

# DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

## Archeogenetikai betekintés a Báthory és az Aba család genetikai örökségébe

SZERZŐ: Kovács Bence Gábor

Ph.D hallgató

Témavezetők:

Dr. Török Tibor

Dr. Neparáczki Endre



SZEGEDI TUDOMÁNYEGYETEM

TERMÉSZETTUDOMÁNYI ÉS INFORMATIKAI KAR

BIOLÓGIAI DOKTORI ISKOLA

SZEGED

2025

## BEVEZETÉS

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 emberiség 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. Az archeogenetika új perspektívát nyitott a történelem megértésben. Alapvető tételeket és narratívákat kérdőjelezett meg a populációk eredetéről, vándorlásáról, valamint azok kulturális és a genetikai kapcsolatairól.

Az aDNS kutatása az 1980-as években kezdődött, és azóta rohamos fejlődésen ment keresztül, köszönhetően olyan technológiai áttöréseknek, mint a polimeráz láncreakció (PCR), vagy az új generációs szekvenálás (NGS). Az aDNS kutatás egyik fő kihívása a kontamináció, mely a környezeti DNS vagy a modern humán DNS jelenlétével torzíthatja az eredményeket. A DNS folyamatos degradáción megy keresztül a halált követően a környezeti hatásoknak köszönhetően, így töredezetté válik, és megannyi sérülést hordoz.

Az NGS módszerekkel, akár több millió bázispárt felölelő szakaszokat is tudunk elemezni, miközben a fejlett laboratóriumi protokollok biztosítják a szennyezésmentes és steril mintakezelést. A bioinformatikai analízisek segítségével, részletes károsodási mintázatok vizsgálatával és a módszertani finomításokkal a kutatók képesek megbízható és nagy felbontású genetikai információkat kinyerni még erősen degradált mintákból is.

A nemesi családok kiemelkedő és meghatározó szerepet töltek be a történelem során. A Báthory-család a középkori Magyarország egyik legbefolyásosabb nemesi családja volt, így Erdélyben, Lengyelországban és a Magyar Királyságban is jelentős szerepet játszottak. Eredetüket a Gutkeled, sváb eredetű nemzetséghez vezetik vissza. Legkiemelkedőbb alakjuk Báthory István, aki Erdély fejedelme, majd lengyel király és litván nagyherceg is lett. A család férfiágon a 17. századra kihalt, és több tag földi maradványainak azonosítása mára régészeti és genetikai kihívást jelent. Történelmi források szerint a Báthory család szaniszlófi ága a 15. század végén Szilágypercesiben, Erdélyben, a mai Románia területén telepedett le. A család tagjait, köztük Báthory Ferencet és Eleket, a helyi kápolnában temették el. Régészeti ásatások során előkerült két gazdag mellékletekkel ellátott sír, amelyek a történelmi kontextus alapján e

családtagokhoz köthetők. A sírkövek és az előkerült dokumentumok megerősítik a Báthory család helyi jelenlétét és nemesi státuszát a térségben.

Az Aba-nemzetség Észak-Magyarország egyik legjelentősebb középkori arisztokrata családja volt. Legismertebb tagja Aba Sámuel, aki Szent István király sógoraként Magyarország első választott királyává vált. A család eredete vitatott: egyes források hun vagy kun származást, mások kabar kapcsolatot feltételeznek. Az Abák története szorosan összefonódott az Árpád-házzal és a honfoglalás előtti keleti eredetű népekkel. A 13–15. században az Aba nemzetség több ágra szakadt és jelentős politikai befolyásra tett szert. Az abasári bencés monostor az Aba nemzetség egyik központja volt, ahol Aba Sámuel királyt is eltemették. A monostor kiemelt temetkezési hely volt, de a későbbi évszázadok birtokvitái és konfliktusai annak hanyatlásához vezettek, és végül a 17. századra eltűnt az írott forrásokból.

## **CÉLKITŰZÉS**

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 genomszekvencia-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.

## ALKALMAZOTT MÓDSZEREK

A Báthory családhoz tartozó csontvázakat Erdélyben, Zilahon, a Szilágy Megyei Történelmi és Szépművészeti Múzeumban őrizték a szilágyperecseni ásatást követően, míg az Aba családhoz kapcsolódó minták Abasáron, a Magyarorsággkutató Intézet régészeti feltárása során kerültek elő. A mintavétel során minden esetben törekedtünk a humán DNS-sel történő kontamináció minimalizálására.

