

Szegedi Tudományegyetem

**A Kárpát-medence avar és honfoglalás
kori lóállományának archaeogenetikai
elemzése**

Ph.D értekezés

Priskin Katalin

MTA Szegedi Biológiai Központ

Genetikai Intézet

Biológia Doktori Iskola

Témavezető: Prof. Dr. Raskó István

Szeged

2010

Köszönetnyilvánítás

Mindenek előtt köszönettel tartozom a MTA SZBK Genetikai Intézetében **Prof. Dr. Raskó Istvánnak**, aki bizalmába fogadott és lehetőséget nyújtott munkám elvégzésére, és az általa vezetett kutatócsoportnak, különös tekintettel **Dr. Tömöry Gyöngyvérnek**, **Dr. Bogácsi-Szabó Erikának**, **Dr. Kovácsné Csányi Bernadettnek**, **Eördögh Rékának**, **Szécsényi Anitának**, **Dr. Cibula Ágnesnek** és **Dr. Mórocz Mónikának**, valamint **Radóné Dudás Máriának** és **Lehőcz Istvánnak**, akik tudásukat átadták, és mindig, mindenben segítségemre voltak, ha szükségem volt rá. Az általuk létrehozott baráti, támogató környezetért hálával tartozom. Emellett köszönöm **Szabó Krisztiánnak** a statisztikai értékelésben nyújtott nélkülözhetetlen segítségét, valamint **Prof. Dr. C. Stephen Downesnak** a kritikai tanácsait és angol nyelvi lektorálásban nyújtott támogatását.

Köszönet illeti továbbá a Magyar Nemzeti Múzeum archeozoológusát, **Dr. Vörös Istvánt**, a szegedi Móra Ferenc Múzeum régészét, **Dr. Horváth Ferencet** és **Dr. Kürti Bélát**, valamint a Régészeti Intézet munkatársát, **Dr. Mende Balázs Gusztávot**, **Dr. Langó Pétert** továbbá **Dr. Lőrinczy Gábort**, **Dr. Költő Lászlót**, és **Dr. Szentpéteri Józsefet**, akik a vizsgálatsorozathoz az állatcsont anyagot biztosították, illetve segítséget nyújtottak a történelmi háttér megismerésében.

Emellett hálás vagyok **Szontagh Andrásnak**, és **Nyéki Józsefnek**, aki az akhal teke lovak vizsgálatához, és **Dr. Mihók Sándornak** és a jósvafői hucul ménés vezetőjének, **Salamon Gábornak**, aki a hucul lovak vizsgálatához biztosította a szükséges mintákat.

Ezúton szeretnék köszönetet mondani **szüleimnek** és **férjemnek**, akik értékes kritikai hozzászólásokkal és türelmükkel segítettek a munkámat.

Tartalomjegyzék

I. Bevezetés	4
I.1. Lehetséges származástani kapcsolat az avarok és a honfoglaló magyarok között? ..	4
I.2. A Kárpát-medence legfontosabb háziállatai az avar honfoglalás előtt	8
I.3. A kora középkori Kárpát-medence lovai.....	9
I. 4. Az akhal teke és a hucul fajta.....	12
I.5. Genetikai módszertan a régészettudomány eszköztárában.....	15
I.6. Genetikai rokonság vizsgálata mitokondriális DNS szekvencia analízissel	19
I.7. A háziló (<i>Equus caballus L.</i>) származástani vizsgálatának eddigi eredményei	21
II. Célkitűzések	25
III. Anyagok és módszerek.....	26
III.1. Mintavétel	26
III.1.1. Jelenkori minták.....	26
III.1.2. Ásatag minták	26
III. 2. DNS tisztítása vérből	31
III. 3. DNS tisztítása szőrszálból	31
III.4. Archaikus minták feldolgozásának körülményei.....	32
III.5. Archaikus csontból történő DNS kivonás körülményei	33
III.6. Archaikus DNS kivonása fogletekből.....	33
III.7. Jelenkori mintákból származó DNS PCR amplifikációja.....	36
III.8. Archaikus mintákból származó DNS PCR amplifikációja.....	37
III.9. A vizsgálatsorozatban használt primerek	38
III.10. Az adatok feldolgozása.....	40
IV. Eredmények	43
IV.1. Archaikus DNS vizsgálatok hitelesítése.....	43
IV.2. Eltérő korú és fajtájú régészeti leletek DNS megtartása	43
IV. 3. Avar és honfoglalás kori ló minták szekvencia analízise.....	47
IV. 4. Akhal teke minták szekvencia analízise	49
IV. 5. Hucul lovak szekvencia analízise	53
IV.6. Populációgenetikai analízis	58
IV.6.1. Páronkénti genetikai távolság számítása	58
IV.6.2. Amova analízis	61
IV.6.3. Haplotípus-alapú hálózat analízis.....	61
V. Eredmények megvitatása	64
VI. Közlemények jegyzéke	73
VII. Irodalomjegyzék.....	75
VIII. Összefoglalás	87
IX. Summary	91

