

NAGY L. PÉTER – NEPARÁCZKI ENDRE –
KÁSLER MIKLÓS¹

AZ ÁRPÁD-HÁZ FILOGENETIKAI EREDETÉNEK MEGHATÁROZÁSA III. BÉLA APAI ÁGÁNAK ELEMZÉSE ALAPJÁN

ABSZTRAKT: Célunk az Árpád-ház eredetének feltárása volt az eredetileg a székesfehérvári székesegyházban eltemetett III. Béla magyar király (1172–1196) és további 8 személy (6 férfi, 2 nő) csontvázmaradványaiából származó DNS genom szekvenálásával. Az Y-kromoszóma-elemzés megállapította, hogy két egyed, III. Béla és a HU52 jelzetű, az R-Z2125 haplocsoportba tartozik, amelyeknek eloszlása Délkelet-Ázsia közelében koncentrálódik, másodlagos kiterjedése a mai Irán, a Volga uráli térsége és a Kaukázus térsége. Ezekről a területekről 4340 egyed genomját szekvenáltuk, és az így kapott mintaszettből 208 esetben állapítottuk meg, hogy az R-Z2123-as haplocsoportba tartoznak. Ezekből az adatokból megállapítottuk, hogy az Árpád-ház legközelebbi rokonai (az R-SUR51) a modern kori Baskíriából származtak, elsősorban az Oroszországban található Baskíriából, annak Burzjan és Abzelil járásaiából. Elemzésünk

¹ Az eredeti, angol nyelvű szaktanulmány szerzői: Nagy L. Péter, Olasz Judit, Neparáczi Endre, Nicholas Rouse, Karan Kapuria, Samantha Cano, Huijie Chen, Julie Di Cristofaro, Goran Runfeldt, Natalia Ekomasova, Maróti Zoltán, Jeney János, Sergey Litvinov Murat Dzhaubermeszov, Lilya Gabidullina, Szentirmay Zoltán, Szabados György, Dragana Zgonjanin, Jacques Chiaroni, Doron M. Behar, Elza Khusnutdinova, Peter A. Underhill, és Kásler Miklós. Elérhető: <https://doi.org/10.1038/s41431-020-0683-z>

feltárta olyan SNP-k meglétét is, amelyek egy új, Árpád-ház-specifikus R-ARP haplocsoportot határoznak meg.

Az R-Z2123 nagy felbontású filogenetikai kontextusában az első magyar királyi dinasztia eredete az Észak-Afganisztán környéki régiókban jelölhető meg, körülbelül 4500 évvel ezelőttire tehető, és a baskírokat azonosítja legközelebbi rokonként. A két népesség szétválásának időpontja pedig az idősámítá-sunk szerinti első évezred eleje.

KULCSSZAVAK: magyar őstörténet, Árpád-ház, III. Béla király, R1a, R-Z2123, R-SUR51, R-ARP, baskírok

Bevezetés

Az Árpád-ház, amely a magyarok államalapító dinasztiája (kb. 850–1301), történelemformáló szerepet töltött be Kelet-Európában. Bár a dinasztiát Álmos herceg (kb. 820 – kb. 894) alapította, mégis a modern történettudományban nevét az ő fiáról, Árpád hercegről (kb. 845–kb. 907) kapta, aki kb. 862 és 896 között vezette be a magyarokat a Kárpát-medencébe. Bár történetek részleges mitokondriális és Y-kromoszóma alapú elemzések a honfoglaló magyar vezetőréteg temetőiben található maradványokból, az Árpád-ház etnikai eredete tudományosan vitatott a hiányzó genetikai bizonyítékok miatt.² Történelmi források alapján 10 Árpád-házi vezetőt, 8 királyt és 2 herceget helyeztek nyugalomra a Szűz Mária-bazilikában (vagy mai nevén a székesfehérvári koronázó-bazilikában) az 1543-es török megszállás előtt.³ Az ezt követő évszázadok során a háború és az épület elhanyagolása miatt a bazilika megsemmisült, és csak III. Béla (1148–1196) király és első felesége, Antiókhiai Anna (1150–1184/85) királyi sírjai maradtak érintetlenek. A királyi maradványokat 1848-ban fedezte fel a kor vezető régésze és történésze, Érdy János, az MTA tagja és a Budapesti Nem-

2 Tömöry et al. 2007; Csösz et al. 2016; Neparáczi et al. 2017a; Neparáczi et al. 2017b; Neparáczi et al. 2019.

3 Szentpétery 1937; Engel 1987; Olasz et al. 2019.

zeti Múzeum kurátora.⁴ Azok a királyi jelképek, amelyeket III. Béla és Antiókhiai Anna maradványaival együtt tártak fel, a Magyar Nemzeti Múzeum tulajdonában vannak. A maradványokat először 1862-ben a budai Mátyás-templom kriptájában, majd később, 1898-ban a templom Szentháromság-kápolnájában temették újra. 1862-ben és 1874-ben további maradványokat tártak fel a székesfehérvári bazilika területén, amelyek közül 8-at a Mátyás-templomban helyeztek el 1900-ban.⁵

III. Béla király és 6 másik ismeretlen férfi csontvázának Y-kromoszómás (STR) elemzése arra utal, hogy a maradványok közül csak egy, a HU52-vel jelölt tartozik az Árpád-házhoz.⁶

Az NGS területén az elmúlt évtizedben bekövetkezett fejlődés alapján lehetővé vált nagyszámú minta mitokondriális és Y-kromoszómás vizsgálatának költséghatékony módon való elvégzése.⁷ Két kísérleti kutatás⁸ során 456 és 1244 globálisan különböző minta vizsgálata (szekvenálása) történt meg. Az első esetben több mint 65 000 Y-kromoszómás SNP-t sikerült beazonosítani. A kutatásokról szóló tanulmányok megjelenése óta az Y-kromoszómás SNP-k száma megháromszorozódott, és ez lehetővé tette az apai vonalon meglévő rokoni kapcsolatok nagy felbontású elemzését.⁹ Az Olasz és munkatársai által vizsgált leletekből származó DNS NGS-elemzését elvégeztük, majd megállapítottuk az Árpád-ház filogenetikai eredetét és legközelebbi rokonságát a közös, Y-kromoszóma-haplocsoport-eredet alapján 40 eurázsiai népesség kontextusában.

