

DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

Honfoglalás és kora Árpád-kori falusi jellegű temetőkből származó
egyének anyai vonalainak összehasonlító jellemzése régészeti
genetikai módszerekkel

SZERZŐ: Maár Kitti Anita

TÉMAVEZETŐ:

Dr. Török Tibor, Egyetemi Docens

SZTE TTIK Genetikai Tanszék



SZEGEDI TUDOMÁNYEGYETEM
TERMÉSZETTUDOMÁNYI ÉS INFORMATIKAI KAR
BIOLÓGIA DOKTORI ISKOLA

SZEGED

2024

BEVEZETÉS

A régészeti genetika, vagy archeogenetika, a genetika azon tudományterülete, amely régészeti leletekből kivonható örökítőanyag vizsgálatából von le következtetéseket. Az elmúlt évtizedekben az újabb technológiai fejlesztések és a tudományos kutatások terén bekövetkezett előrelépések révén a régészeti genetika az egyik leggyorsabban fejlődő tudományággá vált. Ez a multidiszciplináris terület a régészet és a genetika együttes alkalmazása, amelynek legnépszerűbb felhasználási területe az ősi populációk és kultúrák genetikai összetételének és történetének feltárása.

Az ásatag DNS vizsgálata számos módszertani problémába ütközik, mivel a halál után bekövetkező degradációs folyamatok nagy mértékben károsítják a DNS szerkezetét. A fragmentálódás, a kémiai módosulások és a bázis átalakulások mind megnehezítik a DNS szekvencia felsokszorozását és kiértékelését. Emellett a csekély mennyiségben jelenlevő endogén DNS mellett nagy arányban található külső forrásból származó DNS szennyeződés. Ezek miatt az ásatag DNS-sel történő munka speciális módszertant igényel. Emellett nem lehet megfelekedni a pótolhatatlan régészeti mintákkal való munka során az etikai megfontolásokról sem.

Az ásatag DNS elsődleges forrása emberek esetében a csontszövet, mivel ez jobban ellenáll a post-mortem károsodásoknak, mint egyéb szövettípusok. A legalkalmasabb az archaikus DNS izolálásra az emberi szervezet eddig ismert legtömörebb csontja, a sziklacsont, mivel ez a csont az egyedfejlődés során nagyon hamar elcsontosodik, és védettebb az exogén DNS szennyeződésekkel szemben.

A ma élő emberek genetikai változatossága a több ezer évet felölelő emberi evolúció- és populációtörténeti folyamatok következménye. A mitokondrium az energiaszabályozó folyamatokban nélkülözhetetlen szerepet játszó körülbelül 16000 bázispárból álló sejtszervecske, melyet számos tulajdonsága tesz alkalmassá régészeti genetikai vizsgálatokra. Egy sejten belül akár több ezer mitokondrium is előfordulhat, valamint egy mitokondriumon belül az örökítőanyag több kópiában van jelen. Emiatt a bomlási folyamatok során jobban megőrződik, mint a nukleáris DNS. A mitokondrium kizárólag anyai vonalon öröklődik és mivel nem történik benne rekombináció, így szekvenciája csak mutációk hatására változik, mely tulajdonsága miatt az anyai ági vonalak időbeli változásai jól nyomon követhetők. A mitokondriális DNS földrajzi változatosságát számos modern populációban vizsgálták, hogy rekonstruálni tudják azokat a migrációs folyamatokat, amelyek során őseink szétterjedtek a bolygón. Azonban a ma élő emberek markereloszlásából végzett vizsgálatok csak korlátozottan

alkalmasak a korábbi vándorlási és demográfiai események rekonstrukciójára, mivel az egykori populációgenetikai folyamatokról nem adnak közvetlen információt. Ez az egykor élt emberi populációk történetének hibás értelmezéséhez vezethet, amely probléma megkerülhető az egykor élt emberek genetikai sokféleségének közvetlen felmérésével. A szennyeződéssel és az archaikus DNS post mortem lebomlásával kapcsolatos fontos módszertani problémák kiküszöbölésének köszönhetően mára már számos térben és időben elkülönült eurázsiai populációról áll rendelkezésünkre genomiális és mitokondriális adat. Ezen adatokat elemezve Eurázsia populációtörténetében számos olyan összetett esemény került feltárássra, amelyek a modern populációk adataiból nem voltak kimutathatók. Ilyen például a mezolitikus-neolitikus átmenet, vagy a rézkor/eneolitikum végén bekövetkező nagymértékű népvándorlással zajló kulturális átmenetek genetikai feltérképezése. Ez indokolja az ősi maradványokból származó DNS vizsgálatának további kiterjesztését, mind időben, mind térben.