I. Bevezetés

I.1. Lehetséges származástani kapcsolat az avarok és a honfoglaló magyarok között?

Mielőtt e két nép eredetéről és kapcsolatáról szó esne, fontos kiemelni, hogy a korabeli forrásokban szereplő népnevek nem feltétlenül a mai értelemben vett népeket jelentik. Azok a csoportok, akik a nagy eurázsiai népvándorlás (1. táblázat) idején a sztyeppövezetben éltek, sokkal lazább szervezeti egységet alkottak, mint a mai, gazdasági alapon szerveződő államok. Esetükben a legfontosabb összetartó erő a közös eredet tudata. A vándorlás során a vonuló népek összetétele folyamatosan változott a csatlakozások és kiválások miatt, és így a vezető réteg is változhatott, maga után vonva a vándorló nép elnevezésének változását is (Némethi 1992).

Az Eurázsia tengelyét alkotó sztyeppén, amely Mandzsúriától egészen a magyar Alföldig húzódik, évezredekken át lovas nomád népek vonultak nyugat felé. Az avarok és a magyarok is e sztyeppi népek egyik kicsiny részeként éltek hosszabb-rövidebb ideig. Antropológiai adatok alapján a népvándorlás korában a Kárpát-medencétől az Ural-Volga vonaláig egy főbb embertani karakterében homogén alapnépesség jellemző, melynek gyökerei az Alsó-Dnyeper-Krím és Don-könyök térségének vaskori alapnépességében keresendők (Mende 2008). Ez alapján lehetséges, hogy az avar és a magyar honfoglalás kori népesség genetikai gyökerét tekintve kapcsolatban áll.

Az avarok Kr. u. 557-ben tűntek föl a Kaukázustól északra. Mind régészeti leletanyagát, mind embertani jegyeit tekintve heterogén népesség volt (Szathmáry 1996). A Kárpát-medencében az Avar Birodalomnak alapvetően három korszakát különíti el a szakirodalom (1. táblázat): a korai avar kor (Kr. u. 567–675), a középső, vagy átmeneti avar kor (Kr. u. 675–700), és a késői avar kor (Kr. u. 700–804). A birodalom több mint 200 éves fennállása alatt a történelem során először politikailag egyesítette a feltehetőleg etnikailag heterogén Kárpát-medencét, kiszorítva a gepidákat, langobárdokat, s bekebelezvén a szlávokat. Az Avar Birodalomnak az Kr. u. 803-as frank hadjárat vetett véget. Az avarok és a különböző időben betelepült bolgár-török népek, akik megérték a magyar honfoglalást, feltehetőleg részt vettek a magyar népesség kialakulásában (Szőke 1996).

