

DOKTORI DISSZERTÁCIÓ

Archeogenetikai betekintés a Báthory és az Aba család genetikai örökségébe

Kovács Bence Gábor

Ph.D hallgató

Témavezetők:

Dr. Török Tibor

Dr. Neparáczki Endre



SZEGEDI TUDOMÁNYEGYETEM

TERMÉSZETTUDOMÁNYI ÉS INFORMATIKAI KAR

BIOLÓGIAI DOKTORI ISKOLA

SZEGED

2025

Tartalom

1.	ELŐSZÓ	4
2.	BEVEZETÉS AZ ARCHEOGENETIKÁBA	5
	<i>Az ősi DNS kutatása.....</i>	6
	<i>Kihívások és limitációk az ősi DNS kutatásban.....</i>	7
	Kontamináció	7
	Degradáció.....	8
3.	MAGYAR NEMESI CSALÁDOK GENETIKAI ÖRÖKSÉGÉNEK FELTÁRÁSA AZ aDNS ELEMZÉS SEGÍTSÉGÉVEL	9
	Bevezetés	9
	<i>A Báthory-család történelmi háttere.....</i>	10
	<i>Az Aba-nemzetség történelmi háttere.....</i>	11
4.	A KUTATÁS CÉLJA.....	12
5.	SZILÁGYPERECSEN ÉS ABASÁR, MINT KIEMELT FONTOSSÁGÚ TÖRTÉNELMI HELYSZÍNEK	13
	<i>Szilágyperecsen és a Báthory család</i>	13
	<i>Abasár és az Aba nemzetség</i>	14
6.	ANYAG ÉS MÓDSZERTAN.....	15
	<i>A minták előkészítése</i>	15
	<i>Mintavétel extrém körülmények között.....</i>	16
	<i>Radiokarbon kormeghatározás</i>	17
	<i>Különböző módszerek hatékonyságának összehasonlítása megbízható eredmények érdekében az aDNS NGS munkafolyamatokhoz.....</i>	17
	<i>Az archaikus mintákban található endogén DNS mennyiségének összehasonlítása</i>	18
	<i>Az aDNS kinyerése.....</i>	19
	<i>NGS könyvtárak előállítása</i>	20
	<i>Alacsony lefedettségű shotgun szekvenálás</i>	22
	<i>Teljes genom szekvenálás.....</i>	22
	<i>Bioinformatikai feldolgozás</i>	22
	<i>Az ősi szekvenciák minőségellenőrzése.....</i>	23
	<i>Adathozzáférés</i>	23
	<i>Biológiai nem meghatározása.....</i>	23
	<i>Uniparentális haplocsoport-meghatározás.....</i>	23
	<i>Uniparentális haplocsoportok összehasonlító elemzése</i>	24
	<i>Filogenetikai vizsgálat a szilágyperecseni minták esetében</i>	24
	<i>Az Aba család Y-kromoszómás vonalainak filogenetikai elemzése.....</i>	24
	<i>Kinship analízis – Genetikai rokonság becslése</i>	24
	<i>Közös IBD szakaszok elemzése</i>	25
	<i>F3-statisztika.....</i>	26
	<i>F4-statisztika.....</i>	26
	<i>qpAdm elemzés.....</i>	27
	<i>Az abasári minták unsupervised ADMIXTURE analízise.....</i>	27
	<i>Főkomponens-analízis (PCA)</i>	28
7.	A BÁTHORY CSALÁD ARCHEOGENETIKAI KUTATÁSA	29
	<i>A szilágyperecseni lelőhely és annak története.....</i>	29
	<i>A szilágyperecseni lelőhely antropológiai vizsgálata</i>	34

<i>A Báthory család szilágyperecseni maradványainak vizsgálata során nyert genetikai eredmények</i>	34
<i>Rokonsági kapcsolatok a temetőn belül</i>	35
<i>Y-kromoszómás haplocsoportok</i>	36
<i>Mitokondriális haplocsoportok a szilágyperecseni lelőhelyről</i>	37
<i>Filogenetikai vizsgálatok</i>	39
<i>Az egyének egyedi genomösszetétele</i>	40
8. AZ ABASÁR BOLT-TETŐ LELŐHELYEN FELTÁRT CSONTMARADVÁNYOK GENETIKAI ELEMZÉSE	44
<i>Régészeti feltárás Abasár Bolt-tető lelőhelyen</i>	44
<i>Az Abasáron feltárt, 1. sírból származó csontmaradványok antropológiai vizsgálata</i>	46
<i>Az abasári minták NGS eredményei</i>	49
<i>Az abasári minták radiokarbon-analízise</i>	52
<i>Rokonsági és IBD-elemzés az abasári temetőben</i>	53
<i>Uniparentális haplocsoportok, és filogenetikai kapcsolatok az abasári temető mintái között</i>	56
<i>Az apai vonalak kapcsolatai az Abák filogenetikai fáján</i>	57
<i>Az abasári minták genetikai öröksége</i>	58
9. DISZKUSSZIÓ	65
10. KONKLÚZIÓ	69
11. TÁMOGATÁS	71
12. A KUTATÁS LIMITÁCIÓI	72
13. FÜGGELÉK	73
<i>Rövidítések és jelmagyarázat</i>	73
14. MAGYAR NYELVŰ ÖSSZEFOGLALÓ	117
15. SUMMARY IN ENGLISH - ANGOL NYELVŰ ÖSSZEFOGLALÁS.....	119
16. IRODALOMJEGYZÉK	123
17. TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK LISTÁJA	134
<i>A doktori eljárás alapját képező közlemények</i>	134
<i>Egyéb tudományos folyóiratban megjelent közlemények</i>	134
18. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	136

1. Előszó

Ez a doktori disszertáció egy olyan interdiszciplináris munka, mely célja két középkori, méltán híres magyar nemesi család, a Báthory és az Aba nemzetség tagjainak archeogenetikai azonosítása. A munka során a genetika tudományának segítségével, archeológiai, antropológiai és történeti adatokra és ismertekre alapozva kíséreltük meg ezen történelmileg rendkívül jelentős családok feltételezhető személyei maradványainak azonosítását.

Ez volt az első alkalom, hogy sikerrel nyertünk ki magas minőségű teljes genomszekvencia-adatokat a Báthory és az Aba család egyes tagjainak a maradványaiból. Célunk az volt, hogy feltárjuk és megismerjük a genetikai eredetüket, és kapcsolatokat keressünk egykor élt populációkkal, így pontosabb képet kaphatunk e két család történetéről és genetikai örökségéről. Kíváncsiak voltunk továbbá arra is, hogy a történeti források, miszerint a középkori magyar nemesi családok sokszor egymás között házasodtak, milyen genetikai bizonyítékot adhatnak számunkra.

A kutatás során interdiszciplináris megközelítéssel sikerült azonosítanunk feltételezett Báthory családtagokat és Magyarország egyik legjelentősebb királyi nemzetségének az Aba nemzetség genetikai eredetét és annak kapcsolatrendszerét, valamint meghatározni a két család Y-kromoszómás és mitokondriális leszármazási vonalait.

Eredményeinkkel hozzájárultunk ahhoz, hogy feltérképezzük az egykor élt magyar nemesi családok kapcsolatait a hasonló korokból származó, középkori magyar és európai társadalmak kontextusában.

2. Bevezetés az archeogenetikába

Az archaikus DNS (ősi DNS vagy aDNS) kutatásának forradalma lehetővé tette az ősi maradványok genetikai vizsgálatát, és alapjaiban formálta át a történelemtől alkotott képünket. Az elmúlt néhány évtized során az archeogenetika tudománya robbanásszerű gyorsasággal fejlődött, melynek köszönhetően nagyszámú archaikus genom került publikálásra, és vált elérhetővé a kutatók számára, különböző történelmi korokból. Az ember történelmének megértése egyre inkább az ősi populációk genetikai eredetének és azok kapcsolatainak kutatására épült. Ma az archeogenetikát már a történészek és egyéb tudományágak képviselői egyre szélesebb körben fogadják el megbízható kutatási eszközként, fokozatosan kiegészítve ezzel más tudományok interpretációját a múlttól az eddig ismert adatok alapján (Kristiansen, 2021).

Az archeogenetika új perspektívát nyitott a történelem pontosabb megértésben. Alapvető történelmi tételeket és narratívákat kérdőjelezett meg a populációk eredetéről, vándorlásáról, valamint azok kulturális és a genetikai kapcsolatairól (Gokcumen és Frachetti, 2020). Biztossággal kijelenthető, hogy az archeogenetika valóban átalakította az emberi múlt megértését, különösen a prehisztórikus korszakok vonatkozásában (Haak et al., 2015; Lazaridis et al., 2016; Miikka et al., 2015).

A genetikai adatok, melyek lehetővé tették a történelmi személyek maradványainak azonosítását, az archeológiai és történelmi kérdések megoldásának egyik leghatékonyabb eszközévé váltak. Az elmúlt években elért technológiai fejlődés – beleértve az új DNS-kivonási módszereket (Dabney, Knapp et al., 2013; Dabney és Meyer, 2019; Rohland és Hofreiter, 2007), a szekvenáló könyvtárkészítési eljárásokat (Meyer és Kircher, 2010) és a szekvenálási technológiákat – lehetővé tették az autentikus aDNS kinyerését és annak kutatását régi csontmintákból. A mitokondriális DNS és az Y-kromoszóma elemzése segítségével új kronológiák és családi kapcsolatok kerültek feltárára, melyek segítettek rekonstruálni a múlt társadalmait, és leszármazási vonalaikat. Ezzel párhuzamosan a bioinformatikai eszközök szintén rohamos fejlődése megkönnyítette a precíz és gyors rokonsági elemzéseket és a populációgenetikai vizsgálatokat.

Az ősi DNS kutatása

Az aDNS kutatás körülbelül negyven évvel ezelőtt kezdődött, egy síkvidéki zebra, mára már kihalt alfajából, a quagga genetikai állományának megismerésével. A faj eltűnését a 19. század végi Dél-Afrikai vadászat okozta. (Higuchi et al., 1984). Először itt került bizonyításra az, hogy a DNS hosszú idő elteltével is, az élőlény halálát követően megőrződik a maradványokban, és az kinyerhető, vizsgálható. Ezt követően nem sokkal később megkezdődtek az emberi maradványok archeogenetikai vizsgálata is. Az áttörést egy egyiptomi múmiából sikeresen izolált DNS jelentette. (Pääbo, 1985).

A polimeráz láncreakció (PCR) kifejlesztése és annak alkalmazása az archeogenetikában, nagyban elősegítette az aDNS kutatásokat, mivel lehetővé vált a specifikus DNS szekvenciák amplifikálása, és nagyméretű, átfedő DNS szakaszok illesztése. (Pääbo, 1989; Pibos et al., 1989; Thomas et al., 1989) Mivel a PCR alapú technikák többszörös limitációba ütköztek, az igazi áttörést az új generációs szekvenálás (NGS) hozta el, és szinte végtelen lehetőséget nyitott meg a kutatók előtt. (Millar et al., 2008; Shendure et al., 2004) Az NGS alapú archaikus kutatások drasztikusan megemelték az analizálható DNS szekvenciák minőségét, és mindemellett leszorították a kutatások költségét is. A kutatók képesek voltak milliárdnyi bázispár párhuzamos, jó minőségű, nagy lefedettségű szekvenálásra. (Margulies et al., 2005) Az új technológiák köré épülő laboratóriumi protokollok kidolgozása és fejlesztése biztosította továbbá az autentikus DNS szekvenciák kutatását (Cooper és Poinar, 2000).

A modern aDNS kutatások alkalmazása képes a genetikai múltunk vizsgálatára, így a jelenünk és a jövőnk megismerését is elősegíti. Mára már pontosabban ismerjük az emberi populációk eredetét, az etnikai csoportok kialakulását, és azok migrációs és keveredési történetét (Allentoft et al., 2015; de Barros Damgaard et al., 2018; Margaryan et al., 2017; Narasimhan et al., 2019). Ezek a kutatások számos területen, mint például az archeológiában, antropológiában, paleopatológiában, genetikában vagy akár az igazságügyben is alkalmazhatóak (Alterauge et al., 2021; Cui et al., 2015; Larmuseau et al., 2014).

Kihívások és limitációk az ősi DNS kutatásban

Kontamináció

Az egyik legnagyobb kihívást az aDNS kutatása során a kontamináció. Amikor a DNS-t izoláljuk egy élőlényből, akkor nagy fragmentméretű, és magas minőségű DNS-t kapunk. Ezzel szemben az aDNS, mely többnyire a csontokban marad meg intaktabb állapotban, töredezett, rossz minőségű, és a környezetből származó szennyeződések is tartalmazza, továbbá a minták nem megfelelő kezelése mellett, az autentikus aDNS a kutatók saját DNS-ével is szennyeződhet. Ha ezek a problémák nem megfelelően vannak kezelve, akkor alapján megkérdőjelezhetik a kutatás hitelességét, és hibás következtetések levonásához is vezethet (Dabney, Meyer et al., 2013).

A humán DNS-el történő kontamináció különösen problémás lehet, mivel két ember genetikai állománya nagyon hasonló, így azok megkülönböztetése szinte lehetetlen feladat. Az ilyen formájú kontamináció a kutatás szinte bármely fázisában megtörténhet, még az óvatos és precíz munka során is. Túlnyomó részt ez a munkák korai fázisában, az ásatás, a csontok tisztítása, azok tárolás és leltározása folyamán következik be. A kontamináció mértéke változatos, akár mintánként is eltérő lehet, továbbá nagymértékben függhet a minták megőrződésétől (Gilbert et al., 2005; Thomas P. Gilbert et al., 2005).

Az ilyen kontaminációk csökkentésére, és a hiteles aDNS vizsgálatok biztosítására több módszertani fejlesztés történt az archeogenetika története során. Az első, és legfontosabb, hogy az idegen eredetű vagy úgynevezett exogén DNS a mintába kerülésének csökkentése érdekében a munkát szigorú és steril körülmények között kell elvégezni. Ez magába foglalja a több kamrás, steril légbefúvással rendelkező laboratórium kialakítását, az UV sugárral történő kezeléseket, a felületek hipóval történő rendszeres tisztítását. Ezen felül a szekvenáló könyvtár készítése során olyan egyedi adaptereket kell alkalmaznunk, mely az egyes DNS minták specifikus megjelölését teszi lehetővé, így ez kizárja a későbbi laboratóriumi szennyezés továbbá a minták egymással való keveredésének kockázatát is (Slatkin & Racimo, 2016).

A DNS szekvenálása után különféle bioinformatikai algoritmusok elkülönítjük az autentikus aDNS fragmentumokat az arra jellemző citozin-deaminációs mintázat segítségével, majd azonosítjuk az exogén DNS olvasatokat és elimináljuk azokat az adatsorból.

Degradáció

Egy másik alapvető kihívást az aDNS kutatása során az endogén eredetű DNS degradációja jelenti. Ahogy a halált követően a sejtes struktúrák fokozatosan lebomlanak, a sejtekben található DNS különböző enzimek hatásának lesz kitéve, így annak a degradációjához vezet. Olyan biokémiai folyamatok mennek végbe, mint a hidrolízis vagy az oxidáció, mely a DNS töredezéséhez vezet, mely a nukleotid szekvenciák végső elvesztését eredményezheti (Dabney et al., 2013). Emellett a DNS, az organizmus halálát követően külső mikroorganizmusok, baktériumok vagy gombák folyamatos támadásának van kitéve, melyek tápanyagforrásként használják az organizmus makromolekuláit, ezzel továbbá károsítva a DNS-t.

Az ősi maradványokból kivont DNS vizsgálatát számos további tényező is megnehezíti, ilyen például a kis fragment méret, vagy a DNS-ben bekövetkező megannyi sérülés, mely a laboratóriumi munkák során a polimerázok hatékonyságát csökkenthetik, valamint a replikáció során rossz nukleotid beépülését eredményezhetik (Dabney et al., 2013). Az aDNS-ek vizsgálata során, a citozin-deaminációnak köszönhető C->T tranzíciók különösen gyakoriak a DNS-fragmentumok túlnyúló végein (Briggs et al., 2007). Ezek a tranzíciók torzíthatják az szekvencia adatokat, különösen a GC-gazdag genomi régiókban (Wales et al., 2015).

Különböző környezeti tényezők nagy hatást gyakorolnak az aDNS állapotára, mint például a sókoncentráció, pH, a hőmérséklet vagy a páratartalom. Annak ellenére, hogy a DNS lebomlásának a teljes mechanizmusa még nem ismert, és most is kutatott terület, jól ismert tény, hogy a fagyott körülmények között, a hidegebb régiókban a DNS-fragmentumok akár több millió évig is képesek jobb minőségben megőrződni (Allentoft et al., 2012; Kistler et al., 2017).

A DNS károsodási mintázatok vizsgálatát a technikai fejlődés tette lehetővé, és jelentős előrelépéseket eredményezett az ősi DNS kutatásban (Higgins et al., 2015; Kistler et al., 2017; Wadsworth et al., 2017). A kutatók évről évre egyre többet tudnak meg az ősi biomolekulák megőrződéséről, melyek mélyebb megértésével, továbbá a szűrési módszerek folyamatos fejlődésével biztosítják az ősi DNS kutatás hatékonyságát és annak fejlődését.

3. Magyar nemesi családok genetikai örökségének feltárása az aDNS elemzés segítségével

Bevezetés

A nemesi családok a történelem során gyakran nagyobb hatással voltak a múlt eseményeinek alakulására, mint maguk a királyi családok. Ez különösen igaz a középkorra, amikor a nemesi családok jelentős mennyiségű földterületet birtokoltak és közigazgatási, katonai vagy egyházi vezetői szerepeket töltöttek be, meghatározva ezen térségek politikai, társadalmi és kulturális identitását. A középkori Magyarország legmeghatározóbb családjai közé tartozott többek között az Aba és a Báthori család, akik mind a Magyar Királyság, mind Erdély történelmében kiemelkedő szerepet játszottak.

A genetikai analízisek gyakran döntő szerepet játszanak személyazonosságok megerősítésében, különösen akkor, ha történelmi forrásokkal és régészeti leletekkel együtt alkalmazzák azokat. A történelmileg neves családok genetikai eredetének vizsgálata az utóbbi években egyre nagyobb hangsúlyt kapott az archeogenetikai kutatásokban. A régészet és a genetika együttes használata új lehetőséget teremtett a jelentős történelmi személyek földi maradványainak azonosítására, valamint családtörténetük új megvilágításba helyezésére.

Az archeogenetikai kutatások új rokonsági kapcsolatokat tárhatnak fel, amelyeket nem lehetséges régészeti leletekkel vagy történelmi dokumentációk útján eldönteni, és így megoldásként szolgálhat a megválaszolatlan történelmi és régészeti kérdések megválaszolásában.

Ez a megközelítés jelentős felfedezésekhez vezetett, így többek között azonosításra kerülhetett III. Richárd csontváza (King et al., 2014), a Romanov család maradványai (Rogaev et al., 2009) vagy Stockholm alapítója, Briger Magnuss (Malmström et al., 2012).

Az interdiszciplináris kutatások kulcsfontosságúak voltak Hunyadi Mátyás leszármazottjai genetikai örökségének leírásához (Neparáczki et al., 2022), valamint Magyarország első uralkodócsaládjának, az Árpád-ház tagjainak azonosításához (Nagy et al., 2021; Olasz et al., 2019; Varga et al., 2023; Wang et al., 2021). Továbbá Beethoven hajának elemzésével foglalkozó tanulmány is kiemelendő (Begg, Tristan James Alexander et al. 2023), hiszen abban is szerepelnek azon módszerek, amelyeket a FamilyTree használt a haplocsoportok időbeli meghatározására.

Az archeogenetikai kutatások elengedhetetlenek voltak olyan sírokban talált személyek azonosításához, akikhez sokszor nem állnak rendelkezésre hagyományos írott történelmi források vagy régészeti leletek.

A Báthory-család történelmi háttere

A nemesi családok meghatározó szerepet játszottak a magyar történelemben. Ez különösen igaz volt a Magyar Királyságra is a török hódoltság időszakában (1541-1699), amikor az ország közel 150 évig három régióra volt osztva: a Habsburg Királyi Magyarország az északi és nyugati részeken, a török hódoltságú Magyarország („Oszmán Magyarország”) a középső és déli részeken, valamint a török befolyás alatt álló Erdélyi Fejedelemség a keleti területeken.

A Báthory (Bátori/Báthory) család a középkori Magyarország egyik legjelentősebb arisztokrata családja volt. Hatalmas területeket birtokoltak a mai Magyarország, Lengyelország, Szlovákia és Románia területén. A Báthory családból több személy is erdélyi fejedelemmé lett választva így óriási befolyással rendelkeztek a régióban.

Írásos források szerint a Báthory család eredete a 11. századi sváb Gutkeled nemzetséghez vezethető vissza a magyar krónikák dokumentációja alapján: „...bizonyos, hogy Péter király (Orseolo) útján került be a Gutkeled leszármazotti vonal, amikor Henrik császárhoz menekült (aki legyőzte Aba Sámuel Ménéfőnél, lásd fent). Eredetileg a svábföldi Stauf várból származtak... A Gutkeled nemzetség Salamon, László és Géza királyok alatt emelkedett ki.” (“Chronicon Pictum” in Szentpétery,” 1937). A birtokmegosztás alapján a család két fő ágra szakadt (1. ábra): az erdélyi somlyói (vagy somlyai) ágra, amely a 16. században rendkívül gyorsan felemelkedett, és az ecsedi ágra, amely a királyság északkeleti részén azaz Partium és Felső-Magyarország részén birtokolt területeket.

A somlyói vonal leszármazottjai magas rangú pozíciókat töltöttek be, ahol az egyik legjelentősebb személy Báthory István (1533-1586), Erdély fejedelme volt, és akit Lengyelország királyává, majd Litvánia nagyhercegévé is megválasztottak (Jenei, 1968; I. Nagy, 1857; Wertner, 1900; Pálffy, 2000). A 15. században a somlyói ág egy további alágra bomlott, amelyet szaniszlófi vagy csak „fiatalabb” ágként említenek. Ezt az ágot Báthory Szaniszlófi (1355–1390) leszármazottjai alkották (1. ábra) (Wertner, 1900).

Írásos források alapján a Báthory család minden ága eltűnt a 17. században, mivel mind a somlyói (Gábor és András), mind az ecsedi ág (István) utolsó férfi tagjai fiúörökös nélkül haltak meg (I. Nagy, 1857; Wertner, 1900). Ugyan a Báthory család története és öröksége jól dokumentált, számos kérdés továbbra is nyitott, mivel könyvtáraik és sírjaik írott forrásainak jelentős része elveszett vagy megsemmisült (Tóth, 2009).

Báthory István erdélyi fejedelem, Lengyel király és Litván nagyherceg földi maradványai Krakkóban találhatóak, míg több neves erdélyi Báthory uralkodó maradványait

megbolygatták, amely következtében csontjaik elvesztek, vagy tömegsírokba kerültek, így azonosításuk rendkívül nehéz feladattá vált.

Az Aba-nemzetség történelmi háttere

Az Abák a középkori Magyarország egyik legjelentősebb arisztokrata családját alkották, akik meglehetősen kiterjedt területen rendelkeztek birtokokkal Észak-Magyarországon. Ugyan az Aba-nemzetség jól dokumentált, a történelmi források ellentmondásos információkat írnak le az etnikai eredetükkel kapcsolatban. A család megbecsült ősatya Aba Sámuel (feltételezhetően 990-1044) rokoni kapcsolatot teremtett az Árpád-házzal, amikor feleségül vette Szent István király (uralkodott 1000-1038) húgát (Kristó and Makk, 2000). Aba Sámuel később Magyarország harmadik uralkodója (1041-1044) és egyben első választott királya lett, és a hatalomra jutásában pedig jelentős szerepe lehetett az Árpád-házzal való kapcsolatának.

Szent István halála után unokaöccse Orseolo Péter (1038-1041, majd 1044-1046) került a trónra. Péter idegen nemeseket helyezett fontos pozíciókba, ami elégedetlenséget váltott ki a magyarok körében. Ez végül 1041-ben lázadáshoz vezetett, amelynek eredményeként Aba Sámuel ültették a trónra, de uralma rövid ideig tartott, mert 1044-ben Ménfői csatában meghalt, amikor is vereséget szenvedett III. Henrik császárral szemben, aki visszahelyezte Orseolo Pétert a trónra (Kristó and Makk, 2000). A 13. századi Kézai Simon történész és a 14. századi krónikák szerint (Kristó & Makk, 2000) a család ősei, Ed és Edemen, Attila a hunok nagy fejedelme fiának, Csabának (Irnik) a gyermekei voltak. Ha az Abák valóban Attila apai ágon származó leszármazottjai voltak, ez hun hercegi származásra, és így közvetett rokonságra utalhatott az Árpád-házzal (Kristó and Makk, 2000).

Azonban Anonymus krónikája alapján Ed és Edemen a kunok vezérei voltak, akik még a honfoglalás előtt szövetséget kötöttek a magyar törzsszövetséggel a mai Ukrajna területén. Ennek okán Árpád fejedelem nagy földterületeket adott nekik Észak-Magyarországon (Kristó and Makk, 2000). Mivel a kunok és a hunok egyaránt keleti eredetűek, ezért a történészek azt feltételezik, hogy a család is Keleti származású lehetett. A Kabar törzseket tartják az Abák leszármazotti vonalához legvalószínűbben kapcsolódó ősi csoportoknak (Kristó és Makk, 2000), mivel az avar kaganátusból kiváltak és közvetlenül a honfoglalás előtt csatlakoztak a magyarokhoz.

4. A kutatás célja

Archaeogenetikai és aDNS-elemzési módszerek alkalmazásával céloztuk meg a középkori Magyar Királyság két kiemelkedő nemesi családjának, a Báthory- és az Abanemzetség tagjainak azonosítását. Ezen családok bizonyos tagjait ismerten történelmi egyházi helyszíneken temették el, de a közelmúltban két olyan régészeti feltárás is történt, melyek a két neves család tagjaihoz köthetőek.

Az Aba és a Báthory család a Magyar Királyság keleti területein uralkodó két nagy dinasztia volt, de a köztük lévő esetleges családi kapcsolatokról nincs dokumentáció. A térség viharos történelme következtében mindkét család temetkezési helyei lepusztultak vagy megsemmisültek.

Kutatásunk célkitűzése az volt, hogy a feltárt nagyszámú emberi maradvány közül azonosítsuk a családtagokat, valamint genetikai összetételük vizsgálatával információkat szerezzünk származásukról, rokonsági kapcsolataikról, valamint más ősi eurázsiai populációkkal fennálló filogenetikai és egyéb összefüggéseikről. Ez az interdiszciplináris megközelítés lehetővé tette, hogy mélyebb betekintést nyerjünk ezen befolyásos középkori nemesi családok társadalmi és genetikai összetételébe.

5. Szilágyperecsen és Abasár, mint kiemelt fontosságú történelmi helyszínek

Szilágyperecsen és a Báthory család

Középkori források szerint Szaniszlófi Báthory János (1462–1500) gyermekei voltak az első Báthory családtagok, akik Erdélyben, Szilágyperecsenben (Pericei, mai Románia területe) telepedtek le. A család történetét és birtokait, különösen Báthory Ferencz életét, több középkori forrás is részletesen dokumentálja (Wertner, 1900). Történelmi feljegyzések szerint Báthory Eleket és Báthory Ferenczet a szilágyperecseni családi kápolnában temették el (Bunyitay, 1986; Emödi, 2002).

A Wesselényi család levéltára több, Szilágyperecsenben nyomtatott kéziratot őriz, köztük olyanokat is, amelyek Báthory Ferencz aláírását és monogramos pecsétgyűrűjének lenyomatát tartalmazzák (Magyar Nemzeti Levéltár, P fond, 702. szám). A dokumentumokban található genealógiai adatok (Wertner, 1900) szerint Báthory Ferencz nagyapja, Báthory László (1474–1517), testvére volt Báthory Péternek (1500), aki Báthory Elek apja volt. Ennek alapján Ferencz és Elek apai ágon negyedfokú rokonok voltak (4. ábra).

A sírok feltárása során két csontváz került elő, gazdag sírmellékletekkel. A temetkezés helye és a mellékletek egyaránt magas társadalmi státuszt tükröztek. Ennek fényében és a történelmi összefüggések alapján feltételezhető volt, hogy a két csontváz Báthory Ferenczhez és Báthory Elekhez tartozhat (4. ábra).

A családi templom az 1658-as és az 1660-as oszmán megszállás során elpusztult, azonban a 17. századból származó, a szilágyperecseni Báthory családhoz köthető két reneszánsz sírkőlap fennmaradt. Ezeket jelenleg Szilágyperecsen református templomában őrzik. A sírköveken két elhunyt férfi alakja látható, akiket háton fekvő, lovagi páncélzatban ábrázoltak (10. ábra). Továbbá az egyik sírkőbe a Báthory család címerét is belevészték (Culic, 2016) (9. ábra). A református templom körül 2017 és 2021 között folytatott régészeti ásatások során újra felfedezték a családi kápolna maradványait (8. ábra). A templomban több középkori sír között két temetkezésben figyelemre méltó régészeti felfedezést tettek (5. ábra), amelyben nyugvó személyeket a Báthory család tagjaiként lehetett feltételezetten azonosítani.

Abasár és az Aba nemzetség

Miután Aba Sámuel király a ménfői csatában elesett, ideiglenes eltemetését követően az Abasáron található bencés monostorba helyezték végső nyugalomára, az épület befejezését követően. Ez a monostor több szempontból is kiemelt szerepet játszott, többek között a nemzetség politikai központja volt a 10. század végén és a 11. század elején (Kristó and Makk, 2000). Bár a korai írott források a 11. és 12. századból nem tesznek említést a családról, a 13. századtól kezdődően számos olyan írás található, melyek megemlítik az Aba nemzetség nevét. Ezekben a történelmi forrásokban leírják, hogy a család számos további nemzetségre szakadt és az ország megannyi régiójában hatalmas birtokokkal rendelkeztek. A 13. és 15. századra jelentős politikai befolyásra tettek szert és méltóságokká, oligarchákká emelkedtek fel (Karácsony, 1900; Kristó, 1978; Wertner, 1891).

Abasár az évszázadok során feltételezhetően megőrizte jelentőségét a nemzetség politikai központjaként és a család több leszármazottja részére is temetkezési helyként szolgált. A krónikák leírják, hogy maga Aba Sámuel volt, aki a 11. század elején az abasári monostor megépítését finanszírozta. Erről az első írásos forrás egy IV. Béla királyunk által kiadott oklevélben található, 1261-ből (Kovács, 1966; Kristó és Makk, 2000). Számos középkori írás a család legalább három különálló ágra utalnak, melyek az abasári monostorhoz köthetőek (Kovács, 1966), de ezek pontos azonosítása mind idáig nem ismert.

Az ezt követő évszázadok során az abasári monostor, és az azt körülvevő régiók birtokviták és hatalmi harcok központjává váltak több magyar nemesi család között, például a Csobánkák vagy a Nánai Kompoltiak között (Kovács, 1966). A régiót érő folyamatos konfliktusok a monostor hanyatlásához vezettek, majd a 17. század végére eltűnt a monostor említése a történelmi forrásokból (Sörös, 1912).

A következő fejezetekben részletesen tárgyalásra kerül a Szilágyperecsben és az Abasáron feltárt maradványokon végzett archaeogenetikai vizsgálat sorozat.

6. Anyag és módszertan

A Báthory család vizsgálata során elemzett csontvázakat Erdélyben, a mai Románia területén található Zilah városában, a Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeumban őrzik. A szilágyperecseni régészeti feltárás a Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeum munkája volt (Băcuet- Crișan & Keresztes, 2021).

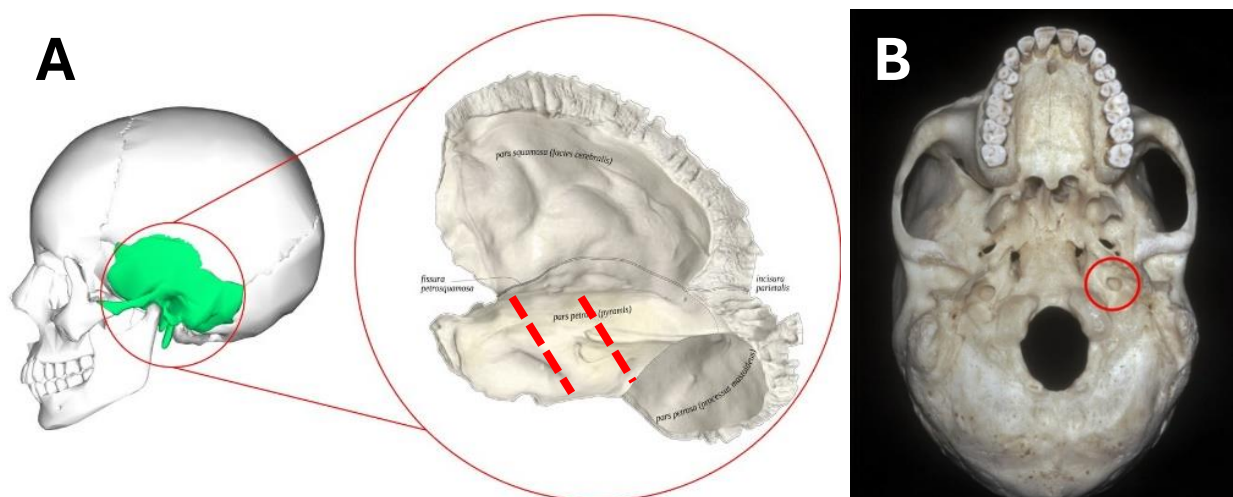
Az Abasár-Bolttető régészeti feltárását a Magyarságkutató Intézet Régészeti Kutatóközpont kollégái végezték.

A minták gyűjtése során a régészeti feltárások alatt standard régészeti eljárásokat alkalmaztak, így a csontok humán DNS-el történő kontaminációnak voltak kitéve.

A minták előkészítése

A minták előkészítése, a DNS-kivonása és a szekvenáló könyvtárak elkészítése az aDNS vizsgálatára kialakított steril laboratóriumunkban történt a Magyarságkutató Intézet Archeogenetikai Kutatóközpontjában, valamint a Szegedi Tudományegyetem Genetikai Tanszékén.

A csontminták dekontaminálása, kifejezetten az ősi minták kezelésére kialakított tiszta laboratóriumban történt, amely térben elkülönül a PCR-utáni laboratóriumoktól, így az amplifikált DNS jelenléte a minimálisra csökkenthető. A tisztatérbe való belépés szigorúan



1. ábra – A: A halántékcsontrészlet koponyában található helyzete. A koponya fúrása, vagy a piramis régió vágása során, a piros szaggatott vonallal jelölt területben található, tömör csontállományt célozzuk meg. **B:** Ép koponyák esetében, a koponya bazális oldaláról, a piros körrel jelzett régió irányából kezdjük meg a fúrást, hogy a tömör csontállományt elérjük.

(Képek forrásai: www.x.com - @nrkkn19; <https://www.anatomystandard.com/>; <https://www.neurosurgicalatlas.com/>)

szabályozott, ahol egyszer használatos overál, arcmaszka, kesztyű és cipővédő viselése kötelező. A steril, DNS mentes környezetet a felületek és eszközök rendszeres tisztításával tartottuk fenn.

Amennyiben lehetőség volt rá, halántékcsontról koponyaalapú részén levő sziklacsontról (pars petrosa) használtunk a mintavételezéshez (1A. ábra). Fog minták esetében a koponya épségének megőrzése érdekében a fogakat óvatosan távolítottuk el.

A halántékcsontról hipóval átitatott kendővel töröltük le, majd mindkét oldalt 20 percig UV-fénnyel világítottuk meg a felületi szennyeződések eltávolítása érdekében.

A pars petrosából történő mintavétel esetén, egy erre specifikusan kialakított elszívó fülkét használtunk. Az elszívó fülke kialakítása lehetővé teszi, hogy a sziklacsontról fúrásakor lehulló tiszta csontport felfogjuk egy vákuum elszívó segítségével.

Amennyiben egész koponya áll rendelkezésünkre, a sziklacsontról mintavételezését egy kis furat készítésével végeztük el a koponya bazális oldalán, gyémántfejes Dremel fúróval (1B. ábra). Az így nyert finom csontport használtuk a további laboratóriumi munkafolyamatok elvégzésére. A furatot kevésbé látható helyen készítjük el, minimalizálva a vizuális és szerkezeti károsodást, ezzel garantálva a koponya épségét esetleges további antropológiai vizsgálatokhoz. Az eljárás alacsony fordulatszámú fúrással történt, a hőtermelés minimalizálása érdekében, amely különösen fontos a DNS épségének megőrzése szempontjából.

Amennyiben a koponya törött volt, és különálló halántékcsontról állt a rendelkezésünkre, a piramis régióban, ahol a tömör csontállomány található, gyémántfejű dremel vágókoronggal egy nagyjából 1cm-es metszetet készítettünk.

A keresztkontamináció elkerülése érdekében a minták egyenként kerültek feldolgozásra, mindig csak egy csontmintát porítottunk, tisztítottuk és fertőtlenítettük a munkaterületet, majd azt követően kezdtük a következő minta előkészítését, ezzel biztosítva a minták integritását.

Mintavétel extrém körülmények között

A Báthory család vizsgálata során, a csontanyagból történő mintavételezést első lépéseit Romániában a zilahi Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeumban végeztük el. A csontmintavételezés „extrém körülmények között” a helyszínen, Zilahon történt, hiszen a csontanyag Romániából való kihozatalára nem volt lehetőségünk. A múzeum a munkatársaink számára biztosított egy elkülönített helyiséget, melyet a munka megkezdése előtt sterilizáltunk hipóval, peroxival, és hordozható UV lámpával. A helyszínen elvégeztünk a pars petrosa metszet kivágását, vagy a pars petrosa fúrását. A csontmintavételek között a helyiséget újra fertőtlenítettük, és UV kezeltük a felületeket, hogy a keresztkontamináció lehetőségét a

minimálisra csökkentjük. Az így kapott csontmintákat a Szegedi Tudományegyetem Genetikai Tanszékén dolgoztuk fel a további laboratóriumi munka során.

Radiokarbon kormeghatározás

Radiokarbon kormeghatározás csak az abasári minták esetében történt a csontmaradványok korának megerősítése céljából. A mérést gyorsítós tömegspektrometriás (AMS) módszerrel végezték az MTA Atommagkutató Intézet AMS laboratóriumában, Debrecenben (AMS azonosító: DeA-37107). A minták előkészítését és a mérések részleteit (Molnár et al., 2013) írja le. Az adatok kalibrálása az OxCal 4.4.4 szoftverrel történt (<https://c14.arch.ox.ac.uk/oxcal/OxCal.html>, kalibráció időpontja: 2024. január 9.) az IntCal 20 paramétere alapján (Reimer et al., 2020).

Különböző módszerek hatékonyságának összehasonlítása megbízható eredmények érdekében az aDNS NGS munkafolyamatokhoz

Laboratóriumunk az elmúlt években számos, különböző régészeti korszakokból származó minta feldolgozásával foglalkozott. Ahogy a technológia fejlődött, és laboratóriumunk alkalmazkodott az új módszerekhez, több ezer minta feldolgozását végeztük el. Ennek eredményeként jelentős mennyiségű tapasztalatot és információt halmoztunk fel a különböző laboratóriumi technikákról.

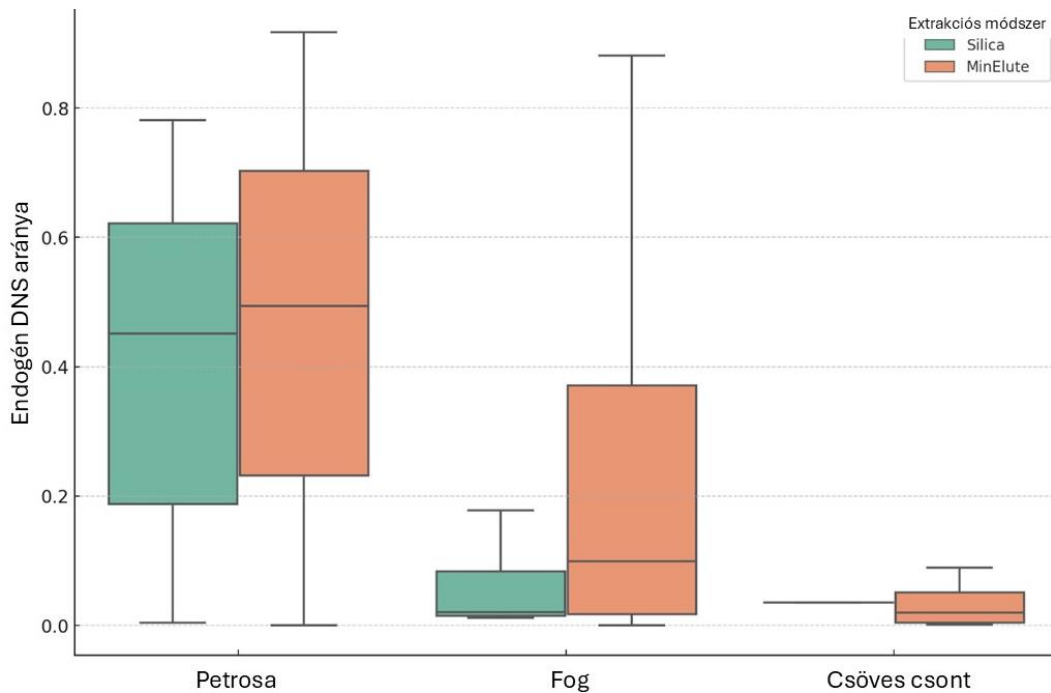
A nemesi családok archeogenetikai kutatása mellett a doktori képzésem során az is célom volt, hogy értékeljem és összehasonlítsam az aDNS-minták feldolgozásához használt különböző DNS-kivonási és NGS könyvtárkészítési protokollokat. Különösen arra törekedtem, hogy meghatározzam, melyik módszer biztosítja a legjobb eredményeket olyan kulcsfontosságú mutató tekintetében, mint az endogén DNS arány. Ez a tényező alapvető fontosságú az erősen degradálódott ősi mintákból származó genetikai információk minőségének és mennyiségének maximalizálásához (Orlando et al., 2021; Rohland és Hofreiter, 2007a).

A korábbi években feldolgozott, több történelmi korszakból származó több mint 2000 régészeti csontminta meglévő adatállományát használtuk fel. Ezt követően ezen adatok elemzését végeztem, különös tekintettel olyan kulcsfontosságú paraméterekre, mint az endogén DNS tartalom.

A DNS-t pars petrosából, fogakból és egyéb csöves csontokból nyertük ki, kétféle módszerrel: MinElute oszlopokkal, valamint szilika gél szuszpenzióval. A kivont DNS-ből kettős szálú NGS könyvtárakat készítettünk, pre-amplifikációval és anélkül, G2GO Taq

polimeráz enzim alkalmazásával. A végső könyvtáramplifikációt két különböző polimeráz enzim Accuprime Pfx és G2GO Taq felhasználásával hajtottuk végre.

Az archaikus mintákban található endogén DNS mennyiségének összehasonlítása



2. ábra – Több mint 2000 archaikus minta endogén olvasatok mennyiségének az összehasonlítása, az aDNS forrásánk függvényében, két különböző DNS kivonási technikával elkészített minták esetében. Az endogén olvasatok aránya – amely azt méri, hogy egy mintából mekkora hányadban sikerül autentikus ősi emberi DNS-t visszanyerni – jelentős eltéréseket mutatott a három vizsgált aDNS-forrás között.

Ahogy a 2. ábra is mutatja, a pars petrosa emelkedik ki a legmegbízhatóbb aDNS-forrásként, mivel következetesen a legmagasabb endogén DNS arányokat eredményezte. Ennek köszönhetően a petrosa arány standardként tekinthető az olyan kutatásokban, amelyeknél elsődleges szempont a kiváló minőségű ősi DNS visszanyerése. A fogak kissé gyengébben teljesítenek, de még így is megbízható és stabil alternatívát jelentenek, amely sokféle alkalmazáshoz megfelelő. Ezzel szemben a csontvázmaradványok jóval alacsonyabb endogén DNS arányokat eredményeztek, így kevésbé alkalmasak azokban a vizsgálatokban, amelyeknél kulcsfontosságú az autentikus aDNS visszanyerése. Ezeket a mintákat elsősorban akkor érdemes felhasználni, ha petrosa vagy fogminták nem állnak rendelkezésre, illetve, ha a vizsgálat célja kifejezetten a súlyosan degradált DNS-sel való munka.

Az endogén DNS arányok szilika és MinElute kivonási módszerek közötti összehasonlítása különösen a fogminták esetében mutatott kiemelkedő különbséget. A Silica módszer következetesen alacsonyabb endogén DNS arányt eredményezett a MinElute eljáráshoz képest.

Az eredmények hangsúlyozzák, hogy a minta típusa kulcsszerepet játszik az endogén DNS visszanyerésében: a petrosa minták mindkét módszerrel szignifikánsan jobb eredményeket hoztak. Ez összhangban van azzal a jól ismert megfigyeléssel, hogy az olyan sűrű csontszerkezetek, mint az os temporale pars petrosája, különösen jól megőrzik aDNS-t.

A nemesi családok kutatása során, így minden esetben, ha volt, a pars petrosa-t preferáltuk. Ha ez nem volt elérhető, vagy nem hozott megfelelő eredményt, akkor fogból dolgoztunk. Az oldatba vitt aDNS kikötésére, és annak tisztítására minden esetben QIAGEN MinElute oszlopokat alkalmaztunk.

Az aDNS kinyerése

Az aDNS-kivonása egy olyan dedikált helyiségben történt, amely teljesen elkülönül a labor többi munkafolyamatától.

A csontpor előállítását vagy a metszet vágását követően a csontmintát finom porrá őröltük egy őrlőmalom (VWR, Star Beater) segítségével, szintén alacsony fordulatszámot alkalmazva a hőtermelés csökkentése, így az aDNS épségének megőrzése érdekében.