4 Érdy 1853.

5 Éry 2008.

6 Olasz et al. 2019.

7 Poznik et al. 2013.

8 Poznik et al. 2016; Karmin et al. 2015.

9 ISOGG 2019.

Anyagok és módszerek

Archaikus minták

Az ebben a tanulmányban vizsgált ősi maradványok a Magyar Katolikus Egyház védelme alatt állnak. Erdő Péter, Esztergom-Budapest érseke írásban járult hozzá, hogy a maradványokon genetikai elemzést végezhesünk, ezt pedig az EMMI a 26090/2019/MINKABINET sorszám alatt jegyezte be. A 9 csontvázmaradványból a mintavételt az Országos Onkológiai Intézetben, Budapesten végezték.¹⁰ A DNS-kinyerés a Johann-Friedrich-Blumenbach Zoológiai és Antropológiai Intézet, Történeti Antropológiai és Humán Ökológiai Tanszékén, Susanna Hummel laboratóriumában történt. Az újgenerációs szekvenálás (NGS) és az elsődleges adatelemzés a Praxis Genomics LLC (Atlanta GA) által történt, és az eredményeket a Magyarságkutató Intézet Archeogenetikai Kutatóközpontja igazolta az összes adat ismételt elemzése révén. Az NGS-folyamatról és az adatelemzésről szóló további szakmai információt a következő fejezetekben találni: „Könyvtárkészítés, újgenerációs szekvenálás és adatelemzés.” A DNS-minták kezelése során a CLIA- és CAP-irányelveket mindvégig szigorúan betartották.

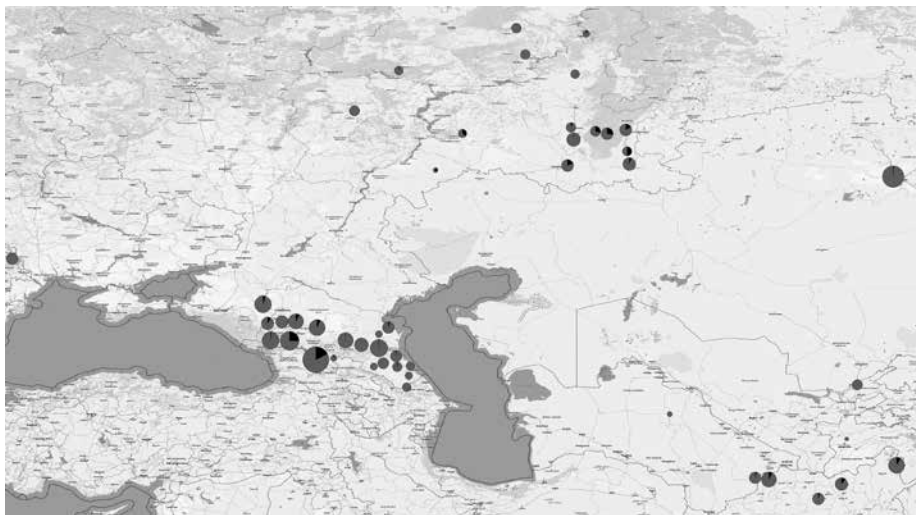
Recens minták

40 különböző népeségből származó 4340 recens minta genotípusát Z2125 és Z2123 SNP-ként határoztuk meg a Sanger-féle szekvenálás (1. ábra és S1 táblázat) segítségével. Az R-Z2123 haplocsoporthoz tartozó, 20 népeségből származó 206 mintát paired-end szekvenáltak (2x151bp), Novaseq 6000 (Illumina) használva (1. ábra és S1 táblázat). A minták jelen tanulmányban történő felhasználását az Orosz Tudományos Akadémia UFA Szövetségi Kutatóközpontjának Etikai Bizottsága hagyta jóvá (dokumentumszám: MKI-F/321-1/2019).

10 Olasz et al. 2019.

További technikai információ található a „Könyvtárkészítés, újgenerációs szekvenálás és adatelemzés” fejezetben. Az alanyok kivétel nélkül olyan önkéntes résztvevők voltak, akik írásban hozzájárultak, hogy mintáikat genetikai elemzésre felhasználják.

Továbbá két korábban publikált, egy iraki és egy iraki zsidó személyhez tartozó Y-kromoszómás szekvencia lett letöltve az Európai Nukleotid Arhívumból¹¹ a PRJEB21310 hozzáférési számon – az adatsorokat az elemzésben használtuk fel.¹²



1. ábra. Az R-Z2123 haplocsoport (R1a1a1b2a2a1) gyakorisága a 40 különböző eurázsiai populáció 4340 recens mintájában (S1 Táblázat). A térkép készítéséhez a QGIS 3.8. Zanzibar¹³ programot használták; a körök mérete a vizsgált populációk méretével arányosan összefügg; a szürke háttérrel szereplő kék szeletek az R-Z2123 haplocsoport százalékos jelenlétét mutatják ezekben a populációkban

11 <http://www.ebi.ac.uk/ena>

12 Behar et al. 2017.

13 QGIS 2015.

Könyvtárkészítés, újgenerációs szekvenálás és adatelemzés

Ezen speciális szakmai módszerek ismertetését a kötetben mellőzzöm, de elérhetők a nemzetközi szakfolyóiratban megjelent publikációban.¹⁴