A Kárpát-medence már a paleolitikum óta folyamatosan lakott terület, melyet az évezredek során számos népcsoport népesített be. Az ókorban és a középkorban számos különböző népcsoport élt Magyarország területén. Bár valószínűleg valamilyen mértékben mindegyikük hozzájárult a mai magyar génkészlet kialakulásához, a magyar etnogenezis legmeghatározóbb tényezőjeként azonban a honfoglaló magyarokra tekintünk, akik az egyik utolsó népvándorlási hullámmal érkeztek a Kárpát-medencébe Álmos és fia, Árpád vezér vezetésével 7 törzs szövetségként. A honfoglaló magyarok az avar kaganátus hamvain sztyeppei államot alapítottak, utódaik pedig később létrehozták a Magyar Királyságot.

CÉLKITŰZÉS

A honfoglaláskori leletek régészeti kategorizálása számos nehézségbe ütközik, de a lelethorizont felosztása alapján 2 fő csoportot lehet elkülöníteni a honfoglaláskori népességben belül. Az egyik csoport a 10. századra keltezhető, viszonylag kis létszámú ún. szállási temetőkből feltárt fegyveres és részleges lovas temetkezésű, gazdag mellékletekkel rendelkező vezető réteg, a másik pedig a zömében 11. századi, nagyszámú ún. falusi temetőkből feltárt, melléklet nélkül vagy szegényes melléklettel eltemetett köznépi réteg. Számos archeogenetikai tanulmány koncentrált már a vezető réteg genetikai összetételének meghatározására. Ezekben megállapították, hogy a honfoglalók vezető rétegének uniparetális vonalainak 1/3 része középbelső Ázsiából, 2/3-ad része pedig a Pontusi-Kaszipi sztyeppe térségéből eredeztethető, és ma élő népcsoportok közül pedig a legnagyobb hasonlóságot a volgai tatárokkal és a baskírokkal mutatják.

A doktori munkám célja az volt, hogy közelebb kerüljünk a honfoglaló magyarok, elsősorban a honfoglaláskori köznép genetikai történetének feltáráshoz és megismeréséhez, mivel e csoport származása és viszonya a vezető réteghez széles körben vitatott.

VIZSGÁLATI ANYAG

Vizsgálatunkhoz 10 különböző honfoglalás és kora Árpád-kori falusi jellegű temetőkből gyűjtöttünk csontanyagot, összesen 229 emberi maradványból, melyek többsége a 10-11. századi honfoglaláskori köznépet reprezentálja. A vizsgálati anyag összeállítása során törekedtünk a reprezentatív mintavételre, amelyet régészekkel és antropológusokkal együttműködésben kiviteleztünk. Több periódusú temető esetén minden időhorizontból beválasztottunk temetkezéseket. Az adott temetőre jellemző temetkezési szokásokat mutató és sírmellékleteket tartalmazó eseteken túl melléklet nélküli temetkezéseket is vizsgáltunk. Emellett figyelembe vettük az adott széria antropológiai jellemzőit is (pl.: nemi és életkori megoszlás, taxonómiai összetétel)

A vizsgált maradványok a következő lelőhelyekről származtak: Homokmégy-Székes, Ibrány-Esbóhalom, Magyarhomorog-Kónyadomb, Nagytarcsa-Homokbánya, Püspökladány-Eperjesvölgy, Sárrétudvari-Hízó föld, Szegvár-Oromdűlő, Szegvár-Szőlőkalja, Nagytarcsa-Homokbánya, Vörs-Papkert B.

ALKALMAZOTT MÓDSZEREK

A biológiai minták (sziklacsont, illetve fogak) felületét először dekontamináltuk nátrium-hipokloritos és UV sugaras kezeléssel, majd porrá őrültük. Ezután enzimmal feltártuk a sejteket és szilika alapú eljárással kinyertük a DNS-t. A kivont örökítőanyagból részleges UDG kezeléssel kiegészítve új generációs könyvtárakat állítottunk elő, melyeket kettős index kombinációval láttunk el, hogy a szekvenálás során az egyedi mintákat azonosítani tudjuk. Ez után Tape Station rendszerrel meghatároztuk a minták fragment eloszlását és alacsony lefedettségű shot gun szekvenálással megbecsültük a minták endogén DNS tartalmát. Ezt követően a mintáinkat endogén DNS tartalom alapján csoportosítottuk és biotinnal jelölt csali DNS segítségével kidúsítottuk a mitogenomokat, majd Illumina MySeq platformon új generációs szekvenálással meghatároztuk a vizsgált egyének teljes mitogenom szekvenciáit. Néhány minta esetében a mitokondriális szekvenciákat teljes genom szekvenálás eredményeiből kaptuk meg. A teljes mitokondriális szekvenciák meghatározása után elvégeztük az anyai ágú leszármazási vonalakon alapuló vizsgálatainkat. A bioinformatikai feldolgozást

