h alhaplocsoport a bartimi (Bartym2, 5–6. század) és a bajanovói (Bay3, 10. század) temetőkből került elő, amelyek egy ágon helyezkednek el a karosi lelőhelyről származó magyar honfoglaló mintával (Karos1/86, 9–10. század) együtt. A minták filogenetikai közelsége jól látható, ráadásul a karosi és a bartimi egyének mtDNS szekvenciái azonosak, anyai vonalaik a bajanovói, valamint egy mai kazak és kuvaiti minták mtDNS-ének filogenetikai ősei (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

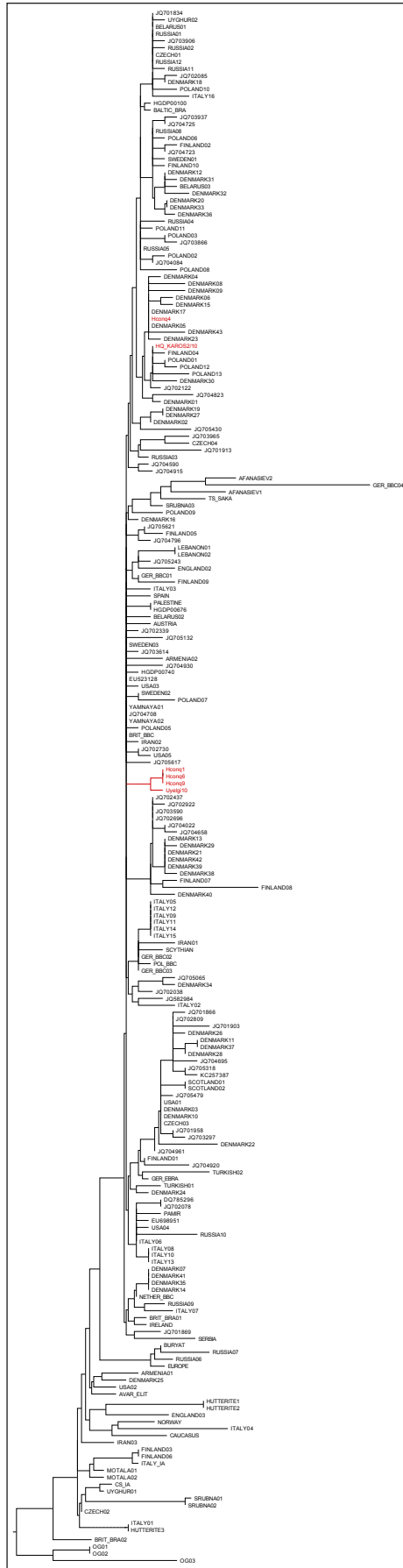
Fig. 24. Phylogenetic tree of haplogroup T2b4h. The subhaplogroup T2b4h can be found in a cemeteries Bartym (Bartym2, 5–6th centuries) and Bayanovo (Bay3, 10th century) which are located on one branch together with a Hungarian Conqueror individual from Karos site (Karos1/86, 9–10th centuries). The phylogenetic proximity of the samples is apparent, the Karos and the Bartym individuals have even identical mtDNA sequences, and their lineage is maternally ancestral to the Bayanovo samples mtDNA and to a Kazakh and Kuwait samples (for the abbreviations and further information see Supplementary Table S7)