Eredmények

Az újgenerációs szekvenálás adatai

9 archaikus DNS-minta újgenerációs szekvenálása során mintánként 638–3949 millió egyedi leolvasást végeztünk (S3 táblázat). Az endogén DNS-tartalom 0,19% és 50,65% között változott (1. táblázat). Az X-kromoszóma lefedettsége a teljes kromoszóma mentén 0,18-szoros és 5,36-szoros érték között variálódott. A Y- és X-kromoszóma olvasatainak arányából minden esetben egyértelműen meghatároztuk az egyedek kromoszomális nemét. A mitokondriális genom átlagos lefedettsége minden mintánál legalább 100-szoros volt. Kivételt jelentett ez alól a HUAA (Antiókhiai Anna) minta, amelynél csak 23-szoros átlagos lefedettséget értünk el. A teljes genom tekintetében 0,17–9,62-szeres átlagos lefedettséget kaptunk. Az ANGSD X módszer alapján a becsült X-kromoszómás szennyeződés mértéke 0,3% és 1,34% között változott, kivéve a HU53 minta 11,94%-os értékét. A mitokondriális szennyeződés vizsgálata során szintén a HU53 minta esetén tapasztaltunk 5%-os kiugró szennyezettséget a többi mintánál megfigyelt 1–2%-os értékhez képest (1. táblázat).

Az adatok mennyisége és minősége minden mintánál lehetővé tette az Y-kromoszómás és a mitokondriális haplocsoport meghatározását.

14 <https://doi.org/10.1038/s41431-020-0683-z>

Minta neve	HU3B	HU3G	HU4H	HU52	HU53	HU54	HU55	HU109	HUAA
Mintavétel helye	MT	TA	MT	TA	ST	CO	CO	CO	CO
Extrakció	EX5	EX3	EX3	EX3	EX4	EX3	EX5	EX4	EX5
GRCh37-hez illesztett szekvenca olvasatok száma (millió)	203,1	278,6	188,7	164,2	29,0	33,2	49,2	116,7	7,1
Duplikátumok száma (millió)	3,9	8,2	3,9	26,2	0,5	0,4	0,6	8,7	1,2
Egyedi szekvenca olvasatok száma (millió)	195,4	262,1	180,8	111,8	28,0	32,3	48,0	99,4	4,7
Endogén DNS tartalom	5,24%	50,65%	39,22%	4,40%	1,10%	2,79%	4,28%	20,13%	0,19%
Átlagos mitokondriális lefedettség	453	721	497	304	356	121	101	274	23
> 10-szer lefedett mitokondrium bázisok száma	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	99,90%	99,90%	100,00%	94,20%
Nem lefedett mitokondrium bázisok száma	0	0	0	0	0	0	0	0	19
Becsült mitokondriális kontamináció (Schmutzi)	1,00%	1,00%	1,00%	1,00%	5,00%	1,00%	2,00%	1,00%	2,00%
Becsült X kromoszóma kontamináció (ANGSD)	1,21%	1,01%	0,30%	1,83%	11,94%	1,30%	1,34%	-	-

1. táblázat. Az archaikus minták NGS-statisztikai analízisének összegzése.

További részletek az S3 táblázatban találhatóak. A DNS-kivonathoz felhasznált csontminták eredete: MT – lábközépcsont; TA – lábtőcsont; ST – szegycsont; CO – borda. A GRCh37 (millió) referenciagenomra illesztett összes szekvencaolvasata. Ezek a megfelelően illeszkedő párok, amelyeknek több mint 90%-a megegyezett a referenciagenommal

Az archaikus minták Y-kromoszómás haplocsoportjának meghatározása

A Yleaf szoftver ISOGG-formátumban adja meg a férfi minták Y-kromoszómás haplocsoportját (2. táblázat és S4 táblázat). Azonban az adatok Family Tree haplocsoportokon és SNP-információkon alapuló manuális értékelésével minden esetben a Yleaf által meghatározottaknál mélyebb besorolást értünk el. Ezért az egyes egyedek haplocsoportjának meghatározásánál az ISOGG alapú

haplocsoportozáshoz mellékeljük a Family Tree alapú eredményét is (2. ábra, 2. táblázat és S5 táblázat).

Minta neve	HU3B	HUAA	HU52	HU3G	HU4H	HU53	HU54	HU55	HU109
Minta leírása	III. Béla, Déli hajó, márvány sír; Temetési idő: 1196	Antiochiai Anna; III. Béla mellett a déli hajóban; Temetési idő: 1184	III. Béla mellett; Temetési idő: III. Béla előtt valószínűleg	A templom északi hajójában, kövel bélelt sírban	A templom északi hajójában, kövel bélelt sírban	A templomban	A templomban	A templomban	A templomban
Y kromoszóma haplocsoport (Familytree)	R-SUR51 *	woman	R-SUR51 *	J-ZS7626 *	R-PF6658	E-BY4992	R-YP1626 *	R-BY41605	woman
Y kromoszóma haplocsoport (ISOGG, Yleaf)	R1a1a-1b2a-2a1c3	woman	R1a1a-1b2a2a1	J1a2b1b-2c1a	R1b1a-1b1a1a2b	E1b1b1a-1b1a	R1a1a-1b1a-2b3a4a	R1b1a1b1a-1a1c2	woman
Mitokondriális haplocsoport (Haplogrep)	H1b	H7b1	T2b2b1	U5b2c	U4a	H1c1	U4a2b	J1c3a	H46

