

**A Kárpát-medence honfoglalás kori (10-11. századi)
lakosságának valamint mai magyar nyelvű
népcsoportoknak összehasonlító mitokondriális alapú
filogeográfiai analízise**

Tömöry Gyöngyvér

Ph.D. értekezés tézisei

Témavezető: Prof. Dr. Raskó István

Szegedi Tudományegyetem, Molekuláris és sejtbiológiai Ph.D. program

MTA Szegedi Biológiai Központ
Genetikai Intézet

Szeged

2008

Bevezetés

A magyarság korai története egy igen összetett problémakör, amelyet több tudományág különböző nézőpontokból próbál megközelíteni. Számos, egymásnak gyakran ellentmondó eredmény és elmélet született a magyarság eredetével és őstörténetével kapcsolatban.

Történelmük korábbi időszakára messze keleten lehetett, a nyugat-szibériai erdős sztyeppéken (Fodor, 1982). Innen több évszázados vándorlás során jutottak el őseink a Kárpát-medencébe. Útjuk során számos más népcsoporttal kerültek szomszédságba, így a török nyelvet beszélő kazárokkal, illetve onogur bolgárokkal, szavírokkal és kabarokkal, ill. az iráni nyelvet beszélő alánokkal, akiktől a kaukázusi oszétok származnak (Berta–Róna-Tas, 2002). Ezeknek a népeknek a hatása mai napig megtalálható a magyar nyelvben és kultúrában. 895-ben a hét magyar és kabar törzs átkelt a Kárpátok hágóin (Verecke, Dukla, Uzsok). Így kerültek a magyarok a Duna és Tisza övezte Alföldre, ill. Erdély termékenyebb hegyes részeire. A terület nem volt lakatlan a magyarok érkezésekor: bajor, szarmata, gót, hun, avar, szláv és más népek lakták, de a magyar honfoglalás idején a lakosság túlnyomó többsége szláv volt.

A magyarok több mint 1000 éves Kárpát-medencei történelmük alatt is megőrizték uráli eredetű nyelvüket annak ellenére, hogy mindvégig csupa indoeurópai nyelvet beszélő népcsoporttal éltek szomszédságban.

A mai anyaország határain kívül több magyar nyelvű népcsoport él, közülük több elszigetelten (pl. székelyek, csángók) az anyaországi magyarságtól. A székelyek napjainkban egy izolált kisebbséget alkotnak Erdély délkeleti részén. A gyimesi csángók a Kárpátokon túl, a Tatros folyó völgyében, a Gyimesi-szorosban, a moldvai csángók pedig a Keleti-Kárpátok és a Prut folyó között élő magyarság.

Az elmúlt években lehetőségünk nyílt arra, hogy a Kárpát-medence területén feltárt 10-11. századi sírokból származó csontleleteket genetikai vizsgálatnak vessük alá, s így a honfoglaló magyarság genetikai összetételét közvetlenül az érintett populációban tanulmányozzuk. Ellentétben a mai a Kárpát-medencében élő magyar népcsoportokkal ugyanis ez még mentes az azóta eltelt évszázadok genetikai hatásaitól, ezért jobban elősegítheti a magyarság eredetére vonatkozó kérdések tisztázását.

Vizsgálatainkat a mitokondriális DNS analízisével végeztük. A mtDNS több száz vagy akár több ezer kópiában van jelen egy-egy sejtben, ami különösen régészeti leletek esetében előnyös. Emellett mutációs rátája elég magas ahhoz, hogy segítségével filogenetikai

folyamatokat nyomonkövessünk, és mivel kizárólag anyai ágon öröklődik, szekvencia variációk kizárólag az anyai vonalon bekövetkező új mutációk akkumulációja során keletkeznek (Fernández-Silva és mtsi, 2003). mtDNS-ek analízisével számos stabil mutációt állapítottak meg, melyek rokon csoportokat, ún. *haplocsoportokat* definiálnak. Kialakulásuk a Föld benépesítésével párhuzamosan történnek, ezért a mtDNS variációk egy része bizonyos földrajzi helyekhez és populációkhoz köthető (Torroni ;s mtsi, 1993; 1996). Így igen alkalmas arra, hogy segítségével populációk anyai ági leszármazási vonalait nyomonkövessük.