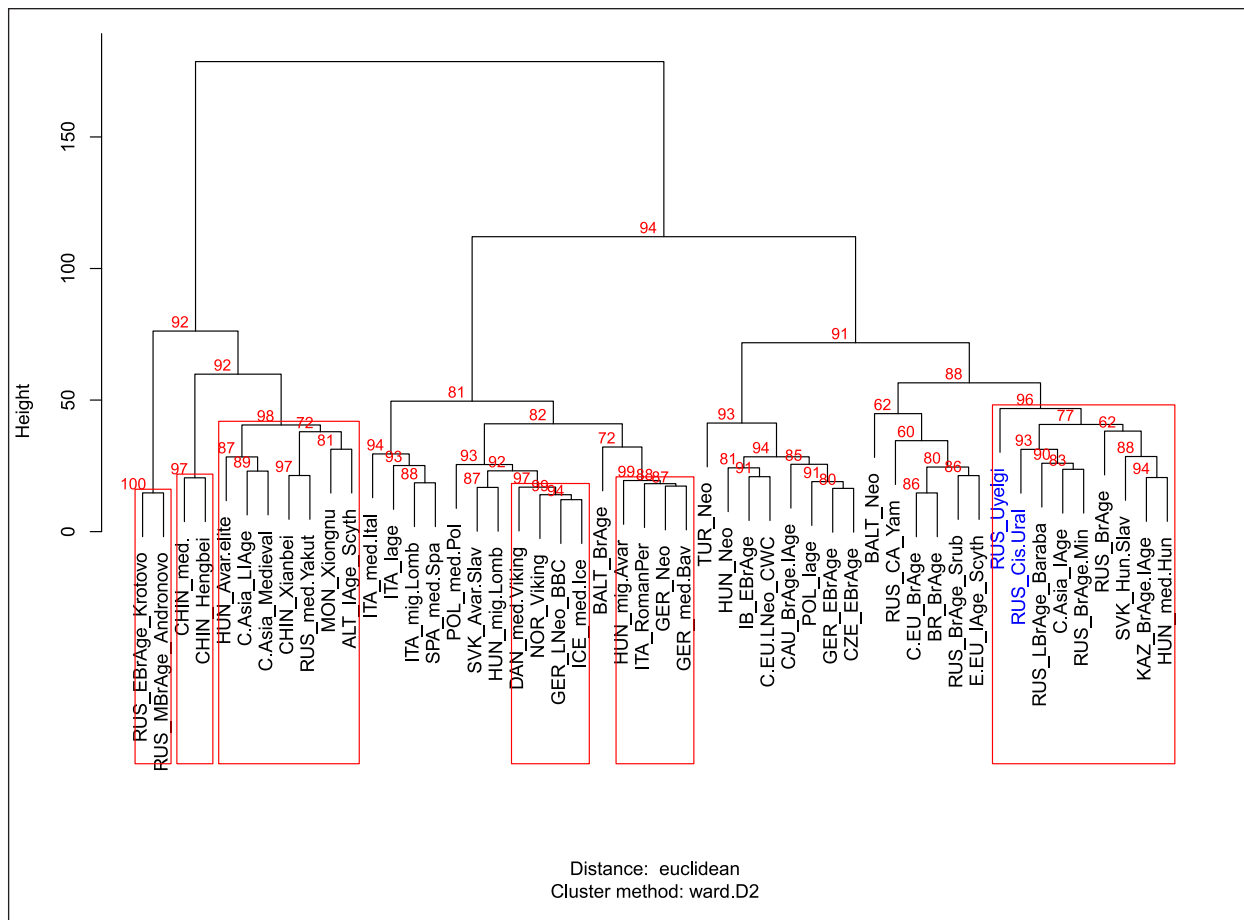
25. kép. Az U4d2 haplocsoport filogenetikai fája. U4d2 alhaplocsoportot az uelgi (Uyelgi3, 10–11. század) és bartimi (Bartym3, 5–6. század) temetőkből detektáltunk. Az Uyelgi3 minta mtDNS-e megegyezik három karosi temetőből származó magyar honfoglaló mitogenomjával (9–10. század), ami szoros vagy akár közvetlen anyai ági kapcsolatot feltételez ezen egyének között. Az ugyanazon a főágon elhelyezkedő, Bartimból származó egyén kapcsolata inkább a földrajzi közelségben értelmezendő, további részletesebb megállapításokat ez alapján nem lehet tenni (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

Fig. 25. Phylogenetic tree of haplogroup U4d2. The subhaplogroup U4d2 can be found in cemeteries Uyelgi (Uyelgi3, 10–11th centuries) and Bartym (Bartym3, 5–6th centuries). The mtDNA of Uyelgi sample is identical to the mitogenomes of three Hungarian Conqueror individuals from Karos cemetery (9–10th centuries), which represents close or even direct maternal relationship between these individuals. The individual from Bartym located on the same main branch only may show relatedness to the geographic area of Ural region, but no further statements can be made (for the abbreviations and further information see Supplementary Table S7)



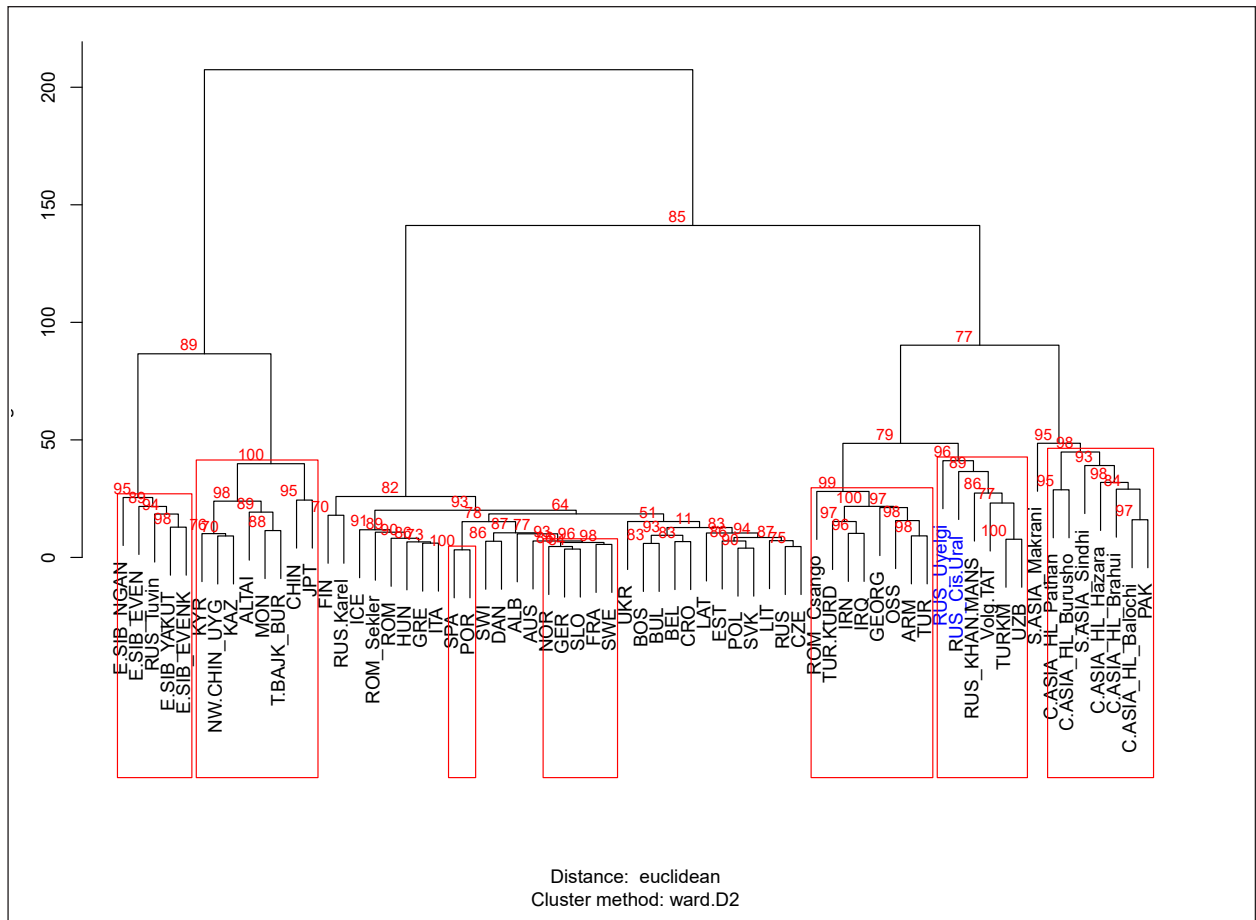
26. kép Az U5a1a1 haplocsoport filogenetikai fája. Az U5a1a1 alhaplocsoportot az Uyelgi lelőhely középső horizontjából (9–10. század) előkerült mintánál (Uyelgi10), valamint öt magyar honfoglaló mintánál detektáltuk: Balatonújlak-Erdődűlő lelőhelyről a Hconq1 és Hconq6, Harta-Freifelt lelőhelyről a Hconq4, Makó-Igási járandó lelőhelyről a Hconq9 mintánál, valamint egy karsi mintánál (Karos2/10). Az Uyelgi10 és a három honfoglaló minta (Hconq1, Hconq6 és Hconq9) egy ágon csoportosul, ami szoros kapcsolatot feltételez közöttük. A másik két honfoglaló (Hconq4 és Karos2/10) nem mutat közvetlen kapcsolatot a többiekkel, az anyai vonaluk származása inkább Észak-Európához köthető (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