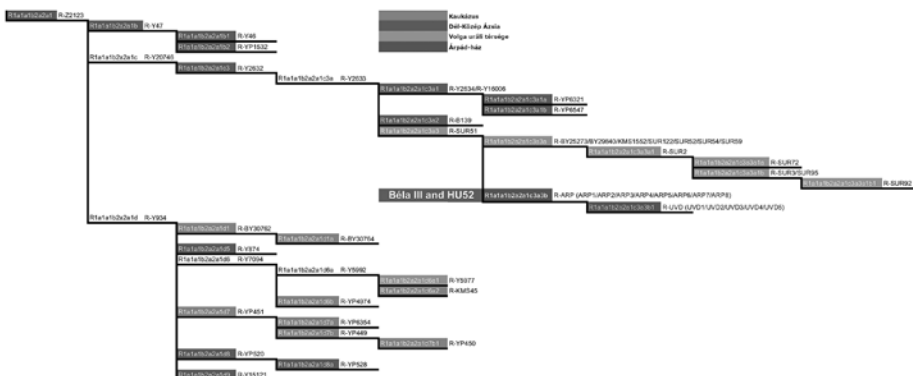
2. táblázat. Az archaikus minták Y-kromoszómás és mitokondrium-haplocsoportjai. Az Y-kromoszómás haplocsoportot definiáló SNP-ék az S4 és S5 táblázatokban vannak felsorolva. Csillaggal (*) jelölték azokat a Family Tree alapján készült haplocsoportokat, amelyek az ISOGG-besorolásnál mélyebbre lettek sorolva. A mitokondrium-haplocsoportokat meghatározó SNP-ék az S2 táblázatban vannak felsorolva

A HU53 mintát a BY4793, BY4991 és BY4999 SNP-elágazási pontok alapján az E-BY4992 (E1b1b1a1b1a) haplocsoportba soroltuk. Ez a haplocsoport gyakori a Dél-Balkánon, különösen Görögországban,¹⁵ de azonosították a honfoglaló magyarokban és az avarokban egyaránt.¹⁶

A HU3G mintát a J-ZS7626 (J1a2b1b2c1a2b) haplocsoportba soroltuk, mivel a 25 haplocsoportot definiáló SNP-ből 6 SNP-t azonosítottunk benne. Ez a

15 Cruciani et al. 2007.

16 Neparáczi et al. 2019.



2. ábra. Az Árpád-házba tartozó III. Béla és HU52 haplocsoport-leszármazása 208 recens, R-Z2123 haplocsoportba (R1a1a1b2a2a1) tartozó egyed összefüggésében.

A haplocsoportok neveit feltüntették az ágakon az ISOGG és Family Tree DNA Y-kromoszómás haplofa-nevezéktana szerint is. A háttér a tanulmányban vizsgált egyedek földrajzi származása szerint van színezve, kivéve az Árpád-ház haplocsoportját, melyet külön sötét szürkével emeltek ki

haplocsoport Kelet-Afrikától az Arab-félsziget déli részéig terjedt el, de a Kaszpi-tenger nyugati partján élő tabaszaran, kalmük, avar és lezgin populációkban is előfordul.¹⁷

A vizsgált maradványok között a leggyakoribb haplocsoport az eurázsiai elterjedésű R1 haplocsoport, amely nyugati (R1b) és keleti (R1a) ágra bontható.¹⁸

A HU55 minta az R-BY41605 (R1b1a1b1a1a1c2) haplocsoportba tartozik. Az R-BY41605 haplocsoportot megelőző R-U106 Nyugat-Európában a legáltalánosabb, de viszonylag gyakori a honfoglaló magyarok között is.¹⁹

A HU4H az R-PF6658 (R1b1a1b1a1a2b) haplocsoportba sorolható. Habár az egyed feltehetően az R-BY3642 haplocsoportba tartozik, azonban ennek az SNP-nek a leolvasási minősége nem teszi lehetővé az egyértelmű besorolást.

17 Karmin et al. 2015; Balanovsky et al. 2011.

18 Myres et al. 2011; Underhill et al. 2015.

19 Neparáczi et al. 2019.

Nem azonosítottunk olyan SNP-eket, amelyek az R-PF6658 haplocsoportból származtatható R-BY3636, R-BY3630, R-BY3851, R-FGC30121, R-BY42688, R-Y16335 haplocsoportokat határozzák meg, így ezeket az alágakat kizárhatjuk. Az R1b-U152 – amely az R-PF6658-t megelőző haplocsoport – főként Olaszország alpesi vidékeire és Korzikára korlátozódik.²⁰

A HU3B, HU52 és HU54 minták az R1a haplocsoportba tartoznak. A HU54 az R-YP1626 (R1a1a1b1a2b3a4a2c) haplocsoportba tartozik, amely legáltalánosabban Délnyugat-Oroszországban, Ukrajnában, Fehéroroszországban és Kelet-Lengyelországban fordul elő.²¹

III. Béla (HU3B) és a HU52 egyed maradványai egyaránt az R-Z2125 (R1a1a1b2a2a) haplocsoportba tartoznak. Ez a haplocsoport általános Északkelet-Afganisztánban, Tádzsikisztánban, Kirgizisztánban és Dél-Kazahsztánban, valamint ritkábban előfordul a Volga–Urál-régióban, a Kaukázusban és Iránban (1. ábra).²² Az Árpád-ház apai vonalának meghatározását tovább pontosítottuk az R-Y2632, R-Y20746, R-Y2633 és további 16 SNP meghatározásával, amelyek az R-SUR51 haplocsoportot határozzák meg (2. ábra, 3. ábra, S5 táblázat).²³