Ásatag leletekben főleg a csöves csontok és a fogak őrzik meg a DNS-t több ezer évig. A csontot ért környezeti hatások következtében az aDNS minősége azonban igen rossz és mennyisége nagyon limitált, nagy számban tartalmaz oxidatív és hidrolitikus bázismódosulásokat és keresztkötéseket, amelyek megnehezíti az aDNS-sel való munkát (Pääbo és mtsi, 2004). A legnagyobb veszélyt az exogén DNS-sel való kontamináció jelenti, ezért az eredmények hitelességének érdekében a minta feldolgozása során minden munkafázist szigorú követelményrendszernek megfelelően kell végrehajtani.

Munkánk során arra kerestük a választ, hogy mennyire volt egységes a honfoglaló magyarság hazánk területére érkezésekor, továbbá milyen arányban tartalmazott európai, illetve esetleg az őshazából származó ázsiai genetikai elemeket. Emellett a mai magyar nyelvű populációk (anyaországi magyar, székely, gyimesi és moldvai csángó) genetikai analízisével azt vizsgáltuk, hogy kimutatható-e genetikai folytonosság a honfoglalás kori és a mai magyar nyelvű populációk között, másrészt hogy a nyelvi izoláció mennyiben jelent genetikai izolációt a szomszédos, indoeurópai nyelvet beszélő népcsoportoktól. Továbbá hogy az elszigeteltség mennyire mutatkozik meg a székely és csángó népcsoportok genetikai állományában, és esetleg az ebből adódó archaikusabb elemek kimutathatók-e ezeknél a populációknál.

Bár már számos közlemény született, melynek célja a magyarok, illetve a különböző magyar népcsoportok eredetének, valamint genetikai kapcsolatainak feltárása volt, ez az első tanulmány, amely mindezeket a magyar honfoglalás korából származó, ásatag leletek alapján próbálja elemezni.

Anyagok és módszerek

Vizsgálataink során régészek által jól meghatározott, a Kárpát-medencében található 10-11. századi lelőhelyekről származó csontmintákat elemeztünk. A recens mintákat Magyarország és a Székelyföld különböző területeiről, illetve különböző gyimesi és moldvai falvakból származó, anyai ágon nem rokon személyektől gyűjtöttük

Az aDNS-t csöves csontokból nyertük. A csontok porítását követően részben a már csoportunkban előzőekben kidolgozott módszerrel (Kalmár és mts, 2000i), másrészt a kereskedelemben kapható DNS izoláló kitek (DNeasy és Qiamp) segítségével nyertünk DNS izolátumot. Ezt követően a számunkra informatív DNS szakaszokat amplifikáltuk.

A recens minták analizésére szolgáló DNS-t hajszálaból Chelex felhasználásával (Walsh és mtsi, 1991) nyertük.

Az analizéseket első sorban a mtDNS hipervariábilis I (HVSI) régiójában található mutációs mintázatok alapján végeztük. Ha szükséges volt, ezeket az eredményeket kiegészítettük a mtDNS kódoló régiójában található polimorf pozíciók vizsgálatával. A csontminták esetében a HVSI általunk vizsgált 401 bp-os szekvenciáját kettő, esetleg négy rövidebb, egymást átfedő szakaszból illesztettük össze. A HVSII és kódoló régiós pozíciókat részben RFLP analizis segítségével, másrészt szekvenálás útján határoztuk meg.

Elvégeztük a vizsgált archaikus és modern populációk haplotípus és haplocsoport analizését. A polimorf pozíciók azonosításához referencia szekvenciaként az rCRS-t használtuk (Andrews és mtsi, 1999). Ezek alapján, illetve több statisztikai paraméter alapján, elvégeztük a magyar nyelvű populációk összehasonlító elemzését. A szekvenciák populációgenetikai analizéséhez az ARLEQUIN 2.000 programot használtuk (Schneider és Excoffer, 2000). Végül az általunk feldolgozott szekvenciákat összehasonlítottuk ázsiai és európai populációból származó szekvenciákkal, beleértve több, a finnugor nyelvcsaládhoz tartozó népcsoportot is. A kapott genetikai távolságok kétdimenziós képi ábrázolását a nem metrikus többdimenziós skálázás (MDS) módszer alapján végeztük, melyhez az SPSS 5.0 és az XLSTAT 2006.3 programokat használtuk.