Arra vonatkozóan, hogy a magyar nép honnan jött és milyen útvonalon jutott el végül a Kárpát-medencébe, megoszlanak a vélemények. Legalább 3-4 terület jöhet számításba a magyar „őshazát” illetően: Káma-vidék, Dél-Ural (európai és szibériai oldala egyaránt), esetleg Baskíria (Bóna 2000). Kr. u. 893-ban a magyar szállásterület Etelköz volt. Az északnyugati szomszédságukban élő Kazár Kaganátussal folytatott sorozatos összetűzéseik következtében jutottak el az Etelközbe. Innen vonultak az Al-Dunához 839 tájékán, és pár év múlva már a Kárpát-medencében is feltűntek lovas csapataik. 894 tavaszán Bölcs Leó bizánci császár szövetségre lépett Árpáddal és Kurszánnal Bulgária ellen. A magyarok fölényes győzelmet arattak és gazdag zsákmányt gyűjtöttek. Ezt még egy morva szövetség követte, aminek értelmében Pannóniában harcoltak Szvatopluk mellett. Ezt követően már nem tértek vissza Etelközbe, mert ott a besenyők támadtak, hanem a Felső-Tiszavidéken várták be az Árpád vezetésével beözönlő népet 895 tavaszán. Valószínű, hogy a X. század közepéig, de legalábbis az elejéig ez a terület volt a fejedelmi központ is, amelyet a rendkívüli gazdagságú leletek, különösen a díszes harci szabályák kimagasló gyakorisága bizonyít (Révész 1999).

Az avar és a magyar nép rokonsági kapcsolata máig tisztázatlan, és sok vitát kavarázó kérdés a történelemtudományban. Tény, hogy a 7. század vége felé egy új régészeti kultúra jelent meg a Kárpát-medencében, amelyet a régészeti leletanyagban a griffes-indás övveretek jeleznek. Ez a nép, melyet egyes bizánci források (Theophanész és Niképhorosz pátriárka) a bolgárokkal azonosítanak, a késő avar összefoglaló nevet kapta (Vásáry 2003).

A Kárpát-medence különböző régészeti korú népességeinek embertani vizsgálata több esetben is azt az eredményt hozta, hogy a klasszikus honfoglaló leletanyaggal eltemetett honfoglalás kori népesség sokkal jobban hasonlít a késő avar kori, semmint az Árpád-kori, 11. századi népességre (Éry 1994; Szathmáry 1996). Ezt alátámasztják a honfoglalás kori magyar népesség mitokondriális DNS vizsgálatának eredményei is (Tömöry 2007). A 38, 10-11. századi csontleletet két csoportra, a gazdag leletanyaggal eltemetett klasszikus honfoglalókra, és a szegényes, ló nélküli sírokból előkerült, ún. köznépi mintákra osztották. A klasszikus honfoglalók többségében az „első generációs”, 10. századi réteghez tartoznak, míg a köznépiek főként a 11. századi réteghez tartoznak. A köznépi csontleletek haplocsoport-megoszlása igen hasonlít a mai európai populációkéhoz, míg a klasszikus honfoglalás kori mintacsoportban erős ázsiai eredetű genetikai hatás érvényesül, a minták harmada kifejezetten ázsiai eredetű genetikai mintázatot mutat (Tömöry 2008).

A szakirodalomban számos nyelvészeti alapú okfejtés olvasható arról, hogy a Kárpát-medencében már az Árpád vezette honfoglalás előtt magyar nyelvű népesség élt, amelyre az avar-lakta régiók magyar helynevei utalnak (Györffy 1970; Nagy 1991). Lipták Pál szerint a késő avar kori népesség a temetők csontanyagának antropológiai jellege alapján nagyon közeli hasonlóságot mutat a honfoglalás kori népességgel (Lipták 1983).

László Gyula elmélete szerint már a 670-680-as években (tehát az avar korban), nagy tömegű keleti népesség áramlott be a Kárpát-medencébe, akiket onoguroknak, vagy új avaroknak neveztek. Ez lehetett az első, míg a 9. században következett be a második magyar honfoglalás. Tehát az Árpád vezette nép a Kárpát-medencében már egy nagy létszámú magyar (magyar nyelvű) népet talált (László 1978). Tény, hogy a 7. század végén etnikailag új népesség jelent meg a Kárpát-medencében. László Gyula arra alapozza nézetét, hogy az avar és a magyar szállásterületek mozaikszerűen kiegészítik egymást. A késő avar leletek az agyagos területeken találhatóak meg nagy számban, és több száz, vagy akár ezres létszámú temetőik is vannak. Ez falutelepülésekre utal. Ezzel szemben a 9. századi honfoglaló magyarok temetői kis létszámúak, és általában homokos, laza területeken fordulnak elő, ahol inkább az állattenyésztés lehetséges. A Kárpát-medence középső részén, amit Árpád magyarjai nem szálltak meg, és ahol a késő avar temetők sűrűn előfordulnak, a helynevek magyarok. László Gyula erre alapozta azt, hogy az itt élő népeknek magyarul kellett beszélniük. Vagyis a 9. században a Kárpát-medencébe érkező magyarok nem települtek erőszakosan rá az itt élő avarokra.