követően a szekvenciákat a HaploGrep program segítségével haplocsoportokba soroltuk, majd filogenetikai és filogeográfiai vizsgálatokat végeztünk az egyes anyai vonalak eredetének felderítésére. A populációgenetikai vizsgálatainkhoz a vizsgálatba vont egyéneket 87 ősi eurázsiai populációval hasonlítottuk össze fő komponens analízis (PCA), többdimenziós skálázás (MDS) és fixációs index (Fst) számítással.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

- Szekvenálási eredmények

Vizsgálatainkhoz 229 maradványból vettünk mintát és 202 egyén teljes mitokondriális szekvenciáját tudtuk meghatározni.

- Rokonsági vizsgálat

A temetőkön belül 10 pár azonos mitokondriális haplotípust, a temetők között pedig 4 pár azonos mitokondriális haplotípust találtunk, ami ezeknek az egyéneknek az esetleges közvetlen anyai rokonságára utalhat, de a pontos családi kapcsolatok ezekből az adatokból nem megállapíthatók.

- Filogenetikai elemzés és az egyes temetők népességének filogeográfiai eredete

Az általunk vizsgált mitogenom szekvenciák leszármazási viszonyait (filogenetikai kapcsolatait) M-J hálózatok segítségével tisztáztuk. A vizsgált mintáink szekvenciájához legközelebb eső szekvencia a legtöbb esetben egy jól körülhatárolható földrajzi régióra mutatott. A könnyebb értelmezés és összehasonlítás érdekében 4 nagy földrajzi régióba csoportosítottuk a mintáink származási helyét: Nyugat-Eurázsia, Kaukázus–Közel-Kelet, Eurázsia (mind nyugat, mind kelet Euráziában elterjedt), Kelet-Eurázsia. Az eredményeinkből megállapítható, hogy a falusi temetőkből eltemetett egyének anyai vonalainak több mint fele (52,7%) nyugat-eurázsiai eredetű, az anyai haplocsoportok 28,6%-a általános eurázsiai elterjedést mutat, 12,6%-a egyértelműen kelet-eurázsiai eredettel rendelkezik, míg 6% a kaukázus-közel-kelet térségében rendelkezik kapcsolatokkal.

- Populációgenetikai elemzés

A falusi réteg főhaplocsoport összetétele meglehetősen heterogénnek bizonyult. A honfoglalók vezető rétegéhez képest a falusi populációban jelenlevő kelet-eurázsiai fő haplocsoportok aránya alacsonyabb (7,69% a falusi temetőkből és 19,61% a szállási temetőkből) és kevésbé változatos. A nyugat-eurázsiai haplocsoportok előfordulásában is jelentős különbségeket találtunk: egyes haplocsoportok (HV, I, M, R, U1, U8 és W) teljesen

hiányoztak a szállási populációból, míg három főhaplocsoport (N, T1 és X), amelyek jellemzően Kelet- és Nyugat-Euráziában egyaránt elterjedtek, sokkal magasabb arányt mutattak a szállási populációban, mint a falusi populációban. A falusi populációban a H főhaplocsoport a legelterjedtebb 33,52%-os gyakorisággal, míg a szállási populációban a H haplocsoport aránya szignifikánsan alacsonyabb (19,64%). A T2 főhaplocsoport aránya a falusi populációban 6,59%, a szállási populációban pedig 1,79%.