Az R-Z2123 haplocsoport nagy felbontású elemzése

A Volga–Urál-régió, a Kaukázus vidéke és Közép-Ázsia mintegy 40 populációjából összesen 4340 mintát genotipizáltunk az R-Z2125 és R-Z2123 markerekre (1. ábra, S1 táblázat). Több mint 400 mintát az R-Z2125, 320 mintát pedig az R-Z2123 haplocsoportba soroltunk. 206 reprezentatív R-Z2123 mintát választottunk ki teljes genomszekvenálásra, hogy biztosítsuk a haplocsoport nagy felbontású analízisét (3. ábra). A vizsgálatainkba bevontunk két további, korábban már publikált Y-kromoszóma-szekvenciát (egy iraki és egy iraki zsidó egyed mintáit), valamint két Árpád-házi személyt, III. Bélát és a HU52 egyedet (S6 táblázat).²⁴ A 210 vizsgált mintából 5 afgán és egy csecsen egyedet

20 Myres et al. 2011.

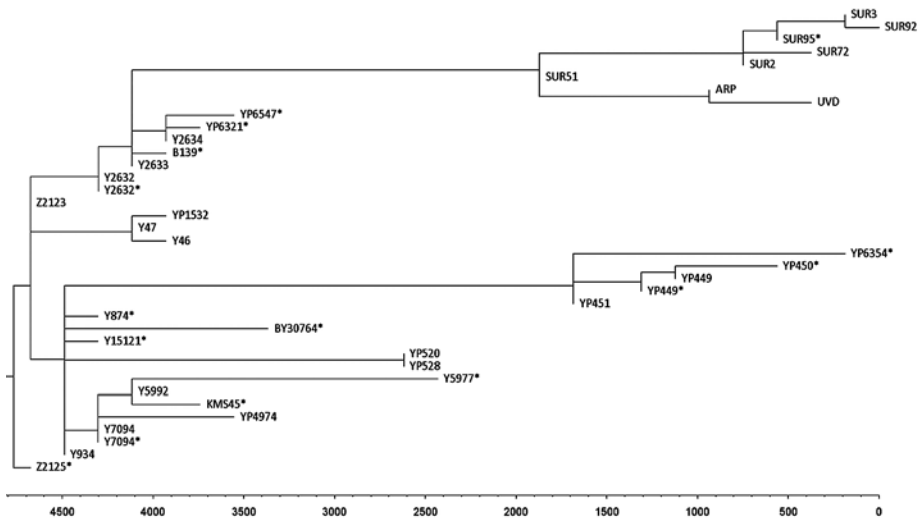
21 Underhill et al. 2015.

22 Underhill et al. 2015.

23 Roots et al. 2013; Muartov 2014; Karmin et al. 2015; Poznik et al. 2016; Behar et al. 2017.

24 Behar et al. 2017.

az R-Z2123* (R1a1a1b2a2a1) haplocsoportba soroltunk. 12 afganisztáni férfi az R-Y47 (R1a1a1b2a2a1b) haplocsoportba tartozott. 58 egyed, közöttük 48 baskírt, zömében a Burzjan és Abzelil járásból, 4 afgánt, a két Árpád-házi személyt, egy szerbiai egyed, egy lahore-i punjabit (HG03636),²⁵ egy iraki zsidót (GRC14414377 aka 16198)²⁶ és egy iraki mintát (GRC15570738)²⁷ az R-Y2632 (R1a1a1b2a2a1c3) haplocsoportba soroltunk. Jóllehet az iraki egyedet nem tudtuk mélyebben besorolni, azonban a másik 57 minta az R-Y2633 (R1a1a1b2a2a1c3a) haplocsoportba tartozott. Ezután a minták három haplo-



3. ábra. Az R-Z2123 (R1a1a1b2a2a1) haplocsoport filogenetikai fája. A filogenetikai fa 208 nagy lefedettségű Y-kromoszómából és két archaikus Y-kromoszómából áll. Ezek III. Béla és HU52 alapján lettek rekonstruálva BEAST v.1.7.5 és Clustal Omega v.1.4.4 szoftverekkel. Az ágaknál az alcsoportok nevei vannak feltüntetve. A becült koaleszcens idő az ábra alján látható, napjainktól számított évek formátumában. Minden SNP, amelyet az ábra készítéséhez felhasználtak, az Y-kromoszóma férfi specifikus régiójába esik és az S8 táblázatban van felsorolva

25 Poznik et al. 2016.

26 Karmin et al. 2015; Behar et al. 2017; Rootsi et al. 2013.

27 Behar et al. 2017.

csoportra oszlottak: a B139 SNP-t kizárólag az iraki zsidó hordozta, az Y2634 és Y16006 markerek 4 afgán, valamint a punjabi mintában voltak azonosíthatók, a 48 baskír, a szerb és a két Árpád-házi egyedet pedig a SUR51 alába soroltuk. Az R-SUR51 haplocsoport 17 közös SNP után két ágra bomlik (S7 táblázat). Az egyik ágon a baskír minták találhatók, amelyek Y-kromoszómája további 6 SNP-t tartalmaz. A szerb egyed és a két Árpád-házi személy szekvenciájából hiányzik ez a 6 SNP, azonban hordoznak 8 másik olyan polimorfizmust, amelyek az R-ARP haplocsoportot határozzák meg. A szerbiai egyed további 5 olyan SNP-vel rendelkezik, amely hiányozik az Árpád-házi mintákból, ennek megfelelően továbbsorolódik az R-UVD haplocsoportba. 38 baskír egyed az R-SUR2 haplocsoportba és alhaplocsoportjaiba, az R-SUR72-be és az R-SUR3/SUR95-be tartoznak. 7 egyedet nem tudtunk az R-SUR51 haplocsoportnál mélyebben besorolni.