Fig. 26. Phylogenetic tree of haplogroup U5a1a1. The subhaplogroup U5a1a1 was detected in the middle horizon of Uyelgi site, 9–10th centuries (Uyelgi10) and in five Hungarian Conqueror samples Hconq1 and Hconq6 both from Balatonújlak-Erdődűlő, Hconq4 from Harta-Freifelt, Hconq9 from Makó-Igási járandó and Karos2/10). The Uyelgi10 and three Hungarian Conqueror samples (Hconq1, Hconq6 and Hconq9) group together, assuming close relationship between them. The remaining two Hungarian Conquerors (Hconq4 and Karos2/10) does not show any direct connection to the 37 others, but their origins can be more confidently attested to Northern Europe (for the abbreviations and further information see Supplementary Table S7)



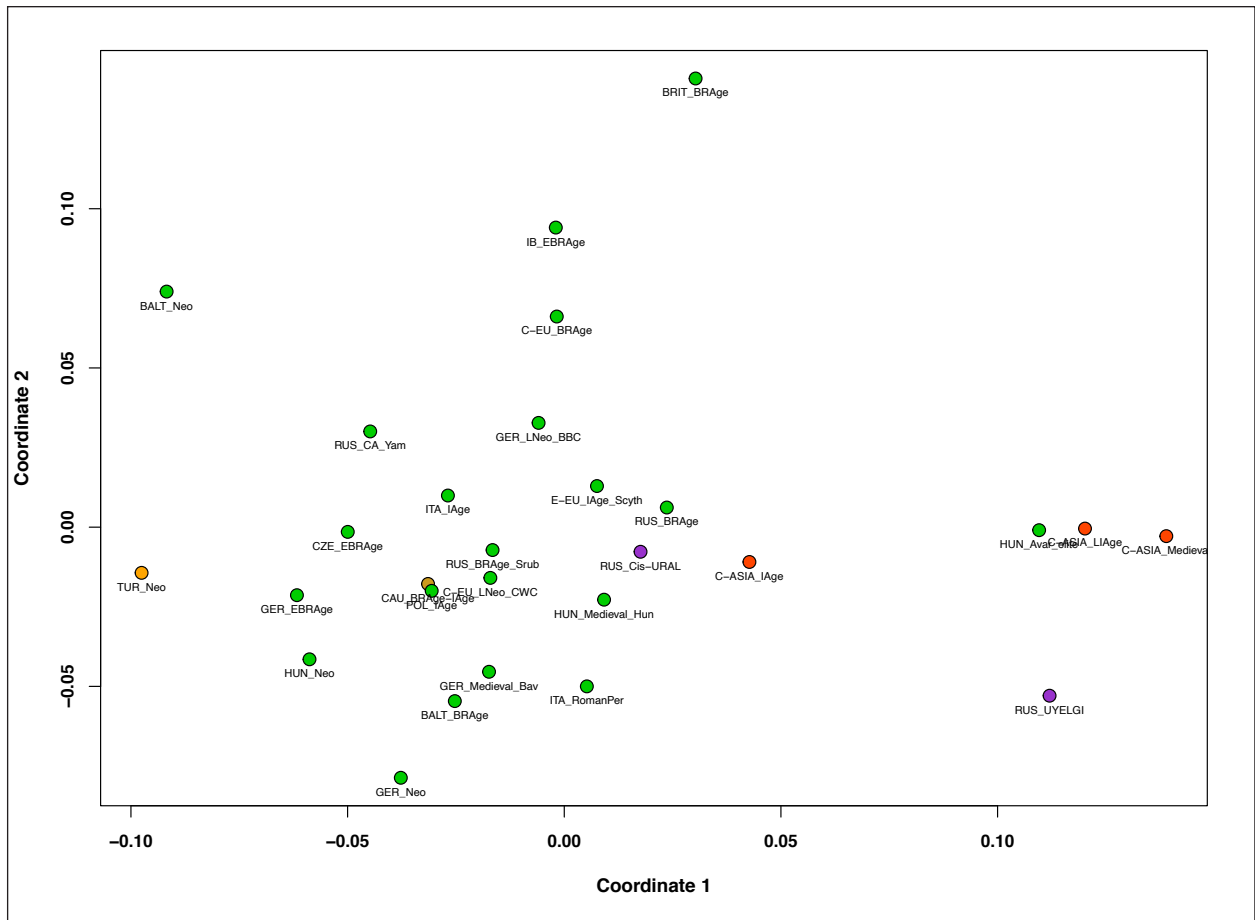
27. kép. 50 archaikus populáció Ward-féle clustering elemzése mitokondriális haplocsoport-frekvenciák alapján. A Ward-féle fán jól látható az archaikus európai és ázsiai népségek elkülönülése, ill. ezen belül a csoportosulások. Az Ujelgi (RUS_Uyelgi) és Cisz-Urál (RUS_Cis-Ural) lelőhelyeiről származó populációk a Ward-fa vegyes – európai-ázsiai népségeket is tartalmazó – ágon helyezkednek el, a magyar honfoglalókkal (HUN_med.Hun) együtt. A Cisz-Urál (RUS_Cis-Ural) továbbá egy késő bronzkori szibériai Baraba-sztyeppe népségével (RUS_LBrAge_Baraba), vaskori közép-ázsiai népséggel (C.Asia_IAge) és a Minuszinszki-medencéből származó bronzkori populációval (RUS_BrAge) klasztereződik (a rövidítéseket és további információkat lásd az S7 kiegészítő táblázatban)