88 populáció fő haplocsoport frekvenciájából számított PCA is jól tükrözi a falusi és a szállási populációk közötti jelentős genetikai távolságot. A falusi populáció ősi európai populációkkal csoportosult, a legmagasabb genetikai affinitást baltikumi bronzkori populációkhoz, baltikumi vaskori populációkhoz, baltikumi középkori populációkhoz, Bell Baker kultúrához tartozó németországi populációkhoz és nagy-britanniai bronzkori populációkhoz mutatta, valamint nem esett messze kora-középső bronzkori sztyeppi populációktól sem. Ezzel szemben a honfoglaló szállási populáció európai és ázsiai populációk között helyezkedik el és a genetikailag legközelebb eső populációk szarmata vaskori népesség, Tien Shan vaskori népesség, Karasuk késő bronzkori népesség és két, a honfoglalókkal kapcsolatba hozható csoport: a cisz-uráli középkori populáció és az uyelgi transz-uráli középkori populáció voltak.

A honfoglalás kori falusi csoport és más ősi csoportok genetikai kapcsolatainak további feltárása érdekében linearizált Slatkin F_{st} értékekből MDS diagramot rajzoltunk. Az F_{st} távolságok megerősítették a PCA eredményeket. Az általunk vizsgált falusi csoport ősi európai és közel-keleti populációkhoz áll a legközelebb. Ezen kívül az F_{st} adatok is azt mutatták, hogy a honfoglalás kori falusi csoport szignifikánsan különbözik a honfoglalás kori szállási csoporttól.

Végül az SHD populációgenetikai módszer új információkat is feltárt. Az SHD adatok azt mutatták, hogy a szállási populációnak van a legkisebb SHD távolsága a falusi populációtól, ezt követik az európai populációk a neolitikumtól a középkorig. A sztyeppi populációk SHD és F_{st} távolsága a szállási csoporttól összemérhető az európai csoportokéval. Az európai szkíta és szkíto-szibériai populációk is figyelemreméltóan alacsony SHD távolságokra vannak a szállási populációtól. A honfoglalás kori falusi populáció és ezen eurázsiai sztyeppi populációk között talált viszonylag nagyszámú azonos haplocsoport arra utal, hogy ezeknek a népcsoportoknak a genetikai történetében sok közös szál húzódhat.

- Közös haplocsoportok a falusi csoport és a szállási csoport között

A honfoglalás kori szállási és falusi populációk között összesen 19 db közös haplocsoportot találtunk. Ezek közül 5 olyan haplocsoportot fedeztünk fel (H7, K1c1, T2b V7a és X2f) melyek a honfoglaló magyarok Kárpát-medencébe való érkezése előtt már régóta jelen voltak itt, viszont Ázsiából hiányoztak. Két populációban jelenlevő azonos mitokondriális haplocsoport jelenléte csak azonos származás vagy populációk közötti keveredés következménye lehet.

ÖSSZEGZÉS

A vizsgálataink fényt derítettek arra, hogy a honfoglaláskori falusi jellegű temetőiből származó egyének haplocsoport-összetétele nagy mértékben eltér a szállási jellegű temetőkben feltárt egyénekétől, és a szállási csoporttal ellentétben a falusi csoport genetikailag egyéb ősi európai populációkhoz hasonlít. Viszont a két csoport között kimutattunk közös al-haplocsoportokat is, ami az szállási és a falusi réteg közötti keveredést jelzi. Eredményeink alapján elmondható, hogy a 10-11. századi falusi jellegű temetőkben nyugvó egyének többsége nagy valószínűséggel a Kárpát-medence helyben élt lakosságát képviseli, amely keveredett a korábbi keleti bevándorló csoportokkal, majd a honfoglaló magyarokkal is. Azonban ahhoz, hogy a honfoglaló csoportok genetikai kapcsolatait jobban megérthessük, további nagyobb felbontású genom vizsgálatokra van szükség a honfoglalás korát megelőző, illetve az azt követő korokból.

SUMMARY

Archaeogenetics is a scientific field that draws conclusions based on genetic material extracted from archaeological findings. In recent decades with advances in sequencing and other scientific technologies archaeogenetics has become one of the fastest-growing fields of science. This multidisciplinary field combines archaeology and genetics and is most commonly used to uncover the genetic composition and history of ancient populations and cultures. DNA analysis of archaeological remains faces numerous methodological challenges, as postmortem degradation processes greatly damage the structure of the genetic material. Fragmentation, chemical modifications and base changes all make it difficult to amplify and evaluate DNA sequences. In addition, the DNA present in small amounts is often contaminated with external sources of DNA. Because of these factors, working with archaeological DNA requires a specialized methodology.

The primary source of ancient DNA in human remains is bone tissue, as it is more resistant to post-mortem damage than other types of tissues. The most suitable bone for isolating archaic DNA in humans is the densest bone known in the human body, the petrous bone, as it ossifies very early in development and is more protected from exogenous DNA contamination.