A fogakat hipóval, hidrogén peroxiddal és Milli-Q ultratiszta vízzel történő tisztítás után mindkét oldalon 15 perces UV-besugárzásnak vetettük alá, majd steril csövekbe helyeztük azokat.



3. ábra - A minimálisan invazív, vagy minimálisan destruktív, fogból történő aDNS kivonási technika eredménye a fogak gyökerén. Jól látható, hogy a fogak koronája sérülésmentes marad (Harney et al., 2020a).

A fogakból történő DNS kinyerés során a fogak megőrzésére kifejlesztett úgynevezett minimálisan invazív vagy minimálisan destruktív protokollt alkalmaztunk (Harney et al., 2020a). Ez a módszer nem igényli a fog fúrását vagy őrlését. A DNS-t a foggyökérben található cementrétegből nyertük ki, extrakciós pufferrel történő áztatással. A DNS-kivonást követően a fogak morfológiai vizsgálatokhoz vagy radiokarbonos kormeghatározáshoz is felhasználhatók (3. ábra).

Mivel a cementréteg a gyökércsúcsnál és a gyökérelágazódásoknál a legvastagabb, ezt a területet céloztuk meg, miközben a fog többi részét parafilm réteggel tekertük be, így szigeteltük, hogy ne érintkezzen az extrakciós pufferrel. A fog- és pars petrosa minták esetén is előemésztési lépést alkalmaztunk. Damgaard et al. (2015) eredményei alapján az EDTA-alapú enzimatiszta előemésztés akár 14-szeresére növelheti az endogén DNS arányát fogakban, és ennél többszörösére csontpor esetén. A halántékcsontból készült minták esetében a kivonáshoz 200 mg csontport használtunk.

A pars petrosából történő kivonás esetén, a korábban finomra őrlt csontport használtuk kiindulási anyagnak.

Az előemésztés 1,5 ml (csontpor) vagy 3 ml (fog) extrakciós pufferrel történt, amely 0,5 M EDTA-t és 100 µg/mL Proteinase K-t tartalmazott, 30 percen keresztül, 48 °C-on. Ezt követően az extrakciós oldatot eltávolítottuk, majd a mintákat 1,5 ml (csontpor) vagy 3 ml (fog) friss pufferrel kezeltük (0,45 M EDTA, 250 µg/mL Proteinase K, 1% Triton X-100), és 72 órás feltárást végeztünk 48 °C-on.

Az extraktumokat 7,5 ml (csontpor) vagy 12 ml (fog) kötőpufferrel kezeltük (5 M GuHCl, 90 mM NaOAc, 40% izopropanol, 0,05% Tween-20), majd a DNS-t Qiagen MinElute oszlopokon tisztítottuk ki, a gyártó által javasolt protokoll alapján. A DNS mennyiségét Qubit 3.0 Fluorométerrel (Invitrogen) határoztuk meg a dsDNA High Sensitivity Assay kit segítségével, 1 µl DNS kivonatból.

NGS könyvtárak előállítása

A könyvtárkészítési protokoll Kircher et al. (2012) és Meyer & Kircher (2010) módszerein alapult, amelyet részleges uracil-DNS-glikoziláz (UDG) kezeléssel egészítettünk ki (Rohland et al., 2015). Ez a módszer olyan könyvtárat eredményez, amely csökkenti az ősi DNS-re jellemző karakterisztikus hibákat, de emellett elegendő károsodást hagy a kezelés után az autentikusság igazolására.

Az ősi DNS-ben gyakoriak a C→T és G→A eltérések, amelyek a DNS-szál végein gyakori citozin-deamináció következményei (Briggs et al., 2007). A részleges UDG-kezelés

során az uracil-DNS-glikoziláz eltávolítja a deaminált citozinokat (uracil), majd az Endo VIII endonukleáz elhasítja az így keletkező abázikus helyeket (Briggs et al., 2010). Az elv az, hogy a fragmentumok végein visszamaradó uracilok továbbra is kimutathatók lesznek bioinformatikai elemzés során, így a C→T átalakulás az aDNS igazolására szolgál (Rohland et al., 2015).

A kezeléshez 30 µl DNS-t használtunk, amelyet 1x Tango Puffer, dNTP mix (25 µM), ATP (1 mM) és USER enzim (1 U/µl, NEB) oldatában inkubáltunk 37°C-on 30 percig. Az UDG inaktiválását 1,2 µl UGI (uracil glikoziláz inhibitor, 2 U/µl NEB) hozzáadásával végeztük, majd ismét 37°C-on 30 percig inkubáltuk. A túlnyúló DNS szálvégek javítását T4 DNS-polimerázzal (1,2 µl) és T4 polinukleotid kinázzal (3 µl) végeztük 25°C-on 15 percig, majd 12°C-on 5 percig. A mintákat MinElute oszlopokon tisztítottuk a gyártó javaslatai alapján, és 20 µl elúciós pufferrel (EB) eluáltuk az oszlopkáról.

A kettesszálú szekvenáló könyvtárakat két lépésben készítettük el. Az első lépésben két rövid adaptert alkalmaztunk. Az adapterek olyan DNS-molekulák, amelyek specifikus szekvenciákat tartalmaznak, és ezek képesek univerzális primerekhez kötődni (Meyer & Kircher, 2010). Az Illumina szekvenáló rendszerben ezeket az adaptereket P5 és P7 néven ismerik. A P5 adapter létrehozásához az IS1 adapter P5 forward és az IS3 adapter P5+P7 reverse oligonukleotidokat hibridizáltuk. Hasonló módon a P7 adapter az IS2 adapter P7 forward és az IS3 adapter P5+P7 reverse oligonukleotidok hibridizálásával készült.

A P5 adapter hibridizációs keveréke a következő összetevőket tartalmazta: 20 µl IS1_adapter_P5.F (500 µM), 20 µl IS3_adapter_P5+P7.R (500 µM), 5 µl 10X oligonukleotid hibridizációs puffer és 5 µL víz.

A P7 adapter hibridizációs keveréke: 20 µL IS2_adapter_P7.F (500 µM), 20 µl IS3_adapter_P5+P7.R (500 µM), 5 µl 10X oligonukleotid hibridizációs puffer, és 5 µl víz.

Az összetevőket egy 200 µl-es PCR-csőben összekevertük, majd a következő PCR protokollt hajtottuk végre: 95°C, 75°C, 65°C és 12°C, mindegyik hőmérsékleten 30 másodpercig. A két adapter elkészítését követően a két keveréket összemértük, így egy 100 µM koncentrációjú adapterkeveréket kaptunk, majd ezt 50 µM-ra hígítottuk a további használathoz.

Az adapterek ligálási reakciójához a következő összetevőket használtuk: 4 µl 10X T4 DNS-ligáz puffer, 4 µl PEG-4000 (50%), 1 µl T4 DNS-ligáz (5 U/µl) és 0,5 µl adapter keverék. A ligálást 22°C-on 30 percen át végeztük. A DNS-t ezt követően Qiagen MinElute oszlopokon tisztítottuk, és 20 µl-ben eluáltuk.

Az adapterfeltöltési lépéshez a következő reakciókeveréket alkalmaztuk: 4 µl ThermoPol reakciópuffer (10X), 0,4 µl 25 mM dNTP, 1,5 µl Bst polimeráz, large fragment (8

U/ μ l). Az inkubáció 37°C-on 20 percig tartott. A DNS-t ezután ismét MinElute oszlopokon tisztítottuk, 15 μ l-ben eluálva.

Az előamplifikációs lépést nem alkalmaztuk, helyette egy PCR-lépéssel végeztük el a könyvtárak kettős indexálását az Accuprime Pfx Supermix alkalmazásával a könyvtárkészítés második lépéseként. A reakció 10 mg/ml BSA-t és 200 nM indexáló P5 és P7 primert tartalmazott. A PCR-ciklusok a következők voltak: 95°C 5 percig, majd 12 ciklus, mindegyik: 95°C 15 másodperc, 60°C 30 másodperc, 68°C 3 másodperc, végül 5 perc 68°C-on. A könyvtárak tisztítását MinElute oszlopokkal végeztük, 20 μ l-ben eluálva.

Negatív kontrollként DNS-mentes könyvtárakat és UDG-kezelés nélküli könyvtárakat használtunk.

Alacsony lefedettségű shotgun szekvenálás

A DNS-koncentráció meghatározása dsDNA High Sensitivity Assay kit segítségével történt, Qubit 3.0 Fluorométer alkalmazásával. A fragmentumok méretét az Agilent TapeStation automata elektroforézis rendszerével határoztuk meg. Az egyes könyvtárakban található endogén humán DNS pontos mennyiségének meghatározását alacsony lefedettségű shotgun szekvenálással végeztük az Illumina iSeq 100 platformon, páros végű (paired-end) szekvenálási technikával (2 \times 150 bp), a gyártó előírásainak megfelelően. A célpont olvasat mennyisége hozzávetőlegesen mintánként minimum 100.000 olvasat volt a precíz endogén DNS mennyiség meghatározásának céljából.

Teljes genom szekvenálás

A teljes genomok szekvenálását Illumina NovaSeq 6000 készüléken végeztük, páros végű (paired-end) szekvenálási technikával (2 \times 150 bp), a gyártó előírásainak megfelelően.

Bioinformatikai feldolgozás

A páros végű olvasatokból az adaptereket a Cutadapt szoftverrel eltávolítottuk [doi:10.14806/ej.17.1.200] (Martin, 2011), az olvasatok minőségét pedig a FastQC (FastQC, 2015) segítségével értékeltük. Az elemzésbe kizárólag 25 nukleotidnál hosszabb olvasatokat vontunk be. Az olvasatokat a GRCh37.75 humán referencia-genomhoz illesztettük, amely tartalmazza a mitokondriális genom Cambridge-referencia szekvenciáját (rCRS, NC_012920.1) is, a BWA v0.7.9 szoftverrel segítségével (Li & Durbin, 2009). A BWA mem algoritmust páros végű módban, alapértelmezett beállításokkal használtuk. A nem-endogén eredetű DNS olvasatok eltávolítására egy kiegészítő szűrést alkalmaztunk (Maróti et al., 2022), így kizárólag azok a szekvenciák kerültek az elemzésbe, amelyek legalább 90%-os hasonlóságot mutattak a referencia-genomhoz. A különböző szekvenálási lane-ekből származó

szekvenciákat Samtools v1.1 (Li et al., 2009) segítségével egyesítettük. A duplikátumokat a PICARD Tools csomaggal azonosítottuk be (Broad Institute Picard Tools, 2016), és a BAM fájlokban található páros végű olvasatokat pedig az ATLAS csomag „mergeReads” task segítségével vontuk össze (Link et al., 2017). A teljes genom minták haplotípus-meghatározását az ANGSD szoftverrel (verzió: 0.931–10-g09a0fc5) végeztük (Korneliussen et al., 2014), a következő paraméterekkel: "-do- HaploCall 1 -doCounts 1 -sites", felhasználva a HumanOrigins és 1240K koordinátákat a Reich laboratórium adatbázisaiból. A variánsokat ezt követően Plink-formátumba konvertáltuk.

Az ősi szekvenciák minőségellenőrzése

Az aDNS-re jellemző károsodási mintázatok vizsgálatát a MapDamage 2.0 szoftverrel végeztük (Jónsson et al., 2013). A mitokondriális genom kontaminációjának becslésére a Schmutzi algoritmust használtuk (Renaud et al., 2015), míg a férfi minták kontaminációjának értékelésére az ANGSD programot használtuk (Korneliussen et al., 2014).

Adathozzáférés

A mintákból származó nyers nukleotidszekvencia adatokat a European Nucleotide Archive adatbázisba töltöttük fel (<http://www.ebi.ac.uk/ena>), a következő hozzáférési számok alatt: PRJEB63184 (Báthory minták), illetve PRJEB72247 (Abasár minták). Minden adat nyilvánosan elérhető.

Biológiai nem meghatározása

A biológiai nem meghatározását a Skoglund et al. (2013) által leírt módszertan alapján végeztük, amely a shotgun szekvenálási olvasatok X/Y arányán alapul. Az ATLAS szoftvercsomag (Link et al., 2017) segítségével megvizsgáltuk a páros végű szekvencia adatok fragmentumhosszát, valamint kiszámítottuk az átlagos genomlefedettségeket (teljes genom, X, Y és mitokondriális), a BAMDiagnosics modul alkalmazásával. Az autoszomális, X, Y és mitokondriális kromoszómák lefedettségi eloszlásának részletes meghatározásához a mosdepth szoftvert használtuk (Pedersen és Quinlan, 2018).

Uniparentális haplocsoport-meghatározás

A mitokondriális haplocsoportok meghatározása a HaploGrep 2 szoftver (verzió: 2.1.25) segítségével történt (Weissensteiner et al., 2016), a Schmutzi Bayes-féle algoritmus által generált konszenzus endogén FASTA fájlok alapján. Az Y-kromoszómás haplocsoportok meghatározásához a Yleaf szoftvert használtuk (Ralf et al., 2018), amelyet az ISOGG2020 Y-fa adatkészletével frissítettünk.

Uniparentális haplocsoportok összehasonlító elemzése

Az uniparentális vonalak eredetének pontosabb megértése érdekében összehasonlító elemzést végeztünk ősi és modern genetikai adatbázisokkal. A mitokondriális haplocsoportokat ma élő és ősi teljes mitogenom-adatbázisokkal vetettük össze (Maár et al., 2021). Az Y-kromoszómás haplocsoportok esetében az elemzésbe bevontuk a Reich-adatbázis ősi mintáit, valamint a Yfull adatbázis (www.yfull.com) modern mintáit is. A vizsgált mintákkal azonos vagy azokhoz legközelebb álló haplocsoportot hordozó egyedek alapján határoztuk meg a legvalószínűbb filogenetikai eredetet. A minták legvalószínűbb származása az ilyen típusú egyezések alapján került megállapításra.

Filogenetikai vizsgálat a szilágyperecseni minták esetében

A FASTA szekvenciák illesztését a MAFFT szoftver 7-es verziójával végeztük el (Kato & Standley, 2013), a progresszív G-INS-1 opcióval. Az illesztett szekvenciákat Nexus formátumba konvertáltuk a MEGA program segítségével (Kumar et al., 2016), hogy medián összekötő hálózatokat (MJ-network) építhessünk (Bandelt et al., 1999). A filogeográfiai kapcsolatok meghatározásához a legközelebbi egyező minták földrajzi eredetét használtuk fel.

Az Aba család Y-kromoszómás vonalainak filogenetikai elemzése

A filogenetikai elemzéshez összegyűjtöttük az irodalomban dokumentált, N1a1a1a1a4 vagy annak alágaihoz tartozó összes elérhető ősi Y-kromoszóma BAM fájlt. Emellett az adatbázist kiegészítettük egy publikálatlan Xiongnu egyén (AG6F) Y-kromoszóma szekvenciájával, aki a mongóliai Ar Gunt lelőhelyen került feltárássra. Az ősi minták részletes adatai elérhetők itt: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110892>. A korábban publikált Y-haplocsoportokat ismételten kiértékeltek a Yleaf szoftverrel (Ralf et al., 2018), amely az ISOGG2020 Y-fa adatkészletével lett frissítve. Minden haplocsoportot meghatározó markert manuálisan ellenőriztünk az Integrated Genome Viewer (IGV) szoftverrel (Thorvaldsdottir et al., 2013). Ezután minden ősi és jelen vizsgálatban szereplő mintát a yfull.com/tree weboldalon elérhető Y-kromoszómás filogenetikai fa mélyebb ágaiba soroltunk, a markerkészletük alapján, manuális markerellenőrzéssel. Az eredmények elérhetők itt: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110892>. A filogenetikai fákat az ősi mintákban manuálisan ellenőrzött markerek alapján építettük fel, amelyeket modern egyének adataival egészítettünk ki a Yfull adatbázisból, elfogadva azok hivatalos besorolását.

Kinship analízis – Genetikai rokonság becslése

Az egyének közötti rokonsági kapcsolatok meghatározására a Nyerki et al. (2023) által kifejlesztett rokonsági elemzési módszert alkalmaztuk. Ez a módszer alacsony lefedettségű

genom adatok esetén is képes akár negyedfokú rokonság pontos beazonosítására. Az elemzést a 1240K adatszettel felhasználásával és az ANGSD csomaghoz tartozó PCAngsd szoftverrel (verzió: 0.99) végeztük (Korneliusson et al., 2014), a következő beállításokkal: `-inbreed 1 -kinship`. A PCAngsd által generált NumPy-kimeneti fájlokat az R program (verzió: 4.1.2) és az RcppCNPy R-csomag (verzió: 0.2.10) segítségével importáltuk az adatelemzéshez.

Közös IBD szakaszok elemzése

Az imputációhoz a GLIMPSE2 keretrendszert használtuk (verzió: 2.0.0) (Rubinacci et al., 2021), a 1KG Phase 3 referencia adatbázist alkalmazva. A referenciaadatokat normalizáltuk, majd a bcftools szoftverrel (verzió: 1.16-63-gc021478, htlib: 1.16-24-ge88e343) a `„norm -m -any”` parancs segítségével a multi-allélikus helyeket különállóvá bontottuk, ezt követően pedig a `„view -m 2 -M 2 -v snps”` paranccsal biallélikus SNP-kre szűrtük. Az emberi referencia-genom autoszomális kromoszómáit 580 szekvenciablokkra osztottuk fel a GLIMPSE2_chunk program `„-sequential”` opciójának használatával. A GLIMPSE2 publikáció előírásainak megfelelően a bináris referenciát a GLIMPSE2_split_reference eszközzel hoztuk létre az 580 genomikus régió és a 1KG biallélikus SNP variációk felhasználásával.

Az analízisbe kizárólag olyan mintákat vontunk be, amelyek átlagos genomlefedettsége meghaladta a $0,5\times$ értéket a teljes genom shotgun szekvenálás alapján, a GLIMPSE2 utasításaiban leírtak alapján. Azok a minták, amelyek mitokondriális kontaminációs szintje meghaladta a 0,03-as értéket a Schmutzi szoftverrel végzett mitokondriális kontaminációs elemzés alapján, kizárásra kerültek az analízisből (Renaud et al., 2015). Ezt a döntést az a megfigyelés indokolta, hogy a magasabb mitokondriális kontaminációval rendelkező minták (0,06–0,12 között) alacsonyabb egyezőséget mutattak a nagy lefedettségű aDNS-mintákkal végzett összehasonlítások során.

Az IBD szakaszok elemzéséhez a Python 3.6.8 környezetben futó ancIBD (verzió: 0.5) library-kezt használtuk. A (Ringbauer et al., 2024) által leírtak szerint a phased és imputált variánsokat utólag szűrtük, és csak azokat a pozíciókat tartottuk meg, amelyek megfeleltek a 1240K AADR markerállománynak, majd ezeket HDF5 formátumba konvertáltuk. Az IBD-szakaszok azonosításához az aDNS-re optimalizált alapértelmezett paramétereket alkalmaztuk, amelyek a következők: `haploid_gl2` emissziós modell, `FiveStateScaled` HMM modell, valamint a `p_col='variants/RAF'` beállítás, amely a GLIMPSE2 által imputált variánsok referencia allélgyakorisági adatait használja. Az összes legalább 4 centimorgan (cM) hosszúságú IBD-szakaszt azonosítottuk. Az így azonosított IBD-szakaszokat ezután maszkoltuk a `mask.track` fájlban megadott koordináták alapján. Ez a lépés azért volt szükséges, hogy kiszűrjük a humán

referencia-genom alacsony információtartalmú régióiból származó hamis pozitív szakaszokat. Az így fennmaradó IBD-szakaszokat további szűrésnek vetettük alá: csak azok a szakaszok maradtak meg, amelyek legalább 8 cM hosszúságúak, és legalább 220 SNP/cM marker sűrűséggel rendelkeztek.

A közös IBD-hálózatot az R környezetben készítettük el, a ggplot2 (<https://ggplot2.tidyverse.org/>) és az igraph (<https://igraph.org/>) csomagok alkalmazásával, a Fruchterman–Reingold rendezési algoritmus segítségével.

F3-statisztika

Az outgroup F3-statisztikát (Raghavan et al., 2014) használtuk annak mérésére, hogy a vizsgált mintáink milyen mértékben osztoznak genetikai sodródáson (drift) ősi és modern európai populációkkal. A legmagasabb F3-értékek közös evolúciós történetre utalnak az összehasonlított populációk között. Az elemzésbe kizárólag Krisztus utáni időszakból származó európai populációkat vontunk be az AADR adatbázis (verzió: v52.2) alapján. Emellett bevontunk minden középkori egyént a Kárpát-medencéből Maróti et al. (2022) tanulmánya alapján. Ez összesen 502 ősi és modern egyént jelentett. Outgroupként az afrikai Mbuti populáció genomját használtuk. Az F3-statisztikát az ADMIXTOOLS programcsomaggal számoltuk (Patterson et al., 2012). Az elemzést elvégeztük a Human Origins (HO) adatbázis alapján is, kizárva azokat a populációkat, amelyek kevesebb mint 50 ezer egyező markerrel rendelkeztek.

F4-statisztika

Az F4-statisztikát mintáink és a referenciaadatok közötti genetikai viszonyok további vizsgálatára alkalmaztuk. Az F4-statisztika alkalmas arra, hogy egy javasolt populációgenetikai fa struktúráját megerősítse, vagy hogy két külön referencia-populáció viszonylatában kimutassa a minták genetikai kötődéseit (Patterson et al., 2012). A következő felépítésű F4-kompozíciót alkalmaztuk: F4 (Ethiopia_4500BP.SG, Test; Reference, Lithuania). Ebben a modellben az Ethiopia_4500BP.SG mintát outgroupként használtuk (Lipson et al., 2022), a Test helyén szerepeltek a vizsgált minták, a Reference részben pedig a javasolt modern referenciapopulációk szerepeltek Litvánia kivételével. Litvánia rögzített (anchored) referenciaként szolgált, amelyhez minden más populációt viszonyítottunk. Az F4-értékek számítását az ADMIXTOOLS programcsomag qpF4ratio moduljával végeztük (Patterson et al., 2012).

qpAdm elemzés

Mintáink genetikai eredetének lemodellezésére a qpAdm módszert alkalmaztuk (Harney et al., 2021), az ADMIXTOOLS szoftvercsomag részeként (Patterson et al., 2012), amely lehetővé teszi a genomok két forráspopuláció keverékeként történő modellezését, és kiszámítja az ősből származó arányokat. Az elemzéshez a Human Origins (HO) adatbázist használtuk, mivel ez tartalmaz recens populációkat is referenciaként, amelyek más formátumban nem álltak rendelkezésre. A paraméterek között a YES opció beállításra került, amely a modellilleszkedés helyességét mérő Z-értékeket számítja ki Block Jackknife szimuláció segítségével. Az almodellek kizárására a „model-competition” megközelítést alkalmaztuk (Maróti et al., 2022 leírása alapján). A „Left-populations” (forráspopulációk) többségi összetevőikhez a „Eur_Core” populációkat használtuk (Maróti et al., 2022), amelyek a Kárpát-medence középkori helyi lakosságát reprezentálják. Emellett hozzáadtunk 10 ősi populációt, amelyek a legmagasabb outgroup F3-értékeket mutatták, mivel ezek szintén megfelelő forrásjelöltek lehetnek a többségi eredetre vonatkozóan. Ezt a 10 ősi populációt az outgroup F3-statisztikák top 30 találatából választottuk ki, azok közül, amelyek a vizsgált minták között a leggyakrabban fordultak elő (részletes táblázat: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>). A „Left-populations” kisebbségi forrásainak modellezésére az alábbi, korábban leírt középkori bevándorló csoportokat használtuk: Conq_Asia_Core, Avar_Asia_Core, Hun_Asia_Core és Alan (Maróti et al., 2022). A „Right” (referencia) populációkhoz a következő csoportokat alkalmaztuk: Iran_GanjDareh_N, Anatolia_N, Latvia_HG, Baikal_EN (Lokomotiv, Shamanka), WSHG (Tyumen, Sosnoviy), Russia_MLBA_Sintashta, Finnish, Han és Ket. mivel az adatok szerint ezek megfelelő referenciapopulációk a középkori magyar populációk modellezéséhez (Maróti et al., 2022).

Az abasári minták unsupervised ADMIXTURE analízise

Az unsupervised ADMIXTURE-elemzést a Maróti et al. (2022) által leírt protokoll szerint végeztük. Az elemzéshez egy 4003 genomot tartalmazó adatbázist használtunk, amely 1314 modern genomot tartalmazott a HO adatbázisból, valamint 2689 ősi genomot, kiegészítve a jelen tanulmányban szereplő 18 mintával. Az eredmények pontosságának biztosítása érdekében minden első- és másodfokú rokonságban álló egyént kizártunk az elemzésekből. Továbbá a HUAS55B mintát kizártuk, mivel elsőfokú rokonságban állt HUAS59B-vel (az eredmények elérhetők: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110892>).

Főkomponens-analízis (PCA)

A populációs struktúra megértése céljából főkomponens-analízist (PCA) végeztünk a teljes genom adatok felhasználásával (Patterson et al., 2006). A PCA egy olyan módszer, amely lehetővé teszi a többdimenziós adatok vizualizálását úgy, hogy azok komplexitását két vagy három főkomponensre redukálja. Az első és a második főkomponens a legnagyobb variációt tükrözi az adatokban. A PCA az egyedeket genetikai hasonlóságuk alapján klaszterekbe rendezi az egymáshoz legközelebb álló genomokat úgy, hogy csoportosítja azokat.

Ősi mintáinkat a modern referenciaadatok alapján számított PCA-tengelyekre vetítettük. Az elemzés célja egy feltételezhetően erősen rétegzett késő középkori európai populáció genetikai szerkezetének feltérképezése volt. Ezért a referenciaháttér Nyugat-Eurázsia (az Urál-hegységtől nyugatra fekvő régiók) és Észak-Afrika populációira korlátozódott (a modern minták listája elérhető: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>). Ez a megközelítés pontosabb genetikai értelmezést tett lehetővé.

A Báthory mintákhoz első körben a Mittnik et al. (2018) tanulmányban szereplő Nyugat-Eurázsiai referencialistát használtuk, kisebb módosításokkal. Az egyéneket a Reich-laboratórium AADR adatbázisából választottuk ki (1240K + HO, verzió: v54.1). A 10 513 kortárs egyénből 784 egyént választottunk ki 85 különböző populációból. A PCA eigenvektorait ezen 784 pszeudo-haploidizált modern genom alapján számoltuk a smartpca programmal (EIGENSOFT 7.2.1).

Az Abasár mintákhoz, illetve a Báthory családdal való összefüggésének a kimutatásához a Mittnik et al. (2018) tanulmányban szereplő 803 nyugat-eurázsiai genomot, valamint a Maróti et al. (2022) által közölt eurázsiai HO adatokat használtuk fel. A minták első két főkomponens menti legjobb szétválasztása érdekében kizártuk a délkelet-ázsiai és közel-keleti populációkat, és az egyes megmaradó populációkból csak 10 egyént választottunk ki. Így 1397 modern egyénből álló referenciaállomány jött létre, 179 populációból. A PCA eigenvektorait mindkét esetben a smartpca programmal (EIGENSOFT 7.2.1) számoltuk, 803 és 1397 pszeudo-haploidizált modern genom alapján.

Az ősi genomokat a recens referenciaháttérre a „lsqproject: YES” és „inbreed: YES” beállításokkal vetítettük rá. A populációk földrajzi eloszlásának pontosabb reprezentálása érdekében a két főkomponens elforgattuk.

7. A Báthory család archeogenetikai kutatása

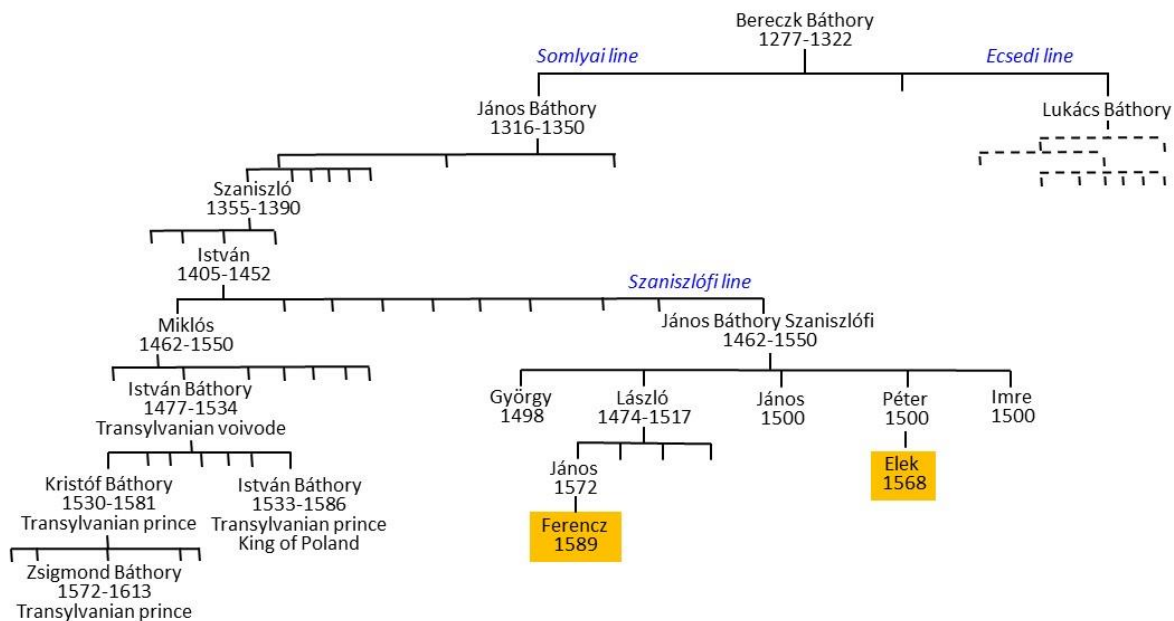
A szilágyperecseni lelőhely és annak története

A neves család Szilágyperecsenben található temploma, a török hadjáratok során (1658–1660) teljes mértékben elpusztult. Egy ásatás során, a 17. századra keltezhető, két reneszánsz sírkőlap került elő, melyeket a kutatók a Báthory családdal hoztak kapcsolatba. Ezeket ma a Szilágyperecseni Református templom őrzi. A sírköveken két férfi alakja található, akik háton fekvő, lovagi páncélban ábrázolva láthatóak (7. ábra). Az egyik sírkövön továbbá a Báthory család címere is megjelenik. (Culic, 2016) (9. ábra). 2017 és 2021 között, a református templom körül végzett régészeti feltárások során előkerültek a családi kápolna maradványai (8. ábra).

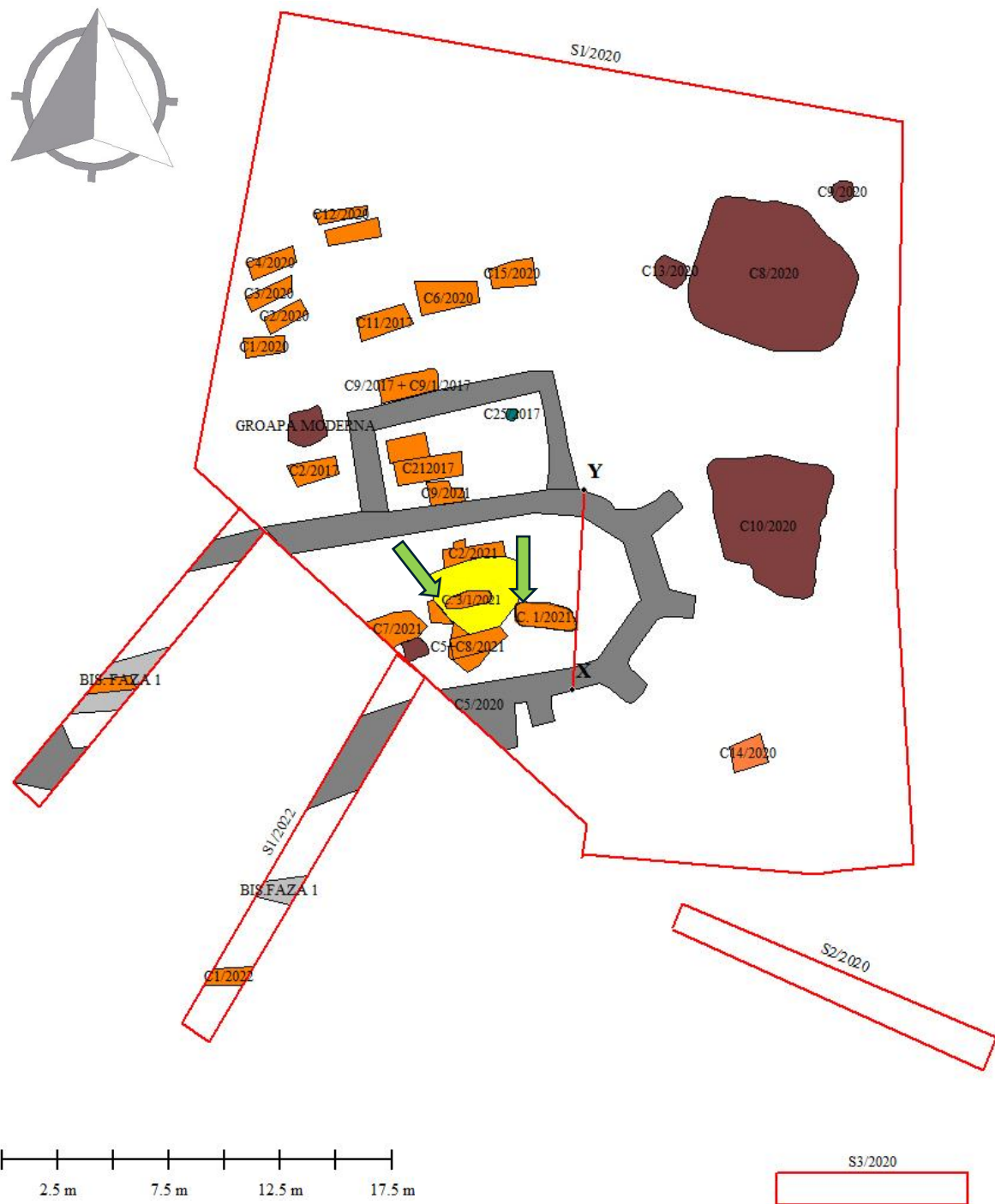
Egy újabb régészeti feltárás során Periceiben (Szilágyperecsen, Szilágy megye, Erdély/Románia) (5. ábra) új információk láttak napvilágot a Báthory családdal kapcsolatban (Băcuet-Crișan & Keresztes, 2021).

A templomon belüli középkori sírok között két temetkezés, a C.1/2021 és a C.3/1/2021 (5. ábra) különösen érdekes volt a kutatók számára, hiszen a mellékletek alapján nagy valószínűséggel a Báthory család tagjait találták meg (Băcuet-Crișan és Keresztes, 2021). Az egyik sír rendkívül értékes volt (10. ábra), amelyből sisak, nielló technikával díszített, aranyozott elemekkel gazdagított páncél, szablyák, sarkantyúk, valamint geometrikus díszítésű buzogány is előkerült. Ezek a leletek egyértelműen egy magas rangú nemesi vagy arisztokrata temetkezésére utalnak.

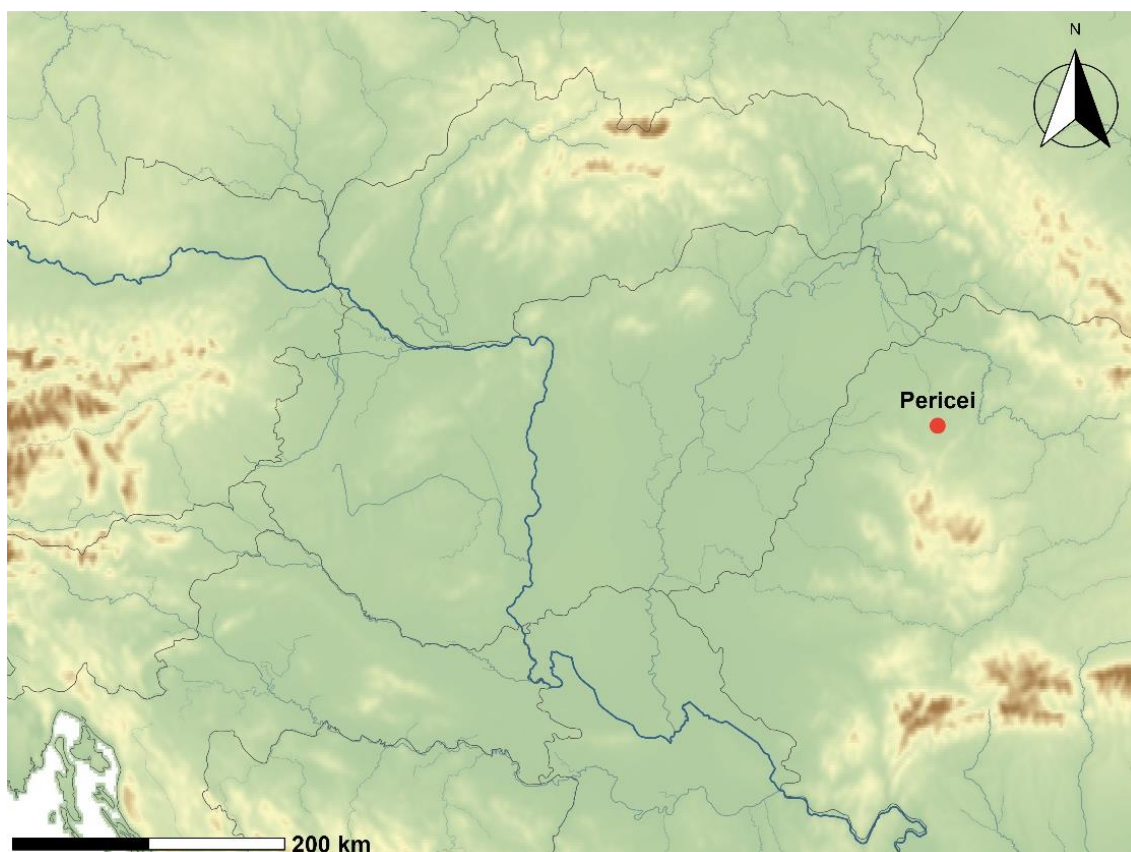
A család szilágyperecseni jelenléte a Szaniszlófi ággal kezdődött, amely jelentős birtokokat szerzett a környéken, beleértve egy nagy házat, amelyet egy 1559-es dokumentum említ („Hungarian National Archive Section P, No. 702”), egy „domus et curia nobiliaris”, amely egy 1602 előtti dokumentumban szerepel („Hungarian National Archive Section P, No. 108”), továbbá egy 1625-ből származó forrás által említett kastély, a „castello Perechen”, valamint egy kápolna, ahol két felnőtt Báthory-családtagot temettek el („Hungarian National Archive Section P, No. 108”; I. Nagy, 1857). A történeti források szerint a kápolnában eltemetett két személy Báthory Elek és Báthory Ferenc volt (Bunyitay, 1986; Emödi, 2002) (4. ábra).



4. ábra. A Báthori család családfájának főbb ágai (Wertner, 1900 alapján). Néhány családtag születési és halálozási dátuma ismeretlen. A dátumokat a dokumentumokban említettek szerint rögzítettük. A pericei templomban eltemetett felnőtt tagok sárga színnel lettek jelölve.



5. ábra A szilagyeperecsi lelőhely feltárásáról készült feltérési rajz. A középkori templom (5.ábra) geometriai középpontjában található, zöld nyilakkal jelölt C.1/2021-es és a C.3/1/2021-es sírokkal, melyek kiemelten fontosak lehetnek a történelmi írásos források alapján. A rajz a Szilagy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeum munkatársainak publikálatlan munkája.



6. ábra. Pericei / Szilágyperecsen elhelyezkedése, Szilágy megye, Erdély, Románia

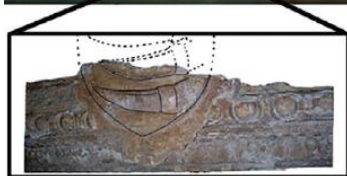
Az 5. ábrán található sírokból feltárt csontvázmaradványokon archeogenetikai elemzését végeztük el. Mivel korábban nem állt rendelkezésre genetikai adat a Báthory nemzedék egyetlen tagjáról sem, ezért a kutatásunk célja az volt, hogy az első genetikai adatokat nyújthassuk erről a nemesi családról. Emellett célunk volt a temető népszerűség szerkezetének vizsgálata a szilágyperecseni ősi kápolnában feltárt 14 emberi maradvány genomjának szekvenálásával és genetikai kapcsolataik megállapításával, autoszómális, Y kromoszómális és mitokondriális markerek segítségével.



7. ábra. A Báthory család két tagjának sírkőlapjai a szilágypercesi református templomban.



8. ábra. A középkori templom maradványai, amelyeket 2020-ban tártak fel (a zilahi Történelmi és Művészeti Múzeum fotóarchívuma).



**Báthory
coat of
arms**

9. ábra. A Báthory-címer rekonstrukciója.



10. ábra. Temetkezési kontextus: páncélt viselő nemes férfi ólomkoporsós sírja (a Szilágy Megyei Történelmi és Szépüvészeti Múzeum fotóarchívuma).

A szilágyperecseni lelőhely antropológiai vizsgálata

A feltárást követően, az antropológiai vizsgálatokat Dr. Gál Szilárd Sándor antropológus végezte el a Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeum munkatársai számára. A doktori dolgozatomban található adatok, mivel azok még publikálatlan eredményeket is tartalmaznak, a Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeum munkatársai kérését tiszteletben tartva, a feltárás és az antropológiai vizsgálat csak egy kiemelt részét mutatják be.

A C.1/2021-es sírból (5. ábra), mely gazdag sírmellékletet tartalmazott (10. ábra) egy töredékesen fennmaradt emberi csontváz került elő, mely az archeogenetikai kutatások során a PER01-es laboratóriumi azonosítót kapta. A koponya jegyei (nyakszirti kiemelkedés, csecsnyúlvány) és a hosszú csontok méretei férfi egyénre utalnak. A külső és belső koponyavarratok, valamint a szeméremcsont felszíne alapján az egyén 50 év feletti felnőtt volt. Sjøvold és Rösing módszere szerint kb. 172 cm – magas termetű egyén lehetett. Fogszuvasodást, paradontóvizist, fertőzés nyomait az acetabulum környékén (valószínűleg artrózis) állapítottak meg, mint kóros elváltozások Epigenetikus jellegzetességei: supratrochlearis csatorna a bal szemöldöktájékon.

A C.3/1/2021-es sírből (5. ábra) két egyén került elő. Egy női csontváz maradványai, valamint a PER03-1-es laboratóriumi azonosítóval ellátott egyén, aki egy feltételezhetően 40 év körüli férfi volt, erősen kopott fogazattal, fogszuvasodással, ízületi kopásokkal.

A Báthory család szilágyperecseni maradványainak vizsgálata során nyert genetikai eredmények

A Szilágyperecsenben feltárt sírokban található egyének NGS eredményeit az 1. táblázat és az F1. táblázat tartalmazza (*Az F elnevezésű táblázatok a továbbiakban a Függelék fejezetben kerülnek bemutatásra*). A Genomok lefedettsége 0,16x és 3,25x között változott, 1,07x-es átlagos lefedettséggel. Teljes mitogenom szekvenciákat állítottunk össze, melyek lefedettsége 30x és 361x között mozgott, átlagosan 154x-es lefedettséggel. A minták többsége esetében a Schmutzi program alacsony mitokondriális kontaminációt becsült, melyek jellemzően 1%-2% között mozogtak, egy szembetűnő kivétellel a PER04B minta esetében, ahol 8%-os kontaminációt kaptunk. Az X kromoszómás kontamináció minden minta esetében 1% alatti volt, kivéve a PER02 minta esetében, ahol a kontamináció értéke 5,6% volt.

A mitokondriális és Y-kromoszómás haplocsoportokat a 2. táblázat és az F2. táblázat tartalmazza. A biológiai nem meghatározása az 1. táblázatban és az F3. táblázatban található. Az Y-kromoszómát meghatározó SNP-k listája az F4. függelék táblázatban, míg a mitogenomok részletes adatai az F5. táblázatban érhetőek el.

1. táblázat. A szilágyperecseni minták NGS adatainak összefoglalása.

Sample ID/PER	01	02	03-1	04A	04B	05	08	09	09A	09B	10	11	22
Sample source	petrosa	tooth	petrosa	petrosa	petrosa	tooth	tooth	petrosa	petrosa	petrosa	petrosa	petrosa	petrosa
Endogenous DNA	27.7%	20%	20.2%	13%	49.5%	58.4%	64%	12%	9.4%	23.3%	14.6%	74.3%	82.2%
Total no of reads (M.)	222.7	49.8	366.7	67.8	112.4	44.5	190.3	1647.0	182.7	653.0	33.0	70.7	30.7
No of unique reads (M.)	50.8	9.1	40.0	28.2	56.8	26.6	23.4	128.5	42.2	89.8	22.2	54.9	24.4
Avg. genome cov. (fold)	1.11	0.16	0.71	0.65	1.33	0.56	0.74	3.25	1.18	1.92	0.39	1.29	0.63
Avg. X-chr. coverage	0.61	0.09	0.39	0.35	0.71	0.57	0.4	1.71	1.21	1.96	0.22	0.69	0.64
Avg. Y-chr. coverage	0.50	0.07	0.28	0.26	0.53	0.02	0.29	1.02	0.04	0.06	0.13	0.44	0.02
MT bps covered >5x	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	99%	100%	100%
Schmutzi MT contamination	1%	2%	1%	1%	8%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%
ANGSD X contamination	0.7%	5.6%	0.7%	1.1%	0.5%	N/A	0.9%	0.6%	N/A	N/A	0.9%	0.4%	N/A
Sex det. (Skoglund)	XY	XY	XY	XY	XY	XX	XY	XY	XX	XX	XY	XY	XX

Rokonsági kapcsolatok a temetőn belül

A páncélt viselő egyén (PER01 minta) és a szomszédos sírból származó PER03-1 minta negyedfokú rokonságot mutatott, valamint azonos Y-kromoszómás haplocsoportba (R1b-S498, R1b1a1b1a1a1c1a) tartoztak (lásd F6 függelék táblázat). Ez a közeli genetikai kapcsolat, valamint a két egyén egymáshoz közeli temetkezési helye alátámaszthatja azt a feltételezést, miszerint ezek a csontmaradványok a történelmi forrásokban említett Báthory Elekhez és Báthory Ferenczhez tartozhatnak.