Fig. 27. Ward type clustering based on mitochondrial haplogroup frequencies of the 50 ancient populations. The segregation and clustering of European and Asian ancient populations are displayed on the Ward type clustering tree. The investigated population from Uyelgi (RUS_Uyelgi) and Cis-Ural (RUS_Cis-Ural) is situated on the mixed European-Asian branches of Ward-tree, together with Hungarian conquerors (HUN_med.Hun) in the same main branch. The Cis-Ural (RUS_Cis-Ural) clustered furthermore in a sub-branch with Late Bronze Age Siberian Baraba population (RUS_LBrAge_Baraba), Central Asian population from Iron age (C.Asia_IAge) and Bronze Age population from Minusinsk Depression (RUS_BrAge.Min) (for the frequencies of haplogroups and the reference see Supplementary Table S3)



28. kép. 64 modern és a két, Urál vidékéről származó, vizsgált populáció közötti Ward-féle clustering összefüggés mitokondriális haplocsoport-frekvencia alapján. A Ward-féle klaszterfán három fő ágba rendeződnek a kelet- és közép-ázsiai, európai, kaukázusi-közép-keleti és közép-dél-ázsiai népségek. A két vizsgált Uyelgi (RUS_Uyelgi) és Cisz-Urál (RUS_Cis-Ural) vidékéről származó populáció a közép-dél-ázsiai és közép-keleti ágra térképeződik, ugyanarra az alágra, mint a közép-ázsiai és finnugor népségek (hantik-manysik, RUS_KHAN.MANS) és az oroszországi volgai tatárok (a haplocsoportok gyakoriságát és a referenciákat lásd az S4 kiegészítő táblázatban)

Fig. 28. Ward type clustering based on mitochondrial haplogroup frequencies of 64 modern and two investigated ancient populations from Ural region. The ward clustering tree presents separation of East- and Central-Asian, European, Caucasian – Near Eastern and Central-South Asian populations in a three major branches. The two medieval populations Uyelgi (RUS_Uyelgi) and Cis-Ural (RUS_Cis-Ural) are situated on the Central-South Asian and Near Eastern branch, in the same sub-branch together with Central-Asian and Finno-Ugric populations (Khanty and Mansi, RUS_KHAN.MANS) and Volga Tatars from Russia (for the frequencies of haplogroups and the reference see Supplementary Table S4)



29. kép 28 archaikus népesség 1132 teljes mitogenomja alapján számított MDS diagram (stresszérték = 0,1638). A cisz-uráli (RUS_Cis-Ural) népesség kapcsolatot mutatott a magyar honfoglaló (HUN_Medieval_Hun), az oroszországi bronzkori (RUS_BRAge), az európai szkíta (E-EU_IAge_Scyth) valamint a közép-ázsiai sztyeppéről származó vaskori (C-ASIA_IAge) populációkkal az 1. és 2. koordináta mentén, az európai és ázsiai népek között helyezkedve el, ami tükrözi az F_{ST} értékeket. Az Uyelgi viszonylag távol helyezkedik el minden archaikus populációtól, aminek az összes archaikus népességtől való szignifikáns genetikai távolság lehet az oka (az F_{ST} értékeket, p értékeket, linearizált Slatkin-értékeket és referenciákat lásd az S5 kiegészítő táblázatban)