Eredmények és megbeszélés

Összesen 38 honfoglalás kori csontmintából sikerült értékelhető eredményt kapnunk. A vizsgált populáció nagy heterogenitást mutat mind mitokondriális haplocsoport, mind haplotípus szinten. A vizsgált 38 minta összesen 33 különböző haplotípust képviselt és 19

haplocsoportba tudtuk besorolni. A minták többsége (91%) európai haplocsoportba tartozik, három szekvencia kifejezetten ázsiai kládba (A, B, M) sorolható. Szembetűnő különbség mutatkozik, ha a honfoglalókat a temetkezési szokások alapján két eltérő szociális státusszal rendelkező csoportra osztjuk. A szegényes temetkezési mellékletekkel rendelkező köznépi sírokból előkerült csontleletek haplocsoport megoszlása igen hasonlít egy átlagos európai populációéhoz, csak egy szekvencia sorolható Ázsiára jellemző kládba (M). Ezekről a leletekről azonban nem dönthető el egyértelműen, hogy a honfoglalóktól, vagy már a magyarok érkezése előtt a Kárpát-medencében élő más népcsoportoktól származnak. Ezzel szemben a klasszikus honfoglalók, akik a temetkezési mellékletekkel gazdagon ellátott sírokból kerültek elő, sokkal heterogénebb megoszlást mutatnak. Ezt mutatja, hogy a magyar nyelvű populációk közül itt a legmagasabb a genetikai diverzitás. A köznépi csoporttal ellentétben itt jóval magasabb, 11% az ázsiai haplocsoportok (A, B) aránya, ráadásul az N1a haplocsoportba tartozó három minta mindegyike rendelkezik egy mutációval (16189C), ami az adott klád ázsiai ágára jellemző, így a klasszikus honfoglaló vonalak 28%-a ázsiai eredetű.

A honfoglalók mellett 102 anyaországi magyar, 76 székely, 33 gyimesi és 23 moldvai csángó populációkból származó mintáknak is meghatároztuk a mtDNS haplotípusát az adott régiókban.

A populációkban előforduló haplotípus egyezések alapján a gyimesi csángó és az anyaországi magyar, majd a székely és magyar populációk között figyelhető meg a legnagyobb átfedés. A honfoglaló populáció a legnagyobb arányú szekvencia egyezést a magyar, majd a székely populációkkal mutatja. A klasszikus honfoglalók csoportjából azonban csak az Európában általánosan elterjedt CRS és még egy haplotípus közös a modern populációkkal. A ma élő magyarok több mint 1000 éves kulturális és nyelvi öröksége nem jelenti a genetikai folytonosságot, nagyon kismértékű a közvetlen genetikai rokonság a 10-11. századi és a mai populációk között.

Az AMOVA analízis szerint a populációk között elsősorban nem a földrajzi, hanem a kulturális és történelmi viszonyok alapján alakultak ki a genetikai csoportok. A székelyek elsősorban az anyaországi magyarokkal, míg a két csángó populáció egymással alkotnak genetikai csoportot. A honfoglalók a moldvai csángókkal szemben mutatják a legkisebb diverzitást. A klasszikus honfoglalók viszont bármely magyar nyelvű populációtól nagy eltérést mutat, míg a köznépi csoport jól belesimul a modern populációk csoportjába.

Habár mind a honfoglalók, mind a klasszikusok szignifikáns különbséget mutatnak a vizsgált magyar nyelvű populációktól, nem alkot egyik sem külön filogenetikai klasztert, és mindegyik polifiletikus eredetet mutat.

A magyar nyelvű népcsoportok szekvenciáit összehasonlítottuk 71 más populációból származó szekvenciákkal. A populációk között számolt genetikai távolságokat kétdimenziós grafikonon ábrázoltuk. Az F_{st} értékeket a szekvenciák páronkénti (Tamura-Nei modell szerint) összehasonlításából kaptuk. A kapott ábra jól tükrözi az egyes népcsoportok földrajzi elhelyezkedését. A modern magyar és székely populációk egyértelműen a nyugat-eurázsiai népcsoportok között helyezkednek el. A gyimesi csángók kicsit keletebbre, míg a moldvai csángók még keletebbre, kelet-európai (ukrán, komi) és kisázsiai (török, kurd, észak-oszét) populációkkal együtt található. Ide térképeződnek a honfoglalók is. Ha a két 10-11. századi csoportot külön tekintjük, szignifikáns eltérést kapunk. A klasszikus honfoglalók elhelyezkedése jelentős közép-ázsiai hatásról árulkodik, míg a köznépi csoport a nyugat-eurázsiaiak szélén található a közel-keleti és kisázsiai népcsoportok irányában. Eredményeink alapján tehát a köznépi sírokból előkerült leletek a modern magyar nyelvű és más nyugat-eurázsiai populációkkal mutatnak közelebbi kapcsolatot. Ez azt is jelentheti, hogy ez a csoport valójában a magyarok érkezése előtt itt élő népességhez tartozhat, ahogy erre egyes történeti feltételezések is utalnak.