A rokonsági vizsgálattal további családi kapcsolatokat is kimutattunk a középkori kápolnában eltemetett egyének között (F6. táblázat). Különösen érdekes, hogy a PER02 és PER11 minták azonos mitokondriális haplotípust hordoztak és szintén negyedfokú rokonságban álltak egymással. Emellett PER02 és PER04A mintákat harmadfokú rokonokként tudtuk azonosítani. Bár PER11 és PER04A kapcsolata kevésbé biztos (>4. fok), az a tény, hogy

mindhárom egyént egymás közvetlen közelében temették el, alátámasztja azt a feltételezést, hogy a templom az egykor élt helyi nemesi családok temetkezési helyéül szolgált.

Y-kromoszómás haplocsoportok

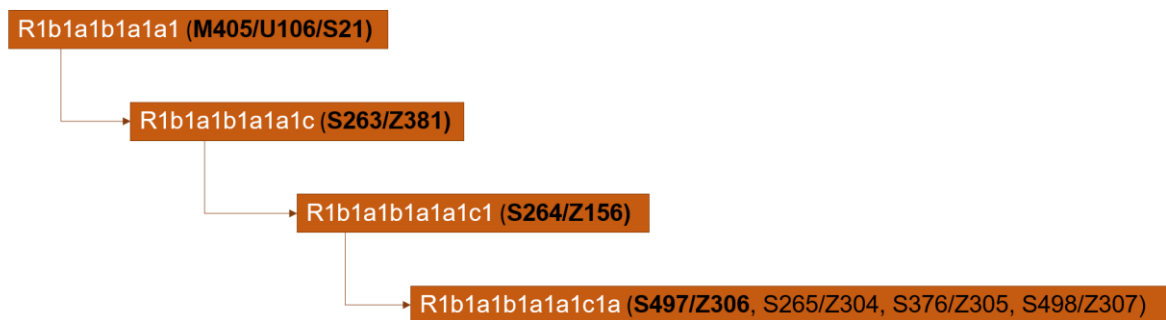
A 2. táblázat azon Y-kromoszómás haplocsoportok besorolását tartalmazza, melyeket az International Society of Genetic Genealogy (ISOGG) és filogenetikai alapú családfa-besorolások alapján állapítottunk meg. A két Báthory családhoz tartozó egyén (PER01 és PER03-1) azonos R1b1a1b1a1a1c1 (R1b-S264) Y-kromoszómás vonalat hordoz, és a haplocsoportot meghatározó markerek is megegyeznek. Bár a PER03-1 mintában a R-S498 marker, amely az R1b1a1b1a1a1c1a alcsoportot határozza meg, nem volt kimutatható a genom alacsony lefedettsége miatt, de a magasabb szintű haplocsoportokhoz tartozó markerek jelen voltak és azonosságot mutattak.

A szakirodalomban már korábban leírt, R1b-S264 alá sorolt ősi egyéneket három viking minta képviseli (VK396, VK143, VK323) (Margaryan et al., 2020), valamint egy középkori római (R58) (Antonio et al., 2019) és egy bajorországi középkori férfi (ALH-1) (Andreas et al., 2018). A YFull adatbázis szerint (<https://www.yfull.com>) az R1b-S264 haplocsoportba tartozó modern egyének többsége német nyelvterületekről származik, például Németországból, az Egyesült Királyságból, Svédországból, Dániából, Norvégiából és Hollandiából. Ez az elterjedés összhangban van a Báthory család jól dokumentált német–sváb eredetével.

A két Báthory családtag Y-kromoszómás vonala az R1b-S498 (R1b1a1b1a1a1c1a) haplocsoportba tartozott, amelyet gyakran társítanak germán eredetű populációkhoz. Ez az eredmény összhangban áll a magyar arisztokrata család sváb eredetével. Ez a haplocsoport az R1b-S263/Z381 (R1b1a1b1a1a1c) ágból származik, amely maga az R1b-M405/U106/S21 (R1b1a1b1a1a1) haplocsoportból ered (11. ábra). Az R1b-M405/U106/S21 (R1b1a1b1a1a1) haplocsoportot korábban kimutatták viking kori egyéneknél Dániából, Izlandról és Svédországból (Margaryan et al., 2020), valamint három 10. századi magyarországi mintában is azonosították (Neparáczki et al., 2019). Az R1b-S21 variánst gyakran nevezik „északnyugat-európai R1b-haplocsoportnak” vagy egyszerűen „germán haplocsoportnak”, mivel nagy gyakorisággal fordul elő Németországban, Ausztriában, Belgiumban, Dániában és Svájcban. Ennek a genetikai vonalnak az európai elterjedése nagyrészt a 3. és 10. század közötti germán népvándorlásoknak tulajdonítható (Lucotte, 2015).

A temetőben két további férfit az R-U106 haplocsoport különböző alágaiba, míg kettőt az I2a haplocsoportba tudtuk besorolni. Egy-egy egyént az R1a, Q1a, illetve J2a haplocsoportokba soroltunk (2. táblázat). Az I2 haplocsoport Európa egyik legrégebbi Y-

vonala, amely a késő paleolitikumban alakult ki (Jones et al., 2015), így ez kevésbé utal konkrét regionális eredetre. A PER09 mintában azonosított R-Y4383 vonal Közép- és Kelet-Európához köthető. A PER04A egyénnél azonosított J-PF7394 haplocsoport Közel-keleti eredetű, és hasonló szekvenciákat már Törökországban is kimutattak (Skourtanioti et al., 2020). A PER10 mintában található Q-YP821 alcsoport ma alacsony gyakorisággal fordul elő Magyarországon, Lengyelországban és Oroszországban, és valószínűleg a hun és mongol népvándorlások révén került Európába. A Q1a haplocsoportot korábban a hun, avar és honfoglaló magyar populációkban is azonosították (Maróti et al., 2022; Neparáczki et al., 2019).



11. ábra. Az R1b-M405/U106/S21 (R1b1a1b1a1a1) haplocsoport ágai.

Az ősi mintákban az R1b haplocsoport alágai – R1b1a2, R1b1a2a1a1c2b2b, valamint R1b1a2a1a1c2b2b1a1 – szinte kizárólag középkori férfiakkal fordultak elő, akiket egy alemann temetőben tártak fel Németországban (O’Sullivan et al., 2018). Ezek az eredmények tovább erősítik a Báthory család germán eredetére vonatkozó feltételezést, és jól illeszkednek Erdély etnikai összetételéhez, különös tekintettel a régióban évszázadokon át jelen lévő száz népeiségre.

Mitokondriális haplocsoportok a szilágyperecesi lelőhelyről

A PER09 minta kivételével, aki az A26 haplocsoportot hordozta, mely egy kelet-eurázsiai vonal, minden egyén nyugat-eurázsiai mitokondriális haplocsoportot mutatott (H, J, T és U) (2. táblázat és F5. táblázat). Az A26 egy olyan ritka alága az A haplocsoportnak, mely Kelet-Ázsiából eredeztethető, és többnyire Kínában, Szibériában vagy az amerikai kontinensen található meg (Volodko et al., 2008). Részletes információk az A26-os haplocsoportról igen korlátozottak, és az ilyen publikált minták közül kettő dániai eredetű, mely valószínűsíthetően a dán mitogenom-projekt (www.genomedenmark.dk) túlsúlyos adatközlési következménye lehet. Jelenlegi ismereteink szerint az A26-os haplocsoport a keleti bevándorlókkal érkezett Európába. Ezt alátámasztja az is, hogy korábban több avar és honfoglaló egyénnél is megfigyelhető volt ez a vonal (Maróti et al., 2022).

2. táblázat. A szilágyperecseni minták Y-kromoszómás és mitokondriális haplocsoportjai. Az Y-kromoszómás haplocsoportok meghatározó SNP-i és a mitokondriális haplocsoportokat meghatározó SNP-k az F5. táblázatban találhatóak.

Minta azonosító	Y chr. Hg (Family Tree)	Y chr. Hg (ISOGG, Yleaf)	Mitochondrial Hg (Haplogrep)
PER01	R-S498	R1b1a1b1a1a1c1a	H13a1a1a
PER02	I-CTS10936	I2a1a2b1	H7c4
PER03-1	R-S264	R1b1a1b1a1a1c1*	H1c
PER04A	J-PF7394	J2a1a1a2b2a1b1~	J1c10
PER04B	R-S1690	R1b1a1b1a1a1c2a1~	T2
PER05	woman	woman	U5a1b
PER08	R-S206	R1b1a1b1a1a2b2	H7e
PER09	R-Y4383	R1a1a1b1a2b3a3a2f~	A26
PER09A	woman	woman	H1n6
PER09B	woman	woman	T2b5
PER10	Q-YP821	Q1a2a1a4a~	J1c5a
PER11	I-BY25361	I2a1b2a2b2b	H7c4
PER22	woman	woman	U4c1

A PER03-1 minta a H1c mitokondriális haplocsoportba került besorolásra, mely egy olyan, már a neolitikumban meglévő haplocsoport volt, amit Európában és a Skandináv-félszigeten találhattunk. A haplocsoport korábbi képviselőit neolitikus mintákból azonosították Írországból (Cassidy et al., 2020), Franciaországból (Brunel et al., 2020) és Svédországból (Malmström et al., 2019), továbbá a bronzkori és vaskori német mintákban (Furtwängler et al., 2020; Mittnik et al., 2019), egy szkíta egyénnél Oroszországból (Unterländer et al., 2017), továbbá viking mintákból Lengyelországból, Svédországból és Dániából (Margaryan et al., 2020).

Egy ritka haplocsoport, a H7c4 is jelen volt két mintánál, a PER02 és PER11-es egyéneknél. Ez a haplocsoport bronzkori görög mintákban volt megtalálható (Clemente et al., 2021). Ezt a két egyént szomszédos sírokba temettek, és a rokonsági vizsgálat negyedfokú kapcsolatot mutatott ki köztük (F6. táblázat).

A J1c haplocsoport a J vonal leggyakoribb alága Európában. Két mintát (PER04A és PER10) soroltunk be ebbe a vonalba: J1c10 és J1c5a. A J1c10-et korábban iráni neolitikus (Narasimhan et al., 2019) és koraközépkori német mintákban (R. et al., 2018) találták meg. A J1c5a haplocsoport korai képviselőit Kazahsztánból és Oroszországból származó bronzkori mintákban azonosították (Narasimhan et al., 2019), és egy középkori angol mintában is megtalálható volt (Klunk et al., 2019).

Kettő, a T2b5-ös haplocsoportot hordozó egyént (PER09A és PER04B) is azonosítottunk. A T2 haplocsoport a Közel-Keletről származik, és a neolitikus populációkkal érkezett Európába. Napjainkban legnagyobb gyakorisággal Közép-, Nyugat- és Mediterrán Európában, valamint a Közel-Keleten fordul elő (Pala et al., 2012).

Az U5a1b alág az U5a haplocsoportból származik. Ez a haplocsoport Északkelet-Európában és Észak-Ázsiában gyakori és az indoeurópai népmozgásokkal hozható összefüggésbe. Képviselői a neolitikum óta megtalálhatóak Európa-szerte. Az U4c1 haplocsoport Európa számos régiójában és Közép-Ázsiában is előfordul. Ősi képviselőit megtalálták németországi harangedényes (Brandt et al., 2013) és oroszországi bronzkori mintákban is (W. Wang et al., 2021).

Filogenetikai vizsgálatok

A filogenetikai kapcsolatok kimutatásához és rekonstruálásához nyilvános adatbázisokból elérhető ősi minták haplocsoportjait használtuk. Az így rekonstruált törzsfákat az F1. ábrák tartalmazzák. A filogenetikai fák alapján általánosságban elmondható az, hogy észak-európai és ázsiai sztyeppei kapcsolatokat mutatnak. Ez még inkább alátámasztja a Szilágyperecsenben talált egyének germán eredetét, kiegészülve sztyeppei genetikai elemekkel.

Az egyének egyedi genomösszetétele

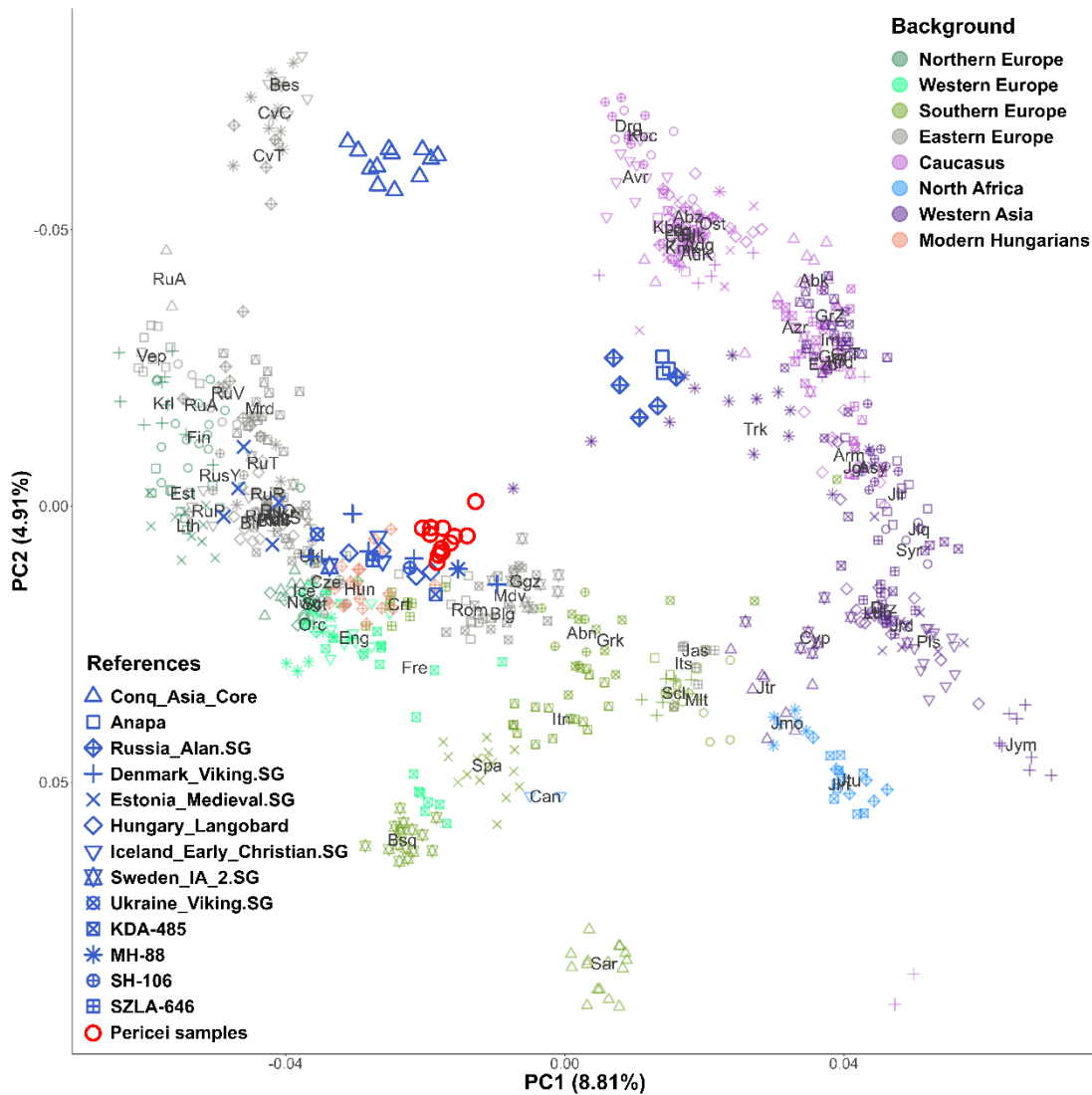
A szilágyperecseni középkori genomokat, egy az európai modern minták alapján készített tengelyekre vetítettük a főkomponens-analízishez (PCA), melyet a 11. ábra mutat be. Az adathalmazból a genom nem megfelelő lefedettsége miatt a PER02-es mintát eltávolítottuk a további populációgenetikai elemzésekből.

A PCA vagy főkomponens analízis egy olyan statisztikai módszer, aminek a segítségével a genetikai hasonlóságok és különbségek vizuális ábrázolására van lehetőségünk. A genetikailag egymásra hasonlító minták közelebb, a kevésbé hasonlóak távolabb kerülnek a tengelyek mentén.

A PCA eredményei egy egybefüggő klasztert mutatnak, amely kelet-európai populációkhoz áll közel, mint például a csehek, magyarok, horvátok és románok. Ugyanakkor a klaszter kissé eltolódik a mai európai mintáktól. Ez másodlagos származásra utalhat, feltehetően kelet-eurázsiai eredettel.

A szilágyperecseni minták jól látható genetikai rokonságot mutatnak a litvánokkal és más balti, illetve észak-európai populációkkal, amit az F4-statisztikáink eredményei is megerősítettek. Ezek az eredmények alátámasztják a Báthory család eredetére vonatkozó történeti írásos forrásokat, miszerint a család Svábföldről származott, de ugyanakkor germán vagy balti eredet lehetőségét is felvetik.

A PCA olyan elkülönülő genetikai pozícióba helyezi a mintákat, amelyet egyetlen ismert modern nyugat-ázsiai populáció sem mutat. További kutatásokra lehet szükség a minták pontos genetikai összetételének meghatározásához, különösen, ha időben közelebbi, releváns ősi referenciaadatok is bevonásra kerülnek.



12. ábra. A Szilágyperecsenben eltemetett egyének európai PCA-ja (piros körök) 784 modern genom alapján számított főkomponens-tengelyekre vetítve, 85 populációból. A modern populációk azonosítói az S7. táblázatban találhatóak.

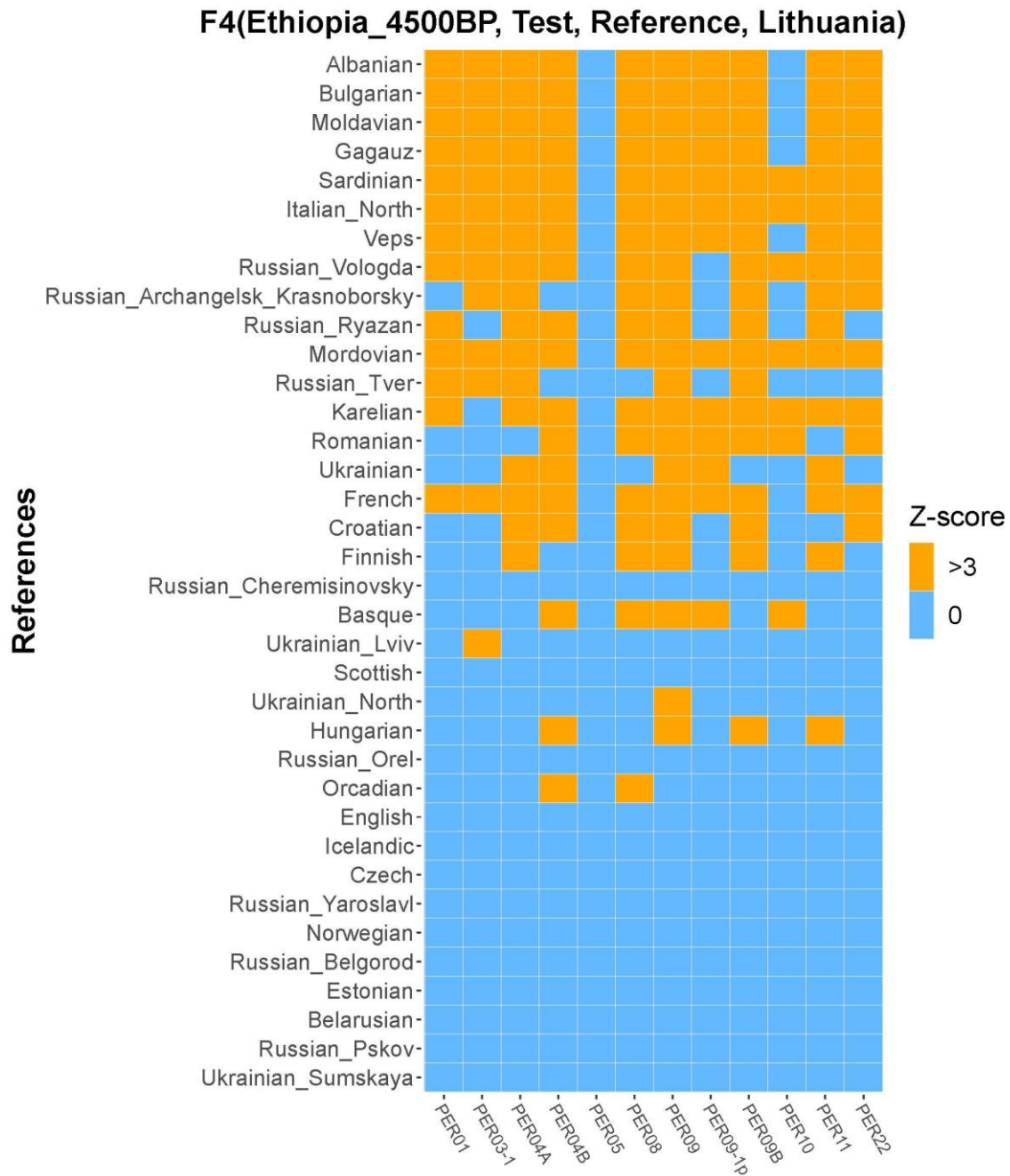
F3-outgroup statisztikát alkalmaztunk annak érdekében, hogy azonosítsuk azokat az európai populációkat, melyek genetikai szempontból közeli kapcsolatban álltak a Szilágyperecsenben feltárt egyénekkel. Az eredmények alapján kimondhatjuk, hogy a szilágyperecseni minták legnagyobb genetikai hasonlóságot északnyugat-európai (köztük Izland, Egyesült Királyság, Svédország, Norvégia, Dánia, Litvánia és Észtország) egyénekkel, valamint középkori magyar mintákkal mutatnak (az eredmények megtekinthetőek: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>).

A qpAdm-analízis alapján, a szilágyperecseni minták származása túlnyomó részt középkori magyar vagy észak-európai populációkból vezethető le. Emellett kisebb arányú (1–10%) genetikai keveredést azonosítottunk keleti bevándorló csoportoktól, például a

Conq_Asia_Core és Avar_Asia_Core komponensektől. Alternatív modellek kis mértékű (10–30%) iráni eredetű génkészlet jelenlétét is kimutatták a Kaukázus térségéből, például alán vagy anapai forrásokból. A középkori magyar populációk genomjai szintén tartalmazzák ezeket a kevert elemeket (Maróti et al., 2022), ami továbbá megerősíti azt a feltételezést, hogy a Szilágyperecsenben feltárt egyének germán eredetűek, de genetikai keveredést mutatnak a Kárpát-medence őshonos csoportjaival, köztük a hun, avar és honfoglaló keleti sztyeppei népekkel (az eredmények megtekinthetőek: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>).

Az eredmények további megerősítése érdekében F4 statisztikát alkalmaztunk, melyet a 13. ábra mutat be. A referencia adathalmaz ugyanaz volt, mint a korábbi elemzésekben. Az F4-statisztika megfelelő beállítás esetén lehetővé teszi a genetikai rokonság pontos összevetését két referencia-populáció viszonylatában. Az eddigi eredmények alapján a következő séma szerint végeztük az analízist: F4(Ethiopia_4500BP.SG, Test; Reference, Lithuania). A modell alapján a modern litván populációt használtuk rögzített referenciapopulációnak, amelyhez viszonyítva minden más modern referencia-populáció genetikai affinitását vizsgáltuk a „Reference” pozícióban. Az Ethiopia_4500BP.SG mintát outgroupként alkalmaztuk, amelyhez minden populáció azonos, szimmetrikus genetikai távolságot mutatott.

13. ábra. Az F4-statisztika eredményei. A kék szín nem szignifikáns F4-értéket jelöl, míg a narancssárga szín szignifikánsan pozitív F4-értéket. Az ábrán csak azok a populációk szerepelnek, amelyeknél legalább egy nem szignifikáns F4-érték előfordult (a teljes táblázat az F9. táblázatban található).



8. Az Abasár Bolt-tető lelőhelyen feltárt csontmaradványok genetikai elemzése

Régészeti feltárás Abasár Bolt-tető lelőhelyen

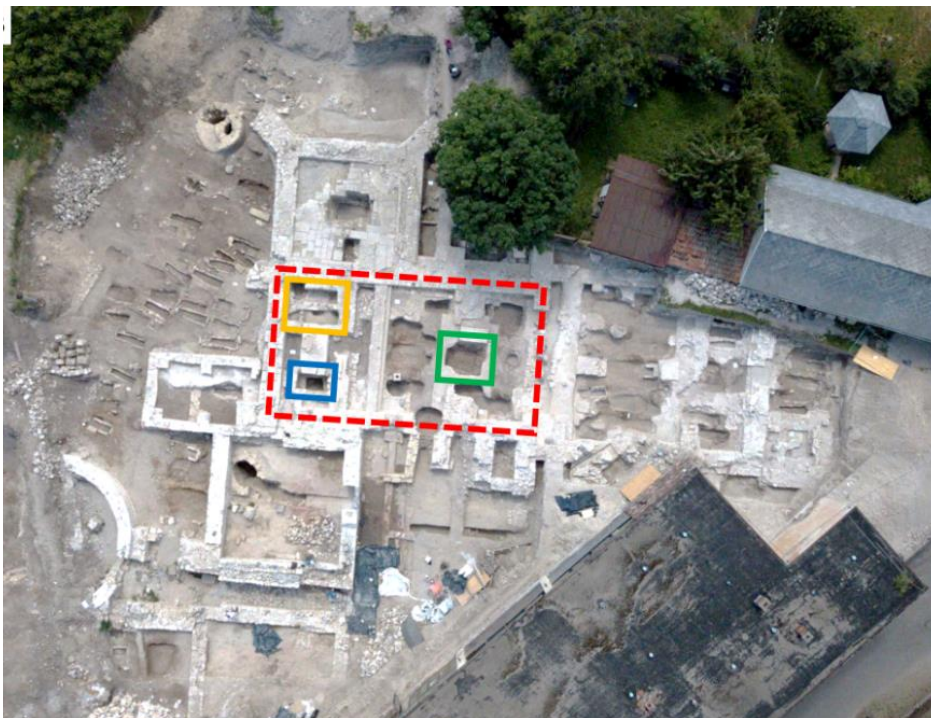
A közelmúltban végzett régészeti ásatások során feltárták az Aba család által temetkezésre használt templomot. Aba Sámuel sírját klasszikus régészeti megközelítéssel nem lehetett azonosítani, mivel a templomot a huszita háborúk idején megrongálták, és a sírok közül is sokat megbolygattak. Emiatt a kápolnában eltemetett személyek archeogenetikai elemzésére vállalkoztunk, ami egyedülálló lehetőséget kínált arra, hogy mélyebb betekintést nyerjünk a középkori Magyarország egyik legjelentősebb dinasztiájának genetikai összetételébe. Az Árpádok apai ági vonalát korábban már leírták (P. L. Nagy et al., 2021; Olasz et al., 2019; Varga et al., 2023; Wang, Posth, et al., 2021), így lehetőség nyílt annak vizsgálatára, hogy az Abák osztoztak-e ugyanazon apai genetikai vonalon. Amennyiben igen, az alátámaszthatná a történeti krónikák azon állítását, miszerint mindkét család Attilától származik.

Az Aba család eredetének feltárása érdekében archaeogenetikai módszerekkel az abasári Szent Péter és Pál apostol templomban eltemetett családtagok azonosítására törekedtünk, célunk volt továbbá a közeli rokoni kapcsolatok meghatározása, valamint az Abák apai vonalának filogenetikai összefüggéseinek vizsgálata.

A régészeti feltárások során, az észak-magyarországi Abasár Bolt-tető lelőhelyen (14. ábra) 2020-ban és 2022-ben kerültek elő először a monostor maradványai. Ekkor már jól látszódtak az építkezés különböző fázisai (15. ábra). A feltárást a Magyarságkutató Intézet Régészeti Kutatóközpontjának munkatársai vezették.



14. ábra. Az abasári Bolt-tető lelőhely elhelyezkedése Észak-Magyarországon



15. ábra. Az abasári Bolt-tető lelőhely régészeti feltárása madártávlatból, melyen jól kivehető a templom alaprajza, a körülötte található sírokkal együtt. A szentély területét a piros szaggatott vonal jelzi, míg a kiemelt temetkezések helyeit a sárga, a kék (1. számú sír) illetve a zöld színű négyzetek jelölik.

A középkori hagyományok és szokások gyakran azt írták elő, hogy a királyok és a nemesi magas rangú családok jelentős személyei templomokban kerüljenek végső nyugalmaikra. Az ásatás során ugyan a király sírját nem sikerült pontosan azonosítani, viszont több, az Aba nemzetségből származó kiemelkedő személy nyughelye is megtalálható a templom területén. A feltárás során a szentélyben egy olyan kőfedeles sírt találtak a régészek, melyen az Aba nemzetség címerének faragott ábrázolása, valamint egy felirat volt látható (16A ábra). Az utóbbi szerint Mihályt és Jánost, az Aba nemzetség tagjait, valamikor a 15. század elején temették ide.

A templom középső részén és a szentélyben további két sír került feltárássra, melyek fedelén ugyancsak az Aba nemzetség címere látható (1D ábra). Ezen felül még további két sír volt itt található (1C ábra). A megtalált és feltárt 5 sírből összesen 6 olyan emberi maradvány került elő, melyek valószínűleg az Aba család rangos képviselői lehettek. A maradványok a következő laboratóriumi azonosítószámokat kapták: HUAS55B, HUAS57, HUAS581, HUAS59B, HUAS261 és HUAS262.

Az Abasáron feltárt, 1. sírből származó csontmaradványok antropológiai vizsgálata

Az ásatást követően, az antropológiai vizsgálatokat, az NSZKK Debreceni Intézet igazságügyi antropológus szakértője, Dr. Dudás-Boda Eszter végezte el. A doktori dolgozat elkészültekor, csak az 1. számú, kékkel jelölt (15. ábra; 16A. ábra) sír antropológiai leírása készült el. A teljes antropológiai vizsgálat a dolgozat megírásakor még nem került publikálásra, így csak a dolgozat szempontjából fontos részletek kerülnek ismertetésre.

Az abasári 1. számú fedlapos sírből több rétegben kerültek elő maradványok, melyek legalább 9 személytől származtak. Az antropológiai vizsgálat szerinte, a csontok többsége férfiktól származott, a legalsó rétegben női morfológiai nemű csontok is megtalálhatóak voltak. A csontok többsége adultus és matusus kort mutatott, de fellelhető volt az infans, juvenis, valamint a senilis csoportokba sorolható csontmaradvány is. A csontok többségén megtalálható volt valamilyen trauma vagy degeneratív elváltozás, továbbá olyan fellelhető csontmaradvány is volt, melyen eszköz okozta gyógyult sérülés volt megfigyelhető.

A legfelső rétegben az „S8 felső réteg” csontmaradványai voltak megtalálhatóak, amik nem anatómiai rendben feküdtek. Az S8 rétegben két egyén (S46 és S47) maradványai anatómiai rendben feküdtek. Az S8 réteg alatt továbbá megtalálhatóak az S56-os és S57-es maradványok, szintén anatómiai rendben. A két személy, az előzetes értelmezés szerint lehetséges, hogy a sírfedélen szereplő nevekkkel vonható párhuzamba, így kiemelt jelentőségűek a sír eredeti funkciójának és annak megértésének szempontjából.

Az S57-es maradványok fölött egy különálló, rendezetlen csonttöredékekből álló réteg „S57 fölötti maradvány” is előkerült, ami valószínűleg egy másodlagos temetkezés volt.

Az S57 jelű maradványok anatómiai rendben került elő az abasári fedlapos sírból, és főként egyetlen személytől származik, noha néhány számfeletti csont (pl. koponya- és szegycsonttöredékek) jelenléte legalább két egyént valószínűsítenek. A csontvázak töredékes, morzsalékos állapotban maradtak fent és több csonton sötétlilas elszíneződés volt megfigyelhető.

Az egyik személy halálkorát a szeméremízületi felszín alapján 54–68 év közé, testmagasságát a hosszú csontok alapján 168–170 cm közé becsülték. A maradványok férfias jellegűek, és a fogazat alapján mérsékelt fogkőképződés, enyhe kopás, valamint egy rágófelszíni szuvasodás volt megfigyelhető. A fiatalabb egyéntől származó felső és alsó állcsontok nem részei az S57 vázának, így archeogenetikai szempontból az idősebb életkorúnak becsült egyén jelentheti az S57-es maradványok fő személyét (HUAS57).

Az S58 jelű csontmaradványok nem anatómiai rendben, de testtájanként rendezve feküdtek az S57-es jelű maradványok alatt. A maradványokat nagyszámú, különféle csontok alkották – köztük koponyatöredékek, állkapcsok, lapockák, hosszú csontok (felkar-, alkar-, comb-, lábszárcsontok), csigolyák, bordák, medencecsontok, valamint kéz- és lábcsontok. A csigolyák egy része anatómiai helyzetben kapcsolódott.

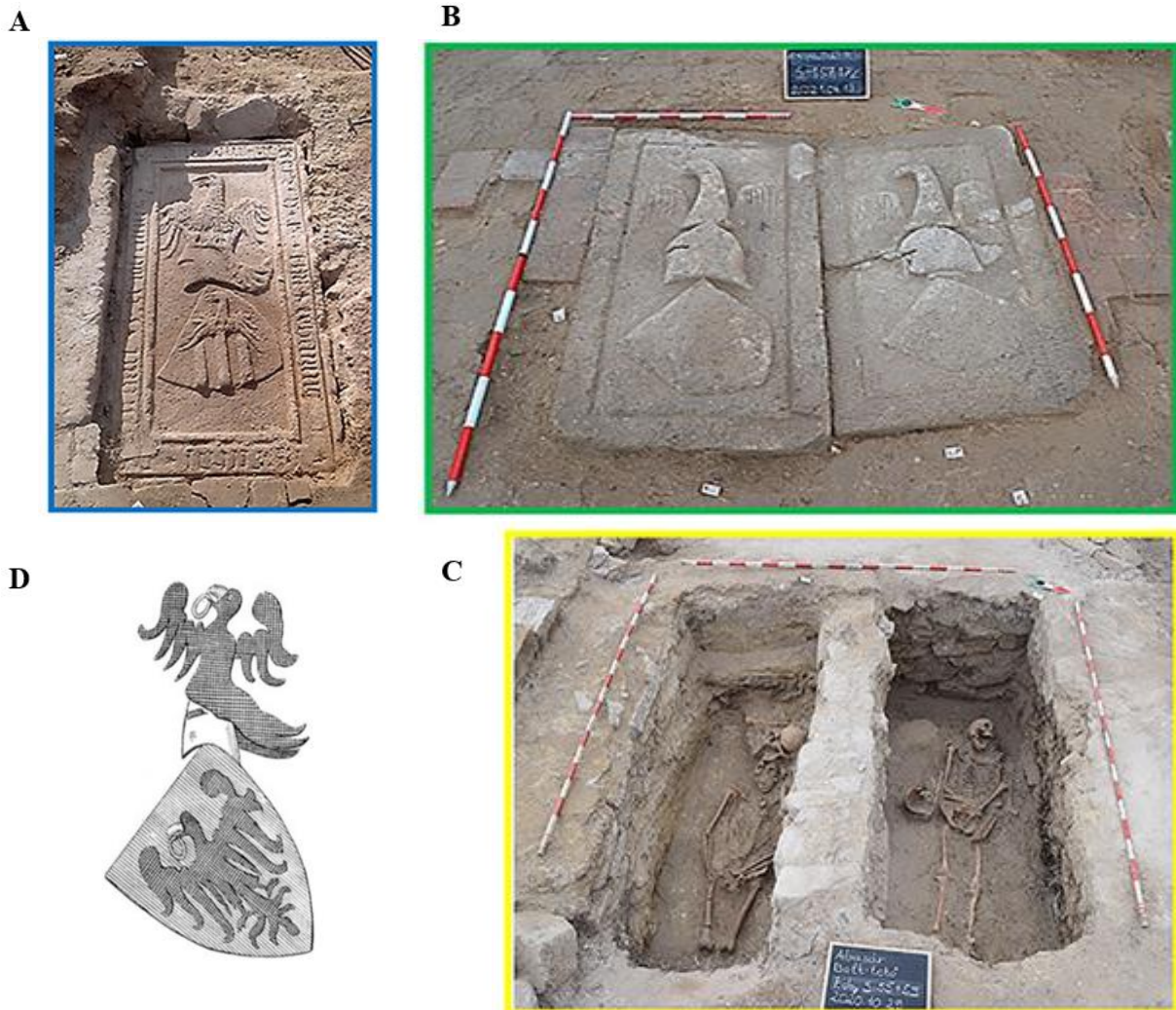
A maradványok legalább hét különböző egyéntől származhattak, köztük felnőttek (adultus: 18–40 év), serdülők (juvenis: 15–17 év) és gyermekek (infans: 0–14 év). A csontosodási felszínek vizsgálata alapján több csontnál hiányzott a végleges csontosodás, ami arra utal, hogy az egyének közül többen 11–18 éves koruk között haltak meg. Emellett az egyik bal oldali combcsont mérete (161 mm) és egy törött sípcsont részlete szintén 1,5–2 éves gyermekek csontmaradványai.

A nem meghatározásához a medencecsontok és a combcsontfejek méretét vizsgálták. Az eredmények alapján női és férfi egyének maradványai is megtalálhatók a csontok között.

Különös figyelmet érdemel három alsó állkapocs. Az első állkapocs esetében az egyén 16–25 éves lehetett, a fogak nem kopottak, a bölcsességfogak még áttörőben voltak. A második állkapocs egy 20–30 éves személytől származhat, itt több fog az egyén élete során hullott ki, és kopás nem volt megtalálható. A harmadik állkapocs fogai már enyhén kopottak voltak, ami kb. 40 éves kort jelenthetett. Az egyik felső állcsonton egy számfeletti fogcsíra is megfigyelhető volt, amely fejlődési rendellenességre utal.

Elmondható tehát, hogy az S58 jelű maradványok egy összekevert, többszemélyes csontdepozíciót mutatnak, ami több életkorú és nemű személy csontmaradványait tartalmazza,

és vélhetően másodlagos temetés eredményeként jött létre. Az elhelyezés szabályosan rendezett jellege azonban emberi, utólagos beavatkozásra utal. Az archeogenetikai kutatás során minden olyan egyén mintázását elvégeztük az S58-as maradványokból, ahol sziklacsont is megtalálható volt a minták között, így került meghatározásra a HUAS581-es minta.



16. ábra. A: Kiemelt temetkezési hely, melyben HUAS57 és HUAS581 személyek voltak eltemetve, faragott, feliratos kőfedél alatt (lásd 15. ábra – kékkel). B: Kettős sír, mely a templom geometriai középpontjában található, melyekbe HUAS261 és HUAS262 egyének voltak eltemetve. (lásd 15. ábra – zölddel). A sírok elhelyezkedése az itt eltemetett egyének társadalmi szerepére és jelentőségére utal. C: HUAS55B és HUAS59B egyének sírjai az abasári szentélyben (lásd 15. ábra – sárgával). D: Az Aba nemzetség címerének stilizált ábrázolása, melyek a sírköveken voltak láthatóak.

Az abasári minták NGS eredményei

A kutatás során 37 emberi maradványból végeztünk el DNS kivonást melyek az abasári templomból származtak. 20 minta esetében érték el a szekvenáló könyvtárak azt a minőségi követelményt, mely a teljes genom szekvenáláshoz szükséges. A halál utáni károsodás (*post mortem damage* (PMD)) aránya a mintákban megfelelt az aDNS-re jellemző mintázatnak (lásd F14. táblázat).

Az NGS adatok eredményei a 3. táblázatban és az F11. kiegészítő táblázatban található. Az endogén DNS aránya 7% és 59% között mozgott. A genom lefedettsége 0,58x és 3,11x közé esett, az átlagos lefedettség 1,6x volt. A mitokondriális genomokat teljes hosszukban sikerült meghatározni, átlagosan 221x lefedettséggel. Az X és Y kromoszómák átlagos lefedettsége 0,86x és 0,6x volt.

A mitokondriális DNS-en és az X kromoszómán mért kontamináció mértéke jellemzően alacsony volt, körülbelül 1%, néhány kivételtől eltekintve. A nemek meghatározása a Skoglund-módszerrel (Skoglund et al., 2013) történt, ennek eredményei az S10. táblázatban található. A mitokondriális és Y kromoszómás haplocsoportokat, valamint az Y kromoszóma meghatározó SNP-it az F12. táblázat tartalmazza. A mitogenomokra vonatkozó részletek a 4. táblázatban és az F13. kiegészítő táblázatban található.

3. táblázat. Az abasári minták NGS adatainak az összefoglalása

Minta azonosító /HUAS	Endogén DNS	Az olvasatok száma (M.)	Az egyedi olvasatok (M.)	Átlagos genom lefedettség. (fold)	Átlagos MT genom lefedettség (fold)	Átlagos X kromoszóm a lefedettség	Átlagos Y kromoszóm a lefedettség	Schmutzi MT kontamináció (%)	ANGSD X kontamináció. (%)
194B	19%	705.4	133.3	2.23	241	1.23	0.79	1%	1%
257	17%	434.2	71.7	1.15	172	0.65	0.50	2%	4%
261	38%	165.3	62.9	1.22	88	0.67	0.58	1%	0%
262	10%	1343.3	129.6	3.11	312	1.71	1.36	1%	1%
309	11%	737.3	77.6	1.33	1084	1.34	0.05	1%	NA
341	59%	109.5	64.7	1.30	120	0.72	0.56	1%	1%
390	14%	705.9	97.9	1.11	78	0.63	0.57	1%	2%
450	7%	1064.7	78.7	0.84	66	0.50	0.40	1%	1%
55A	21%	38.2	7.8	0.58	49	0.32	0.31	1%	2%
55B	26%	218.8	56.1	1.06	142	0.58	0.42	1%	1%
57	11%	73.5	7.7	1.31	169	0.73	0.62	1%	1%
581	13%	59.7	7.6	1.06	138	0.59	0.49	1%	0%
59B	14%	46.5	6.7	0.69	66	0.71	0.04	1%	NA
81	22%	102.9	22.4	1.63	148	0.91	0.95	1%	1%
82_83	12%	169.8	20.2	5.70	476	1.61	1.30	1%	1%
84	17%	98.8	17.0	1.70	222	0.95	0.75	1%	2%
85	16%	92.6	14.6	1.52	194	0.86	0.31	1%	1%
86	11%	79.5	9.1	1.39	143	0.77	0.60	1%	1%
87	12%	92.1	11.1	1.51	295	0.84	0.73	1%	1%

4. táblázat. Az abasári minták mitokondriális és Y-kromoszómás haplocsoportjai. Az Y-kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k az F12. táblázatban, míg a mitokondriális haplocsoportokat meghatározó SNP-k az F13. táblázatban találhatóak.

Minta azonosító	Mitokondriális haplocsoport (Haplogrep)	Y kromoszómás haplocsoport (Yleaf)	Family tree
HUAS194B	H28	R1a1a1b1a1a1a2~	
HUAS257	T1a1	I2a2a1b1b1	I-S6656
HUAS261	H2a2a1	N1a1a1a1a4a2~	N-PH106
HUAS262	H3	N1a1a1a1a4a2~	N-A9416
HUAS309	H5a3a3	NA	NA
HUAS341	I1b	R1a1a1b1a2b3a3a2g2b~	R-BY64552
HUAS390	H1c	I2a1a2b1a1a2	
HUAS450	H1c+152	R1b1a1b1a1a2b1c2b1a1	
HUAS55A	X2m1	R1a1a1b1a2b3a3a2g2~	
HUAS55B	R0b	R1b1a1b1a1a2b3c	
HUAS57	H1b1b	N1a1a1a1	N-A9416
HUAS581	H75	N1a1a1a1a4a2~	
HUAS59B	R0b	NA	R-Y41304
HUAS81	H6a1b3	I1a1b1a1e~	I-FGC69943
HUAS82_83	HV14a	R1a1a1b2a2a3c2~	R-S10885
HUAS84	H13a1d	R1a1a1b1a2b3a4a2b~	R-M12335
HUAS85	T2	I2a1a2b1a1a1	I-Y4882
HUAS86	J1c5a	R1a1a1b1a2b~	R-BY29685
HUAS87	H18	R1a1a1b1a2b3a3a2h	R-YP977 h

Az abasári minták radiokarbon-analízise

Radiokarbon vizsgálatot végeztünk az MTA Atommagkutató Intézetének debreceni AMS laboratóriumában, hogy megállapítsuk az emberi maradványok származásának idejét, hiszen az itt eltemetett egyénekről pontos írott forrás nem állt rendelkezésünkre. A tíz csontváz radiokarbonos vizsgálatának eredményei az abasári lelőhelyet a 12. és 15. század közé keltezték (5. táblázat és F9. táblázat). Az eredmények egybeesnek a történeti forrásokkal és a régészeti leletekkel, megerősítve azt, hogy a temetkezések a középkori Magyar Királyság idejéből származnak. A három kőfedeles sírből származó egyén keltezése a 13. század végére és a 14. század végére tehető, ami szorosan egybeesik a sírkőre vésett dátummal és megerősíti, hogy a temetések a 15. század elején történtek.