Az „avar-magyar kontinuitást” jól példázza a Vörs-papkerti temető (Költő 1996). A Kr. u. 8-9. században kezdték használatba venni, és régészeti leletanyaga négy csoportra bontható: késő avar kori, IX. századi, honfoglalás kori (X. század), kora Árpád kori (XI. század eleje). Ez a temető ezidáig az egyetlen olyan teljesen feltárt lelőhely, ahol folyamatos temetkezést figyelhetünk meg az avar kor utolsó szakaszától egészen az államalapítás időszakáig. Az avar temetőkben az elhunytakat rangjuk szerinti helyre temették, a temető keleti részén találhatóak a gazdagabb, gyakorta lovas sírok, a temető nyugati felén pedig a szegényebb réteg, a köznép sírjai. A honfoglalók ezzel megegyező elrendezésben, felosztásban használták a temetőt, s jelképes (koponya és lábszárcsontok, vagy csak lószerszám) lovas sírjaik az egész csontvázat tartalmazó avar sírok közelében találhatóak.

IDŐRENDI TÁBLÁZAT	
Kr. e. VI. évezred	Körös-Srtacevo komplex a Kárpát-medencében
Kr. e. 4800-4600	Polgár-Csőszhalom késő neolitikus kultúra
Kr. e. 560	magyarországi szkíta kor kezdete, vekezugi kultúra
Kr. u. 370	hun népmozgás kezdetei
Kr. u. 4.-8.sz.	népvándorlás kora
Kr. u. 567	az avarok megjelennek a Kárpát-medencében
Kr. u. 567–675	korai avar kor
Kr. u. 675-700	átmeneti időszak az avar korban
Kr. u. 700-804 (/830)	késői avar kor
Kr. u. 896 - 10. sz. vége	magyar honfoglalás kora

1. táblázat. A dolgozatban érintett történelmi korszakok.

I.2. A Kárpát-medence legfontosabb háziállatai az avar honfoglalás előtt

A Kárpát-medence, földrajzi és kulturális helyzete révén kiemelkedő régészeti jelentőséggel bír. Egyes területein már 350-400 ezer éve megtelepedett az ember. A jégkorszak elmúltával a Kárpátokból lezúduló olvadékvíz biztosította a bőséges vízellátást, így gazdag növény- és állatvilág alakult ki. A Kárpát-medencében így kedvező feltételek alakulhattak ki a gazdálkodó életmód számára. Az egymásra telepedő kultúrák pedig gazdag régészeti leletanyagot hagytak hátra a jövő kutatóinak.

Az első neolitikus kultúra, mely megvetette lábát a Kárpát-medencében, a Körös-Starcevo komplex (Kutzián 1944). Forradalmian új, letelepedett, földművelő életmód jellemzi ezt az Égei-Balkán gyökerekkel rendelkező gazdálkodási formát. A Kr. e. 6. évezredben a Kárpát-medencében élt, ismeretlen eredetű népcsoport újkőkori gazdaságának alapját a kecske és juhtartás jelentette. Bökönyi szerint valójában ez az újkőkori fejlemény közvetítette Dél-Nyugat Ázsiából a háziasított kecskét és juhot, amelyeket vad ős híján helyben nem is háziasíthattak (Bökönyi 1974). A neolitikus állattartás délnyugat-ázsiai, délkelet-európai kialakulási helye ezen haszonállatok számára ideális élőhely volt. A Kárpát-medence bő vízellátottságú, gyakran mocsaras legelői azonban nem kedveztek az élőhelyi és szaporodási sajátosságainak. Mivel a szaporulat csökkent, és lokálisan nem volt mód vadon élő állományból újabb egyedeket befogni, így a háziállat-tartás e kezdetleges szintje nem volt képes az egyre népesebb családokat eltartani. A Kárpát-medencébe érkező, egyértelműen dokumentálható népvándorlási hullámoknak a későbbiekben jó jelzője a juhok és kecskék csontjainak ritkább vagy gyakoribb előfordulása (Bartosiewicz 2006).