A magyar nyelvű populációk közül a magyarok, székelyek és a gyimesi csángók is szignifikáns genetikai távolságot mutatnak a klasszikus honfoglalóktól, míg a honfoglalóktól egyben csak a magyar és székely populáció különbözik szignifikánsan.

Azoknak a populációknak a genetikai hatása, akik közeli kapcsolatba kerültek a honfoglalókkal az Uráltól a Kárpát-medencéig tartó vándorlásuk során – kazárok, besenyők, onogur-bolgárok, szavírok, és az iráni nyelvet beszélő alánok – nyomokat hagytak a honfoglaló magyarok génállományában ugyanúgy, mint a magyar nyelvben és kultúrában is.

A mai magyar nyelvű populációk gyakorlatilag jellegzetesen nyugat-eurázsiai jelleget mutatnak, kismértékű (1-6%) ázsiai hatással, ami a magyaroknál a legkisebb és a gyimesi csángóknál a legmagasabb. Látható keletre tolódás, egyre nagyobb ázsiai hatás figyelhető meg a populációkban a magyar és székely, gyimesi csángó, moldvai csángó, honfoglaló, klasszikus honfoglaló sorrendben.

A csángó populációk földrajzi elszigeteltsége a többi magyar nyelvű populációtól jól kimutatható genetikai állományukban, feltehetően archaikusabb elemeket hordoznak, de honfoglaló populáció közvetlen hatása nem látszik a genetikai állományban.

A vizsgált magyar nyelvű népcsoportokban a finnugor populációkhoz képest egyedül az U haplocsoport viszonylag magas frekvenciája mutat hasonlóságot. Ezt leszámítva a finnugor populációk meglehetősen heterogén megoszlást mutatnak a mitokondriális vonalak tekintetében.

A klasszikus és a köznépi csoportok illetve a modern populációk eredményei alapján valószínűsíthető, hogy viszonylag kisszámú honfoglaló érkezett a Kárpát-medencébe, akik hamar keveredtek a már itt lévő népcsoportokkal (szlávok, avarok, germánok, stb.).

A tanulmány rámutat arra, hogy a magyarok nyelvi izolációja a Kárpát-medencében nem jelent egyben genetikai izolációt is. A szomszéd illetve vándorló népek hatással voltak a magyar génkészletre: a modern magyar génkészlet anyai vonala magába foglalja azon populációk nyomait, amelyek az évszázadok alatt ebben a régióban éltek. A mai magyar populációban jelentős a szláv népcsoportok hatása (szlovák, cseh, ukrán, horvát), balkáni és nyugat-eurázsiai befolyással, míg a székelyek és főleg a csángók esetében a keleti és déli népcsoportok genetikai hatása jelentős.

Irodalomjegyzék:

Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet* 23:147.

Berta A.–Róna-Tas A. 2002. Old Turkic Loan Words in Hungarian. *Acta Orientalia Academiae Scientiarum Hungaricae* 55:43-67.

Fernández-Silva P., Enriquez J.A., Montoya J. 2003. Replication and transcription of mammalian mitochondrial DNA. *Exp Physiol* 88:41-56. Review.

Fodor I. 1982. *In Search of a New Homeland. The Prehistory of the Hungarian People and the Conquest.* Budapest: Corvina Press.

Kalmár T, Bachrati CZ, Marcsik A, Rasko I. 2000. A simple and efficient method for PCR amplifiable DNA extraction from ancient bones. *Nucleic Acids Res.* 28:E67.

Pääbo S, Poinar H, Serre D, Jaenicke-Despres V, Hebler J, Rohland N, Kuch M, Krause J, Vigilant L, Hofreiter M. 2004. Genetic analyses from ancient DNA. *Annu Rev Genet* 38:645-79. Review.

Schneider S, Roessli D, and Excoffier L. ARLEQUIN version 2.000:a software for population genetic data analysis. 2000. Geneva, Switzerland: Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva.