5. táblázat. Az abasári ásatásból származó vizsgált maradványok radiokarbon vizsgálatának az adatai. Valamennyi minta a középkori Magyar Királyság időszakára datálható, mely összhangban áll a történeti adatokkal.

Minta azonosító	Minta forrása	Cal. CE
HUAS261	fog	1277-1301 (88,4%); 1371-1378 (7%)
HUAS262	fog	1278-1301 (87,8%); 1371-1378 (7,6%)
HUAS309	fog	1305-1365 (76,6%); 1383-1398 (18,9%)
HUAS341	fog	1455-1505 (78,8%); 1596-1618 (16,6%)
HUAS390	fog	1169-1222 (95,4%)
HUAS450	fog	1301-1329 (43,8%); 1341-1369 (29,3%); 1379-1396 (22,3%)
HUAS55B	borda	1276-1300 (92,6%); 1372-1377 (2,8%)
HUAS57	fog	1279-1303 (79%); 1368-1379 (16,4%)
HUAS59B	borda	1300-1325 (43,7%); 1352-1395 (51,7%)

Rokonsági és IBD-elemzés az abasári temetőben

Mivel azt feltételeztük, hogy az abasári Bolt-tető lelőhely az Aba nemzetség családi temetkezési helye volt, több rokoni kapcsolatra, és azonos uniparentális haplotípusokra számítottunk az eltemetettek egyének között. Ennek vizsgálatához rokonsági becslést, IBD (Identical by Descent) analízist, valamint uniparentális haplocsoport-meghatározást végeztünk. Kiemelt figyelmet fordítottunk a templom szentélyében és geometriai középpontjában talált csontmaradványokra (15. ábra), mivel valószínűsíthetően ezek lehettek a legrangosabb egyének.

A correctKin analízis számos rokonsági kapcsolatot azonosított, melyeket az IBD és uniparentális adatok is megerősítettek. Két kisebb családot tudtunk elkülöníteni az említett sírokból. Az egyik család négy főből állt, melyet a HUAS55B, HUAS57, HUAS581 és HUAS59B egyének alkották, a másik családot pedig két egyén, HUAS261 és HUAS262 képviselte (lásd F15. táblázat).

A templom szentélyében egy négytagú családot tudtunk azonosítani, melybe egy nő és három férfi tartozott. Különösen figyelemre méltó a HUAS57 és a HUAS581 egyének sírja, amelyek egy faragott és felirattal ellátott kőfedél alatt helyezkedtek el (16 A ábra). A felirat két jelentős nemzetségi tag temetkezését jelölte. Mindkét férfi az N1a1a1a1a4 Y-kromoszómás haplocsoporthoz tartozott, ami egy ázsiai eredetű haplocsoport és a középkori vándorlások idején került a Kárpát-medencébe. Ez alátámasztja azt a feltételezést, hogy az Aba királyi család tagjairól van szó.

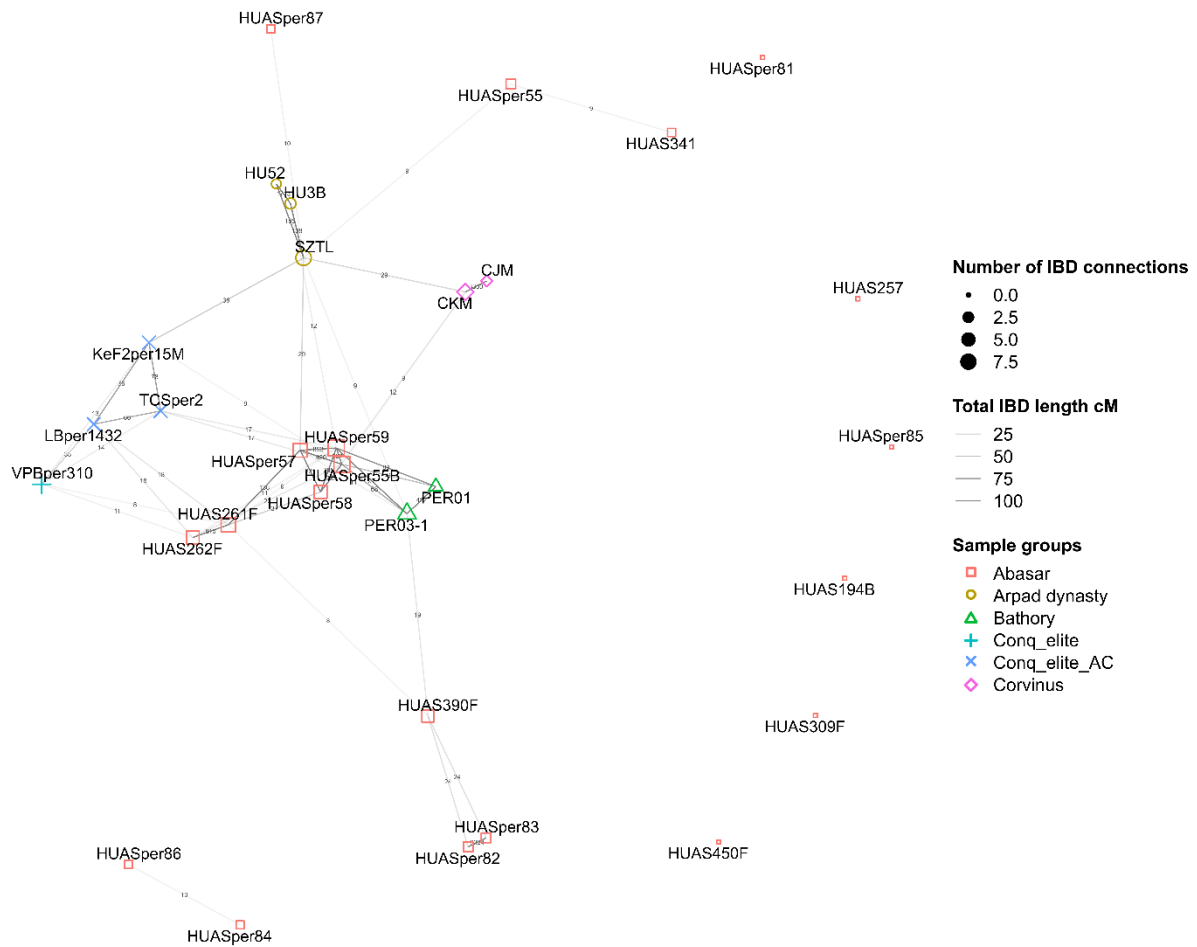
Két további egyént, HUAS55B-t és HUAS59B-t a szentély másik részén (16 C ábra), a nyitott sírokból emeltek ki a régészek. Ők elsőfokú rokonok, azonos mitokondriális haplocsoporttal rendelkeztek. A nő, HUAS59B közelebbi rokonságban áll HUAS57-tel és HUAS581-gyel, mint a másik férfi, ami egy anya–fiú kapcsolatot valószínűsít. A családfa részletes rekonstrukciója az F2. ábrán található.

A további két rokonságban álló egyént HUAS261-et és HUAS262-t a correctKin algoritmus harmadfokú rokonként azonosította. Ugyanahhoz az N1a1a1a1a4~ Y-kromoszómás haplocsoporthoz tartoznak, mint az előző család férfitagjai. Ezeket a személyeket egy kiemelt pozícióban lévő, kőfedeles, dupla sírban találták meg a templom geometriai középpontjában (16 B ábra), ami arra utal, hogy a temetőben az Aba nemzetség két ága temetkezett.

Az eddigi következtetéseket az IBD analízisek is megerősítették. (A részletes eredményekhez lásd: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110892>). A családok, és azok struktúrája egyértelműen elkülöníthetőek voltak a 17. ábra szerint is. A correctKin által

megbecsült genealógiai távolságok jól korrelálnak a családtagok közötti IBD hosszokkal. Az IBD szakaszok mennyisége, és azok hossza kapcsolatban áll a rokonsági fokokkal. Minél hosszabb és több volt a megfigyelhető IBD-szakasz, annál közelebbi a rokonság. Figyelemre méltó az az eredmény is, hogy az analízis szignifikáns, közös IBD szakaszokat mutatott a két család tagjai között, nagyjából 6. vagy 7. fokú rokonságra utalva. Ez is megerősíti azt a feltételezést, hogy a két itt található család, egy azonos, tágabb nemzetséghez tartozott.

További érdekes megfigyelés az is, hogy az itt eltemetett egyének és családok, a közös IBD szakaszok alapján távoli kapcsolatot mutattak más középkori és kora újkori nemesi családokkal, mint például a Corvinokkal és a Báthoryakkal. (Gînguța et al., 2023; Neparáczki et al., 2022). Ezen felül IBD kapcsolatokat azonosítottunk a honfoglaló elit bevándorló tagjai és az Abasáron eltemetett egyének között is (Maróti et al., 2022), mely arra utal, hogy az Aba nemzetség genetikai kapcsolata a honfoglalókkal a honfoglalás előtti időszakra nyúlik vissza. Egyes abasári minták és az Árpád-ház tagjai között is megfigyelhetőek közös IBD-szakaszok, melyek összhangban állnak a történelmi feljegyzésekkel, miszerint legalább egy házasságot dokumentálnak a két család között. Emellett több minta genetikai kapcsolatot mutat más nemzetségekkel is, ami az Aba család kiterjedt nemesi kapcsolatrendszerét tükrözi a középkori Magyar Királyságban.



17. ábra. Közös IBD hálózat. Az IBD hálózat az abasári maradványok és más középkori, Kárpát-medencei egyének közötti IBD-kapcsolatokat mutatja. A vizsgált egyének között megtalálhatók a honfoglaló magyar elit tagjai, valamint különböző nemesi családok, például a Corvinok, a Báthoryak és az Árpád-ház egyes képviselői is. Két egyén között húzódó vonalak hossza fordítottan arányos a közöttük mért összesített IBD-szakasz hosszával. A vonalakon feltüntetett szám az adott két egyén közötti teljes IBD-hosszúságot jelzi centimorgan-ben. A hálózat az R programcsomagban készült, az igraph és ggplot2 csomagok segítségével.

Uniparentális haplocsoportok, és filogenetikai kapcsolatok az abasári temető mintái között

Az abasári mintákból származó mitokondriális genomok jelentős heterogenitást mutattak. Összesen 18 eltérő haplotípust azonosítottunk a minták között (lásd F13. táblázat). A HUAS55B és HUAS59B azonos R0b haplotípusba tartozik, ami megerősíti a korábban végzett rokonsági analízisünk eredményeit. A mitokondriális vonalak többsége (18-ból 14 esetben) korábbi Kárpát-medencei populációkban is előfordult (Maár et al., 2021; Maróti et al., 2022; Neparáczi et al., 2018), több haplotípus pedig a Báthory család késő középkori elit temetőjében is kimutatható volt (Gînguța et al., 2023). Az ősi mitogenom-adatbázisunkkal (Maár et al., 2021) végzett összehasonlítás alapján az abasári minták haplotípusainak körülbelül 50%-a közel-keleti és/vagy sztyeppei eredetű, amíg a másik fele európai eredetűnek feltételezhető.

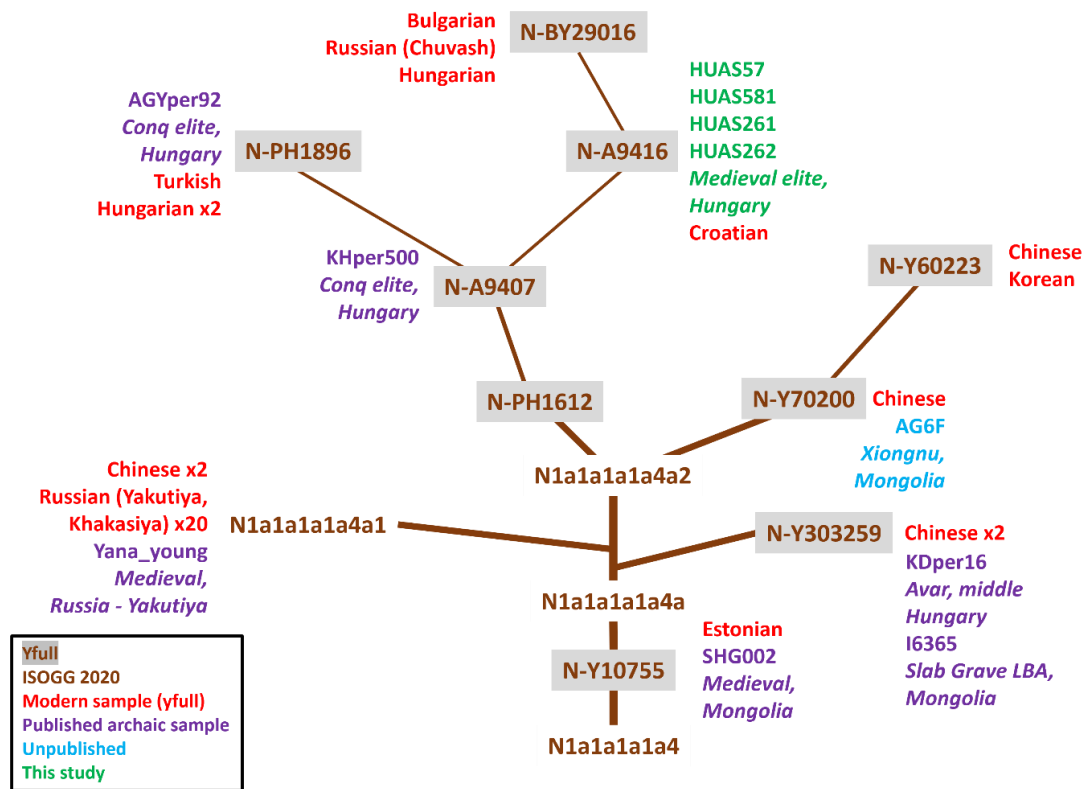
A Y-kromoszómás haplocsoportok, ahogy egy családi temetőtől elvárható, a mitokondriális haplocsoportoknál kisebb változatosságot mutattak. A 17 férfi közül 13-nál az ISOGG adatbázisa alapján a filogenetikai fa különböző alágaiba tartozó haplocsoportokat sikerült azonosítani (<https://isogg.org/tree/index.html>). A királyi család tagjain kívül számos egyedi Y-vonal megfigyelhető volt, mint például: I1~, I2~, R1a1a1b1~, R1a1a1b2~, R1b~, melyek mindegyike egy-egy személyhez köthető. Két egyén az R1a1a1b1a2b3a3a2g2~ haplocsoportba tartozott (lásd F12. táblázat). A mitokondriális vonalához hasonlóan a Y-kromoszómás vonalak is nagyrészt európai eredetűek (17-ből 12 esetben), melyek közül 7 már korábban is jelen volt a Kárpát-medencében és közülük többet a Báthory család körében is kimutattunk (PER04B és PER09) (Gînguța et al., 2023). Figyelemre méltó kivétel a HUAS82_83-as egyén, akinek haplocsoportja R1a1a1b2a2a3c2~, amely az R1a ázsiai ágába, az ún. R1a-Z2125 csoportba tartozik. Ez a haplocsoport a középső–késő bronzkorban alakult ki a Sintashta és Andronovo kultúrákban, majd később elterjedt a szkíták és azok leszármazottjai között (Jeong et al., 2020; Krzewińska et al., 2018; Narasimhan et al., 2019; C. Wang et al., 2021). Ez az R1a1a1b2a2a3c2~ alág kimutatható volt hun mintákban is (Gnecchi-Ruscione et al., 2021), míg a hozzá tartozó felsőbb haplocsoportok a hunok, avarok és a honfoglaló magyarok között is nagy gyakorisággal megtalálható volt (Maróti et al., 2022). A haplocsoport továbbá megtalálható a Paziriki és Kangju populációkban is (Damgaard et al., 2018; Unterländer et al., 2017). Napjainkban az R1a1a1b2a2a3c2~ főként Kelet- és Közép-Euráziában fordul elő, legnagyobb arányban az oroszországi tatárok populációjában.

Az apai vonalak kapcsolatai az Abák filogenetikai fáján

A filogenetikai elemzés alapján az N1a1a1a1a4~ haplocsoport és annak alágai változatos hálózatot alkotnak (18. ábra). A Yleaf szoftver és az ISOGG 2020-as markerek segítségével meghatároztuk az Aba család apai vonalát, ami az N1a1a1a1a4a2~ (N-A9408) alágba sorolható. Egyetlen kivétel volt, a HUAS57 minta, melynél nem ált rendelkezésünkre megfelelő lefedettség az A9408 markerhez, így az nem volt besorolható. Érdekesség, hogy további két honfoglaló elit egyén és egy publikálatlan Xiongnu elit minta (AG6F) a mongóliai Ar Gunt lelőhelyről szintén ebbe az alhaplocsoportba tartozik. Ez arra utal, hogy ez a vonal mongóliai eredetű lehetett, és nagy valószínűséggel a honfoglaló magyarokkal érkezett a Kárpát-medencébe.

Az elemzést kiegészítettük modern adatokkal és markerekkel a YFull adatbázisból, amely lehetővé tette a filogenetikai fa részletesebb vizsgálatát és megértését. Az eredmények egyértelműen azt mutatták, hogy az N-A9408 haplocsoport egy keleti és egy nyugati ágra vált szét. A keleti ág, az N-Y70200-as, melyet napjainkban főként kínai és koreai populációkban találunk meg. Ide sorolható továbbá a publikálatlan Xiongnu minta is. A nyugati ág, az N-PH1612-es és az azt követő N-A9407, amely főként európai elterjedésű, további két alágra volt osztható, az N-PH1896-ra és az N-A9416-ra. Az N-PH1896 és az N-A9407 alágba sorolhatóak a honfoglaló minták, valamint egy modern török egyén és két modern magyar minta is. Az N-A9416 alá tartozik az Aba apai vonal, valamint egy ma élő horvát férfi is. Ezt az alhaplocsoportot emellett magyarországi, csuvasföldi és bolgár férfiakban is kimutatták. Az eddig ismert legkorábban élt egyén, akiben az N1a1a1a1a4~ haplocsoportot azonosították, a mongóliai Késő bronzkori Slab Grave kultúrából származik (Wang et al., 2021). Ez a haplocsoport leggyakrabban a Jakut férfiak, valamint az Evenkik és Evenek körében fordul elő (Ilumäe et al., 2016).

Az adatok belső-ázsiai eredetre utalnak, ahonnan az N-PH1612 alág a középkori vándorlások, például a honfoglalás során juthatott el Európába és Magyarországra.



18. ábra. Az N1a1a1a1a4 haplocsoport filogenetikai elemzése. A törzsfát az ISOGG2020 és a yfull.com adatainak felhasználásával készítettük el.

Az abasári minták genetikai öröksége

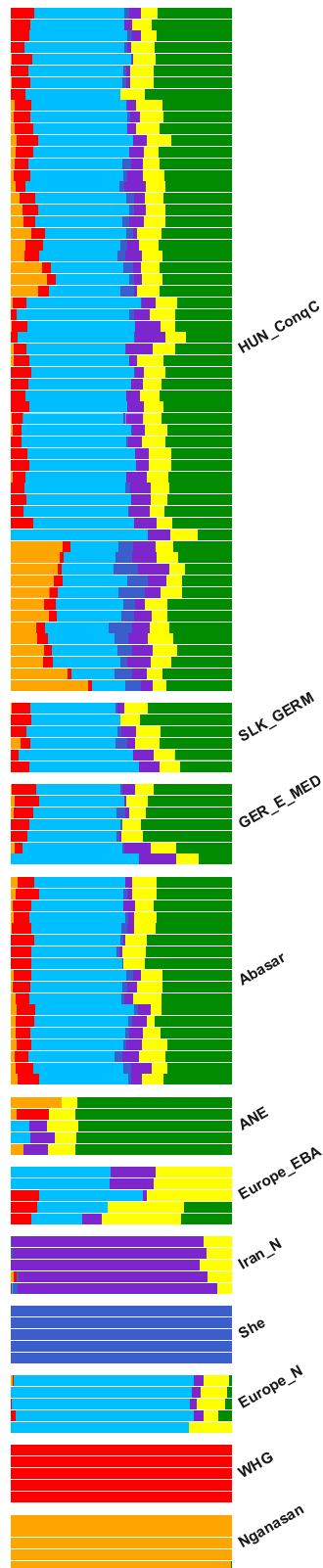
Az uniparentális markerek alapján az Aba nemzetség apai vonala Belső-Kelet-Ázsiából származik. A mitokondriális és Y-kromoszómás haplocsoportok sztyepei eredetének kimutatása a nemesi temetkezésekben felveti a kérdést, hogy ezek az ősi kapcsolatok megjelennek-e a teljes genom szintjén is? Ennek vizsgálatára különböző teljes genom elemzéseket, többek között ADMIXTURE-t, PCA-t és qpAdm-analízist végeztünk.

Az ADMIXTURE-analízis (K=7) alapján az abasári minták jelentős genetikai hasonlóságot mutattak kora középkori germán populációkkal Németországból és Szlovákiából. A honfoglalás kori köznépi temetők magyar mintáival is erőteljes genetikai egyezést mutattak (15. ábra). Az abasári genomok 0–3,5% nganaszan, 6–11% nyugat-európai vadászó-gyűjtögető, 38–45% európai neolitikus földműves, 0–3,5% kelet-ázsiai She, 0–9% iráni neolitikus, 3,5–13% kora bronzkori nyugat-eurázsiai, valamint 29–39% ősi észak-eurázsiai (ANE) eredetű genetikai összetevőkből álltak. A kelet-eurázsiai elemek, például a nganaszan és han eredetű komponensek jelenléte egyértelmű, de mérsékelt keleti örökségre utal.

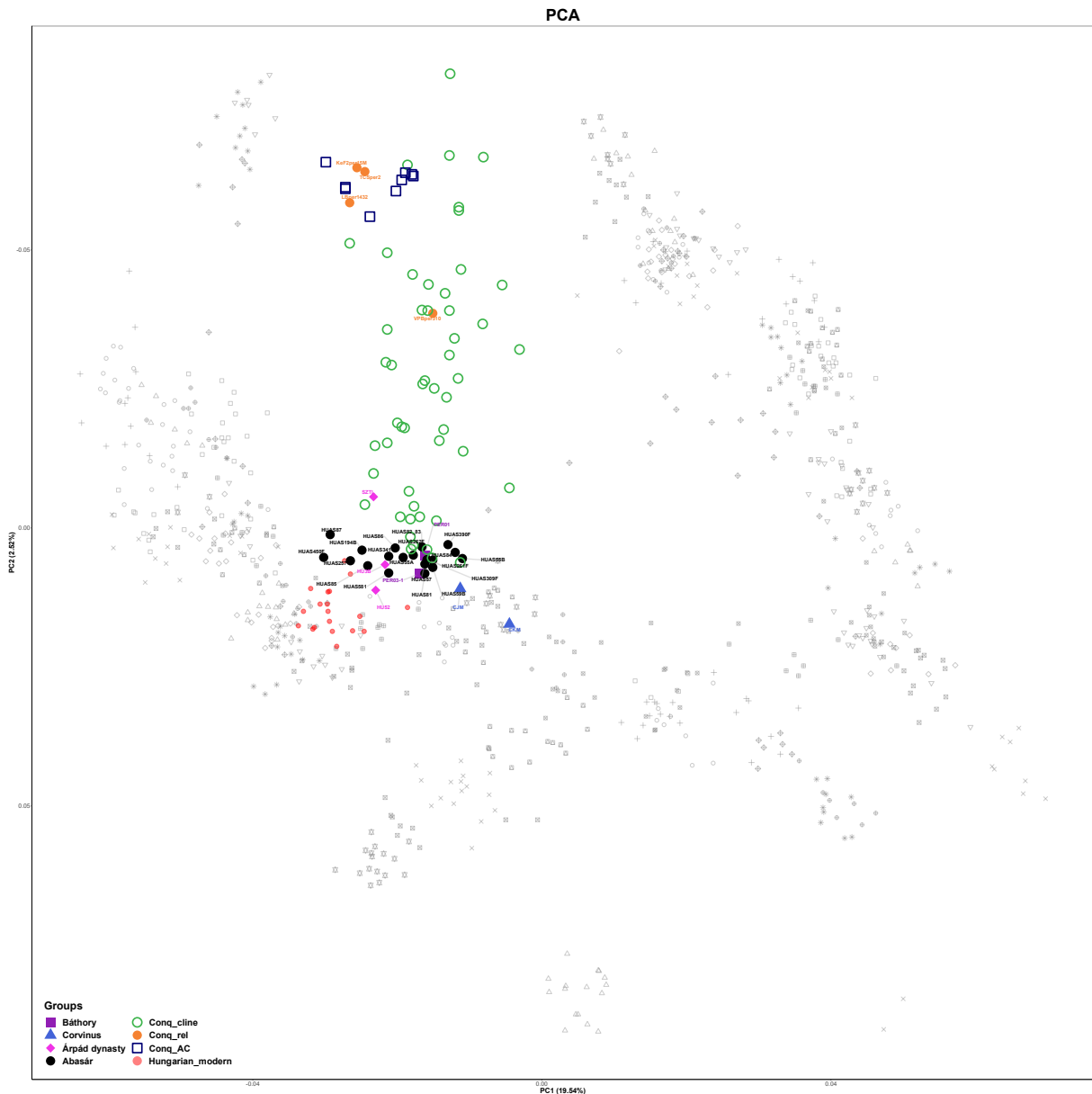
Az európai PCA-n (20. ábra) az abasári minták jól elkülönülő csoportot alkotnak, és azok elhelyezkedése kissé eltolódik a honfoglaló magyarok irányába, néhány minta pedig a mai

magyar populáción belül outlierként jelenik meg. Az abasári klaszter jelentős átfedést mutat egyes Árpád-házi genomokkal. Különösen figyelemre méltó, hogy az abasári csoport jelentős átfedést mutat a Báthory család szilágyperecseni temetőjéből származó mintákkal (Gînguța et al., 2023) (21. ábra), ami a középkori magyar nemességre jellemző, elkülönülő és homogén genetikai összetételt jelez. A legtöbb minta elhelyezkedése a 9–11. századi honfoglaló magyarok genetikai vonalába esik (20. és 22. ábra).

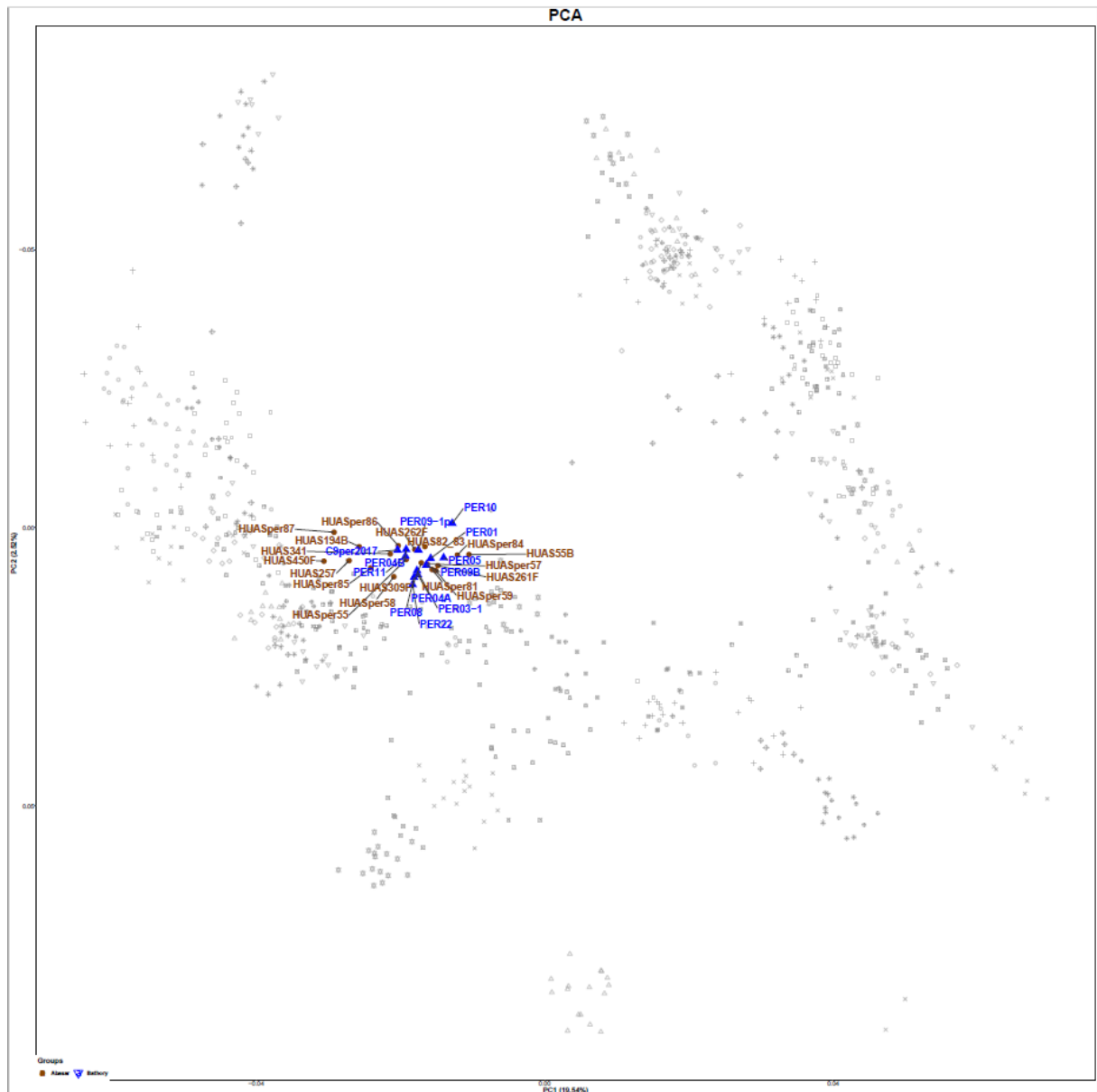
Az ADMIXTURE és PCA eredményei egyaránt rávilágítanak az abasári minták keleti örökségére, amelyek feltehetően a középkori sztyeppei népességmozgásokkal és a honfoglaló magyarok megérkezésével állnak összefüggésben.



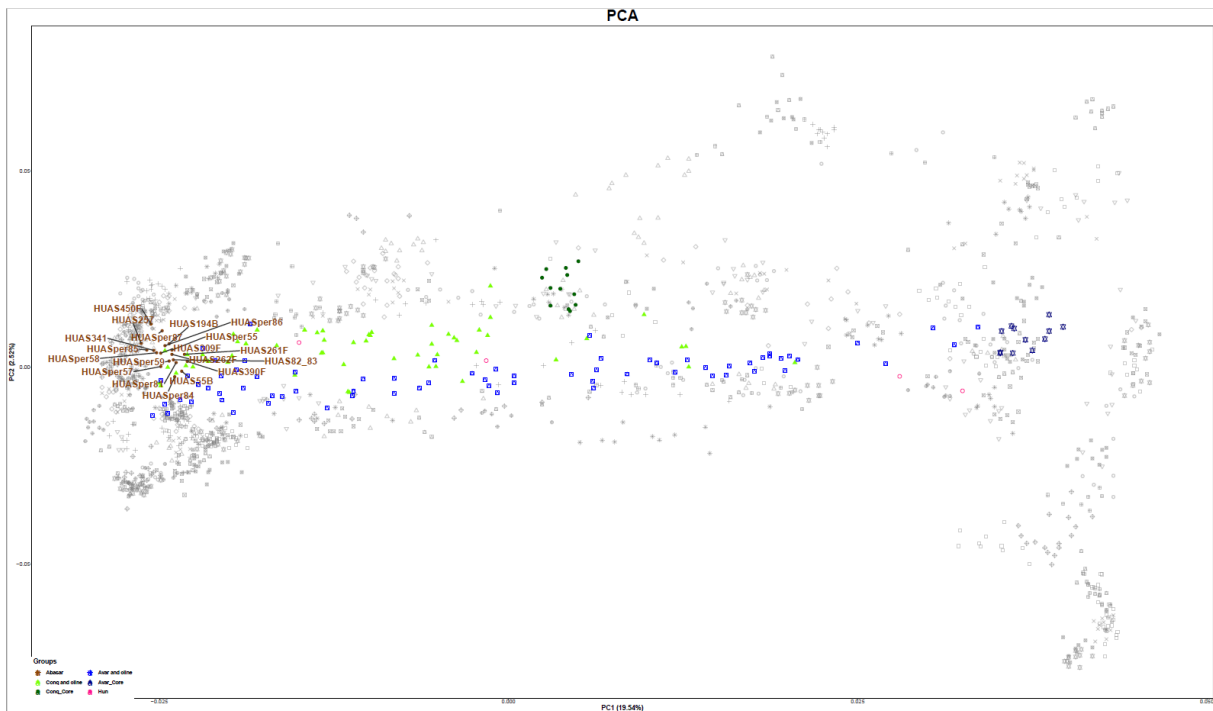
19. ábra. Unsupervised ADMIXTURE analysis ($K=7$) eredménye az Abasári egyénekről. A bajorországi, kora középkori populáció, egy a mai Szlovákia területéről származó germán csoport, valamint a Kárpát-medence honfoglalás kori köznépi temetőinek mintái mutatták a legnagyobb genetikai hasonlóságot az abasári minták genomösszetételéhez.



20. ábra. Az abasári genomok európai PCA analízise, 784 modern genom minta alapján meghatározott főkomponens tengelyekre vetítve. Az abasári mintákat a fekete körök reprezentálják. Mintáink jól elkülönülő klasztert alkotnak a mai közép-európai populációktól, átfedést mutatva a honfoglaló magyarok genomjával (zöld körök), néhány outlier pedig a mai magyarok genetikai változatosságán belül helyezkedik el (piros pontok). Az abasári minták közvetlen közelében találhatóak a Bátorhy család tagjai (lila négyzetek), a Corvinok tagjai (kék háromszögek) és az Árpád-ház tagjai (rózsaszín rombuszok). A narancssárga pontok a jelentős IBD-szakaszokat megosztó honfoglaló elit egyéneit jelölik.



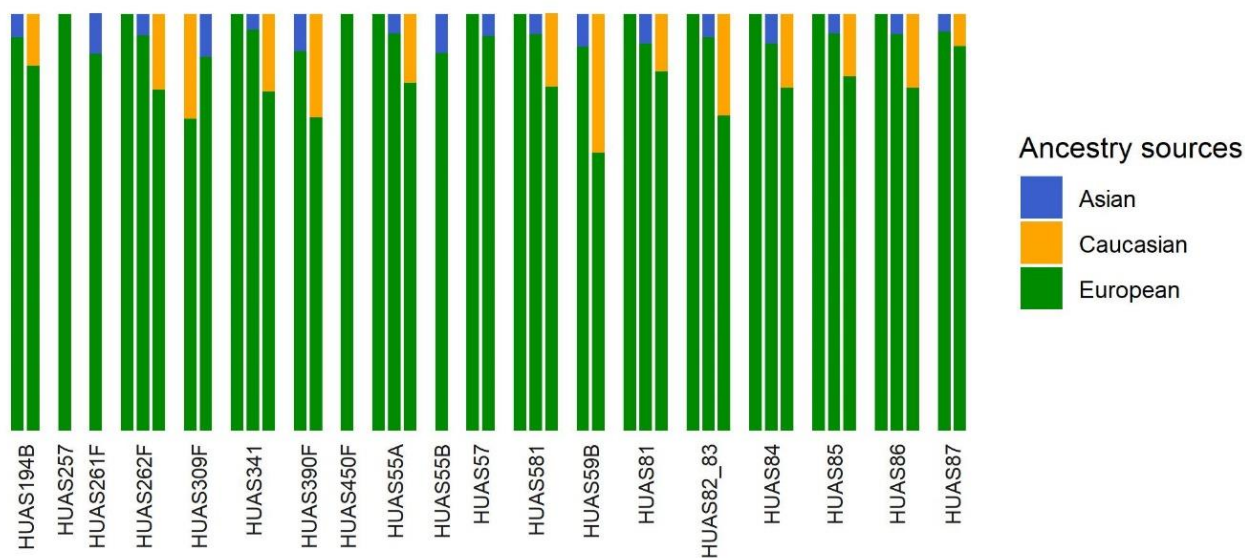
21. ábra. Az abasári és pericei genomok európai PCA analízise, 784 modern genom minta alapján meghatározott főkomponens tengelyekre vetítve. Az abasári mintákat a fekete körök reprezentálják, míg a pericei lelőhelyről származó egyének kék háromszöggel láthatóak.



21. ábra. Az abasári genomok eurázsiai PCA analízise.

Ahhoz, hogy a keleti elemeket pontosabban meg tudjuk határozni, qpAdm-analízist végeztünk el az abasári mintákon. A „left” populáció elemeit a Kárpát-medence és Közép-Európa középkor előtti és középkori közösségei, egy középkori észak-kaukázusi csoport (Anapa), valamint különböző keleti bevándorló népcsoportok alkották. Ezek a csoportok a középkor folyamán telepedtek le a Kárpát-medencében. A „base model strategy run” több tucat lehetséges kéttagú forrásmodell eredményezett szinte minden minta esetében (22. ábra).

Az abasári genomok többségénél a qpAdm-analízis európai és keleti eredetű források keveredését mutatta ki. Ez összhangban áll az ADMIXTURE- és PCA-eredményekkel, melyet már bemutattunk. Két minta, a HUAS257-es és HUAS450-es, kizárólag európai eredetűként került modellezésre, germán eredetű, vagy Kárpát-medencei populációkkal mutatva genetikai rokonságot. Több modell azonos p-értékkel hasonlóan jó eredményt mutatott, ami arra utal, hogy ezek az egyének vagy egyetlen forrásból származnak, vagy kisebb, de jelentős mértékű ázsiai (hun, avar vagy honfoglaló magyar), illetve kaukázusi genetikai komponenseket is hordoznak magukkal. A keleti elemek aránya ezekben a genomokban 4,3% és 10,4% között mozgott (részletes adatok elérhetők itt: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110892>).



22. ábra. qpAdm-modellek az abasári Bolt-tető lelőhelyről származó középkori genomokra, szignifikáns p-értékekkel. A legtöbb esetben több, különböző európai, ázsiai és kaukázusi forráskombinációval rendelkező modell is érvényesnek bizonyult, ami az abasári genomokban az ázsiai eredet alacsony arányú jelenlétére utal.

9. Diszkusszió

A doktori dolgozatban két méltán híres magyar nemesi család archeogenetikai vizsgálatát tűztük ki célul. A család tagjainak azonosításán kívül továbbá arra is kíváncsiak voltunk, hogy a történeti források szerint a magyar nemesi családok között sokszor megkötött házasságoknak van-e genetikai bizonyítéka és hagyatéka. Az értekezésben két család, a Báthory és az Aba nemzetség vizsgálatát végeztük el.

A Báthory család a középkori Magyar Királyság egyik kiemelkedő arisztokrata családjá volt, amely különösen Erdélyben rendelkezett jelentős politikai hatalommal az Oszmán hódoltság időszakában. A jelen kutatás fő célja az volt, hogy genetikailag azonosítsuk a Báthory család tagjait azon 14 csontváz közül, amelyeket a szilágyperecseni Báthory családi kápolnában végzett régészeti feltárások során emeltek ki. Célunk továbbá a teljes genom szekvenciák meghatározása, valamint a minták közötti rokonsági kapcsolatok vizsgálata volt. Sajnálatos módon nem állt rendelkezésünkre a Báthory családból származó összehasonlítható genetikai minta, így elemzésünk kizárólag a régészeti és történeti forrásokra támaszkodott. A Báthory családhoz köthető egyének azonosítása elsősorban a gazdag sírmellékletek (különösen az egyik sír esetében) és a temetkezéseknek az ősi templomon belüli stratégiai elhelyezkedése alapján történt. Történeti források megerősítik, hogy a Báthory család sváb eredetű, és hogy két negyedfokú rokonságban álló családtagot, Báthory Eleket (1568) és Báthory Ferenczet (1589) temettek el a szilágyperecseni kápolnában.

A 13 egyén teljes genom szekvenálását követően sikerült negyedfokú rokonságot kimutatnunk a páncélt viselő egyén és a szomszédos, gazdag leletanyaggal rendelkező sírban eltemetett felnőtt között. Ezek az eredmények erősen alátámasztják, hogy a kápolna oltárzónájában feltárt két csontváz nagy valószínűséggel a Szaniszlófi ág Somlyói vonalához tartozó Báthory Elek és Ferencz földi maradványai. A két Báthory családtag Y-kromoszómás vonala az R1b-S498 (R1b1a1b1a1a1c1a) haplocsoportba tartozott, amelyet gyakran germán populációkhoz társítanak. Ez az eredmény összhangban áll a magyar arisztokrata család sváb eredetével. Ez a vonal az R1b-S263/Z381 (R1b1a1b1a1a1c) haplocsoportból származik, amely maga az R1b-M405/U106/S21 (R1b1a1b1a1a1) haplocsoportból ered. Az R1b-M405/U106/S21 haplocsoportot azonosították viking kori egyéneknél Dániából, Izlandból és Svédországból (Margaryan et al., 2020), valamint három 10. századi magyarországi mintában is (Neparácski et al., 2019). Az R1b-S21 variánst gyakran nevezik „északnyugat-európai R1b-haplocsoportnak” vagy egyszerűen „germán haplocsoportnak”, mivel nagy gyakorisággal

fordul elő Németországban, Ausztriában, Belgiumban, Dániában és Svájcban. Ennek a genetikai vonalnak az európai elterjedése nagyrészt a 3. és 10. század közötti germán népvándorlásokkal hozható összefüggésbe (Lucotte, 2015).

A magyar krónikák szerint Aba Sámuel az általa alapított abasári monostorban temették el, azonban a sírhelyéhez köthető templom az idők során elpusztult és eltűnt. Kutatások szerint a Bolt-tetőn található abasári lelőhely azonosítható a legvalószínűbb helyszíneként (Kovács, 1966), amit a legutóbbi régészeti feltárások eredményei is megerősítettek, igazolva, hogy valóban itt állt a király monostora. A templom belsejében feltárt sírokban anatómiai rendben elhelyezkedő emberi maradványokat találtak. Egyes sírokból több csontváz is előkerült elsődleges és másodlagos helyzetekben, ami többszöri újratemetésre utal, feltehetően generációkon keresztül. Az osszáriumszerű elrendezések arra is utalhatnak, hogy a sírokból korábban kiemelt maradványokat közös temetkezésként helyeztek vissza, például építkezések, sírrablás, járványok vagy háborús események következményeként. A pusztulás valószínűleg az 1241–42-es tatárjáráshoz köthető, mivel a lelőhely a tatárok vonulási útvonalán fekszik és a források szerint a seregek gyakran kifosztották a keresztény templomokat és temetőket. Mindezek miatt a régészeti kutatás nem tudta egyértelműen azonosítani Aba Sámuel király sírját.

A feltárás során ugyan nem sikerült azonosítani a király sírját, de jelentős családtagok temetkezései kerültek elő a templomból, ami kiemeli a kápolna fontosságát az Aba nemzetség történetében. Egy kettős sírt és egy egyedi temetkezést tártak fel, amelyeknél kőfedlapokon az Aba nemzetség címere volt látható. A szentély sírján felirat utalt János és Mihály nemzetségi tagok 15. századi temetésére, amely összhangban áll a történelmi forrásokkal, melyek szerint a Heves megyei birtokok és az abasári monostor különböző Aba-ági családok, például a Kompolti, Ugrai és Csobánka ágak birtokában voltak (Karácsony, 1900; Kovács, 1966; Kristó, 1978).

A temetkezésekből származó négy egyén azonos Y-kromoszómás vonalat hordozott, és nagy valószínűséggel az Aba nemzetség két ágát képviselik. Az IBD-elemzés megerősítette ezeket az eredményeket, kimutatva, hogy két ág volt jelen ezekben a sírokban, továbbá azt is, hogy más magyar nemesi családokkal fennálló rokoni kapcsolataik alapján az egyének valóban nemesi származásúak. Így mind a régészeti, mind az archeogenetikai bizonyítékok arra utalnak, hogy az abasári Bolt-tető temetőben az Aba nemzetség tagjai nyugszanak, ami összhangban van a történelmi forrásokkal. Az azonban továbbra sem tisztázott, mely konkrét ágakhoz tartoztak.

Az eredmények egyértelmű kapcsolatot is mutattak az Abák és a honfoglaló magyarok bevándorló magja között (Maróti et al., 2022), ami arra utal, hogy ez a kapcsolat a honfoglalás előtti időkre vezethető vissza. A genetikai adatok szerint az Aba család ősei a vándorló, nomád magyar törzsekhez tartoztak, ami összhangban áll a filogenetikai kapcsolatokkal.

A történelmi források szerint az Aba család hun vagy kun eredetű, ugyanakkor a történészek többsége kazár vagy kabar származást valószínűsít (Kristó és Makk, 2000). A filogenetikai elemzés alapján a család apai vonala a N1a1a1a1a4~ haplocsoportba tartozik, amely Belső-Ázsiából származik. Ez összefüggésbe hozható a hun, kun vagy kazár népcsoportokkal. Az Aba család apai vonalának mélyebb alága, az N-A9416, az N-PH1612 csoport része, amelyet főként Kelet-Európában találunk meg, legnagyobb arányban a mai Magyarországon. A legkorábbi minták két honfoglaló elit egyéntől származnak. További két honfoglaló minta az N1a1a1a1a4~ haplocsoportba tartozott (Neparáczi et al., 2019), azonban ezeket a jelen vizsgálatból kizártuk, mivel amplicon-alapú hibridizációs szekvenálással készültek, és nem tartalmaztak információt a belső SNP-markerekről. A rendelkezésre álló adatok alapján nagyon valószínű, hogy az Aba család apai vonala a honfoglaló magyarok elit vonalához kapcsolódik. Az is elképzelhető, hogy az Aba család apai vonala a honfoglaló törzsek egyik vezetőjéhez köthető. A magyar krónikák szerint az Abák és az Árpádok egyaránt Attila, a hun uralkodó leszármazottai voltak. Ez azonban azt jelentené, hogy apai ágon azonos haplocsoportba kellene tartozniuk. Az Árpád-ház korábban meghatározott R1a haplocsoportja (Nagy et al., 2021; Olasz et al., 2019; Varga et al., 2023) azonban nem egyezik az Abák apai vonalával, így az azonos apai származás lehetősége kizárható.