A másik 134 egyed – köztük 89 kaukázusi, 30 baskír – többnyire az arhangelszkojei járásból származik, és 15 afgán minta az Y934 haplocsoportba és alhaplocsoportjaiba tartozik (2. és 3. ábra, S6 táblázat).

A BEAST szoftver segítségével filogenetikai fát építettünk a 208 recens minta és a két Árpád-házi személy szekvenciái alapján, hogy meghatározzuk a leszármazási viszonyait és az utolsó közös őst becsült korát. Az időskála meghatározásához az R-Y2633 haplocsoport 4100 évvel ezelőtti megjelenését vettük alapul.²⁸ Az adatok alapján a szerbiai egyed és az Árpád-házi személyek ága körülbelül 2000 éve vált el a baskírokétól, míg az R-Z2123 haplocsoport négy ága, az R-Z2123*, R-Y47, R-Y2632 és R-Y934 hozzávetőleg 4500 éve jelent meg.

Összegzés

Célunk az Árpád-házi SNP azonosítása és jellemzése, valamint filogenetikai eredetének meghatározása volt. A férfi csontvázak Y-kromoszómás vonalának elemzése azt jelzi, hogy csak egy, a HU52 megjelölésű minta egyezik meg III.

28 Behar et al. 2017.

Béla király Y-kromoszómás R-ARP haplocsoportjával. Az Olasz és munkatársai által korábban Y-STR-ként genotipizált hét ősi férfi csontváz Y-kromoszómás haplocsoport-elemzése megerősíti azt a feltételezést, hogy ez az egyed az Árpád-házhoz tartozik.²⁹ A többi egyed (J-ZS7626, E-BY4992, R-BY41605, R-BY3642 és R-YP1626) különböző származású volt, és nem álltak rokoni viszonyban sem a királyokkal, sem egymással az apai vonal szerint.

A mitokondriális haplocsoport-elemzés különböző haplocsoportokat tárt fel az összes minta esetében. Ez azt jelzi, hogy nincs közös anyai vonal (2. táblázat és S2 táblázat), és az a tény, hogy sem Antiókhiai Anna, sem pedig III. Béla nem rendelkezik a HU52-vel azonos mitokondriális haplocsoporttal, kizárja annak lehetőségét, hogy HU52 a fiuk vagy III. Béla fiútestvére lenne. Lehetséges, hogy HU52 III. Béla apja, II. Géza király (1130–1162) vagy nagyapja, II. Béla (1110–1141) vagy egy még korábbi ős. Az Árpád-ház két tagjának azonosítása lehetővé tette, hogy foglalkozzunk a dinasztia filogenetikai eredetével.

17 közös R-SUR51 SNP alapján megállapítottuk, hogy a vizsgált népcsoportok közül a baskiok – elsősorban a Burzjan és Abzelil járásokból származók – az Árpád-ház legközelebbi rokonai (S7 táblázat). Ezután továbbszármaztatuk az Árpád-ház Y-kromoszómás haplocsoportját R-ARP (Árpád) (javasolt a R1a1a1b2a2a1c3a3b megjelölés az ISOGG névadási konvenciót követve) a köztük és egy, a mai Szerbiából származó egyed SNP-i alapján.

Számos szerzőnél megtalálható, hogy 100–150 évenként egy új Y-kromoszómás SNP kerül be a csírasejtvonalba.³⁰ E számítás alapján Behar és munkatársai (2017) úgy vélték, hogy az iraki és az iraki zsidó vonalak körülbelül 4100 évvel ezelőtt váltak szét³¹ – ez egybeesik az Y2633 SNP-nek az utóbb említett egyedben való megjelenésével. Ha ezt a dátumot kiindulási pontként kezeljük, a Clustal Omega szoftver felhasználásával készült koaleszcens idő becslése arra utal, hogy a Z2123* szétágazása (starburst) (az R-YP3920, R-YP4907, R-Y47, R-Y934, R-Y2632 megjelenése) 4500 évvel korábban történt (3. ábra). Ez való-

29 Olasz et al. 2019.

30 Behar et al. 2017.

31 Behar et al. 2017.

szerűleg az észak-afganisztáni központú régióban történt, mivel az adathalmazunkból származó összes Z2123* egyed és az R-Y47 (R-46), R-Y934 (R-Y874*, R-Y15121*, R-YP520*) s végül az R-Y2632 (R-Y2634 és R-Y16006; R-YP6321*; R-YP6547*) haplocsoportok is elsősorban afgán egyedekben lelhetők fel.³² A leszármazott haplocsoportok – az R-Y2632 (R-SUR51) és R-Y934 (R-YP451 és R-Y5977) – nagyrészt Volga uráli szakaszán és a Kaukázusban található, amely ún. alapítói hatásra és a közelmúltban történt népességbővülésre utalhat ezen régiókban. Elemzésünk kimutatja, hogy a modern kori baskírok ősi leszármazási vonala körülbelül 2000 évvel ezelőtt vált el az Árpádok vonalától, ahogy ezt az R-ARP haplocsoport megjelenése mutatja. A mai Szerbiából származó egyedben jelenlévő R-UVD haplocsoportok megjelenése becslések szerint 900 évvel ezelőtt történt, amely időpont megfelel III. Béla király temetkezési dátumának (1196).

Természetesen ezek a számok csak becslések, és nagymértékben azoktól az SNP-ktől függenek, amelyeket jelenleg az ilyen típusú számításokban felhasználhatónak, megbízhatónak tartanak (S8 táblázat). Az általunk beazonosított, összesen 9 R-ARP SNP közül csak 8 esik az ajánlott régióba, továbbá a 9 UVD SNP közül csak 6-ot tudtunk felhasználni az elemzésünkben. Véleményünk szerint az az Y-kromoszómás régió, ahonnan az SNP-eket figyelembe lehetne és kellene venni a filogenetikai fák felállításánál, felülvizsgálandó a jobb Y-kromoszóma-referenciaszekvenciák alapján.