Fig. 29. MDS plot calculated based on 1,132 whole mitogenomes of 28 ancient populations (stress value = 0.1638). The Cis-Ural (RUS_Cis-Ural) population showed affinities to the populations of medieval Hungarian Conquerors (HUN_Medieval_Hun), Russian Bronze Age (RUS_BRAge), Scythians from Europe (E-EU_IAge_Scyth) and Iron Age populations from Central Asian Steppe (C-ASIA_IAge) along coordinates 1 and 2 and is situated between European and Asian populations, which reflects on the F_{ST} values. The Uyelgi is standing relatively far from any ancient populations, which is might be caused by significant genetic distances from all ancient populations (for the F_{ST} values, p values, linearized Slatkin values and references see Supplementary Table S5)

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A jelen tanulmány a *Russian Foundation for Basic Research* anyagi támogatásával jött létre a 18-59-23002 számú „*The origins of the formation of the culture of ancient Hungarians. Archaeological paleoanthropological and paleogenetic aspect of the study of medieval monuments of the Southern Urals and Western Siberia*” című projekt keretein belül, valamint az RFBR és FRLC 19-59-23006 számú „*The problem of cultural transformations of Magyars on the way of Hungarian Conquest*” című kutatási projekt által. A tanulmány létrejöttét továbbá a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja támogatta. A kutatási projekt az alábbi projekt keretében valósult meg: *Archaeology Research on the Contacts between Hungary and the East (Our Eastern Heritage, PPCU History and Archaeology Interdisciplinary Research Team; TUDFO/51757-1/2019/ITM)*, a Térmaterületi Kiválósági Program, a *National Research, Development and Innovation Office* támogatásával, továbbá az alábbi projekt keretében valósult meg: Árpád-ház Projekt (IV.2).

Köszönettel tartozunk Sufija Renatovna Gazizovának, a cseljabinszki Dél-Uráli Állami Egyetemről

(Nemzeti Kutatóegyetem) és Aleksej Vladimirovich Paruninnak a „South-Ural” cseljabinszki közösségi alapítványtól, hogy régészeti információkat biztosítottak az Ujelgi temetőhöz és a csontanyagokhoz. Továbbá hálásak vagyunk a régészeti adatokért és a DNS-elemzésekhez használt, az Urál nyugati előteréből származó csontanyagért Olga Evgenjevna Poshekhonovának, az SB RAS Tyumen Tudományos Központ munkatársának (Institute of the problems of Northern development), Elizaveta M. Chernykh-nek, az izsevszki Udmurt Állami Egyetem Történelmi és Szociológiai Intézet Udmurtia Történelem-, Régészeti és Etnológiai Tanszék munkatársának, valamint Andrey M. Belavinnak, a Permi Állami Humanitárius Pedagógiai Egyetem munkatársának.

Köszönjük az alaptérképeket Szinyei Viktornak. Köszönettel tartozunk Major Istvánnak, a Debreceni Atommagkutató Intézet Izotóp Klimatológiai és Környezetkutató Központ munkatársának a minták ¹⁴C adatainak kiértékeléséért, a GINOP-2.3.2-15-2016-00009 „ICER” projekt keretén belül.

IRODALOM

- BALOGH 2016: Balogh Cs.: Kora Árpád-kori szállási temető Makó-Igási járandóban (Campsite Burial Ground from the Early Árpadian Age at Makó-Igási-Járandó). In: *Népek és kultúrák a Kárpát-Medencében. Tanulmányok Mesterházy Károly tiszteletére*. Főszerk.: Kovács L. – Révész L. Budapest 2016, 391–421.
- BELAVIN ET AL. 2009: Белавин, А. М. – Иванов, В. А. – Крыласова, Н. Б.: *Угры Предуралья в древности и средние века*. Уфа 2009.
- BERMISHEVA ET AL. 2002: Bermisheva, M. A. – Tambets, K. – Villems, R. – Khusnutdinova, E. K.: Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga – Ural Region. *Molecular Biology* 36, no. 6 (2002) 802–812. <https://doi.org/10.1023/A:1021677708482>
- BOTALOV 2017: Боталов, С. Г.: Погребальный комплекс Уелги и некоторые наблюдения на предмет угорского и мадьярского культурогенеза (A Dél-Urál a 6–11. században. Észrevételek az ugor és a magyar népesség anyagi műveltségének kialakulásával kapcsolatban). In: *Hadak útján XXIV. A Népvándorlaskor Fiatal Kutatóinak XXIV. Konferenciája Esztergom 2014. November 4–6*. 2. Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia 3.2. Magyar Tudományos Akadémia Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténelmi Témacsoport Kiadványok 3.2. Főszerk.: Türk A. Budapest–Esztergom 2017, 267–334. https://doi.org/10.55722/Arpad.Kiad.2017.3.2_13
- CSÁKY ET AL. 2020: Csáky, V. – Gerber, D. – Koncz, I. – Csiky, G. – Mende, B.G. – Szeifert, B. – Egyed, B. – Pamjav, H. – Marcsik, A. – Molnár, E. – Pálfi, Gy. – Gulyás, A. – Kovacsóczy, B. – M. Lezsák, G. – Lőrinczy, G. – Szécsényi-Nagy, A. – Vida, T.: Genetic Insights into the Social Organisation of