A WGS-elemzések szerint az Árpád-ház apai vonala kelet-eurázsiai eredetű (Nagy et al., 2021), és hun eredet lehetősége is felmerült (Keyser et al., 2021). Vizsgálatunk szintén kimutatott genetikai kapcsolatokat az Abák és a hun/xiongnu csoportok között, így mindkét család visszavezethető lehet erre az ősi származásra.

A genetikai elemzések összhangban vannak az uniparentális adatokkal. Az ADMIXTURE és PCA elemzések egyaránt kis mértékű ázsiai komponens jelenlétét mutatták ki az abasári egyéneknél. A qpAdm vizsgálat a legtöbb abasári genom esetében jelentős, de kisebb kelet-ázsiai komponenssel számolt, bár az elemzés nem tudta pontosan meghatározni ennek forrását a kis arány miatt. Lehetséges forrásokként a hunok, avarok vagy honfoglaló magyarok jöhetnek szóba. Ez az eredmény összhangban van azzal a származási elmélettel, hogy az Aba nemzetség a honfoglalás korához köthető ősi nemesi vonalból ered.

További érdekesség, hogy az IBD-elemzés során dokumentált és nem dokumentált dinasztikus kapcsolatok is kimutathatók voltak a magyar középkori nemesi családok között.

Történelmi források szerint létezett házasság az Abák és az Árpád-ház között (Kristó és Makk, 2000), ugyanakkor nem találtunk írásos bizonyítékot az Abák és a Báthoryak, illetve az Abák és a Corvinok közötti kapcsolatra, melyek genetikai kapcsolatát sikeresen bizonyítottuk. A kimutatott genetikai kapcsolatok arra utalnak, hogy ezek a nemesi családok szorosan összefonódtak, és a belső házasodás gyakori volt a középkori Magyar Királyság nemességén belül.

10. Konklúzió

Ez a doktori dolgozat elsőként közöl genetikai adatokat a magyar királyság két jelentős befolyással rendelkező középkori családjáról, a Báthoryakról és az Abákról, és új megvilágításba helyezi a Kárpát-medencében zajló populációmozgásokat. Sikeresen azonosítottuk több egyén apai és anyai haplocsoportját, valamint genetikai eredetüket. A populációgenetikai elemzések révén feltártuk a keveredés (admixture) forrásait, és azonosítottuk az egyének genetikai komponenseit, amelyek hozzájárulnak a népességmozgások – például a honfoglaló magyarok migrációjának – jobb megértéséhez.

Interdiszciplináris megközelítéssel sikerült azonosítanunk feltételezett Báthory családtagokat és Magyarország egyik legjelentősebb királyi nemzetségének az Aba nemzetség genetikai eredetét és annak kapcsolatrendszerét, valamint meghatározni a két család Y-kromoszómás és mitokondriális leszármazási vonalait.

Eredményeink szoros összhangot mutattak a történeti forrásokkal, a régészeti megfigyelésekkel és a genetikai adatokkal a szilágyperecseni templomban eltemetett személyekkel kapcsolatban. A genetikai bizonyítékok megerősítették a Báthory családi kápolnában nyugvó ismert személyek azonosítását. Teljes genom elemzéseink kimutatták, hogy a Báthory család Magyarországra települését követően genetikai szinten keveredett a helyi magyar lakossággal, amelybe már korábban beolvadtak kelet-eurázsiai eredetű genetikai elemek, feltehetően hun, avar vagy honfoglaló magyar forrásból. Az olyan leszármazási markerek, mint az Y-STR és a mitokondriális DNS alkalmazása lehetővé tette, hogy bizonyítékot nyújtsunk a történeti forrásokban szereplő Báthory Elek (1568) és Báthory Ferencz (1589) létezésére, valamint, hogy további rokonsági kapcsolatokat tárjunk fel a többi sírban nyugvó egyének között. Ezen eredmények megerősítik a történeti adatokat, melyek szerint a Báthory család sváb eredetű, és germán vagy balti származásra vezethető vissza. Felfedezéseink továbbá megerősítik, hogy a templom temetkezési helyként szolgált a Báthory család számára, és feltehetően más arisztokrata rokonok számára is.

Sikeresen azonosítottuk az Aba nemzetség Y-kromoszómás leszármazási vonalát (N1a1a1a1a4~). Az Abák és a honfoglaló magyar törzsek közötti kapcsolatok arra utalnak, hogy az Aba nemzetség eredete olyan nomád csoportokra vezethető vissza, amelyek szorosan kapcsolódtak a honfoglaló magyarokhoz. Ezt a genetikai és filogenetikai adatok egyaránt alátámasztják. Az Aba nemzetség apai vonala megegyezik több honfoglaló elit egyén haplocsoportjával, ami arra utal, hogy a hun, kun vagy kazár eredet sem zárható ki. Az

eredmények megcáfolják azt az állítást, miszerint az Abák és az Árpád-ház tagjai egyaránt Attila apai ágú leszármazottai lennének, mivel nem mutatható ki közös apai vonal a két család között. A populációgenetikai elemzések segítségével kismértékű kelet-ázsiai genetikai komponenst is kimutattunk az abasári genomokban, amelynek lehetséges forrásai a hunok, avarok vagy honfoglaló magyarok lehetnek. Ez az eredmény összhangban áll azzal az elmélettel, hogy az Aba nemzetség a honfoglaló magyarokhoz köthető ősi elit rétegből származik.

Elemzéseink továbbá genetikai kapcsolatokat tártak fel a középkori magyar nemesi réteg tagjai között, kimutatva a feltételezhető házasságok jelenlétét az arisztokrata családok körében. A történelmi családok genetikai vonalainak azonosítása pontosabb genealógiai rekonstrukciót tesz lehetővé, és hozzájárul a múlt társadalmi struktúráinak, például a nemesi családok közötti kapcsolatok feltárásához.

11. Támogatás

A kutatások a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatásával valósult meg (K-124350 – T.T.; TUDFO/5157-1/2019-ITM és TKP2020-NKA-23 – E.N.), valamint a Szegedi Tudományegyetem Interdiszciplináris Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Kiválósági Központjának Élettudományi Klaszter Kompetenciaközpontjától kapott támogatással (T.T. és E.N. részére.) További támogatást nyújtott a Szegedi Tudományegyetem Nyílt Hozzáférésű Publikációkat Támogató Alapja (6388. számú támogatás – T.T. részére), valamint a Kulturális és Innovációs Minisztérium Új Nemzeti Kiválóság Programja a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból (ÚNKP-23-4-SZTE-650 – B.T.; ÚNKP-22-3-SZTE-422 – K.M.).

12. A kutatás limitációi

A Báthory család

Nem állt rendelkezésre genetikai adat a család további tagjairól, így összehasonlító elemzést nem tudtunk végezni. Csupán két olyan egyént sikerült azonosítani, akiket a történeti és régészeti adatok alapján a Báthory család tagjaiként feltételezhetünk, így az eredmények nem tükrözhetik a család teljes apai és anyai genetikai sokféleségét. A Szilágyperecsen templomából származó mintákban azonosított genetikai komponensek, valamint az ezek más modern és ősi populációkkal való összehasonlítása korlátozott a nyilvános adatbázisokban elérhető referencia-genomok számától és minőségétől, valamint a vizsgált minták genetikai adatai által biztosított felbontástól.

Az Aba család

A populációgenetikai elemzések pontosságát korlátozza a rendelkezésre álló referencia-genomok köre. Az elemzett genomokban az európai eredetű főkomponens mellett jelen lévő másodlagos (ázsiai és kaukázusi) komponensek pontos azonosítása a jelenlegi módszerekkel nem volt megvalósítható. A vizsgálat 19 egyén maradványain alapult, amely nem feltétlenül reprezentálja teljeskörűen sem az Aba családot, sem a szélesebb középkori népességet. A korlátozott mintaelemszám torzításhoz vagy általánosításhoz vezethet. A radiokarbon kormeghatározás módszertani bizonytalanságot hordoz magában: a kalibrálási hibák vagy a tartályhatás (reservoir effect) befolyásolhatják a kapott időintervallumok pontosságát. A kelet-eurázsiai genetikai mintázatok összetett keveredési eseményekre utalhatnak, amelyek túlmutatnak a honfoglalás kori migrációkon. Az ősi vagy modern populációkkal végzett genetikai összehasonlítás korlátozott a rendelkezésre álló adatok mennyisége és minősége alapján.

13. Függelék

Rövidítések és jelmagyarázat

DNS – Dezoxiribonukleinsav (Deoxyribonucleic Acid)

aDNS – ősi DNA

bp – bázispár

BSA – Bovine Serum Albumin (szarvasmarha szérum albumin)

dNTP – Dezoxiribonukleotid-trifoszfát (Deoxyribonucleotide Triphosphate)

GuHCl – Guanidinium-klorid (Guanidine Hydrochloride)

Hg – Haplocsoport (Haplogroup)

IBD – Identical by Descent (azonos származás alapján megosztott szakasz)

IGV – Integrative Genome Viewer (integrált genomi adatmegjelenítő)

mapQ – Map Quality (illesztési minőség)

mtDNA – Mitokondriális DNS

mtHg – Mitokondriális haplocsoport

NaOAc – Nátrium-acetát (Sodium Acetate)

NGS – Újgenerációs szekvenálás (Next Generation Sequencing)

PCA – Főkomponens-analízis (Principal Component Analysis)

PCR – Polimeráz láncreakció (Polymerase Chain Reaction)

rCRS – Revideált Cambridge-referencia szekvencia (Revised Cambridge Reference Sequence)

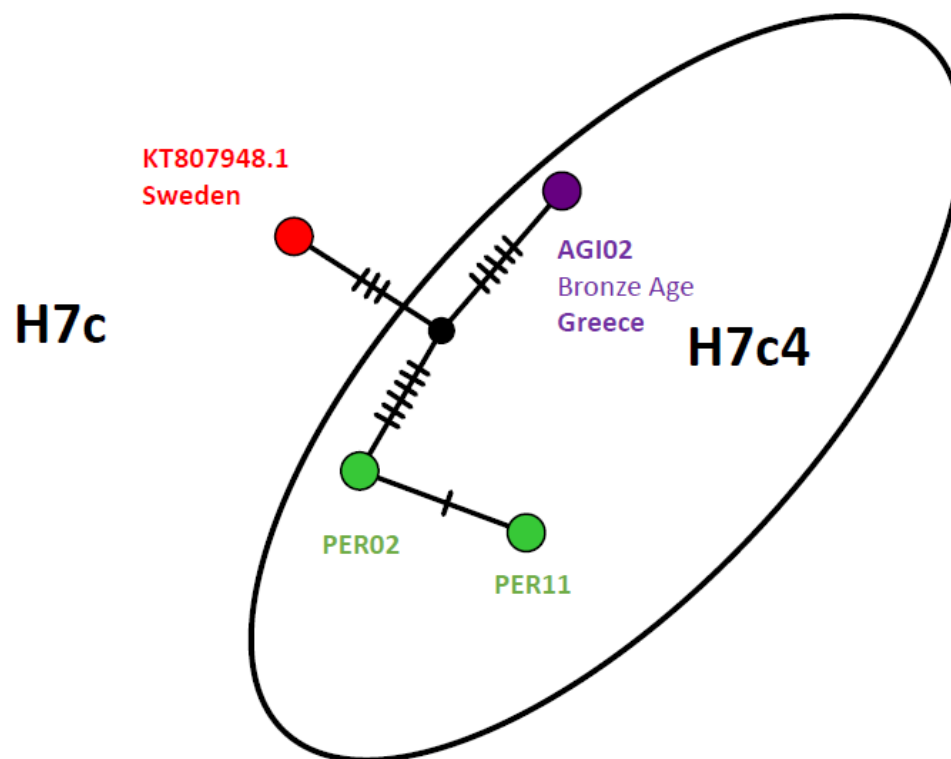
SNP – Egy pontos nukleotid-polimorfizmus (Single Nucleotide Polymorphism)

UDG – Uracil-DNS-glikoziláz (uracil-DNA glycosylase)

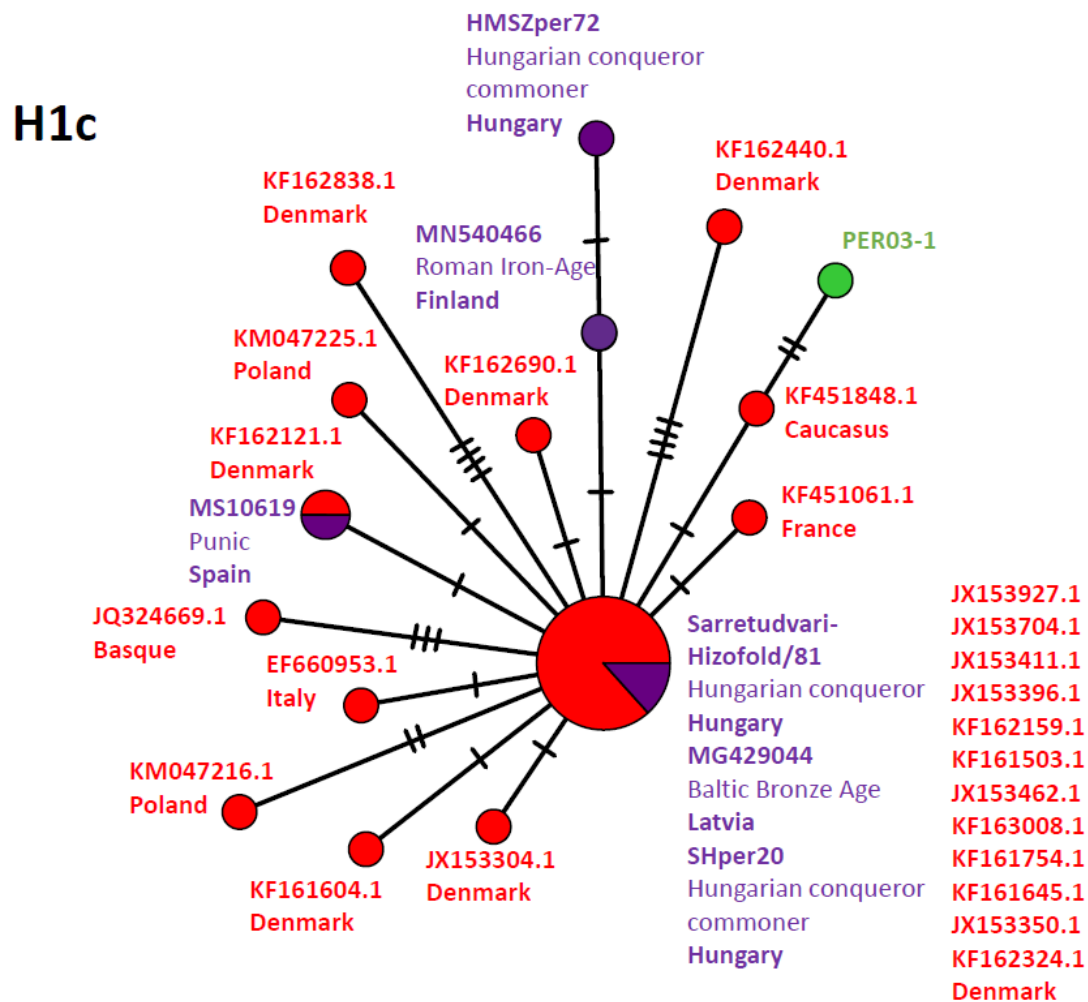
UGI – Uracil-DNS-glikoziláz-inhibitor (uracil-DNA glycosylase inhibitor)

EB – elúciós puffer (Elution Buffer)

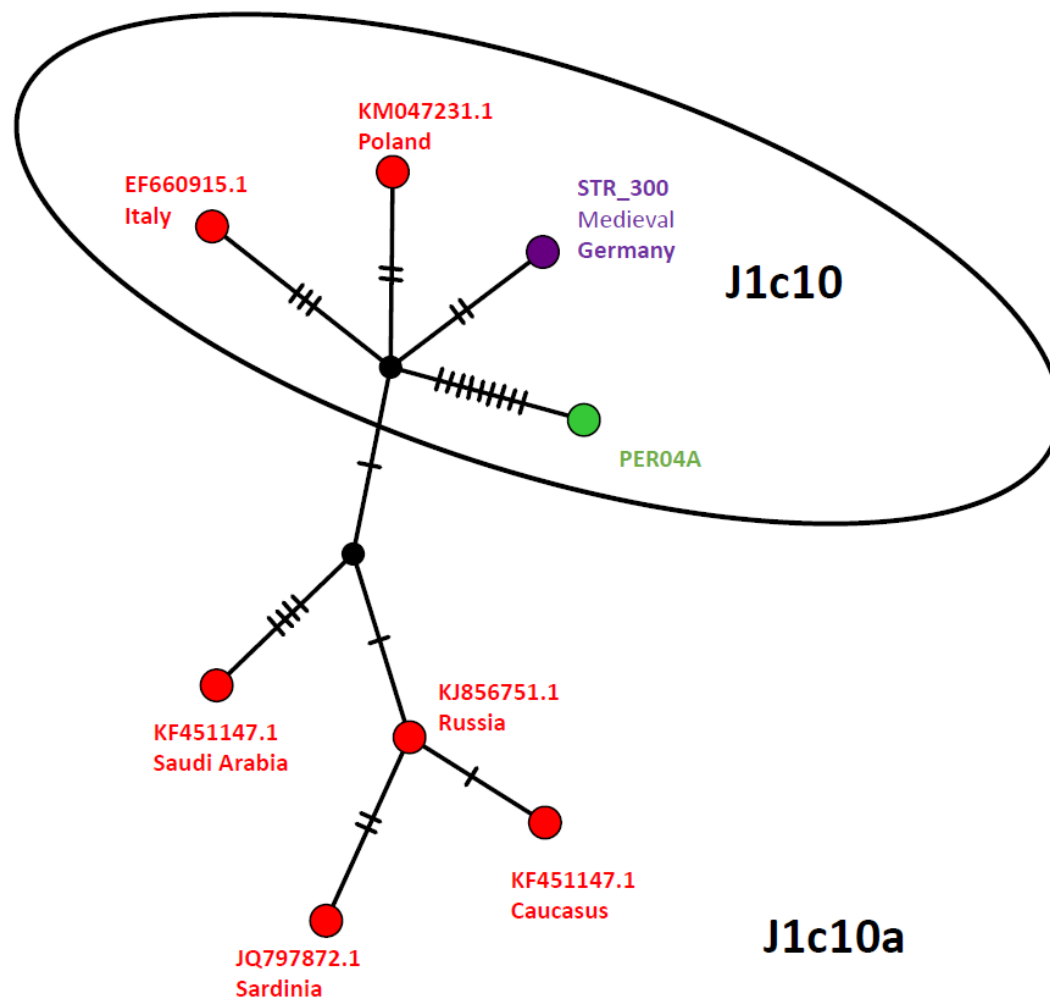
F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecsenből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.



F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecsenből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.

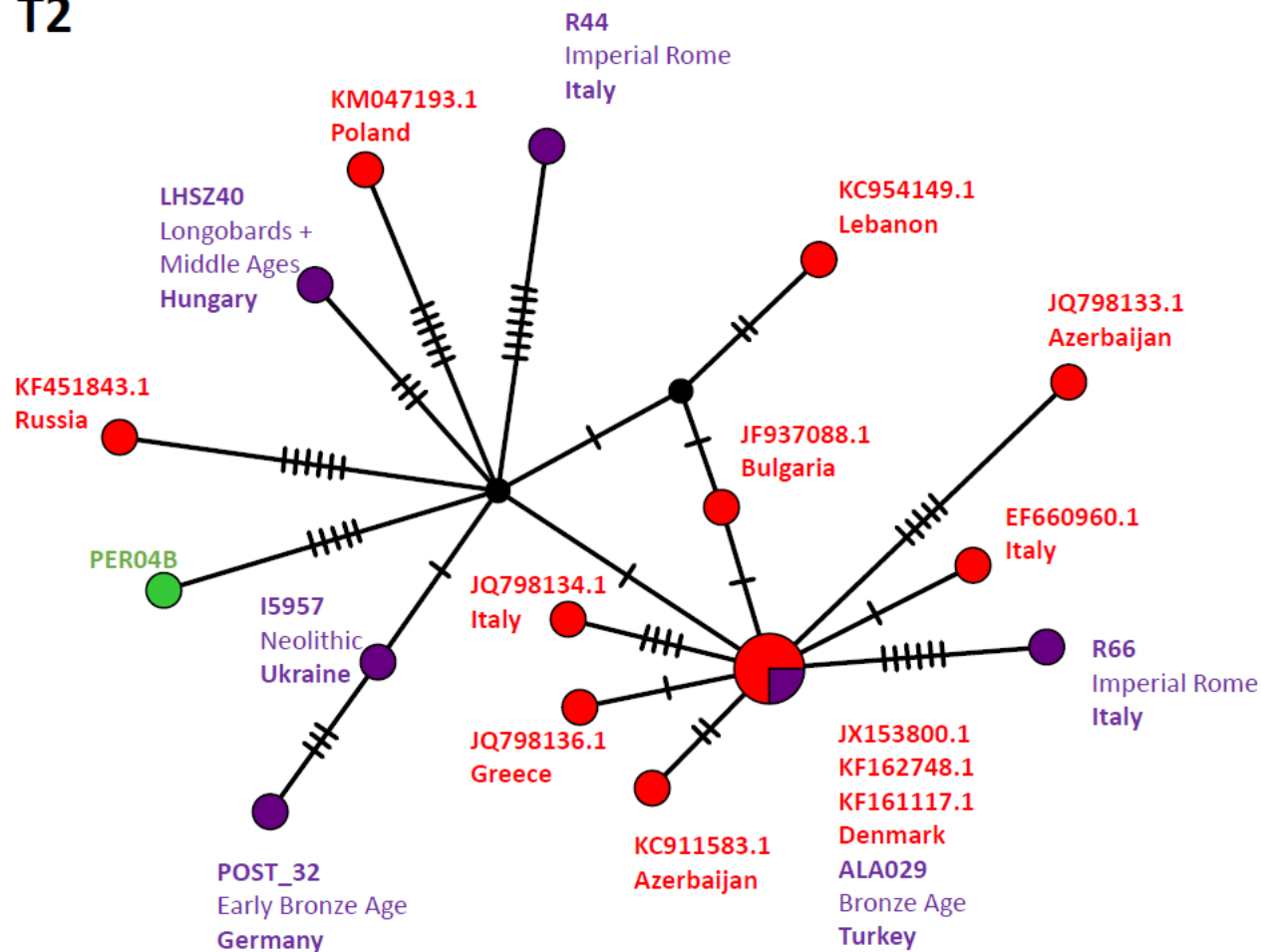


F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecsenből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.



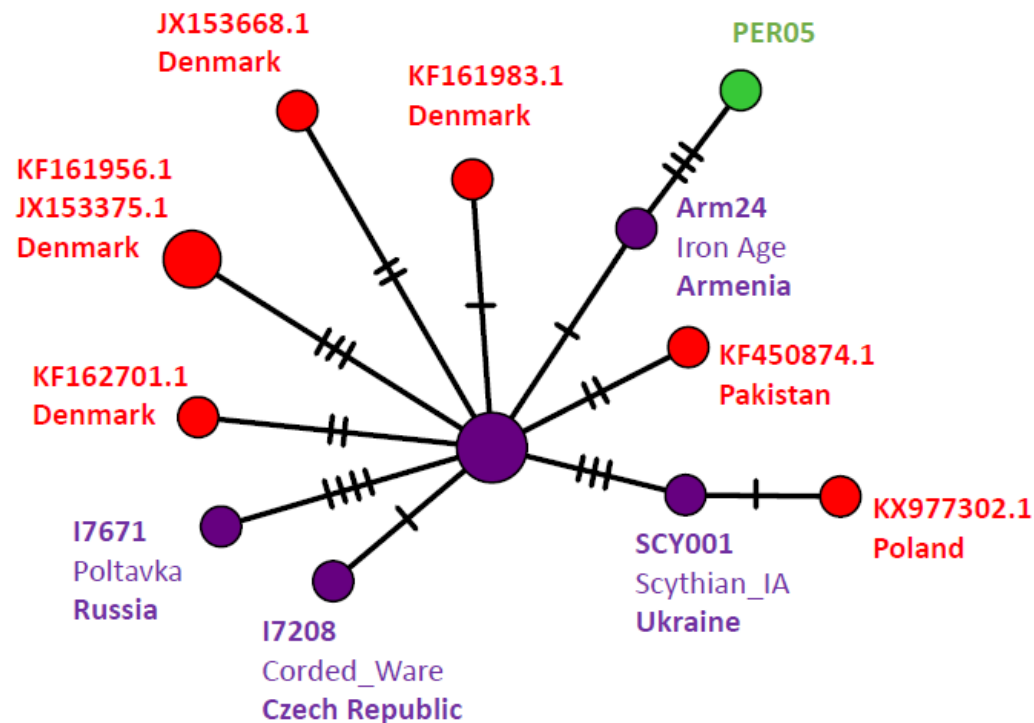
F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágypercensből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.

T2



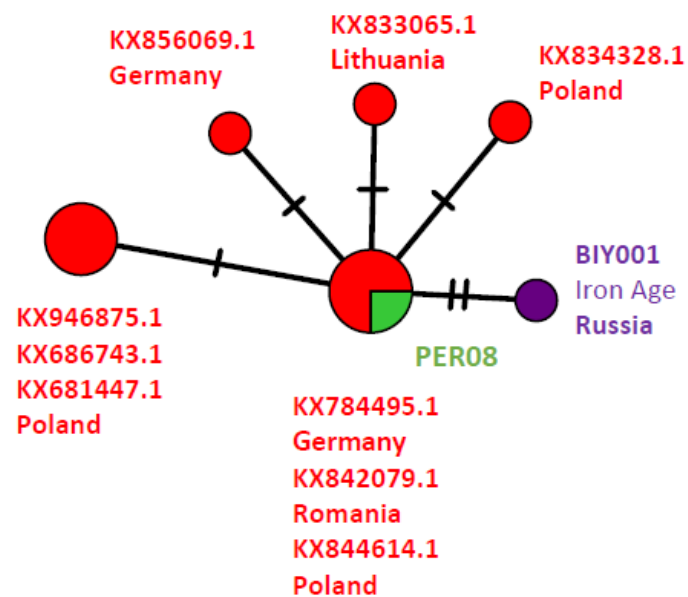
F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecsenből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.

U5a1b

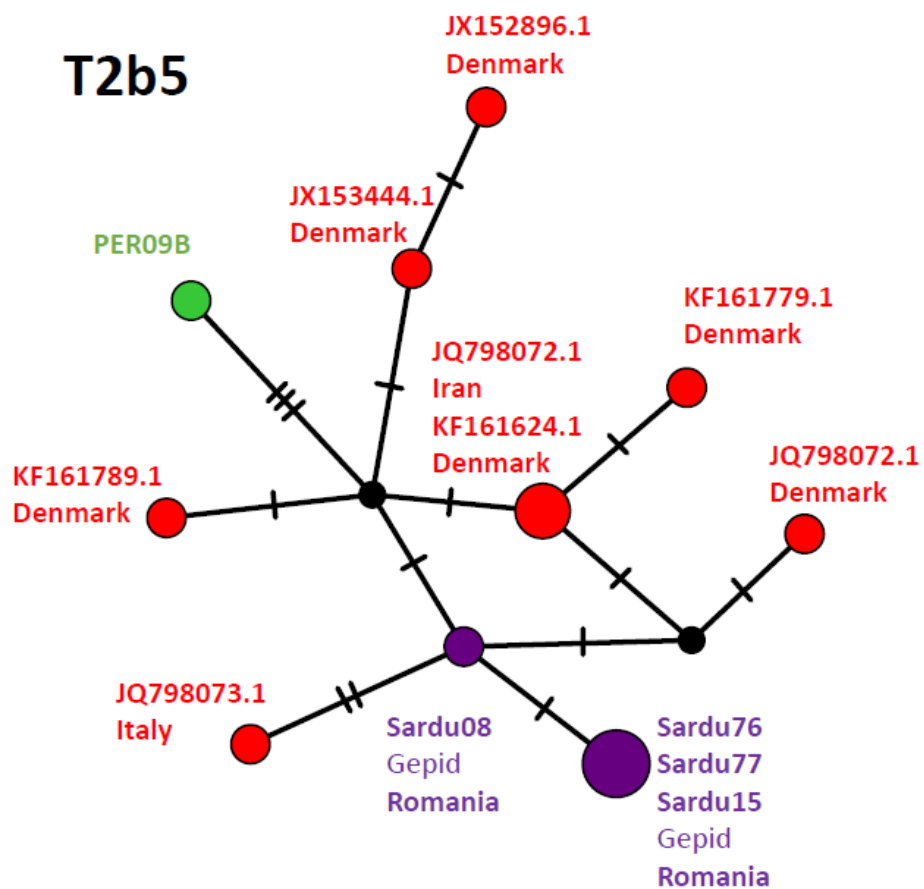


F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágypercsebnől származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.

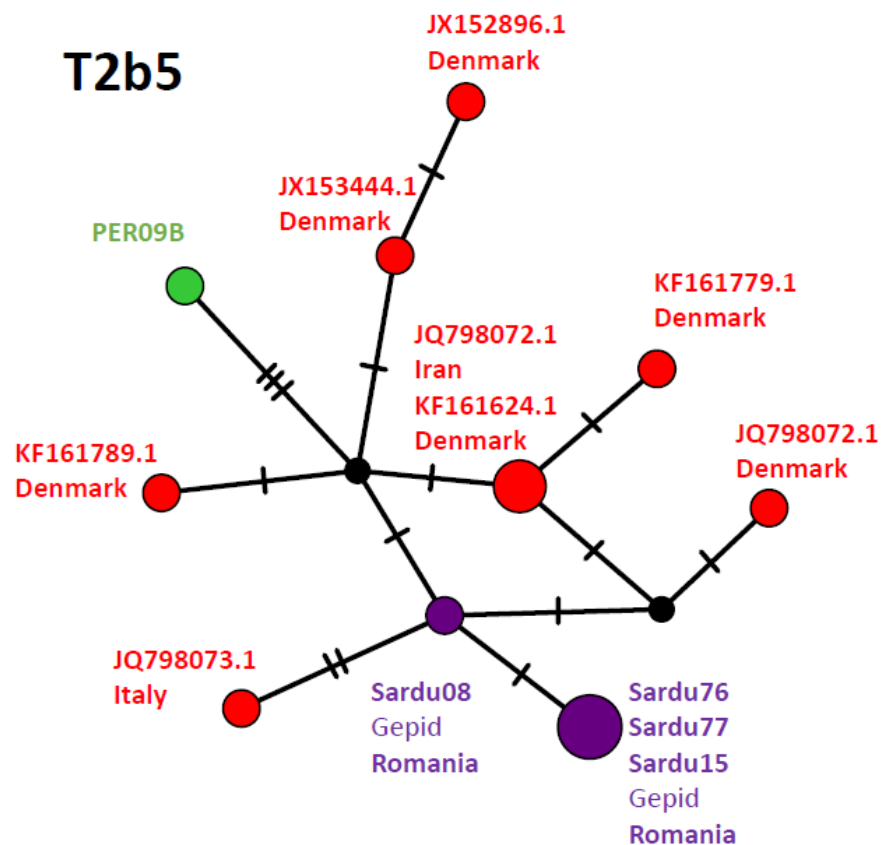
H7e



F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecséből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.

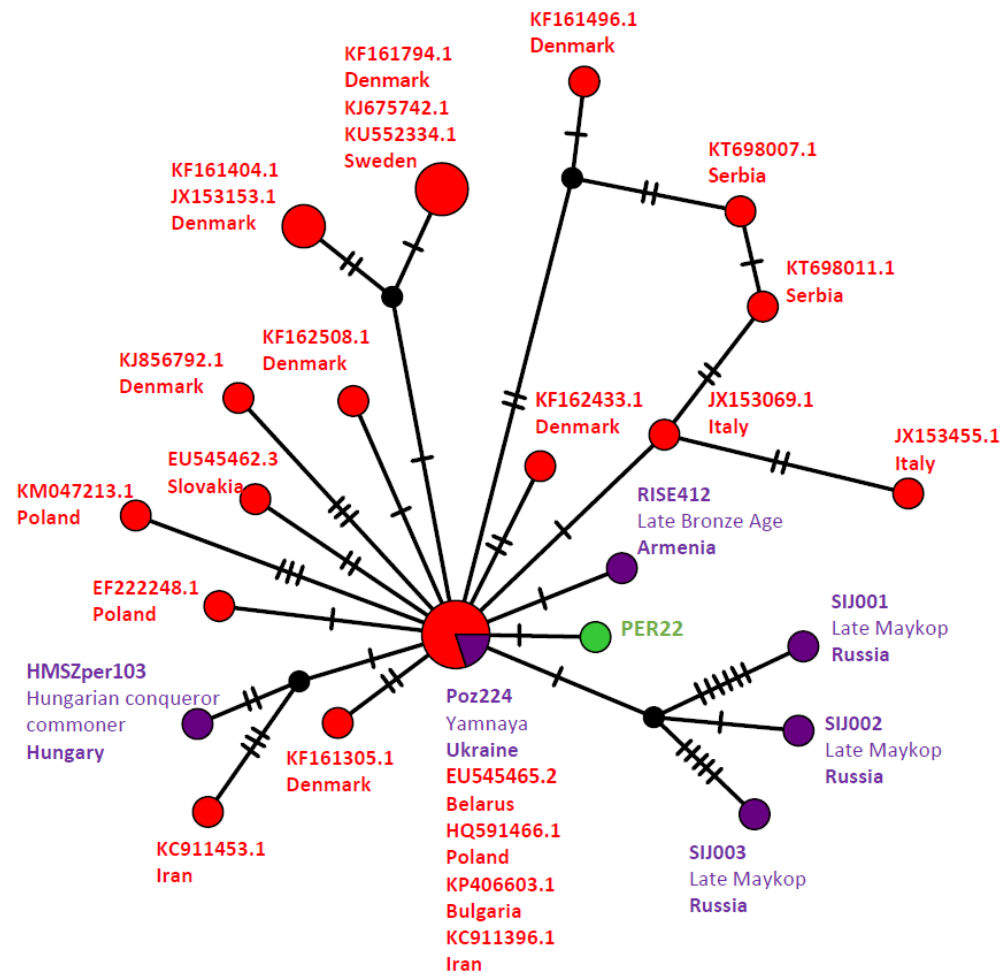


F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecséből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.



F1. ábra. (folytatás) - Medián-összekötő hálózatok (Median Joining Network) a romániai Szilágyperecsenből származó egyének mtDNS-szekvenciái alapján. A vizsgált mintával azonos alhaplocsoportba tartozó minták körrel vannak kiemelve. A legkisebb színes körök egy-egy egyént jelölnek, a körök mérete arányos az azonos szekvenciával rendelkező egyének számával. A zöld körök a vizsgált mintákat, a piros körök a modern mintákat, míg a lila körök az ősi mintákat jelölik. A minták génbanki azonosítója és származási helye is feltüntetésre került.

U4c1



F1. táblázat. Szekvenálási adatok a szilágyperecseni mintákból.

Minta azonosító	Olvasatok teljes száma	Egyedi illesztett olvasatok száma a GRCh37 referenciára	Átlagos genomi lefedettség (X)	Átlagos X kromoszóma lefedettség (X)	Átlagos Y kromoszóma lefedettség (X)	Átlagos mitokondriális lefedettség (X)	Mitokondrium becsült kontaminációja (% , Schmutzi)	X kromoszóma becsült kontaminációja (% , ANGSD)	Biológiai nem meghatározás (Skoglund)
PER01	222699471	50763907	1.11	0.61	0.50	155	1%	1%	XY
PER02	49775115	9126076	0.16	0.09	0.07	91	2%	6%	XY
PER03-1	366687104	40040804	0.71	0.39	0.28	99	1%	1%	XY
PER04A	67815243	28219980	0.65	0.35	0.26	116	1%	1%	XY
PER04B	112433941	56770950	1.33	0.71	0.53	196	8%	0%	XY
PER05	44473828	26621276	0.56	0.57	0.02	54	1%	N/A	XX
PER08	190299320	23391421	0.74	0.40	0.29	180	1%	1%	XY
PER09	1646982902	128529331	3.25	1.71	1.02	290	1%	1%	XY
PER09A	182748981	42234890	1.18	1.21	0.04	148	1%	N/A	XX
PER09B	653022513	89754509	1.92	1.96	0.06	361	1%	N/A	XX
PER10	32975602	22154892	0.39	0.22	0.13	30	1%	1%	XY
PER11	70739497	54902520	1.29	0.69	0.44	153	1%	0%	XY
PER22	30741065	24434566	0.63	0.64	0.02	129	0%	N/A	XX

F2. táblázat. Mitokondrium és Y kromoszóma haplocsoportok a szilágyperceseni mintákból

Minta azonosító	MT Hg (Haplogrep)	Y Hg (Yleaf)	Y Hg marker
PER01	H13a1a1a	R1b1a1b1a1a1c1a	R-S498 (xDF98, AMM498, S11477, S22047)
PER02	H7c4	I2a1a2b1	I-CTS10936 (xY17666, A13912, Y18331, A16633)
PER03-1	H1c	R1b1a1b1a1a1c1a*	R-S264 (xL1, FGC13326, L782)
PER04A	J1c10	J2a1a1a2b2a1b1~	J-PF7394
PER04B	T2	R1b1a1b1a1a1c2a1~	R-S1690/etc (xZ37884, Y14069, DF93)
PER05	U5a1b	N/A	N/A
PER08	H7e	R1b1a1b1a1a2b2	R-S206 (xCTS4333, CTS1595)
PER09	A26	R1a1a1b1a2b3a3a2f~	R-Y4383/etc (xY4382)
PER09A	H1n6	N/A	N/A
PER09B	T2b5	N/A	N/A
PER10	J1c5a	Q1a2a1a4a~	Q-YP821/etc (xBZ1000)
PER11	H7c4	I2a1b2a2b2b	I-BY25361/etc (xBY35090)
PER22	U4c1	N/A	N/A

F3. táblázat. Biológiai nem meghatározása NGS adatokból a szilágyperceseni minták esetében

Minta azonosító	Nseqs	NchrY+NchrX	NchrY	R_y	95% CI	Besorolás
PER01	2066199	2066199	198199	0.096	0.0955-0.0963	XY
PER02	391362	391362	35854	0.092	0.0907-0.0925	XY
PER03-1	1801380	1801380	166714	0.093	0.0921-0.093	XY
PER04A	1290877	1290877	122050	0.095	0.094-0.0951	XY
PER04B	2431669	2431669	229327	0.094	0.0939-0.0947	XY
PER05	2133906	2133906	4407	0.002	0.002-0.0021	XX
PER08	1116620	1116620	107711	0.097	0.0959-0.097	XY
PER09	5343964	5343964	493973	0.092	0.0922-0.0927	XY
PER09A	3582576	3582576	8635	0.002	0.0024-0.0025	XX
PER09B	6767886	6767886	12669	0.002	0.0018-0.0019	XX
PER10	937963	937963	85150	0.091	0.0902-0.0914	XY
PER11	2350256	2350256	217992	0.093	0.0924-0.0931	XY
PER22	1926169	1926169	3098	0.002	0.0016-0.0017	XX