A Kárpát-medencébe érkező magyarok filogenetikai származását nagymértékben vitatják.³³ Korábban sokáig nyelvészeti alapon következtettek a honfoglaló magyarok eredetére, tehát arra, hogy genetikailag egy finnugor népességet képviselnek. Pedig az Árpád-ház írásos hagyománya, valamint különféle, korábban inkább csak szóbeliségben élő hagyományszövegek (mondák, regék stb.) is a hunokkal való rokonságra utalnak. Az Árpád-ház két tagjának genetikai elemzése alapján úgy tűnik, hogy olyan leszármazási vonalból származtak (RZ2125), amely ma elsősorban iráni vagy török nyelvű etnikai csoportok körében van jelen (pástú, tádzsik, türkmén, üzbég, baskír).

32 Ralf et al. 2018.

33 Neparáczki et al. 2018.

Mindazonáltal a legközelebbi rokonok, a baskírok szoros közelségben élnek az N-B539 haplocsoportú, finnugor nyelvet beszélő népekkel. Egy közelmúltban készült kutatás bemutatja, hogy ez a haplocsoport jelenkori magyarokban is kimutatható.³⁴

Érdekes módon a recens magyarokban és baskírokban talált N-B539-es eredetű vonalak szétválása a becslések szerint körülbelül 2000 évvel ezelőtt történt.³⁵ Ez arra utal, hogy a részben török (R-SUR51), részben finnugor (N-B539) komponensből álló embercsoport körülbelül 2000 évvel ezelőtt hagyta el a Volga uráli régióját, s kezdte el vándorlását, ez pedig végezetül a Kárpát-medencei letelepedéshez vezetett. Nagyobb felbontású kutatásokra van szükség az N-B539, R-SUR51 és R-ARP haplocsoportok Kárpát-medencei jelenlétéről – mind a jelenlegi népesség körében, mind a magyar honfoglalás időszakából származó temetkezési maradványok esetében – ahhoz, hogy ezt a feltételezést igazolni tudjuk. A Levédia és Etelköz térségéből való célzott mintavételek – amely területek tudományos vélekedések szerint a magyarok korábbi élőhelyei voltak a Fekete-tenger és a Don (vagy Dnyeper) folyó és a Keleti-Kárpátok között – további adatokat szolgáltathatnak. Ezek révén pontosan megállapítható lenne a Kárpát-medencei letelepedés előtti magyar népvándorlás időbelisége. Az Árpád-ház Y-kromoszómás vonalának ritka volta lehetővé teszi majd a magyar őstörténet igen részletes és akkurátus feltérképezését, valamint a dinasztia további leszármazottainak meghatározását, mindez a téma iránt érdeklődő tudósok fő célkitűzése volt évszázadokon át.

További információk, kiegészítő információk és táblázatok letölthetők innen: <https://www.nature.com/articles/s41431-020-0683-z>

34 Post et al. 2019.

35 Amorim et al. 2018.

FELHASZNÁLT IRODALOM

- Amormim et al. 2018.** Amorim C. E. G. – Vai S. – Posth C. – Modi A. – Koncz I. – Hakenbeck S. et al.: Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics. *Nature Communications*, 9. (2018) 1. sz. 3547. <https://doi.org/10.1101/268250>
- Balanovsky et al. 2011.** Balanovsky O. – Dibirova K. – Dybo A. – Mudrak O. – Frolova S. –, Pocheshkhova E. et al.: Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region. *Molecular Biology and Evolution*, 28. (2011) 10. sz. 2905–2920. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr126>
- Behar et al. 2017.** Behar D. M. – Saag L. – Karmin M. – Gover M. G. – Wexler J. D. – Sanchez L. F. et al. The genetic variation in the R1a clade among the Ashkenazi Levites' Y chromosome. *Scientific Reports*, 7. (2017) 1. sz. 14969. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14761-7>
- Cruciani et al. 2007.** Cruciani F. – La Fratta R. – Trombetta B. – Santolamazza P. – Sellitto D. – Colomb E. B. et al.: Tracing past human male movements in northern/eastern Africa and western Eurasia: new clues from Y-chromosomal haplogroups E-M78 and J-M12. *Molecular Biology and Evolution*, 24. (2007) 6. sz. 1300–1311. <https://doi.org/10.1093/molbev/msm049>
- Csőszt et al. 2016.** A. Csőszt – A. Szécsényi-Nagy – V. Csákyová – P. Langó – V. Bódis – K. Köhler – Gy. Tömöry – M. Nagy – B. Gusztáv Mende: Maternal Genetic Ancestry and Legacy of 10th Century AD Hungarians. *Scientific Reports*, 6. (2016) 33446. <https://doi.org/10.1038/srep33446>
- Engel 1987.** Engel Pál: Temetkezések a középkori székesfehérvári bazilikában [Burials in the medieval Basilica of Székesfehérvár]. *Századok*, 121. (1987) 4. sz. 613–637.
- Érdy 1853.** Érdy János: III. Béla király és nejeének Székes-Fehérvárott talált síremlékei [The tombs of king Béla III and his spouse found in Székes-Fehérvár]. In: Kubinyi F. – Vachot I. (szerk.): *Magyarország és Erdély képekben*. I. Emich G., Pest, 1853. 42–48.
- Éry 2008.** Éry Kinga: *A székesfehérvári királyi bazilika embertani leletei 1848–2002*. Balassi Kiadó, Budapest, 2008.
- ISOGG 2019.** *International Society of Genetic Genealogy. Y-DNA Haplogroup*