The genetic diversity of living humans is the result of evolutionary and population historical processes spanning thousands of years. Mitochondrion has genetic material (mitogenome) that consists of 16 000 base pairs that play an essential role in energy regulation processes, and their numerous properties make them suitable for archaeological genetic studies. Within a cell, there may be several thousand mitochondria, and within each mitochondrion, the genetic material is present in multiple copies. As a result, it is better preserved during degradation processes than the single copy nuclear DNA. Mitochondrial DNA is inherited exclusively through the maternal line, and since it does not undergo recombination, its sequence changes only due to mutations, making it possible to track the origin of maternal lineages over time. The geographical diversity of mitochondrial DNA has been studied in many modern populations to reconstruct the migration processes by which our ancestors spread around the planet. However, studies based on the distribution of markers in living populations can not reconstruct details of previous migration and demographic events since they do not provide direct information from these population genetic processes. This can lead to erroneous interpretations of the history of past human populations, a problem that can be circumvented by directly surveying the genetic diversity of ancient humans.

The Carpathian Basin has been continuously inhabited since the Paleolithic period, and over the millennia, it has been populated by various ethnic groups. In ancient and medieval times, different ethnic groups of steppe, Germanic, and Slavic origins lived on the territory of Hungary. Although each group likely contributed to the formation of the Hungarian gene pool to some extent, the most defining factor of Hungarian ethnogenesis is considered to be the nomadic tribes of the Hungarian conquerors, who arrived to the Carpathian Basin with one of the last migration waves, led by Álmos and his son Árpád as a federation of seven tribes. The Hungarian conquerors founded a steppe state on the ashes of the Avar Khaganate, and their descendants later established the Kingdom of Hungary.

The archaeological categorization of the artifacts from the time of the Hungarian conquest encounters several difficulties, but based on the study of the horizons of findings, two groups can be distinguished within the Hungarian conquerors. One group is the relatively small number of elite graves with weapons and partial horse burials found with rich findings, while the other is called village type cemetery where people buried with poor findings found in more

populous cemeteries. Several archaeogenetic studies have already focused on determining the genetic composition of the elite group. They have found that one-third of the Hungarian conqueror elite's uniparental lineages are of Asian origin, while two-thirds can be traced back to the Pontic-Caspian steppe region, and from the modern populations they show the greatest similarity to the Volga Tatars and the Bashkirs.

The aim of my doctoral thesis was to uncover and understand the genetic history of the people buried in village type cemeteries of the Hungarian conquest period, as their origin and relationship to the elite group is widely debated. To achieve this we collected bone material from 229 human remains from 10 archaeological sites, most of which represent the commoner people of the Hungarian conquest from the 10–11th century.

Our study revealed that the haplogroup composition of the people buried in village type cemeteries during the Hungarian Conquest differed significantly from that of the elite, and in contrast to the elite, they were most similar to other ancient European populations. However, we also found sub-haplogroup sharing between the two groups, indicating admixture between the elite and commoner people. Based on our results, it can be concluded that the majority of the people buried in village cemeteries during the 10–11th century likely represented the local population of the Carpathian Basin, which mixed with eastern immigrant groups, including the Hungarian conquerors. However, further higher-resolution studies are needed from the Conquest period as well as the preceding and following periods, to better understand the genetic relationships between the different medieval groups.

TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK LISTÁJA

MTMT azonosító: 10065982

1) A doktori eljárás alapját képező közlemények:

Maár, K.; Varga, G. I. B.; Kovács, B.; Schütz, O.; Maróti, Z.; Kalmár, T.; Nyerki, E.; Nagy, I.; Latinovics, D; Tihanyi, B. et al. Maternal Lineages from 10-11th Century Commoner Cemeteries of Carpathian Basin. *GENES* 12 : 3 Paper: 460 , 19 p. (2021).