F4. táblázat. Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER01	19047132	S498	R1b1a1b1a1a1c1a	C->T	C	T	2	100	T	D
PER01	15780341	S264	R1b1a1b1a1a1c1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	8796078	M405	R1b1a1b1a1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	17844018	L11	R1b1a1b1a1a	T->C	T	C	1	100	C	D
PER01	16751825	PF6543	R1b1a1b1a1a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	16492547	L151	R1b1a1b1a1a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	18907236	P310	R1b1a1b1a1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER01	14641193	L52	R1b1a1b1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	9084870	PF6540	R1b1a1b1a1	G->T	G	T	3	100	T	D
PER01	18248698	P311	R1b1a1b1a1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	18096360	CTS8595	R1b1a1b1a	T->G	T	G	1	100	G	D
PER01	6753511	L23	R1b1a1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	3274923	L478	R1b1a1b1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER01	3389980	PF6404	R1b1a1b1	T->C	T	C	2	100	C	D
PER01	2668456	PF6399	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	20811307	PF6494	R1b1a1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER01	24394612	PF6527	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	13657777	L777	R1b1a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER01	21410840	PF6500	R1b1a1b	G->T	G	T	2	100	T	D
PER01	17932763	CTS8321	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	19054889	L757	R1b1a1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER01	18047475	L749	R1b1a1b	A->C	A	C	1	100	C	D
PER01	23085375	CTS11371	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER01	18381735	PF6482	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	8411202	PF6434	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	17132580	CTS6832	R1b1a1b	C->T	C	T	3	100	T	D
PER01	18865298	L753	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	8194310	PF6432	R1b1a1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER01	9392948	PF6437	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	22621843	M4435	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER01	17281258	E101	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER01	17942143	CTS8336	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	14317555	CTS2466	R1b1a1b	G->A	G	A	4	100	A	D
PER01	6912992	CTS623	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER01	14416216	CTS2664	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	15740440	PF6462	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	7766712	PF6426	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER01	7391109	CTS1415^^	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER01	8826595	PF6436	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	18095336	CTS8591	R1b1a1b	A->C	A	C	1	100	C	D
PER01	23124367	CTS11468	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER01	21581064	PF6503	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	21222868	PF6497	R1b1a1b	C->G	C	G	3	100	G	D
PER01	21761275	PF6504	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER01	19462180	CTS10451	R1b1a1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER01	21312064	PF6498	R1b1a1	C->A	C	A	2	100	A	D
PER01	15239181	CTS3876	R1b1a1	G->C	G	C	1	100	C	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER01	19020340	L502	R1b1a1	G->C	G	C	2	100	C	D
PER01	15286480	PF6459	R1b1a1	G->C	G	C	1	100	C	D
PER01	21447844	PF6501	R1b1a1	A->T	A	T	1	100	T	D
PER01	7759944	FGC57	R1b1a1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	6766034	PF6418	R1b1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	17732408	CTS7904	R1b1a1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER01	16376495	CTS5577	R1b1a1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER01	18617596	CTS9018	R1b1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	21801722	PF6506	R1b1a1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	28733101	L389	R1b1a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER01	7960019	L822	R1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	16426937	CTS5676	R1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER01	21995972	L506	R1b	T->A	T	A	1	100	A	D
PER01	15080010	CTS3625	R1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	22722580	L1349	R1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER01	23845409	PF6270	R1b	T->C	T	C	1	100	T	A
PER01	23992762	PF6272	R1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER01	21183643	L780	R1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	14193384	CTS2134	R1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	7948701	PF6246	R1b	G->T	G	T	2	100	T	D
PER01	7132713	CTS997	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	13807475	FGC189	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER01	14674176	CTS3123	R1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER01	14205302	F245	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER01	15818409	M689	R1	A->G	A	G	2	100	G	D
PER01	16742224	L875	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	7647357	P242	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	14424045	CTS2680	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	9788914	F211	R1	T->G	T	G	2	100	G	D
PER01	15874245	CTS4862	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	14829196	CTS3321	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER01	7771131	P238	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER01	9989615	P231	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER01	21917832	M781	R1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER02	22844090	CTS10936	I2a1a2b1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER02	14277470	AM01256	I2a1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER02	16495009	AM00522	I2a1a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER02	7919987	PF3966	I2a1a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER02	16459388	CTS5727	I2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	15780341	S264	R1b1a1b1a1a1c1	A->G	A	G	2	100	G	D
PER03-1	7246726	S263	R1b1a1b1a1a1c	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	8796078	M405	R1b1a1b1a1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	16751825	PF6543	R1b1a1b1a1a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	17844018	L11	R1b1a1b1a1a	T->C	T	C	2	100	C	D
PER03-1	16492547	L151	R1b1a1b1a1a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	14641193	L52	R1b1a1b1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	3389980	PF6404	R1b1a1b1	T->C	T	C	3	100	C	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER03-1	6753511	L23	R1b1a1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	3274923	L478	R1b1a1b1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER03-1	13945593	M11805	R1b1a1b	A->T	A	T	1	100	T	D
PER03-1	8149348	L265	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	15732786	CTS4608	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	20811307	PF6494	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	14136291	PF6452	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	4352151	PF6409	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	21784286	L1350	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	7220727	F69	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	14522828	F1794	R1b1a1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER03-1	21222868	PF6497	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER03-1	17461478	CTS7400	R1b1a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER03-1	7391117	CTS1417	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	18095336	CTS8591	R1b1a1b	A->C	A	C	1	100	C	D
PER03-1	9464078	PF6438	R1b1a1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER03-1	21581064	PF6503	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	5166408	PF6411	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	17594966	CTS7659	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER03-1	14005779	PF6448	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	7391109	CTS1415^^	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	7766712	PF6426	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	23242935	L1348	R1b1a1b	G->C	G	C	1	100	C	D
PER03-1	15037433	CTS3575	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER03-1	8070532	PF6430	R1b1a1b	T->A	T	A	1	100	A	D
PER03-1	22621843	M4435	R1b1a1b	G->T	G	T	2	100	T	D
PER03-1	21983827	PF6507	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	21761275	PF6504	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER03-1	20838224	PF6496	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	7391110	CTS1416^^	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	13816025	PF6444	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	7391134	CTS1418^^	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	7073423	CTS894	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	7391135	CTS1419^^	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	7391142	CTS1420	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	19417394	CTS10349	R1b1a1b	A->C	A	C	1	100	C	D
PER03-1	7891188	PF6428	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	15286480	PF6459	R1b1a1	G->C	G	C	1	100	C	D
PER03-1	18656508	P297	R1b1a1	G->C	G	C	1	100	C	D
PER03-1	18394634	L752	R1b1a1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	21358553	L585	R1b1a1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	19020340	L502	R1b1a1	G->C	G	C	2	100	C	D
PER03-1	6766034	PF6418	R1b1a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER03-1	15239181	CTS3876	R1b1a1	G->C	G	C	1	100	C	D
PER03-1	15510064	CTS4244	R1b1	T->G	T	G	1	100	G	D
PER03-1	22889018	L754	R1b1	G->A	G	A	3	100	A	D
PER03-1	21528257	L1068	R1b1	T->C	T	C	1	100	C	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER03-1	10038192	A702	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	16773870	L761	R1b1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	7900883	FGC41	R1b1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER03-1	7948701	PF6246	R1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER03-1	14193384	CTS2134	R1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER03-1	9170545	M415	R1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER03-1	7081561	CTS910	R1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER03-1	7771131	P238	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	15377120	CTS4075	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	14674176	CTS3123	R1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER03-1	8738853	M643	R1	G->T	G	T	1	100	T	D
PER03-1	9788914	F211	R1	T->G	T	G	1	100	G	D
PER03-1	17275703	CTS7085	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER03-1	9989615	P231	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	14366723	CTS2565	R1	C->T	C	T	2	100	T	D
PER03-1	8633545	P245	R1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER03-1	7854412	F102	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER03-1	15026424	M173	R1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER04A	7185027	PF7394	J2a1a1a2b2a1b1~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04A	10038481	PF7407	J2a1a1a2b2a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04A	7768096	Z7635	J2a1a1a2b2a1	T->A	T	A	1	100	A	D
PER04A	17434361	PF5132	J2a1a1a2b2a1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04A	16347992	CTS5535	J2a1a1a2b2	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04A	21878809	M67	J2a1a1a2b2	A->T	A	T	1	100	T	D
PER04A	14959921	Z8091	J2a1a1a2b	A->T	A	T	2	100	T	D
PER04A	15830461	CTS4800	J2a1a1a2b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04A	7825861	PF5119	J2a1a1a2	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04A	21457266	Z2227	J2a1a1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04A	22107312	Z2229	J2a1a1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04A	9089648	PF5125	J2a1a1a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04A	4065584	PF5116^^	J2a1a1a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04A	22715995	CTS10711	J2a1a	C->T	C	T	2	100	T	D
PER04A	21493159	PF5106	J2a1a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04A	23402887	CTS11983	J2a1a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04A	19037126	CTS9718	J2a1a	G->T	G	T	2	100	T	D
PER04A	23021978	F4326	J2a1a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04A	19355570	CTS10265	J2a1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04A	23033706	CTS11251	J2a1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04A	15632637	CTS4403	J2a1	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04A	17032059	F4221	J2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04A	2773548	CTS161	J2a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04A	2745276	CTS128	J2a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04A	7158459	CTS1030	J2a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04A	15203000	CTS3816	J2a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04A	21318263	PF4983	J2a	T->A	T	A	1	100	A	D
PER04A	19283232	CTS10134	J2a	A->T	A	T	1	100	T	D
PER04A	8351025	F4095	J2a	G->A	G	A	1	100	A	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER04A	16437462	L532	J2a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04A	22950033	CTS11094	J2a	C->A	C	A	1	100	A	D
PER04A	14352921	CTS2537	J2a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04A	17191877	F2418	J2a	C->A	C	A	1	100	A	D
PER04A	7969047	PF4896	J2a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04A	18772238	F4266	J2a	T->G	T	G	1	100	G	D
PER04A	21258787	PF4982	J2a	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04A	7839500	PF4955	J2a	T->A	T	A	1	100	A	D
PER04A	21970721	L505	J2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04A	23421475	CTS12014	J2a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04A	7680253	PF4953	J2a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04A	2736889	CTS113	J2a	T->C	T	C	2	100	C	D
PER04A	19531673	CTS10551	J2a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04A	21325248	PF4926	J2	T->A	T	A	1	100	A	D
PER04A	23475526	PF4935	J2	C->T	C	T	2	100	T	D
PER04A	18978214	F4272	J2	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04A	7771358	F4087	J2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04A	28776020	CTS12984	J2	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	23291579	S1690	R1b1a1b1a1a1c2a1~	A->C	A	C	1	100	C	D
PER04B	28511669	S1691	R1b1a1b1a1a1c2a1~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	16839499	M467	R1b1a1b1a1a1c2a1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	23115473	S1688	R1b1a1b1a1a1c2a	C->A	C	A	3	100	A	D
PER04B	14424836	S1684	R1b1a1b1a1a1c2a	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	7246726	S263	R1b1a1b1a1a1c	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	16492547	L151	R1b1a1b1a1a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	18248698	P311	R1b1a1b1a1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	17589518	CTS7650	R1b1a1b1a1	C->T	C	T	3	100	T	D
PER04B	9084870	PF6540	R1b1a1b1a1	G->T	G	T	2	100	T	D
PER04B	8502236	L51	R1b1a1b1a	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	18096360	CTS8595	R1b1a1b1a	T->G	T	G	1	100	G	D
PER04B	3389980	PF6404	R1b1a1b1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	3274923	L478	R1b1a1b1	A->C	A	C	2	100	C	D
PER04B	6753511	L23	R1b1a1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	18381735	PF6482	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	14042701	CTS1738	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	20838224	PF6496	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	22621843	M4435	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04B	8296441	PF6433	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04B	17281258	E101	R1b1a1b	T->G	T	G	2	100	G	D
PER04B	7391109	CTS1415^^	R1b1a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER04B	22739367	M269	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	5166408	PF6411	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	13887941	L407	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	14522828	F1794	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	7220727	F69	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	4352151	PF6409	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	9392948	PF6437	R1b1a1b	C->T	C	T	2	100	T	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER04B	18095336	CTS8591	R1b1a1b	A->C	A	C	2	100	C	D
PER04B	7306539	CTS1274	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04B	8411202	PF6434	R1b1a1b	A->G	A	G	3	100	G	D
PER04B	21993844	PF6508	R1b1a1b	G->A	G	A	4	100	A	D
PER04B	18047475	L749	R1b1a1b	A->C	A	C	2	100	C	D
PER04B	18719565	PF6485	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	21761275	PF6504	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER04B	22190371	PF6509	R1b1a1b	A->G	A	G	2	100	G	D
PER04B	13657777	L777	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	9464078	PF6438	R1b1a1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER04B	23085375	CTS11371	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04B	8149348	L265	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	7391110	CTS1416^^	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	6912992	CTS623	R1b1a1b	T->G	T	G	2	100	G	D
PER04B	24394612	PF6527	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	14005779	PF6448	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	19179540	L1353	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	15740440	PF6462	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	16971648	CTS6532	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER04B	28771116	CTS12972	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04B	15037433	CTS3575	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04B	7391117	CTS1417	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	23476936	PF6525	R1b1a1b	G->T	G	T	2	100	T	D
PER04B	14079811	L762	R1b1a1b	T->A	T	A	1	100	A	D
PER04B	7391161	CTS1421^^	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	20811307	PF6494	R1b1a1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	17461478	CTS7400	R1b1a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER04B	7391164	CTS1422^^	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	7863189	L482	R1b1a1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	20828795	PF6495	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	8667179	PF6435	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	15732786	CTS4608	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	21581064	PF6503	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	8194310	PF6432	R1b1a1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER04B	6766034	PF6418	R1b1a1	C->T	C	T	2	100	T	D
PER04B	18394634	L752	R1b1a1	T->C	T	C	3	100	C	D
PER04B	15286480	PF6459	R1b1a1	G->C	G	C	2	100	C	D
PER04B	23452965	PF6524	R1b1a1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	17732408	CTS7904	R1b1a1	T->C	T	C	2	100	C	D
PER04B	17755905	CTS7941	R1b1a1	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	16376495	CTS5577	R1b1a1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER04B	28733101	L389	R1b1a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04B	17400785	L388	R1b1a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	17545608	CTS7585	R1b1	G->T	G	T	3	100	T	D
PER04B	18109555	CTS8612	R1b1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER04B	10038192	A702	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	23984056	PF6271	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER04B	22889018	L754	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	21558298	L1345	R1b1	G->T	G	T	1	100	T	D
PER04B	13822833	FGC36	R1b1	G->T	G	T	2	100	T	D
PER04B	21528257	L1068	R1b1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER04B	15803415	CTS4764	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	7948701	PF6246	R1b	G->T	G	T	2	100	T	D
PER04B	9170545	M415	R1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER04B	8439542	PF6250	R1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	18914441	L278	R1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	7960019	L822	R1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	16426937	CTS5676	R1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER04B	8110520	PF6248	R1b	T->A	T	A	2	100	A	D
PER04B	23992762	PF6272	R1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER04B	7081561	CTS910	R1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER04B	2686555	CTS46	R1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	22722580	L1349	R1b	T->C	T	C	3	100	C	D
PER04B	7570822	P294	R1	G->C	G	C	2	100	C	D
PER04B	19045552	M748	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	14556851	CTS2908	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	17839981	CTS8116	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER04B	7084535	CTS916	R1	G->A	G	A	2	100	A	D
PER04B	14424045	CTS2680	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	8416058	F132	R1	C->A	C	A	2	100	A	D
PER04B	15377120	CTS4075	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	9989615	P231	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER04B	21917832	M781	R1	T->C	T	C	2	100	C	D
PER04B	9788914	F211	R1	T->G	T	G	2	100	G	D
PER04B	16394489	CTS5611	R1	T->G	T	G	1	100	G	D
PER04B	14366723	CTS2565	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	17716251	P286	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER04B	15590342	P225	R1	G->T	G	T	3	100	T	D
PER04B	16939406	M710	R1	A->C	A	C	2	100	C	D
PER04B	15874245	CTS4862	R1	C->T	C	T	2	100	T	D
PER08	4961118	S206	R1b1a1b1a1a2b2	A->G	A	G	2	100	G	D
PER08	22157311	P312	R1b1a1b1a1a2	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	3389980	PF6404	R1b1a1b1	T->C	T	C	2	100	C	D
PER08	23379254	CTS11948	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	21993844	PF6508	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	14522828	F1794	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	22190371	PF6509	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER08	13511147	PF6443	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER08	23476936	PF6525	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER08	14416216	CTS2664	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	13657777	L777	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER08	17813541	CTS8052	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER08	15740440	PF6462	R1b1a1b	A->G	A	G	1	100	G	D
PER08	20828795	PF6495	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER08	23085375	CTS11371	R1b1a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER08	14317555	CTS2466	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	22621843	M4435	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER08	21761275	PF6504	R1b1a1b	T->G	T	G	1	100	G	D
PER08	17013730	PF6466	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	19462180	CTS10451	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER08	21983827	PF6507	R1b1a1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER08	13816025	PF6444	R1b1a1b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER08	22796697	CTS10834	R1b1a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER08	13887941	L407	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	8194310	PF6432	R1b1a1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	19291359	CTS10149	R1b1a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER08	21410840	PF6500	R1b1a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER08	17461478	CTS7400	R1b1a1b	T->C	T	C	1	100	C	D
PER08	4446430	M520	R1b1a1b	T->A	T	A	1	100	A	D
PER08	24444622	L1351	R1b1a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER08	14005779	PF6448	R1b1a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	23452965	PF6524	R1b1a1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER08	19020340	L502	R1b1a1	G->C	G	C	1	100	C	D
PER08	21312064	PF6498	R1b1a1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	7759944	FGC57	R1b1a1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	21358553	L585	R1b1a1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	19179606	CTS9972	R1b1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER08	15803415	CTS4764	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	19504659	L820	R1b1	T->A	T	A	1	100	A	D
PER08	15510064	CTS4244	R1b1	T->G	T	G	1	100	G	D
PER08	22889018	L754	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	13822833	FGC36	R1b1	G->T	G	T	1	100	T	D
PER08	18407611	FGC35	R1b1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER08	23984056	PF6271	R1b1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	21558298	L1345	R1b1	G->T	G	T	1	100	T	D
PER08	7081561	CTS910	R1b	C->T	C	T	2	100	T	D
PER08	7960019	L822	R1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	2686555	CTS46	R1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	8110520	PF6248	R1b	T->A	T	A	1	100	A	D
PER08	14193384	CTS2134	R1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	23992762	PF6272	R1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	2887824	M343	R1b	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	14205302	F245	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	7647357	P242	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER08	17782178	P236	R1	C->G	C	G	1	100	G	D
PER08	16742224	L875	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER08	14120054	CTS1913	R1	A->T	A	T	1	100	T	D
PER08	9989615	P231	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER08	15818409	M689	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER08	16939406	M710	R1	A->C	A	C	3	100	C	D
PER08	21117888	P234	R1	T->C	T	C	1	100	C	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER08	17716251	P286	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER08	15590342	P225	R1	G->T	G	T	1	100	T	D
PER08	22750583	M306	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER08	19045552	M748	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	21414975	Y4383	R1a1a1b1a2b3a3a2f~	T->C	T	C	2	100	C	D
PER09	16703260	Y4381	R1a1a1b1a2b3a3a2f~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER09	18192626	Y4384	R1a1a1b1a2b3a3a2f~	A->G	A	G	1	100	G	D
PER09	15249775	Y4380	R1a1a1b1a2b3a3a2f~	A->G	A	G	3	100	G	D
PER09	21605770	FGC10191	R1a1a1b1a2b3a3a2~	G->T	G	T	2	100	T	D
PER09	21256038	FGC10158	R1a1a1b1a2b3a3a2~	C->T	C	T	4	100	T	D
PER09	17801963	S3366	R1a1a1b1a2b3a3a2~	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	18688732	FGC10160	R1a1a1b1a2b3a3a2~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER09	14479605	FGC10155	R1a1a1b1a2b3a3a2~	G->T	G	T	4	100	T	D
PER09	14931228	CTS3441	R1a1a1b1a2b3a3a2~	T->A	T	A	2	100	A	D
PER09	17909171	FGC10334	R1a1a1b1a2b3a3a2~	T->C	T	C	3	100	C	D
PER09	2664249	FGC10162	R1a1a1b1a2b3a3a2~	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	21168643	S3369	R1a1a1b1a2b3a3a2~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER09	8659556	S3359	R1a1a1b1a2b3a3~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER09	23133370	Y36	R1a1a1b1a2b3a3~	A->G	A	G	2	100	G	D
PER09	15167077	FGC4501	R1a1a1b1a2b3a~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER09	7983562	S3358	R1a1a1b1a2b3a~	T->A	T	A	1	100	A	D
PER09	14896020	CTS3402	R1a1a1b1a2b3a	A->G	A	G	3	100	G	D
PER09	6229881	S466	R1a1a1b1a2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	16474793	S204	R1a1a1b1a2	G->A	G	A	2	100	A	D
PER09	15588401	S198	R1a1a1b1a	T->C	T	C	3	100	C	D
PER09	21976303	PF6217	R1a1a1b1	T->A	T	A	2	100	A	D
PER09	8245045	PF6162	R1a1a1b	C->T	C	T	4	100	T	D
PER09	7683058	PF6158	R1a1a1b	G->A	G	A	4	100	A	D
PER09	8533735	M417	R1a1a1	G->A	G	A	5	100	A	D
PER09	14054623	M515	R1a1a	T->A	T	A	6	100	A	D
PER09	16315153	M512	R1a1a	C->T	C	T	2	100	T	D
PER09	16202177	L168	R1a1a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER09	6906074	M459	R1a1	A->G	A	G	2	100	G	D
PER09	14138745	L145	R1a	C->A	C	A	4	100	A	D
PER09	17891241	L62	R1a	A->G	A	G	3	100	G	D
PER09	7132713	CTS997	R1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER09	14424045	CTS2680	R1	C->T	C	T	3	100	T	D
PER09	14674176	CTS3123	R1	A->C	A	C	2	100	C	D
PER09	14556851	CTS2908	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	9989615	P231	R1	A->G	A	G	3	100	G	D
PER09	14120054	CTS1913	R1	A->T	A	T	2	100	T	D
PER09	22750583	M306	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER09	8676330	M640	R1	G->A	G	A	5	100	A	D
PER09	14829196	CTS3321	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	8738853	M643	R1	G->T	G	T	2	100	T	D
PER09	15874245	CTS4862	R1	C->T	C	T	6	100	T	D
PER09	16394489	CTS5611	R1	T->G	T	G	5	100	G	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER09	16742224	L875	R1	A->G	A	G	3	100	G	D
PER09	7854412	F102	R1	A->G	A	G	2	100	G	D
PER09	16939406	M710	R1	A->C	A	C	3	100	C	D
PER09	14205302	F245	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER09	17716251	P286	R1	C->T	C	T	2	100	T	D
PER09	17839981	CTS8116	R1	G->A	G	A	4	100	A	D
PER09	7671535	F93	R1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER09	15818409	M689	R1	A->G	A	G	3	100	G	D
PER09	17782178	P236	R1	C->G	C	G	3	100	G	D
PER09	19045552	M748	R1	C->T	C	T	2	100	T	D
PER09	15026424	M173	R1	A->C	A	C	2	100	C	D
PER09	13807475	FGC189	R1	C->A	C	A	3	100	A	D
PER09	15377120	CTS4075	R1	A->G	A	G	1	100	G	D
PER09	14366723	CTS2565	R1	C->T	C	T	5	100	T	D
PER09	7570822	P294	R1	G->C	G	C	2	100	C	D
PER09	8416058	F132	R1	C->A	C	A	1	100	A	D
PER09	21117888	P234	R1	T->C	T	C	2	100	C	D
PER09	22601068	L1352	R1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER09	7647357	P242	R1	G->A	G	A	2	100	A	D
PER09	9788914	F211	R1	T->G	T	G	1	100	G	D
PER10	17650656	YP821	Q1a2a1a4a~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	18078858	YP825	Q1a2a1a4a~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	15031228	L713	Q1a2a1a~	A->G	A	G	1	100	G	D
PER10	24383557	YP864	Q1a2a1~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	24453631	YP865	Q1a2a1~	T->A	T	A	1	100	A	D
PER10	17714528	YP822	Q1a2a1~	T->A	T	A	1	100	A	D
PER10	21505375	YP843	Q1a2a1~	A->C	A	C	1	100	C	D
PER10	23300518	YP855	Q1a2a1~	C->G	C	G	1	100	G	D
PER10	2710308	L697.2	Q1a2a1~	G->T	G	T	1	100	T	D
PER10	23968392	YP863	Q1a2a1~	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	13685563	YP799	Q1a2a1~	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	14476580	YP809	Q1a2a1~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	22122670	YP845	Q1a2a1~	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	19466096	YP836	Q1a2a1~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	21979284	F5263	Q1a2a~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	21227470	F5220	Q1a2a~	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	21409303	Y3922	Q1a2a~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	8545119	F4775	Q1a2a~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	14354969	F4946	Q1a2a~	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	18075699	FGC9826	Q1a2	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	9170882	Y3932	Q1a2	C->A	C	A	1	100	A	D
PER10	14778340	F4969	Q1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	14759374	F4968	Q1a2	T->G	T	G	1	100	G	D
PER10	21083306	L714	Q1a2	A->G	A	G	1	100	G	D
PER10	14721581	Y9310	Q1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	6697302	F4672	Q1a2	A->G	A	G	1	100	G	D
PER10	15723595	F5010	Q1a2	C->T	C	T	1	100	T	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER10	18989251	F5174	Q1a2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	21447397	F5237	Q1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	18769655	Y3894	Q1a2	T->G	T	G	1	100	G	D
PER10	17460873	F5099	Q1a2	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	8660645	F4784	Q1a2	C->A	C	A	1	100	A	D
PER10	15379476	F4996	Q1a2	T->G	T	G	1	100	G	D
PER10	17887937	F5119	Q1a2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	18907907	F5169	Q1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	8748077	F4792	Q1a2	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	21098767	F5212	Q1a2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	8272164	F4756	Q1a2	G->T	G	T	1	100	T	D
PER10	6764055	Y663	Q1a	A->C	A	C	1	100	C	D
PER10	18234309	F2743	Q1a	A->C	A	C	1	100	A	A
PER10	8454150	F1215	Q1a	A->C	A	C	1	100	C	D
PER10	18599094	F2786	Q1a	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	7932797	F4740	Q1a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	14673835	CTS3122	Q1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	22970360	CTS11133	Q1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	16195023	CTS5301	Q1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	6812699	CTS511	Q1	T->C	T	C	1	100	C	D
PER10	17560616	CTS7611	Q1	A->T	A	T	1	100	T	D
PER10	14151622	CTS2006	Q1	C->T	C	T	1	100	T	D
PER10	14092227	CTS1845	Q1	G->C	G	C	1	100	C	D
PER10	15863129	CTS4849	Q1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER10	22155597	M1168	Q1	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	8115394	BY25361	I2a1b2a2b2b	G->C	G	C	2	100	C	D
PER11	8421692	BY25363	I2a1b2a2b2b	G->A	G	A	2	100	A	D
PER11	22102226	BY14034	I2a1b2a2b2	C->A	C	A	1	100	A	D
PER11	21213742	BY14032	I2a1b2a2b2	G->A	G	A	2	100	A	D
PER11	23579930	BY14029	I2a1b2a2b2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	21732915	BY14033	I2a1b2a2b2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER11	19494849	BY14031	I2a1b2a2b2	T->G	T	G	2	100	G	D
PER11	14448488	PH1237	I2a1b2a2b	C->T	C	T	3	100	T	D
PER11	22188296	S2604	I2a1b2a	T->G	T	G	1	100	G	D
PER11	8427216	FGC29572	I2a1b2a	A->T	A	T	1	100	T	D
PER11	7744894	FGC29588	I2a1b2a	G->A	G	A	2	100	A	D
PER11	16626617	L65.1	I2a1b2a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER11	17362488	S2561	I2a1b2a	C->A	C	A	1	100	A	D
PER11	14773597	S2520	I2a1b2a	T->C	T	C	1	100	C	D
PER11	14029707	S2507	I2a1b2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	14789282	S2521	I2a1b2a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	15032215	S2524	I2a1b2a	C->T	C	T	2	100	T	D
PER11	16910264	S2557	I2a1b2a	A->G	A	G	1	100	G	D
PER11	22810186	FGC29580	I2a1b2a	T->C	T	C	1	100	C	D
PER11	6877439	S2497	I2a1b2a	C->A	C	A	2	100	A	D
PER11	14186238	S2510	I2a1b2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	16778798	S2556	I2a1b2a	A->G	A	G	1	100	G	D

F4. táblázat (folytatás). Az Y kromoszómás haplocsoportokat meghatározó SNP-k

Minta azonosító	Pozíció	Marker neve	Haplocsoport	Mutáció	anc.	der.	Olvasatok	Called perc.	Called base	State
PER11	6934599	S2498	I2a1b2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	9375320	S12294	I2a1b2a	C->G	C	G	1	100	G	D
PER11	28788178	FGC29704	I2a1b2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	7957490	S10886	I2a1b2a	T->C	T	C	3	100	C	D
PER11	16610214	S2552	I2a1b2a	C->A	C	A	3	100	A	D
PER11	19369174	FGC29601	I2a1b2	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	18770327	S2577	I2a1b2	C->G	C	G	1	100	G	D
PER11	21594118	FGC29597	I2a1b2	G->T	G	T	4	100	T	D
PER11	7856918	S10750	I2a1b2	C->A	C	A	1	100	A	D
PER11	17463021	S2563	I2a1b2	C->A	C	A	2	100	A	D
PER11	8052362	S10978	I2a1b2	G->C	G	C	2	100	C	D
PER11	17795467	FGC29579	I2a1b2	T->G	T	G	1	100	G	D
PER11	7435995	S2504	I2a1b2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER11	8614730	S11727	I2a1b2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	19318261	Y11317	I2a1b2	C->A	C	A	2	100	A	D
PER11	7100853	S2501	I2a1b2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	15955877	S2540	I2a1b2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	8193321	FGC29562	I2a1b2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER11	19106468	FGC29556	I2a1b2	A->G	A	G	1	100	G	D
PER11	7844000	S10728	I2a1b2	C->A	C	A	2	100	A	D
PER11	15843990	FGC29626	I2a1b2	T->G	T	G	1	100	G	D
PER11	16715106	S2555	I2a1b2	T->A	T	A	1	100	A	D
PER11	17076043	S2558	I2a1b2	T->C	T	C	1	100	C	D
PER11	14265663	FGC29585	I2a1b2	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	21742618	FGC3537	I2a1b	C->T	C	T	3	100	T	D
PER11	7883549	L800	I2a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	19077754	L181	I2a1b	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	23479678	FGC3521	I2a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	19384600	FGC3527	I2a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER11	6944190	FGC3524	I2a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	24409110	FGC3522	I2a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	14026058	FGC14209	I2a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	14834417	CTS3326	I2a1b	A->C	A	C	1	100	C	D
PER11	13992338	P216	I2a1b	C->G	C	G	1	100	G	D
PER11	19220272	CTS10037	I2a1b	T->C	T	C	2	100	C	D
PER11	9108724	FGC3520	I2a1b	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	18951175	FGC3526	I2a1b	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	7879415	L460	I2a1	A->C	A	C	1	100	C	D
PER11	15354989	CTS4047	I2a	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	17605052	CTS7669	I2a	C->T	C	T	2	100	T	D
PER11	14238700	CTS2257	I2a	G->T	G	T	1	100	T	D
PER11	21155258	PF3798	I2a	T->C	T	C	2	100	C	D
PER11	17770238	CTS7965	I2	G->A	G	A	2	100	A	D
PER11	15718964	CTS4568	I2	G->A	G	A	1	100	A	D
PER11	22109679	PF3820	I2	C->T	C	T	1	100	T	D
PER11	16638804	M438	I2	A->G	A	G	1	100	G	D
PER11	14202119	CTS2159	I2	C->A	C	A	1	100	A	D

F5. táblázat. Az rCRS-hez (Revised Cambridge Reference Sequence) viszonyított SNP-k listája. Van Oven (2009) leírásának megfelelően az elemzésből kizártuk az ismert inszerciós/deléciós hotspotokat a következő nukleotidpozíciókon: 309.1C(C), 315.1C, 523–524del (vagy 522–523del), 3106del, 16182C, 16183C, 16193.1C(C), 16519C. A piros színnel jelölt pozíciók azokat az SNP-eket jelölik, amelyek lefedettség hiánya miatt nem voltak detektálhatók. A haplocsoport-meghatározást a HaploGrep szoftver végezte, fasta formátumú szekvenciákból.

Minta azonosító	MT Hg	Összesített rangsor (pontossági érték)	Nem talált polimorfizmusok * a lefedettség hiányában	Megtalált polimorfizmusok	Egyedi polimorfizmusok	Összes polimorfizmus
PER01	H13a1a1a	0.9377		263G 750G 1438G 2259T 4745G 4769G 7337A 8860G 13326C 13680T 14831A 14872T 15326G	309.1CT 310C 3107C 4923G 16519C	263G 309.1CT 310C 750G 1438G 2259T 3107C 4745G 4769G 4923G 7337A 8860G 13326C 13680T 14831A 14872T 15326G 16519C
PER02	H7c4	1		263G 750G 1438G 4769G 4793G 6296A 8860G 15326G 16265C	75A 310.1C 3107C 3705A 8857N 9300A 16172C 16189C 16291T 16519C	75A 263G 310.1C 750G 1438G 3107C 3705A 4769G 4793G 6296A 8857N 8860G 9300A 15326G 16172C 16189C 16265C 16291T 16519C
PER03-1	H1c	1		263G 477C 750G 1438G 3010A 4769G 8860G 15326G	195C 292C 3107C 6671C 16519C	195C 263G 292C 477C 750G 1438G 3010A 3107C 4769G 6671C 8860G 15326G 16519C
PER04A	J1c10	0.8783	228A	73G 185A 263G 295T 462T 489C 750G 1438G 2706G 3010A 4216C 4769G 5024T 7028T 8860G 10398G 11251G 11719A 12612G 13708A 14766T 14798C 15326G 15452A 16069T 16126C	310.1C 326G 3107C 3202C 3558G 8945C 12501A 15650A 16362C	73G 185A 263G 295T 310.1C 326G 462T 489C 750G 1438G 2706G 3010A 3107C 3202C 3558G 4216C 4769G 5024T 7028T 8860G 8945C 10398G 11251G 11719A 12501A 12612G 13708A 14766T 14798C 15326G 15452A 15650A 16069T 16126C 16362C
PER04B	T2	0.9266		73G 263G 709A 750G 1438G 1888A 2706G 4216C 4769G 4917G 7028T 8697A 8860G 10463C 11251G 11719A 11812G 13368A 14233G 14766T 14905A 15326G 15452A 15607G 15928A 16126C 16294T 16296T	310.1C 3107C 8701G 9111C 11404G 15466A 15650A 16519C	73G 263G 310.1C 709A 750G 1438G 1888A 2706G 3107C 4216C 4769G 4917G 7028T 8697A 8701G 8860G 9111C 10463C 11251G 11404G 11719A 11812G 13368A 14233G 14766T 14905A 15326G 15452A 15466A 15607G 15650A 15928A 16126C 16294T 16296T 16519C
PER05	U5a1b	1		73G 263G 750G 1438G 2706G 3197C 4769G 7028T 8860G 9477A 9667G 11467G 11719A 12308G 12372A 13617C 14766T 14793G 15218G 15326G 16192T 16256T 16270T 16399G	200G 310.1C 3107C 9545G 13077T 16311C	73G 200G 263G 310.1C 750G 1438G 2706G 3107C 3197C 4769G 7028T 8860G 9477A 9545G 9667G 11467G 11719A 12308G 12372A 13077T 13617C 14766T 14793G 15218G 15326G 16192T 16256T 16270T 16311C 16399G
PER08	H7e	1		263G 750G 1438G 4769G 4793G 8026T 8860G 9527T 15326G	309.1CT 310C 3107C 16519C	263G 309.1CT 310C 750G 1438G 3107C 4769G 4793G 8026T 8860G 9527T 15326G 16519C
PER09	A26	0.8933	11809C 14968C 16144C	73G 152C 235G 263G 663G 750G 1438G 1736G 2706G 4248C 4769G 4824G 4924A 7028T 8794T 8860G 9716A 11719A 12705T 13650T 13752C 14766T 15326G 16223T 16290T 16319A 16362C	309.1CT 310C 514d 1007A 3107C 8651C 10646A 16067T 16519C	73G 152C 235G 263G 309.1CT 310C 514d 663G 750G 1007A 1438G 1736G 2706G 3107C 4248C 4769G 4824G 4924A 7028T 8651C 8794T 8860G 9716A 10646A 11719A 12705T 13650T 13752C 14766T 15326G 16067T 16223T 16290T 16319A 16362C 16519C

F5. táblázat. Az rCRS-hez (Revised Cambridge Reference Sequence) viszonyított SNP-k listája. Van Oven (2009) leírásának megfelelően az elemzésből kizártuk az ismert inszerciós/deléciós hotspotokat a következő nukleotidpozíciókon: 309.1C(C), 315.1C, 523–524del (vagy 522–523del), 3106del, 16182C, 16183C, 16193.1C(C), 16519C. A piros színnel jelölt pozíciók azokat az SNP-eket jelölik, amelyek lefedettség hiánya miatt nem voltak detektálhatók. A haplocsoport-meghatározást a HaploGrep szoftver végezte, fasta formátumú szekvenciákból.

Minta azonosító	MT Hg	Összesített rangsor (pontossági érték)	Nem talált polimorfizmusok * a lefedettség hiányában	Megtalált polimorfizmusok	Egyedi polimorfizmusok	Összes polimorfizmus
PER09A	H1n6	1		263G 552A 750G 1438G 2098A 3010A 4769G 8860G 11551G 14221C 15326G	309.1CT 310C 513.1CA 3107C 7235T 16336A 16519C	263G 309.1CT 310C 513.1CA 552A 750G 1438G 2098A 3010A 3107C 4769G 7235T 8860G 11551G 14221C 15326G 16336A 16519C
PER09B	T2b5	0.9571		73G 263G 709A 750G 930A 1438G 1888A 2706G 3826C 4216C 4769G 4917G 5147A 7028T 8697A 8860G 10463C 11251G 11719A 11812G 13368A 14233G 14766T 14905A 15326G 15452A 15607G 15928A 16126C 16294T 16296T 16304C	151T 309.1CT 310C 3107C 9948A 16051G 16519C	73G 151T 263G 309.1CT 310C 709A 750G 930A 1438G 1888A 2706G 3107C 3826C 4216C 4769G 4917G 5147A 7028T 8697A 8860G 9948A 10463C 11251G 11719A 11812G 13368A 14233G 14766T 14905A 15326G 15452A 15607G 15928A 16051G 16126C 16294T 16296T 16304C 16519C
PER10	J1c5a	0.9737		73G 185A 228A 263G 295T 462T 489C 750G 1438G 2387C 2706G 3010A 4216C 4769G 5198G 7028T 8860G 10192T 10398G 11251G 11719A 12612G 13708A 14766T 14798C 15326G 15452A 16069T 16126C	310.1C 513.1CA 3107C 15418T 16256T	73G 185A 228A 263G 295T 310.1C 462T 489C 513.1CA 750G 1438G 2387C 2706G 3010A 3107C 4216C 4769G 5198G 7028T 8860G 10192T 10398G 11251G 11719A 12612G 13708A 14766T 14798C 15326G 15418T 15452A 16069T 16126C 16256T
PER11	H7c4	0.854		263G 750G 1438G 4769G 4793G 6296A 8860G 15326G 16265C	75A 309.1CCT 310C 3107C 3705A 9300A 16172C 16189C 16291T 16497G 16519C	75A 263G 309.1CCT 310C 750G 1438G 3107C 3705A 4769G 4793G 6296A 8860G 9300A 15326G 16172C 16189C 16291T 16497G 16519C
PER22	U4c1	0.9769		73G 195C 263G 499A 750G 1438G 1811G 2706G 4646C 4769G 4811G 5999C 6047G 6146G 7028T 8860G 9070G 10907C 11009C 11332T 11467G 11719A 12308G 12372A 14620T 14766T 14866T 15326G 15693C 16179T 16356C	309.1CT 310C 3107C 3438A 16519C	73G 195C 263G 309.1CT 310C 499A 750G 1438G 1811G 2706G 3107C 3438A 4646C 4769G 4811G 5999C 6047G 6146G 7028T 8860G 9070G 10907C 11009C 11332T 11467G 11719A 12308G 12372A 14620T 14766T 14866T 15326G 15693C 16179T 16356C 16519C

F6. táblázat. A szilágyperecseni lelőhely genetikai rokonainak listája. Az ANGSD szoftverrel számított rokonsági együtthatók a Nyerki et al., 2023 által leírtak szerint kerültek korrekcióra.

kin1	kin2	Angsd	Angsd javított érték	rokonság Angsd	kin1 mtDNA Hg	kin1 Y-chr Hg	kin2 mtDNA Hg	kin2 Y-chr Hg
PER03-1	PER01	0.012684	0.036733	4th	H1c	R1b1a1b1a1a1c1	H13a1a1a	R1b1a1b1a1a1c1a
PER02	PER11	0.002663	0.024278	4th	H7c4	I2a1a2b1	H7c4	I2a1b2a2b2b
PER02	PER04A	0.004562	0.061679	3rd	H7c4	I2a1a2b1	J1c10	J2a1a1a2b2a1b1~
PER11	PER04A	0.00278	0.007616	uncertain	H7c4	I2a1b2a2b2b	J1c10	J2a1a1a2b2a1b1~

F7 táblázat. A modern európai PCA háttér létrehozásához használt populációk.

A teljes verzió itt érhető el: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>.

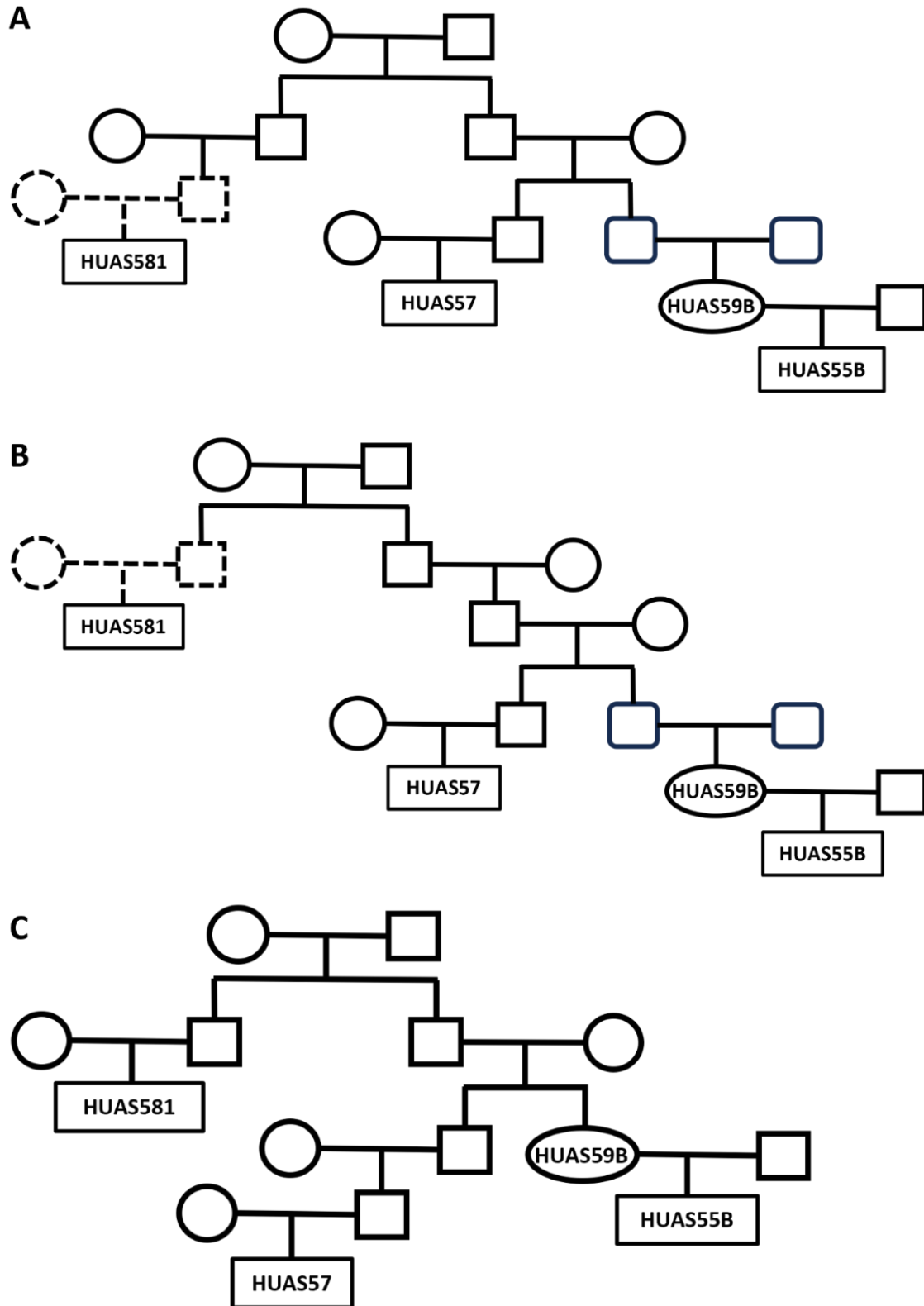
A populáció kódja	A populáció neve	Ország (angolul)	Régió (angolul)	Minták mennyisége
Abz	Abazin	Russia	Caucasus	8
Abk	Abkhasian	Abkhazia	Caucasus	9
AdK	Adygei Krasnodar	Russia	Caucasus	10
Adg	Adygei Shovgenovsky	Russia	Caucasus	10
Abn	Albanian	Albania	Southern Europe	6
Arm	Armenian	Armenia	Caucasus	10
Asy	Assyrian	Turkey	Western Asia	4
Asy	Assyrian	Iraq	Western Asia	3
Asy	Assyrian	Iran	Western Asia	3
Avr	Avar	Russia	Caucasus	9
Azr	Azeri	Azerbaijan	Caucasus	9
Blk	Balkar	Russia	Caucasus	10
Bsq	Basque	France	Southern Europe	10
Bsq	Basque	Spain	Southern Europe	6
Blr	Belarusian	Belarus	Eastern Europe	10
Bes	Besermyan	Russia	Eastern Europe	6
Blg	Bulgarian	Bulgaria	Eastern Europe	10
Can	Canary Islander	Spain	North Africa	2
Cch	Chechen	Russia	Caucasus	9
CvC	Chuvash Cheboksary	Russia	Eastern Europe	10
CvT	Chuvash Tatarstan	Russia	Eastern Europe	6
Crt	Croatian	Croatia	Southern Europe	10
Cyp	Cypriot	Cyprus	Western Asia	8
Cze	Czech	Czechoslovakia	Eastern Europe	10
Drg	Darginian	Russia	Caucasus	8
Drz	Druze	Israel	Western Asia	12
Eng	English	Great Britain	Western Europe	10
Est	Estonian	Estonia	Northern Europe	10
Ezd	Ezid	Armenia	Caucasus	8
Fin	Finnish	Finland	Northern Europe	16
Fre	French	France	Western Europe	18
Ggz	Gagauz	Moldova	Eastern Europe	9
Grg	Georgian	Georgia	Caucasus	6
GrT	Georgian Turkey	Turkey	Western Asia	7
GrZ	Georgian Zugdidi	Georgia	Caucasus	8
Grk	Greek	Greece	Southern Europe	14
Hun	Hungarian	Hungary	Eastern Europe	20
Ice	Icelandic	Iceland	Northern Europe	12
Irn	Iranian	Iran	Western Asia	20
Itn	Italian North	Italy	Southern Europe	16
Its	Italian South	Italy	Southern Europe	4
Jas	Jew Ashkenazi	Poland	Eastern Europe	7
Jgr	Jew Georgian	Georgia	Caucasus	7
Jir	Jew Iranian	Iran	Western Asia	9
Jiq	Jew Iraqi	Iraq	Western Asia	6
Jln	Jew Libyan	Libya	North Africa	9
Jmo	Jew Moroccan	Morocco	North Africa	6
Jtu	Jew Tunisian	Tunisia	North Africa	7
Jtr	Jew Turkish	Turkey	Western Asia	8
Jym	Jew Yemenite	Yemen	Western Asia	8
Jrd	Jordanian	Jordan	Western Asia	9
Kbd	Kabardinian	Russia	Caucasus	9
Krl	Karelian	Russia	Northern Europe	10
Kbc	Kubachinian	Russia	Caucasus	6
Kmk	Kumyk	Russia	Caucasus	8

F7 táblázat (folytatás). A modern európai PCA háttér létrehozásához használt populációk.

A teljes verzió itt érhető el: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>.

A populáció kódja	A populáció neve	Ország (angolul)	Régió (angolul)	Minták mennyisége
Krd	Kurd	Russia	Caucasus	8
Krd	Kurd	Armenia	Caucasus	2
Lbn	Lebanese	Lebanon	Western Asia	17
Lzg	Lezgin	Russia	Caucasus	9
Lth	Lithuanian	Lithuania	Northern Europe	10
Mlt	Maltese	Malta	Southern Europe	8
Mdv	Moldavian	Moldova	Eastern Europe	10
Mrd	Mordovian	Russia	Eastern Europe	16
Nwg	Norwegian	Norway	Northern Europe	10
Orc	Orcadian	United Kingdom	Western Europe	13
Ost	Ossetian	Russia	Caucasus	14
Pls	Palestinian	Israel	Western Asia	14
Rom	Romanian	Romania	Eastern Europe	10
RuA	Russian Archangelsk Krasnoborsky	Russia	Eastern Europe	4
RuA	Russian Archangelsk Leshukonsky	Russia	Eastern Europe	2
RuB	Russian Belgorod	Russia	Eastern Europe	4
RuC	Russian Cheremisinovsky	Russia	Eastern Europe	4
RuO	Russian Orel	Russia	Eastern Europe	4
RuP	Russian Pskov	Russia	Eastern Europe	6
RuR	Russian Ryazan	Russia	Eastern Europe	5
RuT	Russian Tver	Russia	Eastern Europe	4
RuV	Russian Vologda	Russia	Eastern Europe	8
RusY	Russian Yaroslavl	Russia	Eastern Europe	3
Sar	Sardinian	Italy	Southern Europe	16
Sct	Scottish	Great Britain	Western Europe	4
Scl	Sicilian	Italy	Southern Europe	11
Spa	Spanish	Spain	Southern Europe	16
Syr	Syrian	Syria	Western Asia	8
Trk	Turkish	Turkey	Western Asia	16
Ukr	Ukrainian	Russia	Eastern Europe	6
UkL	Ukrainian Lviv	Ukraine	Eastern Europe	3
UkN	Ukrainian North	Ukraine	Eastern Europe	8
UkS	Ukrainian Sumskaya	Ukraine	Eastern Europe	4
Vep	Veps	Russia	Eastern Europe	10

F2. ábra. Az Abasár Bolt-tető lelőhelyről származó nagyobb család rokonsági fokai alapján felállított lehetséges családfák. A HUAS581 pontos helyzete a családfán nem egyértelmű, mivel a rokonsági elemzés szerint negyedfokú kapcsolatban áll HUAS57-tel, valamint ötödfokú kapcsolatban HUAS59B-vel. Ennek megfelelően HUAS581 feltételezett szüleit szaggatott vonallal jelöltük a családfákon.



F8. táblázat. Az Abasár Bolt-tető lelőhelyről származó DNS minták forrása.