- the Avar Period Elite in the 7th Century AD Carpathian Basin. *Scientific Reports* 10, no. 1 (December 2020) 948. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-57378-8>
- CSÖSZ ET AL. 2016: Csősz, A. – Szécsényi-Nagy, A. – Csákyová, V. – Langó, P. – Bódis, V. – Kohler, K. – Tömöry, Gy. – Nagy, M. – Mende, B. G.: Maternal Genetic Ancestry and Legacy of 10th Century AD Hungarians. *Scientific Reports* 6:33446 (2016). <https://doi.org/10.1101/056655>
- DAMGAARD ET AL. 2018: Damgaard de Barros, P. – Marchi, N. – Rasmussen, S. – Peyrot, M. – Renaud, G. – Korneliussen, T. – Moreno-Mayar, J. V.: 137 Ancient Human Genomes from across the Eurasian Steppes. *Nature* 557 (2018) 369–374. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2>
- DAMGAARD ET AL. 2018a: Damgaard de Barros, P. – Martiniano, R. – Kamm, J. – Moreno-Mayar, J. V. – Kroonen, G. – Peyrot, M. – Barjamovic, G. et al.: The First Horse Herders and the Impact of Early Bronze Age Steppe Expansions into Asia. *Science* 360, no. 6396 (2018) eaar7711. <https://doi.org/10.1126/science.aar7711>
- DANICH 2008: Данич, А. В.: Охранные исследования Бояновского (Баяновского) могильника. *Труды КАЗЭ* 5 (2008) 45–53.
- DERBENEVA ET AL. 2002: Derbeneva, O. A. – Starikovskaya, E. B. – Wallace, D. C. – Sukernik, R. I.: Traces of Early Eurasians in the Mansi of Northwest Siberia Revealed by Mitochondrial DNA Analysis. *American Journal of Human Genetics* 12705 (2002) 1009–1014. <https://doi.org/10.1086/339524>
- 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, no. 1 (February 2015) 377–386. <https://doi.org/10.1007/s00438-014-0925-2>
- FINOCCHIO ET AL. 2018: Finocchio, A. – Trombetta, B. – Messina, F. – D’Atanasio, E. – Akar, N. – Loutradis, A. – Michalodimitrakis, E. I. – Cruciani, F. – Novelletto, A.: A Finely Resolved Phylogeny of Y Chromosome Hg J Illuminates the Processes of Phoenician and Greek Colonizations in the Mediterranean. *Scientific Reports* 8, no. 1 (December 2018) 7465. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-25912-9>
- FODOR 2015: Фодор, И.: *Венгры: древняя история и обретение Родины*. Пермь 2015.
- FÓTHI ET AL. 2020: Fóthi, E. – Gonzalez, A. – Fehér, T. – Gugora, A. – Fóthi, Á. – Biró, O. – Keyser, Ch.: Genetic Analysis of Male Hungarian Conquerors: European and Asian Paternal Lineages of the Conquering Hungarian Tribes. *Archaeological and Anthropological Sciences* 12, no. 1 (2020). <https://doi.org/10.1007/s12520-019-00996-0>
- GOLDINA 2012: Голдина, Р. Д.: *Неволинский могильник VII–IX вв. в Пермском Предуралье*. Материалы и исследования Камско-Вятской археологической экспедиции 21. Ижевск 2012.
- GOLDINA–CHERNYKH 2005: Goldina, R. D. – Chernykh, E. M.: Forest and Steppe: A Dialogue of Cultures. On Archaeological Materials from the Kama Region. *Acta Orientalia* 58:1 (2005) 41–58. <https://doi.org/10.1556/AOrient.58.2005.1.4>
- GOLDINA ET AL. 2013: Goldina, R. D. – Pastushenko, I. J. – Chernykh, E. M.: The Nevolino culture in the context of 7th-century East-West trade: the finds from Bartym. In: *Constructing the seventh century*. Travaux et Memoires 17. Ed.: Zuckerman, C. Paris 2013, 865–930.
- GRUDOSCHKO–BOTALOV 2011: Грудочко, И. В. – Боталов, С. Г.: Новые материалы по культурогенезу средневекового населения Южного Урала (по материалам могильников Уелги и Синеглазово) (New materials on the cultural genesis of the Middle Age population of South Ural (after the materials from Uelga and Sineglazovo burial sites)). In: *Мадяри в Середньому Подніпров’ї*. Археологія і давня історія України 7. Київ 2011, 79–99.