Torroni A, Schurr TG, Cabell MF, Brown MD, Neel JV, Larsen M, Smith DG, Vullo CM, Wallace DC. 1993. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *Am J Hum Genet* 53:563-590.

Torroni A, Huoponen K, Francalacci P, Petrozzi M, Morelli L, Scozzari R, Obinu D, Savontaus ML, Wallace DC. 1996. Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics* 144:1835-1850.

Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R. 1991. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* 10:506-513.

Közlemények jegyzéke:

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, **Gyöngyvér Tömöry**, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai, Eleanore Kathrine Conant, Christopher Stephen Downes and István Raskó; Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin *Ann. Hum. Genet.* 2008. 72: 519-534.

Gyöngyvér Tömöry, Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, C. Stephen Downes, István Raskó; Comparison of maternal lineage and biogeographic analysis of ancient and modern Hungarian populations. *Am. J. Phys. Anthropol* 2007. 134:354-68.

Katalin Priskin, **Gyöngyvér Tömöry**, Erika Bogácsi-Szabó, Bernadett Csányi and István Raskó; Mitochondrial DNA control region analysis of a late neolithic aurochs (*Bos primigenius* Boj.1827) from the Carpathian Basin. *Acta Biologica Hungarica* 2007. 58: 131-137.

Bernadett Csányi-**Gyöngyvér Tömöry**, Erika Bogácsi-Szabó, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Mónika Mórocz, Anita Szécsényi, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; 2007. Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations. *Eur. J. Hum. Genet.* 2007. June; Vol. 15, Suppl 1: 299. (Abstract)

Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Bernadett Csányi, **Gyöngyvér Tömöry**, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Ferenc Horváth, Christopher Stephen Downes, István Raskó; Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more Western Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Human Biology* 2005. 77: 639-662.

Erika Bogácsi-Szabó, Bernadett Csányi, **Gyöngyvér Tömöry**, Katalin Priskin, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; Maternal and paternal lineages in ancient and modern Hungarians., *Eur. J. Hum. Genet.* 2005. May; Vol. 13, Suppl 1: 346. (Abstract)

Katalin Priskin, Krisztián Szabó, Réka Eördögh, **Gyöngyvér Tömöry**, Erika Bogácsi-Szabó, Bernadett Csányi, C. Stephen Downes, István Raskó; Mitochondrial sequence variation in ancient horses from the Carpathian Basin and possible modern relatives. Beküldve *Animal Genetics*.

Bogácsi-Szabó Erika, Csányi Bernadett, **Tömöry Gyöngyvér**, Blazsó Péter, Csősz Aranka, Kiss Dóra, Langó Péter, Köhler Kitti, Raskó István; Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén. *Magyar Tudomány* 2008/10: 1204.

Monográfia

B. Csányi, E. Bogácsi-Szabó, **G. Tömöry**, T. Kalmár, A. Czibula, I. Raskó Genetische Analyse der Skelettreste p. 69 (in: F.Daim, E. Laueremann: Das frühungarische Reitergrab von Gnadendorf (Niederösterreich) Verlag des Römisch-Germanischen Zentralmuseums Mainz 2006.

Előadások:

Tömöry Gyöngyvér¹-Csányi Bernadett¹-Bogácsi-Szabó Erika¹, Kalmár Tibor¹, Csősz Aranka², Kiss Dóra², Priskin Katalin¹, Mende Balázs², Langó Péter², Horváth Ferenc³, Raskó István¹; Beszélnek a csontok...Hazai archeogenetikai kutatások. *Magyar Humángenetikai Társaság VII. Kongresszusa*, Pécs (2008. július 11-13.)

Csősz Aranka, Kiss Dóra, **Tömöry Gyöngyvér**, Langó Péter, Mende Balázs Gusztáv; Egy multidiszciplináris kutatás eredménye: honfoglalás kori népesség archeogenetikai vizsgálata. *VII. Magyar Genetikai Kongresszus*, Balatonfüred (2007. április 15-17.)

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, **Gyöngyvér Tömöry**, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; Y chromosomal analyses on ancient bone samples (10th century) and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *15th Congress of the European Anthropological Association; Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology*, Budapest (2006. 08.31.-09.03.)

Gyöngyvér Tömöry, Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; Comparison of maternal lineages and phylogenetic analysis of ancient and modern Hungarian populations. *15th Congress of the European Anthropological Association; Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology*, Budapest (2006. 08.31.-09.03.)

Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, **Tömöry Gyöngyvér**, Csősz Aranka, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Csete Klára, Zsolnai Attila, Raskó István; Apai ági rokonság vizsgálata X. századi csontleleteken, valamint modern magyar és székely mintákon. *Magyar Humángenetikai Társaság VI. Kongresszusa*, Győr (2006. október 6-8.)

Tömöry Gyöngyvér, Bogácsi-Szabó Erika, Csányi Bernadett, Kalmár Tibor, Priskin Katalin, Csősz Aranka, Langó Péter, Mende Balázs, Raskó István; A Kárpát-medence honfoglalás kori, illetve mai magyar nyelvű lakosságának mitokondriális alapú populációgenetikai analízise. *Magyar Humángenetikai Társaság VI. Kongresszusa*, Győr (2006. október 6-8.)

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, **Gyöngyvér Tömöry**, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; Y-chromosome analysis on ancient bone samples (10th century) and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *Straub napok*, Szeged (2006. november 17.)

Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, **Tömöry Gyöngyvér**, Priskin Katalin, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Blázsó Péter, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István; Populáció eredetvizsgálat régészeti anyagból. *VI. Magyar Genetikai Kongresszus*, Eger (2005. április 10-12.)

Tömöry Gyöngyvér, Bogácsi-Szabó Erika, Csányi Bernadett, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István; Populáció eredetvizsgálat 9-11. századi magyar csontmintákon. *Magyar Molekuláris és Prediktív Epidemiológiai Társaság II. Nemzetközi Kongresszusa*, Pécs (2005. 04. 01-02.)

Bogácsi-Szabó Erika, Csányi Bernadett, **Tömöry Gyöngyvér**, Kalmár Tibor, Priskin Katalin, Blazsó Péter, Csősz Aranka, Mende Balázs, Langó Péter, Raskó István; Látjátuk feleim szümtükkel, mik vagyunk: , avagy genetikai vizsgálatok honfoglalás kori mintákból. *Magyar Humángenetikai Társaság V. Munkakonferenciája*, Szeged (2004. november 12.)

Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, **Tömöry Gyöngyvér**, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István; Anyáink, apáink és lovaink. Újabb eredmények a honfoglalás kori leletek vizsgálatából. *Straub napok*, Szeged (2003. november 25.)

Szabó Erika, **Tömöry Gyöngyvér**, Csányi Bernadett, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Mende Balázs, Langó Péter, Raskó István; A korai Magyarország lakosságának molekuláris genetikai vizsgálata. *V. Magyar Genetikai Kongresszus*, Siófok (2003. április 13-15.)

Tömöry Gyöngyvér, Csányi Bernadett, Szabó Erika, Kalmár Tibor, Mende Balázs és Raskó István; Genetikai eredetvizsgálat honfoglalás kori csontokon. *Straub napok*, Szeged (2002. december 5.)

Poszterek:

Aranka Csősz, Balázs Mende, Kitti Köhler, Péter Langó, **Gyöngyvér Tömöry**, Dóra Kiss; Molecular genetic analysis of the 10th century from the Carpathian Basin *14th Annual Conference of the European Archaeologists' Association*, Malta (2008. szeptember 16-21.)

Bernadett Csányi-**Gyöngyvér Tömöry**, Erika Bogácsi-Szabó, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Mónika Mórocz, Anita Szécsényi, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai, István Raskó; Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations. *European Human Genetics Conference*, Nice, France. (2007. június 16-19.)

Priskin Katalin, Eördögh Réka, Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, **Tömöry Gyöngyvér**, Vörös István, Mersdorf Zsuzsa, Raskó István; Honfoglalás kori lovak mitokondriális DNS alapú vizsgálata. *VII. Magyar Genetikai Kongresszus*, Balatonfüred, (2007. április 15-17.)

Balázs Gusztáv Mende, Aranka Csősz, Dóra Kiss, **Gyöngyvér Tömöry**, Péter Langó; Anthropological examination and molecular genetic analysis of maternal lineages of a conquest period cemetery from Harta. *15th Congress of the European Anthropological Association; Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology*, Budapest (2006. 08.31.-09.03.)

Erika Bogácsi-Szabó, Bernadett Csányi, **Gyöngyvér Tömöry**, Katalin Priskin, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; 2005. Maternal and paternal lineages in ancient and modern Hungarians. *European Human Genetics Conference*, Prague, Czech Republic. (2005. május 7-10)