Minta azonosító	DNS minta forrása	Minta azonosító	DNS minta forrása
HUAS57	halántékcson (pars petrosa)	HUAS262	foggyökér
HUAS81	halántékcson (pars petrosa)	HUAS257	halántékcson (pars petrosa)
HUAS82	halántékcson (pars petrosa)	HUAS257	foggyökér
HUAS83	halántékcson (pars petrosa)	HUAS309	foggyökér
HUAS84	halántékcson (pars petrosa)	HUAS341	halántékcson (pars petrosa)
HUAS85	halántékcson (pars petrosa)	HUAS341	foggyökér
HUAS86	halántékcson (pars petrosa)	HUAS200	halántékcson (pars petrosa)
HUAS87	halántékcson (pars petrosa)	HUAS261	foggyökér
HUAS88	halántékcson (pars petrosa)	HUAS310	foggyökér
HUAS89	halántékcson (pars petrosa)	HUAS450	foggyökér
HUAS57F	halántékcson (pars petrosa)	HUAS390	halántékcson (pars petrosa)
HUAS581	halántékcson (pars petrosa)	HUAS390	foggyökér
HUAS582	halántékcson (pars petrosa)	HUAS445	halántékcson (pars petrosa)
HUAS59A	halántékcson (pars petrosa)	HUAS316	foggyökér
HUAS59B	halántékcson (pars petrosa)	HUAS401	halántékcson (pars petrosa)
HUAS55A	halántékcson (pars petrosa)	HUAS401	foggyökér
HUAS55B	halántékcson (pars petrosa)	HUAS401P	foggyökér
HUAS311A	halántékcson (pars petrosa)	HUAS194A	halántékcson (pars petrosa)
HUAS311A	foggyökér	HUAS194B	halántékcson (pars petrosa)
HUAS311B	halántékcson (pars petrosa)	HUAS194C	halántékcson (pars petrosa)
HUAS311B	foggyökér	HUAS194D	halántékcson (pars petrosa)
HUAS201	halántékcson (pars petrosa)	HUAS259	halántékcson (pars petrosa)

F9. táblázat. Az Abasár projektben feldolgozott, válogatott csontminták AMS radiokarbon kormeghatározás eredményei.

Minta azonosító	Lelőhely	Sírszám	Minta forrása	Kalibrálatlan radiokarbon kor (uncalibrated BP)	±	OxCal ¹ 95% cal (CE)	Mérést végző laboratórium ²	AMS minta azonosító
HUAS55A	Abasár-Bolt-tető	S55A	borda darab	1110	13	892-933 (42,3%); 941-992 (53,2%)	INR Debrecen	DeA-39136
HUAS55B	Abasár-Bolt-tető	S55B	borda darab	696	12	1276-1300 (92,6%); 1372-1377 (2,8%)	INR Debrecen	DeA-39137
HUAS57	Abasár-Bolt-tető	S57	fog	686	14	1279-1303 (79%); 1368-1379 (16,4%)	INR Debrecen	DeA-39135
HUAS59B	Abasár-Bolt-tető	S59B	borda darab	628	12	1300-1325 (43,7%); 1352-1395 (51,7%)	INR Debrecen	DeA-39138
HUAS261	Abasár-Bolt-tető	S261	fog	692	13	1277-1301 (88,4%); 1371-1378 (7%)	INR Debrecen	DeA-39129
HUAS262	Abasár-Bolt-tető	S262	fog	690	12	1278-1301 (87,8%); 1371-1378 (7,6%)	INR Debrecen	DeA-39130
HUAS309	Abasár-Bolt-tető	S309	fog	608	13	1305-1365 (76,6%); 1383-1398 (18,9%)	INR Debrecen	DeA-39131
HUAS341	Abasár-Bolt-tető	S341	fog	383	12	1455-1505 (78,8%); 1596-1618 (16,6%)	INR Debrecen	DeA-39132
HUAS390	Abasár-Bolt-tető	S390	fog	858	13	1169-1222 (95,4%)	INR Debrecen	DeA-39133
HUAS450	Abasár-Bolt-tető	S450	fog	618	12	1301-1329 (43,8%); 1341-1369 (29,3%); 1379-1396 (22,3%)	INR Debrecen	DeA-39134
AG-6	Ar-Gunt	6	fog	2070	16	153-129 BCE (8,7%); 123-39 BCE (81,6%); 11 BCE - 3 CE (5,1%)	INR Debrecen	DeA-39859

Megjegyzés:

Szoftver és beállítások: OxCal 4.4.4, IntCal20

Mérést végző laboratórium: INR Debrecen – az MTA Atommagkutató Intézetének AMS laboratóriuma, Debrecen, Magyarország

F10. táblázat. Alacsony lefedettségű shotgun szekvenálási adatok az Abasár Bolt-tető mintáiból.

Minta azonosító	Minta forrása	Összes olvasat száma	Összes a GRCh37 referencia genomra illesztett olvasatok száma	Endogén humán DNS tartalom (%)	Az egyedi, GRCh37 referencia genomra illesztett olvasatok száma	Duplikátumok (%)	Átlagos fragment hossz	Biológiai nem meghatározás (Skoglund)
HUAS57	petrosa	360450	98392	55%	96950	2%	56.70	XY
HUAS81	petrosa	320891	15306	10%	15110	1%	59.19	XY
HUAS82	petrosa	382737	128999	67%	127052	2%	54.12	XY
HUAS83	petrosa	346479	146191	84%	144260	1%	55.60	XY
HUAS84	petrosa	357192	24344	14%	23992	1%	61.45	XY
HUAS85	petrosa	254370	15267	12%	15075	1%	56.40	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS86	petrosa	431636	167204	78%	164729	2%	56.90	XY
HUAS87	petrosa	653028	188802	58%	186155	1%	53.95	XY
HUAS88	petrosa	306951	2291	2%	2257	2%	59.50	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS89	petrosa	333709	893	1%	886	1%	62.42	valószínűsíthető XX
HUAS57F	petrosa	191719	26	0.00%	26	0.0%	22.69	NA
HUAS581	petrosa	298386	46311	31.00%	44141	4.7%	61.89	XY
HUAS582	petrosa	671180	11052	3.30%	10549	4.6%	47.38	valószínűsíthető XX
HUAS59A	petrosa	418697	6791	3.20%	6545	3.6%	51.24	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS59B	petrosa	300835	16362	10.90%	15545	5.0%	53.78	XX
HUAS55A	petrosa	450621	14565	6.50%	13817	5.1%	59.98	XY
HUAS55B	petrosa	144906	60078	33.60%	57753	1.6%	57.27	XY
HUAS311A	petrosa	344196	17	0.00%	17	0.0%	22.71	valószínűsíthető XX
HUAS311A	fog	51805	859	2.10%	842	4.1%	54.03	valószínűsíthető XX
HUAS311B	petrosa	321657	1800	1.10%	1769	1.7%	45.87	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS311B	fog	141986	294	0.40%	288	2.0%	56.99	valószínűsíthető XX
HUAS201	petrosa	130141	99	0.20%	98	1.0%	56.32	valószínűsíthető XX

F10. táblázat (folytatás). Alacsony lefedettségű shotgun szekvenálási adatok az Abasár Bolt-tető mintáiból.

Minta azonosító	Minta forrása	Összes olvasat száma	Összes a GRCh37 referencia genomra illesztett olvasatok száma	Endogén humán DNS tartalom (%)	Az egyedi, GRCh37 referencia genomra illesztett olvasatok száma	Duplikátumok (%)	Átlagos fragment hossz	Biológiai nem meghatározás (Skoglund)
HUAS262	fog	56161	2431	8.70%	2281	6.2%	77.15	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS257	petrosa	101416	10731	21.20%	10598	1.2%	57.64	XY
HUAS257	fog	159727	45	0.10%	45	0.00%	39.13	NA
HUAS309	fog	65097	4100	12.60%	3873	5.50%	52.73	valószínűsíthető XX
HUAS341	petrosa	146177	51414	70.30%	50584	1.60%	63.05	XY
HUAS341	fog	308331	518	0.30%	508	1.90%	53.63	NA
HUAS200	petrosa	66548	12	0.00%	12	0.00%	60	NA
HUAS261	fog	108882	27067	49.70%	26792	1.00%	65.24	XY
HUAS310	fog	90101	1630	3.60%	1534	5.90%	45.66	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS450	fog	120822	6011	10.00%	5583	7.10%	42.5	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS390	petrosa	112562	138	0.20%	136	1.40%	58.25	valószínűsíthető XX
HUAS390	fog	79080	6539	16.50%	6421	1.80%	54.21	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX
HUAS445	petrosa	256058	4818	3.80%	4744	1.50%	51.04	valószínűsíthető XX
HUAS316	fog	128697	211	0.30%	210	0.50%	68.61	valószínűsíthető XX
HUAS401	petrosa	110690	433	0.80%	428	1.20%	50.16	valószínűsíthető XX
HUAS401	fog	128366	3120	4.90%	3089	1.00%	94.83	XX
HUAS401P	fog	199278	989	1.00%	981	0.80%	78.77	NA
HUAS194A	petrosa	306372	634	0.40%	626	1.30%	74.97	valószínűsíthető XX
HUAS194B	petrosa	304703	32857	21.60%	32397	1.40%	54.43	XY
HUAS194C	petrosa	249029	1051	0.80%	1037	1.30%	48.36	XY
HUAS194D	petrosa	125062	7	0.00%	7	0.00%	23.43	NA
HUAS259	petrosa	79502	1548	3.90%	1534	0.90%	54.24	valószínűsíthető XY de nem kizárható XX

F11. táblázat. Teljes genom NGS adatok az Abasár Bolt-tető mintáiból.

Minta azonosító	Összes olvasat száma	Az egyedi, GRCh37 referencia genomra illesztett olvasatok száma	Endogén humán DNS tartalom (%)	Átlagos genom lefedettség	Átlagos X kromoszóma lefedettség	Átlagos Y kromoszóma lefedettség	Átlagos mitokondriális lefedettség	Becsült MT kontamináció (% , Schmutzi)	Becsült X kontamináció (% , ANGSD)
HUAS194B	705431650	133326901	19%	2.23	1.23	0.79	241	1%	1%
HUAS257	434196630	71707439	17%	1.15	0.65	0.50	172	2%	4%
HUAS261	165338595	62932032	38%	1.22	0.67	0.58	88	1%	0%
HUAS262	1343248400	129585766	10%	3.11	1.71	1.36	312	1%	1%
HUAS309	737336091	77630217	11%	1.33	1.34	0.05	1084	1%	NA
HUAS341	109542774	64682716	59%	1.30	0.72	0.56	120	1%	1%
HUAS390	705850695	97899761	14%	1.11	0.63	0.57	78	1%	2%
HUAS450	1064668379	78672474	7%	0.84	0.50	0.40	66	1%	1%
HUAS55A	38188196	7832389	21%	0.58	0.32	0.31	49	1%	2%
HUAS55B	218806915	56066303	26%	1.06	0.58	0.42	142	1%	1%
HUAS57	73463946	7734495	11%	1.31	0.73	0.62	169	1%	1%
HUAS581	59686931	7554335	13%	1.06	0.59	0.49	138	1%	0%
HUAS59B	46454478	6703672	14%	0.69	0.71	0.04	66	1%	NA
HUAS81	102911012	22372613	22%	1.63	0.91	0.95	148	1%	1%
HUAS82_83	169785964	20185423	12%	5.70	1.61	1.30	476	1%	1%
HUAS84	98806969	16960692	17%	1.70	0.95	0.75	222	1%	2%
HUAS85	92629598	14560155	16%	1.52	0.86	0.31	194	1%	1%
HUAS86	79499517	9062488	11%	1.39	0.77	0.60	143	1%	1%
HUAS87	92056872	11101111	12%	1.51	0.84	0.73	295	1%	1%

F12. táblázat. Mitokondriális és Y kromoszómás haplocsoportok meghatározása az Abasár Bolt-tető mintáiból.

Minta azonosító	MT Hg (Haplogrep)	MT Hg (Schmutzi-Haplogrep)	Y Hg (Yleaf)	Y Hg marker
HUAS194B	H28	H28	R1a1a1b1a1a1a2~	R-FGC32029/etc* (xY112415, BY27942, YP5248, YP5253, YP5949, YP6476)
HUAS257	T1a1	T1a1	I2a2a1b1b1	I-FGC18098*(xBY23, FGC18106, L199.2)
HUAS261	H2a2a1	H2a2a1	N1a1a1a1a4a2~	N-A9408
HUAS262	H3	H3	N1a1a1a1a4a2~	N-A9408
HUAS309	H5a3a3	H5a3a3	NA	NA
HUAS341	I1b	I1b	R1a1a1b1a2b3a3a2g2b~	R-YP4863*(xY23598)
HUAS390	H1c	H1c	I2a1a2b1a1a2	I-Y4460*(xY3118, S8201, Y16810)
HUAS450	H1c+152	H1c+152	R1b1a1b1a1a2b1c2b1a1	R-FGC20777
HUAS55A	X2m1	X2m1	R1a1a1b1a2b3a3a2g2~	R-FGC10361
HUAS55B	R0b	R0b	R1b1a1b1a1a2b3c	R-PF6584
HUAS57	H1b1b	H1b1b	N1a1a1a1	N-M2007/etc*(xCTS3103)
HUAS581	H75	H75	N1a1a1a1a4a2~	N-A9408
HUAS59B	R0b	R0b	NA	NA
HUAS81	H6a1b3	H6a1b3	I1a1b1a1e~	I-S7660/etc*(xFGC14187, S18218, Y20844, FGC13270, FGC20531, Y30592, FGC22049, Y4734, FGC14508)
HUAS82_83	HV14a	HV14a	R1a1a1b2a2a3c2~	R-S15948/etc*(xY70173)
HUAS84	H13a1d	H13a1d	R1a1a1b1a2b3a4a2b~	R-M12335
HUAS85	T2	T2	I2a1a2b1a1a1	I-YP205/etc*(xZ16971, A14973, B474, Y15928, A356, A5913, PH3310, A13908)
HUAS86	J1c5a	J1c5a	R1a1a1b1a2b~	R-CTS3607*(xCTS3402, Y10806)
HUAS87	H18	H18	R1a1a1b1a2b3a3a2h	R-FGC10329*(xFGC10176)

F13. táblázat. Az Abasár Bolt-tető minták rCS-hez viszonyított SNP-k listája. Az elemzés során a van Oven M és Kayser M (2009) ajánlásait követtük. Az alábbi gyakori inszerciók/deléciók (hotspotok) ki lettek zárva az elemzésből: 309.1C(C), 315.1C, 523–524del (vagy 522–523del), 3106del, 16182C, 16183C, 16193.1C(C), 16519C.

Minta azonosító	Haplocsoportot meghatározó SNP-k	Nem talált polimrfizmusok	Haplogroup (HaploGrep)	Összesített rangsor (HaploGrep)	Lefedett bázisok >5x (%)	Bázisok száma 0 lefedettséggel
HUAS194B	186A 263G 750G 1438G 4769G 8860G 15326G		H28	0.8825	100.0%	0
HUAS257	73G 152C 195C 263G 709A 750G 1438G 1888A 2706G 4216C 4769G 4917G 7028T 8697A 8860G 9899C 10463C 11251G 11719A 12633A 13368A 14766T 14905A 15326G 15452A 15607G 15928A 16126C 16163G 16186T 16189C 16294T		T1a1	0.9672	100.0%	0
HUAS261		152C 315.1C 3107C 4122G	H2a2a1	0.5	100.0%	0
HUAS262	263G 750G 1438G 4769G 6776C 8860G 15326G		H3	0.8521	100.0%	0
HUAS309	263G 456T 513A 750G 1438G 4336C 4769G 8860G 10915C 12384C 15326G 15884A 16304C		H5a3a3	0.9603	100.0%	0
HUAS341	73G 199C 204C 250C 263G 455.1T 750G 1438G 1719A 2706G 4529T 4769G 6227C 6734A 7028T 8251A 8860G 9966A 10034C 10238C 10398G 11719A 12501A 12705T 13780G 14766T 15043A 15326G 15924G 16223T 16311C 16391A	573.XC 16129A	I1b	0.9425	99.9%	0
HUAS390	263G 477C 750G 1438G 3010A 4769G 8860G 15326G		H1c	0.8513	99.9%	0
HUAS450	152C 263G 477C 750G 1438G 3010A 4769G 15326G	8860G	H1c+152	0.8666	99.8%	1
HUAS55A	73G 143A 153G! 195C 225A 226C 235G 263G 750G 1438G 1719A 2706G 4769G 6221C 6371T 7028T 8860G 11719A 12705T 13966G 14470C 14766T 15326G 16189C 16223T 16278T	16292T	X2m1	0.9364	99.8%	2
HUAS55B	58C 64T 93G 152C 263G 750G 1438G 1719A 2442C 2706G 4769G 4924A 5205C 7028T 8772C 8860G 9055A 10101C 11764G 14766T 15326G 15613G 15628G 16301T 16362C	10775A	R0b	0.9587	100.0%	0

F13. táblázat (folytatás). Az Abasár Bolt-tető minták rCS-hez viszonyított SNP-k listája. Az elemzés során a van Oven M és Kayser M (2009) ajánlásait követtük. Az alábbi gyakori inszerciók/deléciók (hotspotok) ki lettek zárva az elemzésből: 309.1C(C), 315.1C, 523–524del (vagy 522–523del), 3106del, 16182C, 16183C, 16193.1C(C), 16519C.

Minta azonosító	Haplocsoportot meghatározó SNP-k	Nem talált polimrfizmusok	Haplogroup (HaploGrep)	Összesített rangsor (HaploGrep)	Lefedett bázisok >5x (%)	Bázisok száma 0 lefedettséggel
HUAS57	263G 750G 1438G 3010A 3796G 4769G 8860G 15326G 16129A 16189C 16355T 16356C 16362C		H1b1b	0.9664	100.0%	0
HUAS581	263G 750G 1438G 4769G 5821A 8592A 8860G 15326G		H75	0.9325	100%	0
HUAS59B	58C 64T 93G 152C 263G 750G 1438G 1719A 2442C 2706G 4769G 4924A 5205C 7028T 8772C 9055A 10101C 11764G 14766T 15326G 15613G 15628G 16301T 16362C	8860G 10775A	R0b	0.9497	99.9%	2
HUAS81	204C 239C 263G 750G 1438G 3915A 4727G 4769G 8860G 9380A 10589A 15326G 16193T 16219G 16362C 16482G		H6a1b3	0.9335	100.0%	0
HUAS82_83	263G 480C 750G 1438G 2706G 4655A 4769G 7028T 8860G 15115C 15326G 16311C		HV14a	0.8936	100%	0
HUAS84	152C 263G 750G 1438G 2259T 4745G 4769G 14872T 15326G 16234T	8860G	H13a1d	0.9459	100.0%	0
HUAS85	73G 263G 709A 750G 1438G 1888A 2706G 4216C 4769G 4917G 7028T 8697A 8860G 10463C 11251G 11719A 11812G 13368A 14233G 14766T 14905A 15326G 15452A 15607G 15928A 16126C 16294T 16296T		T2	0.9497	100.0%	0
HUAS86	73G 185A 228A 263G 295T 462T 489C 750G 1438G 2387C 2706G 3010A 4216C 4769G 5198G 7028T 8860G 10192T 10398G 11251G 11719A 12612G 13708A 14766T 14798C 15326G 15452A 16069T 16126C		J1c5a	0.9942	100.0%	0
HUAS87	263G 750G 1438G 4769G 8860G 13708A 14364A 15326G		H18	1	100.0%	0

F13. táblázat. A szekvenált könyvtárak posztmortem DNS-károsodásának (PMD) mértéke.

	5pC>T					3pG>A				
Samples	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
HUAS194B	0.085369	0.009036	0.005813	0.00437	0.003284	0	0.007602	0.005412	0.004282	0.003248
HUAS257	0.136641	0.012793	0.006469	0.004653	0.003613	0	0.011303	0.006062	0.004445	0.003603
HUAS261	0.063013	0.004065	0.002295	0.001732	0.001515	0	0.002836	0.001849	0.001533	0.001305
HUAS262	0.051987	0.004171	0.003005	0.001857	0.001504	0	0.003769	0.002914	0.001976	0.001613
HUAS309	0.063528	0.004432	0.003598	0.00291	0.002486	0	0.002935	0.003065	0.002676	0.002373
HUAS341	0.084838	0.007417	0.004673	0.003408	0.002765	0	0.006114	0.004238	0.003239	0.002601
HUAS390	0.056739	0.004578	0.002283	0.001633	0.001265	0	0.003003	0.001616	0.001411	0.001105
HUAS450	0.147245	0.005111	0.003265	0.002348	0.001957	0	0.004555	0.002906	0.002293	0.001948
HUAS55A	0.083072	0.005739	0.003201	0.002295	0.001916	0.083221	0.005609	0.003156	0.002286	0.001884
HUAS55B	0.083944	0.008009	0.005473	0.004258	0.003287	0.08406	0.008026	0.005467	0.004287	0.003243
HUAS57	0.107309	0.008887	0.005142	0.004882	0.003347	0.10744	0.008873	0.005034	0.004897	0.003274
HUAS581	0.058219	0.006355	0.003254	0.00328	0.002429	0.058244	0.006371	0.003235	0.003261	0.002379
HUAS59B	0.091613	0.008489	0.004378	0.003583	0.002515	0.09144	0.008487	0.004377	0.00359	0.002487
HUAS81	0.196552	0.00779	0.004378	0.003412	0.002575	0.195636	0.008331	0.004449	0.003428	0.002529
HUAS82_83	0.100591	0.008879	0.006335	0.0054	0.003857	0.100009	0.00899	0.006358	0.005391	0.00382
HUAS84	0.255011	0.063805	0.034244	0.026519	0.020152	0.256004	0.064802	0.034922	0.026909	0.020362
HUAS85	0.105967	0.009898	0.004574	0.004247	0.002825	0.105464	0.009954	0.004568	0.004228	0.002723
HUAS86	0.123238	0.006654	0.004145	0.00327	0.002357	0.122244	0.006844	0.004173	0.003244	0.002322
HUAS87	0.132931	0.006158	0.004954	0.004491	0.003328	0.132642	0.006296	0.004944	0.004436	0.003291

F13. táblázat (folytatás). A szekvenált könyvtárak posztmortem DNS-károsodásának (PMD) mértéke.

	3pG>T					5pC>A				
Samples	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
HUAS194B	0.00322	0.00047	0.00057	0.00057	0.00055	0	0.00057	0.00083	0.00092	0.0008
HUAS257	0.00319	0.001	0.00078	0.00059	0.000685	0	0.00103	0.00113	0.00093	0.00105
HUAS261	0.00409	0.00086	0.0008	0.00062	0.000679	0	0.00088	0.00097	0.00096	0.00102
HUAS262	0.00116	0.00058	0.00111	0.00103	0.0008	0	0.00084	0.00143	0.00136	0.00111
HUAS309	0.00135	0.00063	0.00084	0.00086	0.00109	0	0	0	0.00109	0.00161
HUAS341	0.00246	0.00067	0.00051	0.00059	0.000458	0	0.0006	0.00077	0.00083	0.00087
HUAS390	0.00462	0.00095	0.00075	0.00079	0.000615	0	0	0	0.00045	0.00078
HUAS450	0.00214	0.00053	0.00069	0.00064	0.000624	0	0.00058	0.00089	0.00091	0.00091
HUAS55A	0.00375	0.00075	0.00072	0.00078	0.000702	0.00414	0	0.00071	0.0012	0.00118
HUAS55B	0.00338	0.00042	0.0007	0.00079	0.000714	0.00386	0.00124	0.00138	0.00141	0.00133
HUAS57	0.00089	5.8E-05	0.00048	0.00046	0.000275	0.00156	0	0	0.00067	0.00061
HUAS581	0.00171	0.00068	0.00089	0.00087	0.000913	0.00212	0.00123	0.00129	0.00133	0.00134
HUAS59B	0.00254	0.00063	0.00067	0.00064	0.000742	0.00305	0.00114	0.00115	0.00115	0.00119
HUAS81	0.00228	0.00071	0.00075	0.00078	0.000677	0.00277	0.00125	0.0012	0.0012	0.00105
HUAS82_83	0.00095	0	0.00036	0.00027	0.000206	0.0014	0.00034	0.00063	0.00057	0.00044
HUAS84	0.0032	0.00097	0.00127	0.00117	0.001038	0.00372	0.00148	0.00164	0.0016	0.00139
HUAS85	0.00185	0.00077	0.00098	0.00091	0.000655	0.00236	0.00119	0.00127	0.00124	0.00098
HUAS86	0.00144	0.00023	0.00045	0.00039	0.000335	0.00181	0.00066	0.00074	0.00073	0.00061
HUAS87	0.00094	0	0.00057	0.00058	0.000385	0.0013	0.00037	0.00088	0.00086	0.00066

F15. táblázat. Az abasári minták rokonsági elemzésének eredményei a correctKin módszerrel.

ID1	ID2	uncorr. kin. coeff.	overlap frac.	corr. kin. coeff.	6.00 sigma threshold	95 conf (lower)	95 conf (up-)	est. relatedness
HUAS-82	HUAS-83	0.297106	0.616122	0.482219	0.017112	0.477486	0.486952	DUP/MZT
HUAS-59	HUAS-55B	0.076537	0.316472	0.241845	0.019817	0.236298	0.247391	1st
HUAS-57	HUAS-59	0.025076	0.361006	0.069461	0.020043	0.063846	0.075075	3rd
HUAS-262F	HUAS-261F	0.042667	0.666016	0.064064	0.017352	0.059268	0.06886	3rd
HUAS-57	HUAS-55B	0.017814	0.49097	0.036284	0.030222	0.027253	0.045315	4th
HUAS-58	HUAS-59	0.009739	0.317559	0.030667	0.017163	0.026057	0.035278	4th
HUAS-57	HUAS-58	0.009919	0.489212	0.020274	0.016283	0.015629	0.02492	5th

	HUAS261F	HUAS262F
HUAS261F		3th
HUAS262F	3th	

	HUAS55B	HUAS57	HUAS581	HUAS59B
HUAS55B		4th	n.d.	1st
HUAS57	4th		5th	3rd
HUAS581	n.d.	5th		4th
HUAS59B	1st	3rd	4th	

1st	0.25
2nd	0.125
3rd	0.0625
4th	0.03125
5th	0.015625

F16. táblázat. Forrás populációk a qpAdm számoláshoz.

Left Populations	No. Samples	Right Populations	No. Samples
Conq_Asia_Core1	8	Ethiopia_4500BP.SG	1
Conq_Asia_Core2	4	Iran_GanjDareh_N	8
Avar_Asia_Core1	3	Anatolia_N	28
Avar_Asia_Core2	9	Latvia_HG	17
Hun_Asia_Core	2	Russia_LS_Ene (Baikal EN)	14
Anapa	3	Russia_HG_Tyu-Sos (EEHG)	3
Eur_Core_1	5	Russia_MLBA_Sintashta	40
Eur_Core_2	5	Finnish	10
Eur_Core_3	4	Han	10
Eur_Core_4	4	Ket	10
Eur_Core_5	4		
Hungary_Langobard.SG	6		
Germany_EarlyMedieval.SG	20		
SZLAper646	1		

14. Magyar nyelvű összefoglaló

Ez a doktori disszertáció egy olyan interdiszciplináris munka, mely célja két középkori, méltán híres magyar nemesi család, a Báthory és az Aba nemzetség tagjainak archeogenetikai azonosítása. A genetika tudományának segítségével, régészeti, antropológiai és történeti adatokra támaszkodva dolgoztunk. Célunk az volt, hogy azonosítsuk e történelmileg rendkívül jelentős családok feltételezett tagjainak maradványait.

Ez volt az első alkalom, hogy sikerrel nyertünk ki magas minőségű teljes genom szekvencia-adatokat a Báthory és az Aba család egyes tagjainak maradványaiból. Célunk az volt, hogy feltárjuk és megismerjük a nemzetségek genetikai eredetét, és kapcsolatokat keressünk egykor élt populációkkal, így pontosabb képet kaphatunk e két család történetéről és genetikai örökségéről. Kíváncsiak voltunk továbbá arra is, hogy a történeti források, miszerint a középkori magyar nemesi családok sokszor egymás között házasodtak, milyen genetikai bizonyítékot adhatnak számunkra.

A kutatás során interdiszciplináris megközelítéssel sikerült azonosítanunk feltételezett Báthory családtagokat és Magyarország egyik legjelentősebb királyi nemzetségének az Aba nemzetség genetikai eredetét és annak kapcsolatrendszerét, valamint meghatározni a két család Y-kromoszómás és mitokondriális leszármazási vonalait.

A szilágyperecseni feltárások során összesen 14 emberi maradványt azonosítottak, amelyek közül 13 genomját sikerült elemezni. A PER01 és PER03-1 egyének, akik a templom kiemelt pozíciójában nyugodtak, közeli rokonságot (IV. fok), valamint azonos Y-kromoszómás haplocsoportot (R1b-S498) mutattak, ami megerősítette a feltételezést, miszerint Báthory Elek és Kálmán, a feltételezett a Báthory család neves tagjairól lehet szó. További rokonsági kapcsolatok is kimutathatók voltak a sírok között. Az Y-kromoszómás haplocsoport-elemzés germán eredetet mutatott: az R1b-S498 vonal a nyugat-európai R1b-M405/U106 „germán haplocsoport” alá tartozik, amely a Báthory család sváb eredetével összhangban áll. A férfi minták további különféle haplocsoportokat képviseltek, köztük I2, R1a, J2a és Q1a ágakat, melyek részben a Kárpát-medence korábbi sztyeppei népességeihez köthetők. A mitokondriális haplocsoportok többsége nyugat-eurázsiai eredetű volt. A PCA- és qpAdm-elemzések alapján az itt eltemetett egyének genetikailag a mai magyarokhoz, csehekhez és balti népekhez (pl. litvánokhoz) álltak legközelebb, miközben kis mértékű keleti (ázsiai) és kaukázusi komponens is megtalálható volt. Összességében a genetikai adatok megerősítették a történeti forrásokat miszerint a vizsgált személyek valóban a Báthory család tagjai lehettek. A germán eredetet mutató Y-kromoszómás vonal, valamint a közeli rokonság és a temetkezési kontextus

együttesen egyértelműen alátámasztják a nemesi család szilágyperecseni jelenlétét és származását.

A Magyarságkutató Intézet által végzett ásatás során Abasár Bolt-tetőn sikerült feltárni egy középkori templomot, amely a hagyomány szerint az Aba nemzetség temetkezési helye volt. Bár Aba Sámuel sírját nem sikerült azonosítani, a templom szentélyében és középpontjában több, címerrel ellátott kőfedeles sírt találtak a régészek, amelyek rangos családtagokhoz köthetők. A radiokarbon vizsgálatok a 12–15. századra keltezték a mintákat, összhangban a sírfeliratokkal és történelmi forrásokkal. DNS vizsgálatokat 36 mintán végeztük el, amelyek közül 20 ért el teljes genom szekvenálásra alkalmas minőséget. Összesen hat egyént (HUAS261, HUAS262, HUAS55B, HUAS57, HUAS59B, HUAS581) azonosítottunk az ásatás kiemelt sírjaiban, akik közül többen közeli rokonságban álltak egymással. A HUAS57 és HUAS581 minták egy közös sírban feküdtek, és N1a1a1a1a4~ Y-haplocsoportba tartoztak, mely ázsiai eredetű, és a honfoglaló elit mintákban is megtalálható. A rokonsági és IBD-elemzések alapján két külön családi egységet tudtunk megkülönböztetni, amelyek tagjai között első-, harmad- és negyedfokú genetikai kapcsolatokat mutattunk ki. Egyes egyének genetikai rokonságot mutattak a Corvinokkal, Báthoryakkal, valamint az Árpád-ház tagjaival is, és több mintában megfigyelhető volt közös genetikai örökség a honfoglaló elit egyes mintáival. Az uniparentális markerek alapján az apai vonalak nagy része belső-ázsiai eredetű N1a és R1a haplocsoportokba tartozott, míg a mitokondriális vonalak változatos európai és keleti eredetet mutattak. A genetikai adatok alapján az Aba nemzetség apai vonala a N-A9408 alhaplocsoportba sorolható, amely összeköthető a honfoglaló elit és egy Xiongnu (mongóliai) egyén vonalával. A teljes genom szintű PCA-, ADMIXTURE- és qpAdm-elemzések alapján az abasári minták genetikai összetétele keverék: főként nyugat-európai eredet dominál, kisebb arányú keleti (hun, avar, honfoglaló, illetve kaukázusi) elemekkel. Az abasári klaszter átfedést mutatott a Báthoryak, és egyes Árpád-házi minták genomjaival, ami egy homogén középkori magyar nemesi genetikai rétegre utal. Ez a genetikai örökség összhangban van a történelmi hagyománnyal, amely az Aba nemzetséget az Árpádokkal és a sztyeppei elit népeivel rokonítja.

15. Summary in English - Angol nyelvű összefoglalás

This doctoral dissertation is an interdisciplinary work aimed at the archaeogenetic identification of members of two prominent medieval Hungarian noble families: the Báthory and the Aba lineages. By applying the tools of genetic science and relying on archaeological and historical evidence, we attempted to identify the presumed individuals of these historically significant families.

This is the first instance where high-quality whole genome sequencing data was successfully obtained from the remains of certain members of the Báthory and Aba families. Our objective was to explore and understand their genetic origins and to establish connections with past populations, thus gaining a more accurate picture of the history and genetic heritage of these two lineages. We were also interested in evaluating historical sources that suggest frequent intermarriage among medieval Hungarian noble families and examining what genetic evidence could support such claims.

Through an interdisciplinary approach, we successfully identified presumed Báthory family members and revealed the genetic origin and connections of the Aba family—one of Hungary's most prominent royal lineages—determining the Y-chromosomal and mitochondrial lineages of both families. Our findings contribute to the reconstruction of familial relations among once-prominent Hungarian noble houses in the broader context of medieval Hungarian and European societies.

The Báthory family was a distinguished aristocratic lineage in the medieval Kingdom of Hungary, with significant political influence, particularly in Transylvania during the Ottoman occupation. The primary aim of this study was to genetically identify members of the Báthory family among the 14 skeletons unearthed during archaeological excavations at the family chapel in Pericei. Our goals included obtaining whole genome sequences and exploring kinship relations among the remains. Unfortunately, no comparative genetic samples from confirmed Báthory individuals were available, thus our analysis relied exclusively on archaeological and historical evidence. The identification of the individuals associated with the Báthory family was primarily based on the rich funerary artifacts—especially in one grave—and the strategic location of burials within the ancient church. Historical sources confirm that the Báthory family was of Swabian origin and that two 4th-degree relatives, Elek Báthory (1568) and Ferencz Báthory (1589), were buried in the Pericei chapel.

Following the whole genome sequencing of 13 individuals, we identified a 4th-degree kinship between the armored individual and an adult buried in a neighboring grave with rich inventory. These findings strongly support that the two skeletons found in the altar area are most likely the remains of Elek and Ferencz Báthory from the Szaniszlófi branch of the Somlyó line. The two Báthory individuals carried the R1b-S498 (R1b1a1b1a1a1c1a) Y-chromosome lineage, commonly associated with Germanic populations. This result aligns with the family's presumed Swabian (Germanic) origin. This lineage descends from R1b-S263/Z381 (R1b1a1b1a1a1c), itself derived from R1b-M405/U106/S21 (R1b1a1b1a1a1). The R1b-M405/U106/S21 haplogroup has been identified in Viking Age individuals from Denmark, Iceland, and Sweden (Margaryan et al., 2020), as well as in three 10th-century Hungarian samples (Neparáczki et al., 2019). The R1b-S21 variant is often referred to as the "Northwestern European R1b haplogroup" or simply the "Germanic haplogroup" due to its high frequency in Germany, Austria, Belgium, Denmark, and Switzerland. Its spread across Europe is linked to the Germanic migrations from the 3rd to the 10th centuries (Lucotte, 2015).

According to Hungarian chronicles, King Sámuel Aba was buried in the monastery he founded in Abasár. However, the church associated with his tomb was destroyed over time. Research suggests the most probable burial site is the Bolt-tető site in Abasár (Kovács, 1966), and recent archaeological excavations have confirmed that this location indeed hosted the royal monastery. Inside the church, anatomically intact human remains were found. Some graves contained multiple skeletons in primary and secondary positions, indicating reburials over generations. Ossuary-like arrangements suggest earlier remains were reinterred in collective graves, possibly due to construction work, grave robbing, epidemics, or wars. The destruction is likely linked to the Mongol invasion of 1241–42, as the site lies on the Tatars' route, who were known to desecrate Christian churches and cemeteries. Because of these disruptions, the king's tomb could not be identified archaeologically.

Although King Aba's burial site could not be confirmed, the discovery of high-status family members' graves within the church underlines its importance in the history of the Aba clan. A double grave and a single grave bearing the Aba family coat of arms were discovered. One grave inscription identified two individuals, János and Mihály, as members of the clan buried in the 15th century. Historical records confirm that the Abasár monastery and surrounding lands were held by branches of the Aba clan such as the Kompolti, Ugrai, and Csobánka families (Karácsony, 1900; Kovács, 1966; Kristó, 1978).

Four individuals from these graves shared the same Y-chromosome lineage, suggesting they represent two distinct branches of the Aba family. These results were confirmed by shared

IBD (identity-by-descent) analysis, revealing that two branches were indeed present and that the individuals had genetic ties to other noble Hungarian families. Thus, both archaeological and genetic evidence supports the presence of Aba family members in the Bolt-tető cemetery at Abasár, consistent with historical records, although their exact sub-lineages remain unclear.

The results also revealed a clear genetic link between the Abas and the immigrant core of the conquering Hungarians (Maróti et al., 2022), suggesting that this relationship predates the conquest of the Carpathian Basin. The genetic data support the theory that the ancestors of the Abas belonged to the migrating, nomadic Hungarian tribes. According to historical sources, the Abas had Hunnic or Cuman origins, although most historians favor a Khazar or Kabar origin (Kristó & Makk, 2000). Phylogenetic analysis determined that the Aba paternal lineage belongs to haplogroup N1a1a1a1a4~₁, which originates in Inner Asia, and may link the family to Hunnic, Cuman, or Khazar groups. The deeper sub-branch of this lineage, N-A9416, is part of the N-PH1612 group found mostly in Eastern Europe, especially in modern-day Hungary. The oldest known carriers of this lineage are two elite individuals from the conquering Hungarians. Two more conqueror samples belonging to N1a1a1a1a4~₁ were excluded from this study because they were sequenced using amplicon-based hybridization methods that lacked internal SNP marker information. Based on available evidence, it is highly probable that the paternal lineage of the Aba family is tied to the elite of the conquering Hungarian tribes. It is even plausible that this lineage belonged to a tribal leader.

Hungarian chronicles claim that both the Abas and the Árpáds were descendants of Attila the Hun, which would imply a shared paternal lineage. However, the R1a haplogroup previously identified in the Árpád dynasty (Nagy et al., 2021; Olasz et al., 2019; Varga et al., 2023) differs from that of the Abas, thereby excluding the possibility of a shared paternal origin. While whole genome sequencing suggests the Árpáds also had East Eurasian roots, with possible Hunnic links (Keyser et al., 2021), our study found genetic relationships between the Abas and the Huns/Xiongnu, suggesting both families may trace back to this distinguished ancient ancestry.

Our genetic analyses align with uniparental data. Both ADMIXTURE and PCA analyses revealed a minor East Asian genetic component in the Abasár individuals. qpAdm analysis showed a consistent, albeit small, East Asian ancestry in most genomes, though its exact source could not be determined due to the small proportion. Likely contributors include the Huns, Avars, or conquering Hungarians. This supports the theory that the Aba clan descended from an ancient noble lineage associated with the conquest.

Importantly, our IBD analysis also revealed both documented and undocumented dynastic connections among medieval Hungarian noble families. While historical records confirm a marriage between the Abas and the Árpáds (Kristó & Makk, 2000), no such documentation exists for ties between the Abas and the Báthorys or Corvins—yet our genetic results demonstrated these connections. The findings indicate that noble families in the medieval Kingdom of Hungary were closely intertwined, and that intermarriage was a common practice within the aristocracy.

16. Irodalomjegyzék

- Allentoft, M. E., Collins, M., Harker, D., Haile, J., Oskam, C. L., Hale, M. L., Campos, P. F., Samaniego, J. A., Gilbert, T. P. M., Willerslev, E., Zhang, G., Scofield, R. P., Holdaway, R. N., & Bunce, M. (2012). The half-life of DNA in bone: Measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279(1748), 4724–4733. <https://doi.org/10.1098/rspb.2012.1745>
- Allentoft, M. E., Sikora, M., Sjögren, K. G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P. B., Schroeder, H., Ahlström, T., Vinner, L., Malaspinas, A. S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Baron, J., Casa, P. Della, Dąbrowski, P., ... Willerslev, E. (2015). Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522(7555), 167–172. <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Alterauge, A., Lösch, S., Sulzer, A., Gysi, M., & Haas, C. (2021). Beyond simple kinship and identification: aDNA analyses from a 17th-19th century crypt in Germany. *Forensic Science International: Genetics*, 53, 102498. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102498>
- Antonio, M. L., Gao, Z., Moots, H. M., Lucci, M., Candilio, F., Sawyer, S., Oberreiter, V., Calderon, D., Devitofranceschi, K., Aikens, R. C., Aneli, S., Bartoli, F., Bedini, A., Cheronet, O., Cotter, D. J., Fernandes, D. M., Gasperetti, G., Grifoni, R., Guidi, A., ... Pritchard, J. K. (2019). Ancient Rome: A genetic crossroads of Europe and the Mediterranean. *Science*, 366(6466), 708–714. <https://doi.org/10.1126/science.aay6826>
- Băcuciu-Crișan, D., & Keresztes, T. (2021). Cercetările arheologice preventive de la Pericei, str. Goc, nr. 668 (jud. Sălaj). Date preliminare despre o biserică medievală dispărută. In *ACTA MVSEI POROLISSENSIS XLIII* (pp. 203–213). POROLISSUM A MUZEULUI JUDEȚEAN.
- Brandt, G., Haak, W., Adler, C. J., Roth, C., Szécsényi-Nagy, A., Karimnia, S., Möller-Rieker, S., Meller, H., Ganslmeier, R., Friederich, S., Dresely, V., Nicklisch, N., Pickrell, J. K., Sirocko, F., Reich, D., Cooper, A., Alt, K. W., & null null. (2013). Ancient DNA Reveals Key Stages in the Formation of Central European Mitochondrial Genetic Diversity. *Science*, 342(6155), 257–261. <https://doi.org/10.1126/science.1241844>
- Briggs, A. W., Stenzel, U., Johnson, P. L. F., Green, R. E., Kelso, J., Prüfer, K., Meyer, M., Krause, J., Ronan, M. T., Lachmann, M., & Pääbo, S. (2007). Patterns of damage in genomic DNA sequences from a Neandertal. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(37), 14616–14621. <https://doi.org/10.1073/pnas.0704665104>
- Briggs, A. W., Stenzel, U., Meyer, M., Krause, J., Kircher, M., & Pääbo, S. (2010). Removal of deaminated cytosines and detection of in vivo methylation in ancient DNA. *Nucleic Acids Research*, 38(6), e87–e87. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp1163>
- Broad Institute Picard Tools*. (2016). <https://broadinstitute.github.io/picard/>
- Brunel, S., Bennett, E. A., Cardin, L., Garraud, D., Barrand Emam, H., Beylier, A., Boulestin, B., Chenal, F., Ciesielski, E., Convertini, F., Dedet, B., Desbrosse-Degobertiere, S., Desenne, S., Dubouloz, J., Duday, H., Escalon, G., Fabre, V., Gailledrat, E., Gandelin, M., ... Pruvost, M. (2020). Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(23), 12791–12798. <https://doi.org/10.1073/pnas.1918034117>
- Bunyitay, V. (1986). *Schematismus Historiens Magno Varadiensis*.