A mintavétel során lehetőség szerint pars petrosát alkalmaztuk mintaforrásként. A minták feldolgozását steril tisztalaborban végeztük, a munkafolyamatok térbeli elkülönítésével. A csontokat fertőtlenítettük, majd alacsony fordulatszámon fűrtük/vágtuk és őröltük a hőtermelés csökkentése és a DNS integritásának megőrzése érdekében. Fogminták esetében minimálisan destruktív módszert alkalmaztunk, amely lehetővé tette a DNS kinyerését a cementrétegből anélkül, hogy a fogszerkezet jelentősen sérült volna.

A DNS-t szilikaalapú MinElute oszlopos eljárással vontuk ki. A kivont DNS-ből kettős szálú NGS könyvtárakat hoztunk létre, részleges UDG-kezeléssel, amely egyszerre csökkentette a posztmortem DNS-károsodások számát, valamint biztosította az autentikus ősi DNS jelenlétének kimutathatóságát.

A bioinformatikai feldolgozás során eltávolítottuk az adaptereket, kiszűrtük a nem-endogén eredetű DNS szekvenciákat, meghatároztuk a biológiai nemet, valamint a mitokondriális és Y-kromoszómás haplocsoportokat. A minták közötti rokonsági viszonyokat kinship- és IBD-analízis segítségével vizsgáltuk meg. A genetikai eredetet és keveredési arányokat outgroup F3-, F4- és qpAdm statisztikai modellekkel vizsgáltuk. Populációgenetikai vizsgálatra főkomponens-analízist (PCA) alkalmaztunk.

## EREDMÉNYEK

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 népségeihez 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

rokonsgot mutattak a Corvinokkal, B1thoryakkal, valamint az 1rpd-h1z tagjaival is, 1s t1bb mint1ban megfigyelhet1 volt k1z1s genetikai 1r1ks1g a honfoglal1 elit egyes mint1ival. Az uniparent1lis markerek alapján az apai vonalak nagy r1sze bels1-1zsi1 eredet1 N1a 1s R1a haplocsoportokba tartozott, m1g a mitokondri1lis vonalak v1ltozatos eur1pai 1s keleti eredetet mutattak. A genetikai adatok alapján az Aba nemzetség apai vonala a N-A9408 alhaplocsoportba sorolható, amely 1sszek1thet1 a honfoglal1 elit 1s egy Xiongnu (mong1liai) egy1n vonal1val. A teljes genom szint1 PCA-, ADMIXTURE- 1s qpAdm-elemz1sek alapján az abas1ri mint1k genetikai 1sszet1tele kever1k: f1k1nt nyugat-eur1pai eredet domin1l, kisebb ar1ny1 keleti (hun, avar, honfoglal1, illetve kauk1zusi) elemekkel. Az abas1ri klaszter 1tfed1st mutatott a B1thoryak, 1s egyes 1rpd-h1zi mint1k genomjaival, ami egy homog1n k1z1pkori magyar nemesi genetikai r1tegre utal. Ez a genetikai 1r1ks1g 1sszhangban van a t1rt1neti hagyom1nnyal, amely az Aba nemzets1get az 1rpdokkal 1s a sztyepei elit n1peivel rokon1tja.

## ÖSSZEGZÉS

Ez a doktori dolgozat egy olyan interdiszciplináris munkát mutat be, mely elsőként közöl genetikai adatokat a középkori magyar királyság két kiemelkedő nemesi családjáról, a Báthoryakról és az Abákról. A vizsgálatok során meghatároztuk az egyének apai és anyai leszármazási vonalait, feltártuk a genetikai eredetüket, valamint rokonsági kapcsolatokat mutattunk ki a temetkezéseken belül és azok között is.

Eredményeink szoros összhangban állnak a történeti forrásokkal, a régészeti megfigyelésekkel és a genetikai adatokkal a szilágyperecseni templomban eltemetett személyekkel kapcsolatban. A genetikai bizonyítékokkal megerősítettük a Báthory családi kápolnában nyugvó ismert személyek azonosságát. 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 és Báthory Ferenc 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.

Az Aba nemzetség kutatása során meghatároztuk az Aba család domináns férfi ágú Y-kromoszómás vonalát, ami sztyeppeire eredetre utal. A történeti forrásokat, miszerint az Abák Attila rokonai voltak, nem tudtuk alátámasztani. 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.

## SUMMARY IN ENGLISH

This doctoral dissertation presents an interdisciplinary study that, for the first time, provides genetic data on two prominent noble families of the medieval Kingdom of Hungary: the Báthory and Aba families. During the research, we determined the paternal and maternal lineages of the individuals, traced their genetic origins, and identified kinship relationships both within and between the burials.