<https://doi.org/10.3390/genes12030460> IF₂₀₂₁: 4,141

Török, T., Maár, K., Varga, I.G., Juhász Z. A new linear combination method of haplogroup distribution central vectors to model population admixtures. *Mol. Genet. Genomics* 297, 889–901. (2022). <https://doi.org/10.1007/s00438-022-01888-0> IF₂₀₂₂: 3,1

2) Egyéb tudományos folyóiratokban megjelent közlemények:

Gînguță, A.; Kovács, B.; Schütz, O.; Tihanyi, B.; Nyerki, E, Maár, K., Maróti, Z.; Varga, G.I.B.; Băcuet-Crișan, D.; Keresztes, T.; Török, T.; Neparáczi, E. Genetic identification of members of the prominent Báthory aristocratic family. *iScience*. 2023 Sep 14;26(10):107911. doi: 10.1016/j.isci.2023.107911. PMID: 37810237; PMCID: PMC10550723. IF_{SCI|2023}: 5,75

Varga, G. I. B.; Kristóf, L. A.; Maár, K.; Kis, L.; Schütz, O.; Váradi, O. A.; Kovács, B.; Gînguță, A.; Tihanyi, B.; Nagy, P. L.; Maróti, Z.; Nyerki, E.; Török, T.; Neparáczi E. (2023): The archaeogenomic validation of Saint Ladislaus' relic provides insights into the Árpád dynasty's genealogy. *Journal of Genetics and Genomics* 50(1): 58–61. DOI: [10.53644/MKI.LKSZL.2023.137](https://doi.org/10.53644/MKI.LKSZL.2023.137) IF_{SCI|2023}: 5,9

Neparáczi, E.; Kis, L.; Maróti, Z.; Kovács, B.; Varga, G. I. B.; Makoldi, M.; Horolma, P.; Teiszler, É.; Tihanyi, B.; Nagy, P. L.; Maár, K.; Gyenesei, A.; Schütz, O.; Dudás, E.; Török, T.; Pascuttini-Juraga, V.; Peharda, I.; Vizi, L. T.; Horváth-Lugossy, G.; Kásler, M. (2022): The genetic legacy of the Hunyadi descendants. *Heliyon* 8(11): e11731. DOI: [10.1016/j.heliyon.2022.e11731](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11731) IF₂₀₂₂: 4

Gînguță, A.; Kovács, B.; Tihanyi, B.; Maár, K.; Schütz, O.; Maróti, Z.; Varga, G.I.B.; Kiss, A.P.; Stanciu, I.; Török, T.; Neparáczi, E. Maternal Lineages of Gepids from Transylvania. *Genes* 2022, 13, 563. <https://doi.org/10.3390/genes13040563> IF₂₀₂₂: 3,46

Maróti, Z.; Neparáczi, E.; Schütz, O.; Maár, K.; Varga, G.I.B.; Kovács, B.; Kalmár, T.; Nyerki, E. et al. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*,

Volume 32, Issue 13, 2022, Pages 2858-2870.e7, ISSN 0960-9822,
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093> **IF₂₀₂₂: 9,2**

Neparáczi, E.; Maróti, Z.; Kalmár, Tibor; Maár, K.; Nagy, I.; Latinovics, D.; Kustár, Á.; Pálfi, G.; Molnár, E.; Marcsik, A. et al. Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *SCIENTIFIC REPORTS* 9: 1 Paper: 16569, 12 p. (2019). DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53105-5> **IF₂₀₁₉: 4,12**

Neparáczi, E.; Maróti, Z.; Kalmár T.; Kocsy, K.; Maár, K.; Bihari, P.; Nagy, I.; Fóthi, E.; Pap, I.; Kustár, Á. et al. Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLOS ONE* 13: 10 Paper: e0205920, 24 p. (2018) DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920> **IF₂₀₁₉: 2,74**

Összesített impakt faktor: 42,411

NYILATKOZAT

Alulírott **Dr. Török Tibor**, egyetemi docens (Szegei Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai kar, Genetikai Tanszék), **Maár Kitti Anita** jelölt doktori fokozatszerzési eljárásának alapját képező társszerzős publikáció (Török, T., Maár, K., Varga, I.G. Juhász Z. A new linear combination method of haplogroup distribution central vectors to model population admixtures. *Mol Genet Genomics* 297, 889–901, 2022. <https://doi.org/10.1007/s00438-022-01888-0>) első szerzőjeként nyilatkozom, hogy a jelöltnek meghatározó szerepe volt a fent említett közlemény létrehozásában. Hozzájárulok, hogy a publikációt a jelölt felhasználja az SZTE TTIK Biológia Doktori Iskola doktori fokozatszerzési eljárásához szükséges társszerzős közleményként, és egyúttal kijelentem, hogy a fenti publikációt más társszerző nem használta fel társszerzős közleményként tudományos fokozat megszerzéséhez, és ezt a jövőben sem fogja megtenni egyikük sem.

Szeged, 2024. április 3.

.....

Dr. Török Tibor

egyetemi docens