- GRUDOSCHKO ET AL. 2018: Grudochko, I. V. – Botalov, S. G. – Gazizova, S. R. – Tyurk, A.: Хронология могильника Уелги (сравнение радиоуглеродных и археологических датировок) (Chronology of Uelgi burial ground (radiocarbon and archaeological dating in comparison)). In: *Древние и средневековые общества Евразии: перекресток культур. Международный научный симпозиум, посвященный памяти видного ученого-археолога, профессора, академика Академии наук Республики Башкортостан, доктора исторических наук Н.А. Мажитова. Г. Уфа, 6-7 декабря 2018 года. Сборник материалов.* Ред.: Уразова, А. И. Уфа 2018, 78–84.
- HAJDÚ 1985: Хайду, П.: *Уральские языки и народы.* Москва 1985.
- ILUMÄE ET AL. 2016: Ilumäe, A. – Reidla, M. – Chukhryaeva, M. – Järve, M. – Post, H. – Karmin, M. – Saag, L. et al.: Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-Trivial Time-Resolved Phylogeography That Cuts across Language Families. *The American Journal of Human Genetics* 99, no. 1 (July 2016) 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- IVANOV 1999: Ivanov A. V.: *Древние угры-мадьяры в Восточной Европе.* Уфа 1999.
- JEONG ET AL. 2019: Jeong, Ch. – Balanovsky, O. – Lukianova, E. – Kahbatkyzy, N. – Flegontov, P. – Zaporozhchenko, V. – Immel, A. et al.: The Genetic History of Admixture across Inner Eurasia. *Nature Ecology and Evolution* 3, no. 6 (June 2019) 966–976. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-0878-2>
- KLIMA 2016: Klima L.: *Jürkák, tormák, merják. Szemelvények a finnugor nyelvű népek történetének korai forrásaiból.* MTA BTK MÖT Források és tanulmányok 1. Budapest 2016.
- KOMAR 2018: Комар, О. В.: *История и археология древних мадьяр в эпоху миграции (А корай магйарсáг вáндорлáсáнак тóртéнетéи эс рéгészетéи емлéкеи).* Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia 11. MTA BTK MÖT Kiadványok 5. Napkút Kiadó, Ómúltunk Tára 14. Budapest 2018.
- KRISTÓ 1996: Kristó, Gy.: *Hungarian History in the Ninth Century.* Szeged 1996.
- KUSTÁR–LANGÓ 2003: Kustár R. – Langó P.: *Ezüstbe öltözött lányok. Honfoglalás kori sírok Harta határában.* Kalocsai Múzeumi Kiskönyvtár 7. Kalocsa 2003.
- LAMNIDIS ET AL. 2018: Lamnidis, T. C. – Majander, K. – Jeong, Ch. – Salmela, E. – Wessman, A. – Moiseyev, V. – Khartanovich, V. et al.: Ancient Fennoscandian Genomes Reveal Origin and Spread of Siberian Ancestry in Europe. *Nature Communications* 9, no. 1 (December 2018) 5018. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07483-5>
- LANGÓ–SIKLÓSI 2013: Langó P. – Siklósi Zs.: 10. Századi Temető Balatonújlak-Erdő-Dűlön (Ein Gräberfeld Des 10. Jahrhunderts in Balatonújlak-Erdő-Dűlő). In: *A Honfoglalás Kor Kutatásának Legújabb Eredményei. Tanulmányok Kovács László 70. Születésnapjára.* Monográfiák a Szegedi Tudományegyetem Régészeti Tanszékéről 3. Szerk.: Révész L. – Wolf M. Szeged 2013, 143–160.
- LANGÓ ET AL. 2016: Langó, P. – Kustár, A. – Köhler, K. – Csősz, A.: A study of the tenth-century cemetery at Harta-Freifelt. *Antaeus. Communicationes ex Instituto Archaeologico Academiae Scientiarum Hungaricae* 34 (2016) 389–416.
- MALYARCHUK ET AL. 2018: Malyarchuk, B. – Derenko, M. – Denisova, G. – Litvinov, A. – Rogalla, U. – Skonieczna, K. – Grzybowski, T. et al.: Whole Mitochondrial Genome Diversity in Two Hungarian Populations. *Molecular Genetics and Genomics* 293, no. 5 (2018) 1255–1263. <https://doi.org/10.1007/s00438-018-1458-x>
- NEPARÁCZKI ET AL. 2018: Neparáczi, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Kocsy, K. – Maár, K. – Bihari, P. – Nagy, I. et al.: Mitogenomic Data Indicate Admixture Components of Central-Inner Asian and Srubnaya Origin in the Conquering Hungarians. *PLOS ONE* 13, no. 10 (2018) e0205920. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- NEPARÁCZKI ET AL. 2019: Neparáczi, E. – Maróti, Z. – Kalmár, T. – Maár, K. – Nagy, I. – Latinovics, D. – Kustár, A. et al.: Y-Chromosome Haplogroups from Hun, Avar and Conquering Hungarian Pe-

- riod Nomadic People of the Carpathian Basin. *Scientific Reports* 9, no. 1 (2019) 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53105-5>
- POST ET AL. 2019: Post, H. – Németh, E. – Klima, L. – Flores, R. – Fehér, T. – Türk, A. – Székely, G. et al.: Y-Chromosomal Connection between Hungarians and Geographically Distant Populations of the Ural Mountain Region and West Siberia. *Scientific Reports* 9, no. 1 (2019) 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44272-6>
- RÉVÉSZ 1996: Révész L.: *A karosi honfoglalás kori temetők. Adatok a Felső-Tisza-vidék X. századi történetéhez (Die Gräberfelder von Karos aus der Landnahmezeit. Archäologische Angaben zur Geschichte des Oberen Theißgebietes im 10. Jahrhundert)*. Miskolc 1996.
- RÓNA-TAS 1999: Róna-Tas, A.: *Hungarians and Europe in the Early Middle Ages: An Introduction to Early Hungarian History*. Budapest 1999. <https://doi.org/10.7829/j.ctv280b77f>
- TAMBETS ET AL. 2004: Tambets, K. – Rootsi, S. – Kivisild, T. – Help, H. – Serk, P. – Loogväli, E. – Tolk, H. et al.: The Western and Eastern Roots of the Saami—the Story of Genetic ‘Outliers’ Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes. *The American Journal of Human Genetics* 74, no. 4 (April 2004) 661–682. <https://doi.org/10.1086/383203>
- TAMBETS ET AL. 2018: Tambets, K. – Yunusbayev, B. – Hudjashov, G. – Ilumäe, A. M. – Rootsi, S. – Honkola, T. – Vesakoski, O. et al.: Genes Reveal Traces of Common Recent Demographic History for Most of the Uralic-Speaking Populations. *Genome Biology* 19, no. 1 (2018) 1–20. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>
- TÖMÖRY ET AL. 2007: Tömöry, Gy. – Csányi, B. – Bogácsi-Szabó, E. – Kalmár, T. – Czibula, Á. – Csósz, A. – Priskin, K. et al.: 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>
- TÜRK–FÜREDI 2019: Türk, A. – Füredi, Á.: Latest Archaeological Results on the Origin of the Hungarian People in the Eurasian Context. In: *IV International Congress of Archeology of the Eurasian Steppes “Nomadic Empires of Eurasia in Archaeological and Interdisciplinary Studies”, Dedicated to the 100th Anniversary of the Russian Academic Archeology*. Ed.: Bazarov, B. V. – Kradin, N. N. Ulan-Ude 2019, 93–96.
- TÜRK 2016: Тюрк, А.: Возможности и перспективы археологических исследований ранней истории угро-мадьяров. In: *Археологическое наследие Урала от первых открытий к фундаментальному научному знанию. XX Уральское совещание. Материалы Всероссийской научной конференции с международным участием. 25-29 октября, 2016 г.* Ред.: Голдина, Р. Д. Ижевск 2016, 268–272.