- Cassidy, L. M., Maoldúin, R. Ó., Kador, T., Lynch, A., Jones, C., Woodman, P. C., Murphy, E., Ramsey, G., Dowd, M., Noonan, A., Campbell, C., Jones, E. R., Mattiangeli, V., & Bradley, D. G. (2020). A dynastic elite in monumental Neolithic society. *Nature*, *582*(7812), 384–388. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2378-6>
- “Chronicon Pictum” in Szentpétery. (1937). In *Scriptores Rerum Hungaricarum tempore ducum regumque stirpis Arpadianae gestarum: Vol. I*. Acad. Litter. Hungarica.
- Clemente, F., Unterländer, M., Dolgova, O., Amorim, C. E. G., Coroado-Santos, F., Neuenschwander, S., Ganiatsou, E., Cruz Dávalos, D. I., Anchieri, L., Michaud, F., Winkelbach, L., Blöcher, J., Arizmendi Cárdenas, Y. O., Sousa da Mota, B., Kalliga, E., Souleles, A., Kontopoulos, I., Karamitrou-Mentessidi, G., Philaniotou, O., ... Papageorgopoulou, C. (2021). The genomic history of the Aegean palatial civilizations. *Cell*, *184*(10), 2565-2586.e21. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.03.039>
- Cooper, A., & Poinar, H. N. (2000). Ancient DNA: do it right or not at all. In *Science (New York, N.Y.)* (Vol. 289, Issue 5482, p. 1139).
- Cui, Y., Song, L., Wei, D., Pang, Y., Wang, N., Ning, C., Li, C., Feng, B., Tang, W., Li, H., Ren, Y., Zhang, C., Huang, Y., Hu, Y., & Zhou, H. (2015). Identification of kinship and occupant status in Mongolian noble burials of the Yuan Dynasty through a multidisciplinary approach. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, *370*(1660), 20130378. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0378>
- Culic, D. (2016). Forgotten Monuments (I). Lost Medieval Churches in Sălaj County. In C. Bejinariu (Ed.), *ACTA MVSEI POROLISSENSIS XXXVIII*. Editua Porolissum a Muzeului Județean.
- Dabney, J., Knapp, M., Glocke, I., Gansauge, M. T., Weihmann, A., Nickel, B., Valdiosera, C., García, N., Pääbo, S., Arsuaga, J. L., & Meyer, M. (2013). Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *110*(39), 15758–15763. <https://doi.org/10.1073/pnas.1314445110>
- Dabney, J., & Meyer, M. (2019). Extraction of highly degraded DNA from ancient bones and teeth. *Methods in Molecular Biology*, *1963*(November), 25–29. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9176-1_4
- Dabney, J., Meyer, M., & Pääbo, S. (2013). Ancient DNA damage. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, *5*(7). <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a012567>
- Damgaard, P. B., Margaryan, A., Schroeder, H., Orlando, L., Willerslev, E., & Allentoft, M. E. (2015). Improving access to endogenous DNA in ancient bones and teeth. *Scientific Reports*, *5*. <https://doi.org/10.1038/srep11184>
- De Barros Damgaard, P., Marchi, N., Rasmussen, S., Peyrot, M., Renaud, G., Korneliussen, T., Moreno-Mayar, J. V., Pedersen, M. W., Goldberg, A., Usmanova, E., Baimukhanov, N., Loman, V., Hedeager, L., Pedersen, A. G., Nielsen, K., Afanasiev, G., Akmatov, K., Aldashev, A., Alpaslan, A., ... Willerslev, E. (2018). 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature*, *557*(7705), 369–374. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2>
- de Barros Damgaard, P., Martiniano, R., Kamm, J., Víctor Moreno-Mayar, J., Kroonen, G., Peyrot, M., Barjamovic, G., Rasmussen, S., Zacho, C., Baimukhanov, N., Zaibert, V., Merz, V., Biddanda, A., Merz, I., Loman, V., Evdokimov, V., Usmanova, E., Hemphill, B., Seguin-Orlando, A., ... Willerslev, E. (2018). The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia. *Science*, *360*(6396). <https://doi.org/10.1126/science.aar7711>

- Emödi, T. (2002). Monumente funerare figurative renescentiste din Transilvania . In M. Porumb & A. Chiriac (Eds.), *Artă românească – artă europeană* (pp. 134–144). Editura Muzeului Țării Crișurilor.
- Engel, P. (1987). *Temetkezések a középkori székesfehérvári bazilikában*. SZÁZADOK Magy. Tört. Társ. FOLYÓIRATA.
- Éry, K. (2008). *A SZÉKESFEHÉRVÁRI KIRÁLYI BAZILIKA EMBERTAN LELETEI 1848-2002*. Balassi Kiadó.
- FastQC. (2015). <https://qubeshub.org/resources/fastqc>
- Furtwängler, A., Rohrlach, A. B., Lamnidis, T. C., Papac, L., Neumann, G. U., Siebke, I., Reiter, E., Steuri, N., Hald, J., Denaire, A., Schnitzler, B., Wahl, J., Ramstein, M., Schuenemann, V. J., Stockhammer, P. W., Hafner, A., Löss, S., Haak, W., Schiffels, S., & Krause, J. (2020). Ancient genomes reveal social and genetic structure of Late Neolithic Switzerland. *Nature Communications*, *11*(1), 1915. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15560-x>
- Gilbert, M. T. P., Bandelt, H. J., Hofreiter, M., & Barnes, I. (2005). Assessing ancient DNA studies. *Trends in Ecology and Evolution*, *20*(10), 541–544. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.07.005>
- 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. (2023). Genetic identification of members of the prominent Báthory aristocratic family. *IScience*, *26*(10), 107911. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107911>
- Gnecchi-Ruscone, G. A., Khussainova, E., Kahbatkyzy, N., Musralina, L., Spyrou, M. A., Bianco, R. A., Radzeviciute, R., Martins, N. F. G., Freund, C., Iksan, O., Garshin, A., Zhaniyazov, Z., Bekmanov, B., Kitov, E., Samashev, Z., Beisenov, A., Berezina, N., Berezin, Y., Bíró, A. Z., ... Krause, J. (2021). Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians. *Science Advances*, *7*(13). <https://doi.org/10.1126/sciadv.abe4414>
- Gokcumen, O., & Frachetti, M. (2020). The Impact of Ancient Genome Studies in Archaeology. *Annual Review of Anthropology*, *49*(1), 277–298. <https://doi.org/10.1146/annurev-anthro-010220-074353>
- Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., Nordenfelt, S., Harney, E., Stewardson, K., Fu, Q., Mittnik, A., Bánffy, E., Economou, C., Francken, M., Friederich, S., Pena, R. G., Hallgren, F., Khartanovich, V., ... Reich, D. (2015). Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, *522*(7555), 207–211. <https://doi.org/10.1038/nature14317>
- Hankó, I. (2004). *Királyaink tömegsírban*. Magyar Ház.
- Harney, É., Cheronet, O., Fernandes, D. M., & Sirak, K. (2020a). *A Minimally Destructive Protocol for DNA Extraction from Ancient Teeth*. 1–28.
- Harney, É., Patterson, N., Reich, D., & Wakeley, J. (2021). Assessing the performance of qpAdm: a statistical tool for studying population admixture. *Genetics*, *217*(4), iyaa045. <https://doi.org/10.1093/genetics/iyaa045>
- Higgins, D., Rohrlach, A. B., Kaidonis, J., Townsend, G., & Austin, J. J. (2015). Differential Nuclear and Mitochondrial DNA Preservation in Post-Mortem Teeth with Implications for Forensic and Ancient DNA Studies. *PLOS ONE*, *10*(5), 1–17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0126935>

- Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M., Ryder, O. A., & Wilson, A. C. (1984). DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*, *312*(5991), 282–284. <https://doi.org/10.1038/312282a0>
- Hungarian National Archive section P, no. 108. (n.d.). *Eszterházy Family Archive. Repositorium 25/B., Fasc. A. 186, No. 90: "Date in Castello Perechen 16 July Anno 1625."*
- Hungarian National Archive section P, no. 702. (n.d.). *Wesselényi Family Archive. File 1. No. 69.*
- Ilumäe, A.-M., Reidla, M., Chukhryaeva, M., Järve, M., Post, H., Karmin, M., Saag, L., Agdzhoyan, A., Kushniarevich, A., Litvinov, S., Ekomasova, N., Tambets, K., Metspalu, E., Khusainova, R., Yunusbayev, B., Khusnutdinova, E. K., Osipova, L. P., Fedorova, S., Utevska, O., ... Rootsi, S. (2016). Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *The American Journal of Human Genetics*, *99*(1), 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- Jenei, F. (1968). A Nyíregyházi Jósa András Múzeum évkönyve 10. In *Az ecsedi Báthoriakról* (pp. 103–107). Múzeum Ismeretterjeszto Központ.
- Jeong, C., Wang, K., Wilkin, S., Taylor, W. T. T., Miller, B. K., Bemmann, J. H., Stahl, R., Chiovelli, C., Knolle, F., Ulziibayar, S., Khatanbaatar, D., Erdenebaatar, D., Erdenebat, U., Ochir, A., Ankhsanaa, G., Vanchigdash, C., Ochir, B., Munkhbayar, C., Tumen, D., ... Warinner, C. (2020). A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*, *183*(4), 890-904.e29. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>
- Jones, E. R., Gonzalez-Fortes, G., Connell, S., Siska, V., Eriksson, A., Martiniano, R., McLaughlin, R. L., Gallego Llorente, M., Cassidy, L. M., Gamba, C., Meshveliani, T., Bar-Yosef, O., Müller, W., Belfer-Cohen, A., Matskevich, Z., Jakeli, N., Higham, T. F. G., Currat, M., Lordkipanidze, D., ... Bradley, D. G. (2015). Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians. *Nature Communications*, *6*(1), 8912. <https://doi.org/10.1038/ncomms9912>
- Jónsson, H., Ginolhac, A., Schubert, M., Johnson, P. L. F., & Orlando, L. (2013). mapDamage2.0: fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. *Bioinformatics (Oxford, England)*, *29*(13), 1682–1684. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt193>
- Kádár, T. (2012). *Az Árpád-házi uralkodók és az országlásuk idején hercegi címmel tartományi különhatalmat gyakorolt külhoni, fejedelmi származású előkelők, valamint azok családtagjainak elhalálozási és temetkezési adatai 997–1301 között*. Fons (Forráskutatás és Történeti Segédtudományok) XIX.
- Karácsony, J. (1900). *A magyar nemzetségek a XIV. század közepéig*. Magyar Tudományos Akadémia.
- Keyser, C., Zvenigorosky, V., Gonzalez, A., Fausser, J.-L., Jagorel, F., Gérard, P., Tsagaan, T., Duchesne, S., Crubézy, E., & Ludes, B. (2021). Genetic evidence suggests a sense of family, parity and conquest in the Xiongnu Iron Age nomads of Mongolia. *Human Genetics*, *140*(2), 349–359. <https://doi.org/10.1007/s00439-020-02209-4>
- King, T. E., Fortes, G. G., Balaesque, P., Thomas, M. G., Balding, D., Delsler, P. M., Neumann, R., Parson, W., Knapp, M., Walsh, S., Tonasso, L., Holt, J., Kayser, M., Appleby, J., Forster, P., Ekserdjian, D., Hofreiter, M., & Schürer, K. (2014). Identification of the remains of King Richard III. *Nature Communications*, *5*(1), 5631. <https://doi.org/10.1038/ncomms6631>

- Kircher, M., Sawyer, S., & Meyer, M. (2012). Double indexing overcomes inaccuracies in multiplex sequencing on the Illumina platform. *Nucleic Acids Research*, *40*(1), 1–8. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr771>
- Kistler, L., Ware, R., Smith, O., Collins, M., & Allaby, R. G. (2017). A new model for ancient DNA decay based on paleogenomic meta-analysis. *Nucleic Acids Research*, *45*(11), 6310–6320. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx361>
- Klunk, J., Duggan, A. T., Redfern, R., Gamble, J., Boldsen, J. L., Golding, G. B., Walter, B. S., Eaton, K., Stangroom, J., Rouillard, J.-M., Devault, A., DeWitte, S. N., & Poinar, H. N. (2019). Genetic resiliency and the Black Death: No apparent loss of mitogenomic diversity due to the Black Death in medieval London and Denmark. *American Journal of Physical Anthropology*, *169*(2), 240–252. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/ajpa.23820>
- Korneliussen, T. S., Albrechtsen, A., & Nielsen, R. (2014). ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data. *BMC Bioinformatics*, *15*(1), 356. <https://doi.org/10.1186/s12859-014-0356-4>
- Kovács, B. (1966). Elpusztult középkori kolostorok Heves megyében. In *Agria - Az Egri Múzeum Évkönyve - Annales Musei Agriensis: Vol. Eger* (pp. 71–73).
- Kristiansen, K. (2021). Towards a New Paradigm? The Third Science Revolution and its Possible Consequences in Archaeology. *Current Swedish Archaeology*, *22*(1), 11–34. <https://doi.org/10.37718/CSA.2014.01>
- Kristó, G. (1978). *A rozgonyi csata*. Akadémiai Kiadó.
- Kristó, G., & Makk, F. (2000). *Az Árpádok - Fejedelmek és Királyok*. Szukits Könyvkiadó.
- Krzewińska, M., Kılınc, G. M., Juras, A., Koptekin, D., Chyleński, M., Nikitin, A. G., Shcherbakov, N., Shuteleva, I., Leonova, T., Kraeva, L., Sungatov, F. A., Sultanova, A. N., Potekhina, I., Łukasik, S., Krenz-Niedbała, M., Dalén, L., Sinika, V., Jakobsson, M., Storå, J., & Götherström, A. (2018). Ancient genomes suggest the eastern Pontic-Caspian steppe as the source of western Iron Age nomads. *Science Advances*, *4*(10). <https://doi.org/10.1126/sciadv.aat4457>
- Larmuseau, M. H. D., Delorme, P., Germain, P., Vanderheyden, N., Gilissen, A., Van Geystelen, A., Cassiman, J.-J., & Decorte, R. (2014). Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French Kings. *European Journal of Human Genetics*, *22*(5), 681–687. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2013.211>
- Lazaridis, I., Nadel, D., Rollefson, G., Merrett, D. C., Rohland, N., Mallick, S., Fernandes, D., Novak, M., Gamarra, B., Sirak, K., Connell, S., Stewardson, K., Harney, E., Fu, Q., Gonzalez-Forbes, G., Jones, E. R., Roodenberg, S. A., Lengyel, G., Bocquentin, F., ... Reich, D. (2016). Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature*, *536*(7617), 419–424. <https://doi.org/10.1038/nature19310>
- Li, H., & Durbin, R. (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, *25*(14), 1754–1760. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp324>

- Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., Marth, G., Abecasis, G., & Durbin, R. (2009). The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 25(16), 2078–2079. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp352>
- Link, V., Kousathanas, A., Veeramah, K., Sell, C., Scheu, A., & Wegmann, D. (2017). ATLAS: Analysis Tools for Low-depth and Ancient Samples. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/105346>
- Lipson, M., Sawchuk, E. A., Thompson, J. C., Oppenheimer, J., Tryon, C. A., Ranhorn, K. L., de Luna, K. M., Sirak, K. A., Olalde, I., Ambrose, S. H., Arthur, J. W., Arthur, K. J. W., Ayodo, G., Bertacchi, A., Cerezo-Román, J. I., Culleton, B. J., Curtis, M. C., Davis, J., Gidna, A. O., ... Prendergast, M. E. (2022). Ancient DNA and deep population structure in sub-Saharan African foragers. *Nature*, 603(7900), 290–296. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04430-9>
- Lucotte, G. (2015). The Major Y-Chromosome Haplogroup R1b-M269 in West-Europe, Subdivided by the Three SNPs S21/U106, S145/L21 and S28/U152, Shows a Clear Pattern of Geographic Differentiation. *Advances in Anthropology*, 05(01), 22–30. <https://doi.org/10.4236/aa.2015.51003>
- Maár, K., Varga, G. I. B., Kovács, B., Schütz, O., Maróti, Z., Kalmár, T., Nyerki, E., Nagy, I., Latinovics, D., Tihanyi, B., Marcsik, A., Pálfi, G., Bernert, Z., Gallina, Z., Varga, S., Költő, L., Raskó, I., Török, T., & Neparáczi, E. (2021). Maternal lineages from 10-11th century commoner cemeteries of the carpathian basin. *Genes*, 12(3), 1–19. <https://doi.org/10.3390/genes12030460>
- Malmström, H., Günther, T., Svensson, E. M., Juras, A., Fraser, M., Munters, A. R., Pospieszny, Ł., Törv, M., Lindström, J., Götherström, A., Storå, J., & Jakobsson, M. (2019). The genomic ancestry of the Scandinavian Battle Axe Culture people and their relation to the broader Corded Ware horizon. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 286(1912), 20191528. <https://doi.org/10.1098/rspb.2019.1528>
- Malmström, H., Vretemark, M., Tillmar, A., Durling, M. B., Skoglund, P., Gilbert, M. T. P., Willerslev, E., Holmlund, G., & Götherström, A. (2012). Finding the founder of Stockholm – A kinship study based on Y-chromosomal, autosomal and mitochondrial DNA. *Annals of Anatomy - Anatomischer Anzeiger*, 194(1), 138–145. <https://doi.org/10.1016/j.aanat.2011.03.014>
- Margaryan, A., Derenko, M., Hovhannisyan, H., Malyarchuk, B., Heller, R., Khachatryan, Z., Avetisyan, P., Badalyan, R., Bobokhyan, A., Melikyan, V., Sargsyan, G., Piliposyan, A., Simonyan, H., Mkrtchyan, R., Denisova, G., Yepiskoposyan, L., Willerslev, E., & Allentoft, M. E. (2017). Eight Millennia of Matrilineal Genetic Continuity in the South Caucasus. *Current Biology*, 27(13), 2023–2028.e7. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.05.087>
- Margaryan, A., Lawson, D. J., Sikora, M., Racimo, F., Rasmussen, S., Moltke, I., Cassidy, L. M., Jørsboe, E., Ingason, A., Pedersen, M. W., Korneliussen, T., Wilhelmson, H., Buś, M. M., de Barros Damgaard, P., Martiniano, R., Renaud, G., Bhérer, C., Moreno-Mayar, J. V., Fotakis, A. K., ... Willerslev, E. (2020). Population genomics of the Viking world. *Nature*, 585(7825), 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- Margulies, M., Egholm, M., Altman, W. E., Attiya, S., Bader, J. S., Bemben, L. A., Berka, J., Braverman, M. S., Chen, Y.-J., Chen, Z., Dewell, S. B., Du, L., Fierro, J. M., Gomes, X. V., Godwin, B. C., He, W., Helgesen, S., Ho, C. H., Irzyk, G. P., ... Rothberg, J. M. (2005). Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. *Nature*, 437(7057), 376–380. <https://doi.org/10.1038/nature03959>

- Maróti, Z., Neparáczi, E., Schütz, O., Maár, K., Varga, G. I. B., Kovács, B., Kalmár, T., Nyerki, E., Nagy, I., Latinovics, D., Tihanyi, B., Marcsik, A., Pálfi, G., Bernert, Z., Gallina, Z., Horváth, C., Varga, S., Költő, L., Raskó, I., ... Török, T. (2022). The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 32(13), 2858-2870.e7. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093>
- Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.Journal; Vol 17, No 1: Next Generation Sequencing Data AnalysisDO - 10.14806/Ej.17.1.200* . <http://journal.embnet.org/index.php/embnetjournal/article/view/200>
- Meyer, M., & Kircher, M. (2010). Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols*, 5(6). <https://doi.org/10.1101/pdb.prot5448>
- Miikka, T., Miska, L., Natalia, K., Heikki, J., & Heikki, S. (2015). Human population dynamics in Europe over the Last Glacial Maximum. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(27), 8232–8237. <https://doi.org/10.1073/pnas.1503784112>
- Millar, C. D., Huynen, L., Subramanian, S., Mohandesan, E., & Lambert, D. M. (2008). New developments in ancient genomics. *Trends in Ecology & Evolution*, 23(7), 386–393. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.04.002>
- Mittnik, A., Massy, K., Knipper, C., Wittenborn, F., Friedrich, R., Pfrengle, S., Burri, M., Carlichi-Witjes, N., Deeg, H., Furtwängler, A., Harbeck, M., von Heyking, K., Kociumaka, C., Kucukkalipci, I., Lindauer, S., Metz, S., Staskiewicz, A., Thiel, A., Wahl, J., ... Krause, J. (2019). Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe. *Science*, 366(6466), 731–734. <https://doi.org/10.1126/science.aax6219>
- Mittnik, A., Wang, C.-C., Pfrengle, S., Daubaras, M., Zariņa, G., Hallgren, F., Allmäe, R., Khartanovich, V., Moiseyev, V., Törv, M., Furtwängler, A., Andrades Valtueña, A., Feldman, M., Economou, C., Oinonen, M., Vasks, A., Balanovska, E., Reich, D., Jankauskas, R., ... Krause, J. (2018). The genetic prehistory of the Baltic Sea region. *Nature Communications*, 9(1), 442. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>
- Molnár, M., Janovics, R., Major, I., Orsovski, J., Gönczi, R., Veres, M., Leonard, A. G., Castle, S. M., Lange, T. E., Wacker, L., Hajdas, I., & Jull, A. J. T. (2013). Status Report of the New AMS ¹⁴C Sample Preparation Lab of the Hertelendi Laboratory of Environmental Studies (Debrecen, Hungary). *Radiocarbon*, 55(2), 665–676. <https://doi.org/10.1017/S0033822200057829>
- Nagy, I. (1857). *Magyarország Családai Czimerekkel és Nemzedékrendi Táblákkal*.
- Nagy, P. L., Olasz, J., Neparáczi, E., Rouse, N., Kapuria, K., Cano, S., Chen, H., Di Cristofaro, J., Runfeldt, G., Ekomasova, N., Maróti, Z., Jeney, J., Litvinov, S., Dzhaubermezov, M., Gabidullina, L., Szentirmay, Z., Szabados, G., Zgonjanin, D., Chiaroni, J., ... Kásler, M. (2021). Determination of the phylogenetic origins of the Árpád Dynasty based on Y chromosome sequencing of Béla the Third. *European Journal of Human Genetics*, 29(1), 164–172. <https://doi.org/10.1038/s41431-020-0683-z>
- Narasimhan, V. M., Patterson, N., Moorjani, P., Rohland, N., Bernardos, R., Mallick, S., Lazaridis, I., Nakatsuka, N., Olalde, I., Lipson, M., Kim, A. M., Olivieri, L. M., Coppa, A., Vidale, M., Mallory, J., Moiseyev, V., Kitov, E., Monge, J., Adamski, N., ... Reich, D. (2019). The formation of human populations in South and Central Asia. *Science*, 365(6457), eaat7487. <https://doi.org/10.1126/science.aat7487>
- Neparáczi, E., Kis, L., Maróti, Z., Kovács, B., Varga, G. I. B., Makoldi, M., Horolma, P., Éva Teiszler, 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. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11731>
- Neparáczi, E., Maróti, Z., Kalmár, T., Kocsy, K., Maár, K., Bihari, P., Nagy, I., Fóthi, E., Pap, I., Kustár, Á., Pálfi, G., Raskó, I., Zink, A., & Török, T. (2018). Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLoS ONE*, 13(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- Neparáczi, E., Maróti, Z., Kalmár, T., Maár, K., Nagy, I., Latinovics, D., Kustár, Á., Pálfi, G., Molnár, E., Marcsik, A., Balogh, C., Lőrinczy, G., Gál, S. S., Tomka, P., Kovacsóczy, B., Kovács, L., Raskó, I., & Török, T. (2019). Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 9(1), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53105-5>
- Nyerki, E., Kalmár, T., Schütz, O., Lima, R. M., Neparáczi, E., Török, T., & Maróti, Z. (2023). correctKin: an optimized method to infer relatedness up to the 4th degree from low-coverage ancient human genomes. *Genome Biology*, 24(1), 38. <https://doi.org/10.1186/s13059-023-02882-4>
- Olasz, J., Seidenberg, V., Hummel, S., Szentirmay, Z., Szabados, G., Melegh, B., & Kásler, M. (2019). DNA profiling of Hungarian King Béla III and other skeletal remains originating from the Royal Basilica of Székesfehérvár. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 11(4), 1345–1357. <https://doi.org/10.1007/s12520-018-0609-7>
- O’Sullivan, N., Posth, C., Coia, V., Schuenemann, V. J., Douglas Price, T., Wahl, J., Pinhasi, R., Zink, A., Krause, J., & Maixner, F. (2018). Ancient genome-wide analyses infer kinship structure in an Early Medieval Alemannic graveyard. *Science Advances*, 4(9). <https://doi.org/10.1126/sciadv.aao1262>
- Pääbo, S. (1985). Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA. *Nature*, 314(6012), 644–645. <https://doi.org/10.1038/314644a0>
- Paabo, S. (1989). Ancient DNA: Extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification (oxidative damage/electron microscopy/Alu sequences/mitochondrial DNA/polymerase chain reaction). In *Genetics* (Vol. 86).
- Pala, M., Olivieri, A., Achilli, A., Accetturo, M., Metspalu, E., Reidla, M., Tamm, E., Karmin, M., Reisberg, T., Kashani, B. H., Perego, U. A., Carossa, V., Gandini, F., Pereira, J. B., Soares, P., Angerhofer, N., Rychkov, S., Al-Zahery, N., Carelli, V., ... Richards, M. B. (2012). Mitochondrial DNA Signals of Late Glacial Recolonization of Europe from Near Eastern Refugia. *The American Journal of Human Genetics*, 90(5), 915–924. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.04.003>
- Pálffy, G. (2000). *A tizenhatodik század története*. Pannonica Kiadó.
- Patterson, N., Moorjani, P., Luo, Y., Mallick, S., Rohland, N., Zhan, Y., Genschoreck, T., Webster, T., & Reich, D. (2012). Ancient Admixture in Human History. *Genetics*, 192(3), 1065–1093. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.145037>
- Patterson, N., Price, A. L., & Reich, D. (2006). Population Structure and Eigenanalysis. *PLOS Genetics*, 2(12), e190-. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0020190>
- Pääbo, S., Higuchi, R. G., & Wilson, A. C. (1989). Ancient DNA and the Polymerase Chain Reaction THE EMERGING FIELD OF MOLECULAR ARCHAEOLOGY*. In *THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY* (Vol. 264, Issue 17).

- R Core Team (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. (n.d.). <https://www.r-project.org>
- R., V. K., Andreas, R., Melanie, G., Lucy, van D., Saioa, L., Karola, K., Christian, S., Jens, B., Daniel, W., Vivian, L., Zuzana, H., Joris, P., Bernd, T., Anja, G., Jochen, H., Bernd, P., Garrett, H., Brigitte, H.-G., Michaela, H., & Joachim, B. (2018). Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female-biased immigration in Early Medieval Bavaria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *115*(13), 3494–3499. <https://doi.org/10.1073/pnas.1719880115>
- Raghavan, M., Skoglund, P., Graf, K. E., Metspalu, M., Albrechtsen, A., Moltke, I., Rasmussen, S., Stafford Jr, T. W., Orlando, L., Metspalu, E., Karmin, M., Tambets, K., Rootsi, S., Mägi, R., Campos, P. F., Balanovska, E., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E., Litvinov, S., ... Willerslev, E. (2014). Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature*, *505*(7481), 87–91. <https://doi.org/10.1038/nature12736>
- Ralf, A., Montiel González, D., Zhong, K., & Kayser, M. (2018). Yleaf: Software for Human Y-Chromosomal Haplogroup Inference from Next-Generation Sequencing Data. *Molecular Biology and Evolution*, *35*(5), 1291–1294. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy032>
- Rasmussen, M., Guo, X., Wang, Y., Lohmueller, K. E., Rasmussen, S., Albrechtsen, A., Skotte, L., Lindgreen, S., Metspalu, M., Jombart, T., Kivisild, T., Zhai, W., Eriksson, A., Manica, A., Orlando, L., De La Vega, F. M., Tridico, S., Metspalu, E., Nielsen, K., ... Willerslev, E. (2011). An Aboriginal Australian Genome Reveals Separate Human Dispersals into Asia. *Science*, *334*(6052), 94–98. <https://doi.org/10.1126/science.1211177>
- Reimer, P. J., Austin, W. E. N., Bard, E., Bayliss, A., Blackwell, P. G., Bronk Ramsey, C., Butzin, M., Cheng, H., Edwards, R. L., Friedrich, M., Grootes, P. M., Guilderson, T. P., Hajdas, I., Heaton, T. J., Hogg, A. G., Hughen, K. A., Kromer, B., Manning, S. W., Muscheler, R., ... Talamo, S. (2020). The IntCal20 Northern Hemisphere Radiocarbon Age Calibration Curve (0–55 cal kBP). *Radiocarbon*, *62*(4), 725–757. <https://doi.org/10.1017/RDC.2020.41>
- Renaud, G., Slon, V., Duggan, A. T., & Kelso, J. (2015). Schmutzi: estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biology*, *16*, 224. <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0>
- Ringbauer, H., Huang, Y., Akbari, A., Mallick, S., Olalde, I., Patterson, N., & Reich, D. (2024). Accurate detection of identity-by-descent segments in human ancient DNA. *Nature Genetics*, *56*(1), 143–151. <https://doi.org/10.1038/s41588-023-01582-w>
- Rogaev, E. I., Grigorenko, A. P., Moliaka, Y. K., Faskhutdinova, G., Goltsov, A., Lahti, A., Hildebrandt, C., Kittler, E. L. W., & Morozova, I. (2009). Genomic identification in the historical case of the Nicholas II royal family. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *106*(13), 5258–5263. <https://doi.org/10.1073/pnas.0811190106>
- Rohland, N., Harney, E., Mallick, S., Nordenfelt, S., & Reich, D. (2015). Partial uracil – DNA – glycosylase treatment for screening of ancient DNA. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, *370*(1660). <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0624>
- Rohland, N., & Hofreiter, M. (2007). Ancient dna extraction from bones and teeth. *Nature Protocols*, *2*(7), 1756–1762. <https://doi.org/10.1038/nprot.2007.247>

- Rubinacci, S., Ribeiro, D. M., Hofmeister, R. J., & Delaneau, O. (2021). Efficient phasing and imputation of low-coverage sequencing data using large reference panels. *Nature Genetics*, *53*(1), 120–126. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-00756-0>
- Shendure, J., Mitra, R. D., Varma, C., & Church, G. M. (2004). Advanced sequencing technologies: methods and goals. *Nature Reviews Genetics*, *5*(5), 335–344. <https://doi.org/10.1038/nrg1325>
- Skoglund, P., Storå, J., Götherström, A., & Jakobsson, M. (2013). Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing. *Journal of Archaeological Science*, *40*(12), 4477–4482. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jas.2013.07.004>
- Skourtanioti, E., Erdal, Y. S., Frangipane, M., Balossi Restelli, F., Yener, K. A., Pinnock, F., Matthiae, P., Özbal, R., Schoop, U.-D., Guliyev, F., Akhundov, T., Lyonnet, B., Hammer, E. L., Nugent, S. E., Burri, M., Neumann, G. U., Penske, S., Ingman, T., Akar, M., ... Krause, J. (2020). Genomic History of Neolithic to Bronze Age Anatolia, Northern Levant, and Southern Caucasus. *Cell*, *181*(5), 1158–1175.e28. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.044>
- Slatkin, M., & Racimo, F. (2016). Ancient DNA and human history. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *113*(23), 6380–6387. <https://doi.org/10.1073/pnas.1524306113>
- Sörös, P. (1912). *Az elenyészett bencés apátságok - A pannonhalmi Szent-Benedek-Rend története*. Pannonhalmi Szent-Benedek-Rend.
- Thomas P. Gilbert, M., Rudbeck, L., Willerslev, E., Hansen, A. J., Smith, C., Penkman, K. E. H., Prangenberg, K., Nielsen-Marsh, C. M., Jans, M. E., Arthur, P., Lynnerup, N., Turner-Walker, G., Biddle, M., Kjølbye-Biddle, B., & Collins, M. J. (2005). Biochemical and physical correlates of DNA contamination in archaeological human bones and teeth excavated at Matera, Italy. *Journal of Archaeological Science*, *32*(5), 785–793. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jas.2004.12.008>
- Thomas, R. H., Schaffner, W., Wilson, A. C., & Paabo, S. (1989). DNA phylogeny of the extinct marsupial wolf. *Nature*, *340*(6233), 465–467. <https://doi.org/10.1038/340465a0>
- Thorvaldsdottir, H., Robinson, J. T., & Mesirov, J. P. (2013). Integrative Genomics Viewer (IGV): high-performance genomics data visualization and exploration. *Briefings in Bioinformatics*, *14*(2), 178–192. <https://doi.org/10.1093/bib/bbs017>
- Tóth, C. N. (2009). *Ki kicsoda az ecsedi Bátori családban. A Bátori család ecsedi ágának tagjai, 1377-1541*. Szabolcs-Szatmár-Beregi Szemle.
- Unterländer, M., Palstra, F., Lazaridis, I., Pilipenko, A., Hofmanová, Z., Groß, M., Sell, C., Blöcher, J., Kirsanow, K., Rohland, N., Rieger, B., Kaiser, E., Schier, W., Pozdnyakov, D., Khokhlov, A., Georges, M., Wilde, S., Powell, A., Heyer, E., ... Burger, J. (2017). Ancestry and demography and descendants of Iron Age nomads of the Eurasian Steppe. *Nature Communications*, *8*. <https://doi.org/10.1038/ncomms14615>
- Varga, G. I. B., Kristóf, L. A., Maár, K., Kis, L., Schütz, O., Váradi, O., 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. <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2022.06.008>
- Volodko, N. V., Starikovskaya, E. B., Mazunin, I. O., Eltsov, N. P., Naidenko, P. V., Wallace, D. C., & Sukernik, R. I. (2008). Mitochondrial Genome Diversity in Arctic Siberians, with Particular Reference

to the Evolutionary History of Beringia and Pleistocenic Peopling of the Americas. *The American Journal of Human Genetics*, 82(5), 1084–1100. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2008.03.019>

- Wadsworth, C., Procopio, N., Anderung, C., Carretero, J. M., Iriarte, E., Valdiosera, C., Elburg, R., Penkman, K., & Buckley, M. (2017). Comparing ancient DNA survival and proteome content in 69 archaeological cattle tooth and bone samples from multiple European sites. *Journal of Proteomics*, 158, 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.jpro.2017.01.004>
- Wales, N., Carøe, C., Sandoval-Velasco, M., Gamba, C., Barnett, R., Samaniego, J. A., Ramos Madrigal, J., Orlando, L., & Gilbert, M. T. P. (2015). New insights on single-stranded versus double-stranded DNA library preparation for ancient DNA. *BioTechniques*, 59(6), 368–371. <https://doi.org/10.2144/000114364>
- Wang, C.-C., Posth, C., Furtwängler, A., Sümegi, K., Bánfai, Z., Kásler, M., Krause, J., & Melegh, B. (2021). Genome-wide autosomal, mtDNA, and Y chromosome analysis of King Bela III of the Hungarian Arpad dynasty. *Scientific Reports*, 11(1), 19210. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-98796-x>
- Wang, C.-C., Yeh, H.-Y., Popov, A. N., Zhang, H.-Q., Matsumura, H., Sirak, K., Cheronet, O., Kovalev, A., Rohland, N., Kim, A. M., Mallick, S., Bernardos, R., Tumen, D., Zhao, J., Liu, Y.-C., Liu, J.-Y., Mah, M., Wang, K., Zhang, Z., ... Reich, D. (2021). Genomic insights into the formation of human populations in East Asia. *Nature*, 591(7850), 413–419. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03336-2>
- Wang, W., Ding, M., Gardner, J. D., Wang, Y., Miao, B., Guo, W., Wu, X., Ruan, Q., Yu, J., Hu, X., Wang, B., Wu, X., Tang, Z., Niyazi, A., Zhang, J., Chang, X., Tang, Y., Ren, M., Cao, P., ... Fu, Q. (2021). Ancient Xinjiang mitogenomes reveal intense admixture with high genetic diversity. *Science Advances*, 7(14), eabd6690. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd6690>
- Weissensteiner, H., Pacher, D., Kloss-Brandstatter, A., Forer, L., Specht, G., Bandelt, H.-J., Kronenberg, F., Salas, A., & Schonherr, S. (2016). HaploGrep 2: mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing. *Nucleic Acids Research*, 44(W1), W58-63. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw233>
- Wertner, M. (1891). *A magyar nemzetségek a XIV. század közepéig*. Csanár-Egyházmegyei Könyvsajtó.
- Wertner, M. (1900). A Báthoryak családi történetéhez (Egy genealogiai táblával). *Turul*, 18, 6–29.

17. Tudományos közlemények listája

MTMT azonosító: 10070508

ORCID: 0000-0002-4915-1462

A doktori eljárás alapját képező közlemények:

Gînguță, Alexandra ; **Kovács, Bence** ; Schütz, Oszkár ; Tihanyi, Balázs ; Nyerki, Emil ; Maár, Kitti ; Maróti, Zoltán ; Varga, Gergely I.B. ; Băcucț-Crișan, Dan ; Keresztes, Timea et al.

Genetic identification of members of the prominent Báthory aristocratic family

ISCIENCE 26 : 10 Paper: 107911 , 14 p. (2023)

Varga, Gergely I.B. ; Maróti, Zoltán ; Schütz, Oszkár ; Maár, Kitti ; Nyerki, Emil ; Tihanyi, Balázs ; Váradi, Orsolya Anna ; Gînguță, Alexandra ; **Kovács, Bence** ; Kiss, Petra et al.

Archaeogenetic analysis revealed East Eurasian paternal origin to the Aba royal family of Hungary

ISCIENCE 27 : 10 Paper: 110892 , 31 p. (2024)

Kovács, Bence; Alexandra Gînguță; Petra Kiss; Kitti Maár; Oszkár Schütz; Gergely I. B. Varga, and Endre Neparáczki

Comparing the Efficiency of Different Methods for Reliable Results in Ancient DNA NGS Workflow

DNA 5, no. 2: 26. (2025)

Egyéb tudományos folyóiratban megjelent közlemények:

Tihanyi, Balázs ; Maár, Kitti ; Kis, Luca ; Gînguță, Alexandra ; Varga, Gergely I. B. ; **Kovács, Bence** ; Schütz, Oszkár ; Pálfi, György ; Neparáczki, Endre ; Török, Tibor et al.

'But no living man am I': Bioarchaeological evaluation of the first-known female burial with weapon from the 10th-century-CE Carpathian Basin

PLOS ONE 19 : 11 Paper: e0313963 , 34 p. (2024)

Varga, Gergely I B ; Kristóf, Lilla Alida ; Maár, Kitti ; Kis, Luca ; Schütz, Oszkár ; Váradi, Orsolya ; **Kovács, Bence** ; Gînguță, Alexandra ; Tihanyi, Balázs ; Nagy, Péter L et al.

The archaeogenomic validation of Saint Ladislaus' relic provides insights into the Árpád dynasty's genealogy

JOURNAL OF GENETICS AND GENOMICS 50 : 1 pp. 58-61. , 4 p. (2023)

Varga, Gergely I. B. ; Maár, Kitti ; Gînguta, Alexandra ; Váradi, Orsolya ; **Kovács, Bence** ; Tihanyi, Balázs ; Maróti, Zoltán ; Makoldi, Miklós ; Eregzen, Gelegdorj ; Batbold, Natsag et al.

Multi-disciplinary analysis of an elite Xiongnu tomb from Belkhin Am cemetery, Ulaanbaatar
EPHEMERIS HUNGAROLOGICA 2 : 2 pp. 101-113. , 13 p. (2022)

Neparáczi, Endre ; Kis, Luca ; Maróti, Zoltán ; **Kovács, Bence** ; Varga, Gergely I.B. ; Makoldi, Miklós ; Horolma, Pamjav ; Teiszler, Éva ; Tihanyi, Balázs ; Nagy, Péter L. et al.

The genetic legacy of the Hunyadi descendants

HELIYON 8 : 11 Paper: e11731 , 8 p. (2022)

Maróti, Zoltán ; Neparáczi, Endre ; Schütz, Oszkár ; Maár, Kitti ; Varga, Gergely I.B. ; **Kovács, Bence** ; Kalmár, Tibor ; Nyerki, Emil ; Nagy, István ; Latinovics, Dóra et al.

The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians

CURRENT BIOLOGY 32 : 13 pp. 2858-2870.e7. , 13 p. (2022)

Gînguță, Alexandra ; **Kovács, Bence** ; Tihanyi, Balázs ; Maár, Kitti ; Schütz, Oszkár ; Maróti, Zoltán ; Varga, Gergely I. B. ; Kiss, Attila P. ; Stanciu, Ioan ; Török, Tibor et al.

Maternal Lineages of Gepids from Transylvania

GENES 13 : 4 Paper: 563 , 13 p. (2022)

Varga, Gergely I. B. ; Maár, Kitti ; Ginguta, Alexandra ; **Kovács, Bence** ; Tihanyi, Balázs ; Kis, Luca ; Váradi, Orsolya ; Kiss, Petra ; Szokolóczy, Dávid ; Schütz, Oszkár et al.

An archaeogenetic approach to identify the remains of the Hungarian Kings

EPHEMERIS HUNGAROLOGICA 1 : 2 pp. 333-342. , 10 p. (2021)

Maár, Kitti ; Varga, Gergely ; **Kovács, Bence** ; Schütz, Oszkár ; Maróti, Zoltán ; Kalmár, Tibor ; Nyerki, Emil ; Nagy, István ; Latinovics, Dóra ; Tihanyi, Balázs et al.

Maternal Lineages from 10-11th Century Commoner Cemeteries of the Carpathian Basin

GENES 12 : 3 Paper: 460 , 19 p. (2021)

Viktor, Vedelek ; László, Bodai ; Gábor, Grézal ; **Bence, Kovács** ; Imre, M. Boros ; Barbara, Laurinyecz ; Rita, Sinka

Analysis of *Drosophila melanogaster* testis transcriptome

BMC GENOMICS 19 : 1 Paper: 697 , 19 p. (2018)

18. Köszönetnyilvánítás

Szeretnék köszönetet mondani mindazoknak, akik lehetővé tették ennek a PhD dolgozatnak az elkészítését.

Szeretnék köszönetet mondani témavezetőimnek, **Dr. Török Tibornak**, és **Dr. Neparáczki Endrének**, hogy útmutatásukkal végig kísérték a doktori képzésemet, és elkészíthettem ezt az értekezést. Az évek során nem csak a tudásom gyarapításában, és az archeogenetika tudományának a megértésében segítettek, hanem a személyes fejlődésem és látásmódom formálásában is hatalmas szerepet játszottak, nem csak a doktori képzésem, hanem a mester szakos képzésem ideje alatt is. Folyamatos támogatásuk és iránymutatások nélkül ez a munka nem jöhetett volna létre.

Hálásan köszönöm opponenseimnek Dr. Papp Ildikónak és Vellainé Dr. Takács Krisztinának, akik a bírálatukkal, kritikáikkal hozzájárultak a munkám színvonalának emeléséhez, és a doktori fokozatom megszerzéséhez.

Köszönöm **minden kollégámnak**, akik aktívan részt vettek a dolgozatom során felhasznált publikációk elkészítésében, és szakmai kérdésekben mindig a segítségemre voltak.

Hatalmas hálával tartozom **Dr. Nagy Péternek**, aki az évek során nemcsak szakmai támogatást nyújtott számomra, hanem emberileg is mellettem állt. Köszönöm az utolsó hetek segítségét, hogy a dolgozatom egy új formát ölthessen!

Köszönöm **Dr. Maróti Zoltánnak** a bioinformatikai elemzések elvégzését, valamint azt, hogy ha bármilyen kérdésem adódott ebben a bonyolult tudományágban, szívesen, azonnal állt rendelkezésemre.

Szeretném megköszönni a munkáját **Dr. Varga Gergely Istvánnak**. Az ő elhivatottsága és témában való szenvedélye nélkül ez a doktori munka nem készülhetett volna el. Köszönöm a támogatást és a sok segítséget, amit adott az évek során.

Köszönettel tartozom **Dr. Maár Kittinek**, aki a PhD tanulmányaim során nem csak a folyamatos szakmai segítségével és a dolgozatom javításával járult hozzá a munkámhoz, de barátként is, a legnehezebb időszakokban is segített.

Hálásan köszönöm **Schütz Oszkárnak** a számtalan segítségét, az ábrák elkészítését és az analízisek értelmezését. Az ő tudása és munkája nélkül ez a dolgozat nem jöhetett volna létre.

Hálával tartozok **Dr. Tihanyi Balázsnak**, akinek a régészet és antropológiai tudása nélkül ezek a publikációk nem születhettek volna meg. Köszönöm, hogy kérdéseimre mindig gyors, és precíz választ adott.

Köszönöm továbbá minden munkatársamnak, akikkel az évek során számtalan órát és napot eltöltöttünk együtt a laborban, és közös erővel végeztük a kutatást. Köszönöm **Dr. Nyerki Emilnek**, **Dr. Kis Lucának**, **Váradí Orsolyának**, **Kiss Petrának** és **Dosztig Mónikának**! Nélkületek ez nem sikerült volna.

Szeretnék köszönetet mondani továbbá a Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeum munkatársainak, **Dan Bacuetnek** és **Major-Keresztes Tímeának**, hogy a Báthory családdal kapcsolatos ásatásra felhívták a figyelmünket, és részesei lehettünk a munkájuknak!

Köszönöm új kollegáimnak a folyamatos segítséget és támogatást, és egy új közös út kitaposását! Kedves **Dr. Vaszkó Tibor** és **Dr. Olasz Judit**, remélem még sokáig együtt dolgozhatunk.

Külön köszönetet szeretnék mondani **Dr. Sinka Ritának**, a Genetika Tanszék vezetőjének. Az ő útmutatása nélkül, a biológus pályafutásom elején, és a Bsc-s években nem tanultam volna meg a munka alázatát, a precizitás szükségességét, és a sikeres kísérletek örömét. Hálával tartozom neki, amiért az évek során nemcsak szakmailag, hanem emberileg is mindig mellettem állt.

Köszönöm a **Magyarságkutató Intézetnek** az anyagi támogatást és az infrastruktúrát a kísérleteim elvégzéséhez. Segítségük nélkül ez a dolgozat nem készülhetett volna el.

Hálával tartozom barátaimnak, akik végig kísérték ezen az úton, és folyamatosan támogattak. Tőletek olyan tudást és erőt kaptam, amit az élet más területein nem lehet elsajátítani.

Külön szeretném megköszönni családomnak, hogy mindig mellettem álltak, és támogattak bármiben, amit célul tűztem ki. Köszönöm **Édesapámnak**, hogy biztatott, hitt bennem és mindig a legjobbat akarta számomra. Köszönöm **Nagymamámnak**, hogy mindig ott volt a nehéz időkben. Hálásan köszönöm **Testvéremnek** az évek során nyújtott folyamatos támogatást.

Köszönöm **Édesanyámnak**, hogy elindított és támogatott az utamon. Köszönöm azt a szeretetet, tanácsadást és útmutatást melyet nem csak az egyetemi tanulmányaim, hanem az életem során kaptam. Sajnos már nem lehetsz köztünk, hogy ezt lásd, de bízom benne, hogy büszke vagy rám.

Végül szeretném kifejezni köszönetemet, hálámat és minden tiszteletemet feleségemnek, munkatársamnak és partneremnek, **Dr. Ginguta Alexandrának**. Köszönöm azt a mérhetetlen munkát, amit a közös kutatásba fektettél. A PhD-képzésem négy évét együtt töltve tőled tanultam meg a munka iránti elkötelezettséget, az alázatot és a kitartást. Neked köszönhetően olyan személyes fejlődésen mentem keresztül, amit mástól nem tanulhattam volna meg. Köszönöm, hogy mindig mellettem állsz, segítesz, támogatsz minden döntésemben. Köszönöm a türelmed, és köszönöm, hogy amikor szükségem van rá, nem engedsz lemaradni. Köszönöm, hogy veled tervezhetek.