Our results show strong concordance with historical sources, archaeological observations, and genetic data concerning the individuals buried in the church of Szilágyperecsen. The genetic evidence confirmed the identification of known individuals buried in the Báthory family chapel. Our whole genome analyses revealed that, following their settlement in Hungary, the Báthory family genetically admixed with the local Hungarian population, which already harbored East Eurasian genetic components—likely derived from Huns, Avars, or Conquering Hungarians. The application of uniparental markers such as Y-STR and mitochondrial DNA enabled us to provide evidence for the existence of historically documented individuals Báthory Elek and Báthory Ferencz, and to uncover additional kinship ties among other individuals buried at the site. These findings reinforce historical data suggesting that the Báthory family was of Swabian origin, tracing their ancestry to Germanic or Baltic populations. Furthermore, our discoveries confirm that the church served as a burial place for the Báthory family and likely also for their aristocratic relatives.

In the study of the Aba family, we identified the dominant paternal Y-chromosomal lineage of the Aba family, which points to a steppe origin. We were unable to support historical claims that the Abas were related to Attila. Through population genetic analyses, we also detected a small East Asian genetic component in the genomes from Abasár, possibly deriving from Huns, Avars, or Conquering Hungarians. This finding aligns with the theory that the Aba lineage originated from the ancient elite stratum associated with the Conquering Hungarians. Our analyses further revealed genetic links among members of the medieval Hungarian nobility, indicating the presence of intermarriages among aristocratic families. The identification of genetic lineages of historical families enables more accurate genealogical reconstructions and contributes to a deeper understanding of past social structures, such as relationships among noble lineages.

## TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK LISTÁJA

MTMT azonosító: 10070508

ORCID: 0000-0002-4915-1462

### A DOKTORI ELJÁRÁS ALAPJÁT KÉPZŐ KÖZLEMÉNYEK:

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

**Genetic identification of members of the prominent Báthory aristocratic family**

ISCIENCE 26 : 10 Paper: 107911 , 14 p. (2023) **IF: 5.75**

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) **IF: 4.6**

**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**

MDPI - 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) **IF: 2.9**

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) **IF: 5.9**

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)

Neparáczki, 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) **IF: 4**

Maróti, Zoltán; Neparáczki, 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) **IF: 9.2**

Gînguța, 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) **IF: 3.46**

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) **IF: 4.141**

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) **IF: 3.501**

**ÖSSZESÍTETT IMPAKT FAKTOR: 43.41**

## NYILATKOZAT

Alulírott **Dr. Ginguta Alexandra**, tudományos munkatárs (Magyarságkutató Intézet, Archeogenetikai Kutatóközpont) Kovács Bence Gábor jelölt doktori fokozatszerzési eljárásának alapját képző társszerzős publikáció (Gînguță, Alexandra; Kovács, Bence; Schütz, Oszkár; Tihanyi, Balázs; Nyerki, Emil; Maár, Kitti; Maróti, Zoltán; Varga, Gergely I.B.; Băcuet-Crișan, Dan; Keresztes, Timea et al. - Genetic identification of members of the prominent Báthory aristocratic family) első szerzőjeként nyilatkozom, hogy a jelöltnek meghatározó szerepe volt a fent említett közlemény létrehozásában, és annak kutatási háttérének az elkészítésében. Hozzájárulok, hogy a publikációt a jelölt felhasználja az SZTE TTIK Biológia Doktori Iskola doktori fokozatszerzési eljárásához szükséges társszerzős közleményként, és egyúttal kijelentem, hogy a fenti publikációt más társszerző nem használta fel társszerzős közleményként tudományos fokozat megszerzéséhez, és ezt a jövőben sem fogja megtenni egyikük sem.

Budapest,

.....  
**Dr. Ginguta Alexandra**

## NYILATKOZAT

Alulírott **Dr. Varga Gergely István**, tudományos munkatárs (Magyarságkutató Intézet, Archeogenetikai Kutatóközpont) Kovács Bence Gábor jelölt doktori fokozatszerzési eljárásának alapját képező társszerzős publikáció (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 Ába royal family of Hungary) első szerzőjeként nyilatkozom, hogy a jelöltnek meghatározó szerepe volt a fent említett közlemény létrehozásában, és annak kutatási hátterének az elkészítésében. Hozzájárulok, hogy a publikációt a jelölt felhasználja az SZTE TTIK Biológia Doktori Iskola doktori fokozatszerzési eljárásához szükséges társszerzős közleményként, és egyúttal kijelentem, hogy a fenti publikációt más társszerző nem használta fel társszerzős közleményként tudományos fokozat megszerzéséhez, és ezt a jövőben sem fogja megtenni egyikük sem.

Szeged,

.....

**Dr. Varga Gergely István**