- Tree* 2019, Version:14.22, Date: 25 January 2019, <http://www.isogg.org/tree/>
- Karmin et al. 2015.** Karmin M. – Saag L. – Vicente M. – Wilson Sayres M.A. – Jarve M. – Talas U.G. et al. A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture. *Genome Research*, 25. (2015) 4. sz. 459–466. <https://doi.org/10.1101/gr.186684.114>
- Muratov 2014.** Muratov B. A.: The genus of Shagali Shakman, the clan of Olobure and the descendants of Inas (Kipchak Khan) according to Big-Y. *Bulletin of the EI Project, Suyun'*, 1 (2014) 1. sz.
- Myres et al. 2011** Myres N. M. – Rootsi S. – Lin A. A. – Jarve M. – King R. J. – Kutuev I. et al.: A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe. *European Journal of Human Genetics*, 19. (2011) 1. 95–101. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2010.146>
- Neparáczi et al. 2017a.** Neparáczi E. – Juhász Z. – Pamjav H. – Fehér T. – Csányi B. – Zink A. – Maixner F. – Pálfi Gy. – Molnár E. – Pap I. – Kustár Á. – Révész L. – Raskó I. – Török T.: Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. *Molecular Genetics and Genomics*, 292. (2017) 1. sz. 201–14. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1267-z>
- Neparáczi et al. 2017b.** Neparáczi E. – Kocsy K. – Tóth G. E. – Maróti Z. – Kalmár T. – Bihari P. – Nagy I. – Pálfi Gy. – Molnár E. – Raskó I. – Török T.: Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *PLoS One*, 12. (2017) 4. sz. e0174886 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886>
- Neparáczi et al. 2018.** Neparáczi E. – Maróti Z. – Kalmár T. – Kocsy K. – Maár K. – Bihari P. – Nagy I. – Fóthi E. – Pap I. – Kustár Á. – Pálfi Gy. – Raskó I. – Zink A. – Török T.: Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLoS One*, 13. (2018) e0205920. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- Neparáczi et al. 2019.** Neparáczi E. – Maróti Z. – Kalmár T. – Maár K. – Nagy I. – Latinovics D. – Kustár Á. – Pálfi Gy. – Molnár E. – Marcsik A. – Balogh Cs. – Lőrinczy G. – Gál Sz. S. – Tomka P. – Kovacsóczy B. – Kovács L. – Raskó I. – Török T.: Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conque-

- ring Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 9. (2019) 16569. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53105-5>
- Olasz et al 2019.** Olasz J. – Seidenberg V. – Hummel S. – Szentirmay Z. – Szabados Gy. – Melegh B. – Kásler M.: DNA profiling of Hungarian King Béla III and other skeletal remains originating from the Royal Basilica of Székesfehérvár. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 11. (2019) 4. sz. 1345–1357. <https://doi.org/10.1007/s12520-018-0609-7>
- Post et al. 2019.** Post H. – Németh E. – Klima L. – Flores R. – Fehér T. – Türk A. – Székely G. – Sahakyan H. – Mondal M. – Montinaro F. – Karmin M. – Saag L. – Yunusbayev B. – Khusnutdinova E. K. – Metspalu E. – Villems R. – Tambets K. – Rootsi S.: Y-chromosomal connection between Hungarians and geographically distant populations of the Ural Mountain region and West Siberia. *Scientific Reports*, 9. (2019) 1. sz. 7786. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44272-6>
- Poznik et al. 2013.** Poznik G. D. – Henn B. M. – Yee M. C. – Sliwerska E. – Euskirchen G. M. – Lin A. A. – Snyder M. – Quintana-Murci L. – Kidd J. M. – Underhill P. A. – Bustamante C. D.: Sequencing Y chromosomes resolves discrepancy in time to common ancestor of males versus females. *Science*, 341. (2013) 6145. 562–5655. <https://doi.org/10.1126/science.1237619>
- Poznik et al. 2016.** Poznik G.D. – Xue Y. – Mendez F.L. – Willems T.F. – Massaia A. – Wilson Sayres M.A. et al.: Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences. *Nature Genetics*, 48. (2016) 6. sz. 593–599. <https://doi.org/10.1038/ng.3559>
- QGIS 2015.** Team QD. *QGIS Geographic Information System; Open Source Geospatial Foundation Project. 2015.*
- Ralf et al. 2018.** Ralf A. – Gonzalez D. M. – Zhong K. – Kayser M.: Yleaf: Software for Human Y-Chromosomal Haplogroup Inference from Next-Generation Sequencing Data. *Molecular Biology and Evolution*, 35. (2018) 7. sz. 1820. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy080>
- Rootsi et al. 2013.** Rootsi S. – Behar D. M. – Jarve M. – Lin A. A. – Myres N. M. – Passarelli B. et al.: Phylogenetic applications of whole Y-chromosome sequences and the Near Eastern origin of Ashkenazi Levites. *Nature Communications*, 4. (2013) 2928. <https://doi.org/10.1038/ncomms3928>

- Szentpétery 1937.** Szentpétery E. (ed.): *Scriptores Rerum Hungaricarum* I–II. Academia Litteraria Hungarica, Budapest, 1937–1938.
- Tömöry et al. 2007.** Tömöry Gy. – Csányi B. – Bogácsi-Szabó E. – Kalmár T. – Czibula A. – Csősz A. – Priskin K. – Mende B. – Langó P. – Downes C. S. – Raskó I.: Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134. (2007) 3. sz. 354–68. <https://doi.org/10.1002/ajpa.20677>
- Underhill et al. 2015.** Underhill P. A. – Poznik G. D. – Rootsi S. – Jarve M. – Lin A. A. – Wang J. et al.: The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics*, 23. (2015) 1. sz. 124–131. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.50>