EARLY MEDIEVAL GENETIC DATA FROM URAL REGION EVALUATED IN THE LIGHT OF ARCHAEOLOGICAL EVIDENCE OF ANCIENT HUNGARIANS

VERONIKA CSÁKY – DÁNIEL GERBER – BEA SZEIFERT – BALÁZS EGYED – BALÁZS STÉGMÁR –
BOTALOV G. SERGEI – GRUDUCHKO V. IVAN – MATVEEVA P. NATALIA – ZELENKOV S. ALEXANDER –
SLEPTSOVA V. ANASTASIIA – GOLDINA D. RIMMA – DANICH V. ANDREY – BALÁZS GUSZTÁV MENDE –
ATTILA TÜRK – ANNA SZÉCSÉNYI-NAGY

(Scientific Reports 10, 19137 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-75910-z>)

The Ural region had an important role in ancient Hungarians' ethnogenesis based on archaeological, linguistic and historical sources, although the results of these research fields exhibit differences of chronological and cultural aspects. The new mitogenome, Y-chromosome and shallow shotgun autosomal DNA sequence data from the South-Urals presented here confirms the region's relevance from population genetic perspective too. The overall maternal makeup of the investigated 36 samples from the Ural region in a phylogenetic and phylogeographic point of view suggests a mixed characteristic of rather western and rather eastern components, although the paternal lineages are more homogenous with Y-haplogroups typical for the Volga-Ural region. The exact assignment of each mitochondrial haplotype of the Trans-Uralic Uyelgi population to the Eastern and Western Eurasian components is impossible, but comprehensive representatives are present. Mitochondrial haplogroups of European origin N1a1a1a1a and H40b provide a horizon-through success of maternal lineages with inner diversification, which suggests a base population of a rather western characteristics. On the other hand, identical (C4a1a6) or single (A, A12a, C4a2a1) haplotypes with strong eastern phylogeography, highly pronounced in the third horizon, suggest a relatively recent admixture to this population. The apparent co-occurrence of genetic and archaeological shift is however contradicted by the homogeneity of ancestry components, nuclear genomic PCA positions, homogeneity of paternal makeup (although this one itself can be explained by patrilocality), and presence of eastern component (C4a1a6) in all horizons. Despite the fact that the genetic contribution of a population related to the Srostki culture cannot be excluded at this level, it is more likely that the majority of eastern components admixed before the usage of the Uyelgi cemetery. The uniparental genetic composition of Uyelgi population signals them as a chronologically and/or geographically related population to the possible genetic source of the Hungarian conquerors. Furthermore, their preliminary autosomal results show that they shared their allele frequency makeup with modern Uralic and West Siberian populations that are linguistically or historically related to Hungarians, which provide a good standpoint for future studies. The maternal phylogenetic connections of Uyelgi with Hungarian conquerors can be divided to indirect (monophyletic but not successive) and direct (identical or one-step neighbour) relationships. Interestingly, indirect connections can be genetically assigned to the western-characteristic base population, whereas direct connections are almost exclusive to the admixed eastern component. One possible explanation for this phenomenon is that Hungarian conquerors and Uyelgi shared common ancestry in the past that separated prior eastern admixture, latter which provided genetic components subsequently to both groups. The exact origin or identification of the eastern component yet to be described, however, nuclear admixture proportions and loose phylogenetic connections points towards Central Asia. The phylogenetic makeup of Cis-Ural region questions their compactness or successiveness; however, the scarce data does not allow extensive analysis for this group. Hungarian conqueror lineage-based connections here are sporadic, but regional affinity is observable, which is more pronounced in MDS and PCA. Earlier studies based solely on the genetic makeup of Hungarian conquerors tend to connect the non-European lineages to various eastern regions, but especially the presence of rare Eastern Eurasian haplotypes in the Late Iron Age and Early Medieval Cis-Ural group may reshape these conclusions in the future. In subsequent studies, we plan to extend the presented dataset with high coverage genomic analyses and including samples from further East European cemeteries of ancient Hungarians and their neighbouring communities.

29th Conference of Young Scholars
on the Migration Period

Budapest, November 15–16, 2019