A farkast leszámítva volt azonban két olyan vadon is előforduló állatfaj, melyek potenciálisan alkalmasak voltak a háziasításra, és ráadásul jelentősen több táplálékot biztosítottak befogóik részére. Ezek pedig az őstulok (*Bos primigenius Bojanus*) és a vaddisznó (*Sus scrofa*). Ez persze nem azt jelenti, hogy ezeket a fajokat itt háziasították először, de kézenfekvő a feltételezés, hogy a kezdetleges állattartási gyakorlattal rendelkező népek a helyi vadállatállományt nem csak vadásszák, hanem a vadállományból ivadékok befogását és felnevelését is megkísérik. Kiemelt szerepet kap az őstulok a késő neolitikum időszakában. Bár az már bizonyos, hogy az első földművelők a közel-keleti háziasítási központból szarvasmarhákkal érkeztek Európa ezen térségébe, de az újkőkor végén, Kr. e. 3500 körül, mikor az éghajlat kedvezőtlené válása miatt a vadászat jelentősége megnőtt, az őstulok csontok gyakoribbá válása

figyelhető meg. Egyes településeken, mint például Polgár-Csőszhalom, a kisebb méretű szarvasmarha csontok, valamint a robosztus őstulok csontok mellett köztes méretűek is találhatóak, amelyek az őstulok helyi, kezdetleges háziasítását jelenthetik (Bartosiewicz 2006).

A ló háziasítására csak az öt neolitikus eredetű háziállat, a kecske, juh, sertés, szarvasmarha és kutya háziasítását követően került sor körülbelül Kr. e. 3500 körül Belső-Ázsiában (Outram 2009). Ennek ellenére, a bronzkorra különös jelentőségre tett szert, hiszen felgyorsította, hatékonyabbá tette a hadászatot, valamint a távolsági kereskedelmet, amelyek a korabeli társadalom gazdaságának fő mozgatórugói voltak. Az első lómaradványok a rézkorból kerültek elő a Kárpát-medencében, ezek vad vagy házi volta azonban vitatott. Feltételezhető, hogy Kr. e. 2000 táján észak-keleti irányból lovasnomád népek érkeztek, akik összeolvadtak a Kárpát-medence letelepedett földművelő népességével. Így ettől a kortól kezdve, a kutyán kívül mind az öt gazdasági haszonállat megfigyelhető a régészeti anyagban, csak az egyes fajok aránya változik az éghajlat vagy az esetleges újabb népvándorlási hullámok következtében (Bartosiewicz 2006).

I.3. A kora középkori Kárpát-medence lovai

Az állatábrázolások képzőművészeti stílus a sztyeppi állattartó népek hitvilágához kapcsolódik, akik isteneiket, mítoszaikat különböző állatalakokban személyesítették meg. Ennek az ábrázolásmódnak megteremtői azok a vándorló életmódot folytató, állattartó közösségek voltak, amelyek a Kr. e. 1. évezred elején a Belső-Ázsiától egészen a Kárpátokig húzódó sztyeppi térségben éltek.

A Duna deltájától az Altájig és a Szajánig húzódó füves pusztaságon a ló őshonos állat, így nem csoda, hogy az itt élő népek életében kulcsszerepet játszott. Nagy hatással volt hit- és érzelmvilágukra, és a portyázó hadviselés nélkülözhetetlen eszköze volt. A lovas civilizáció által érintett területekre jellemző, hogy a ló háta formálja az országot.

A ló sokoldalú gazdasági hasznosítása és a kultuszban, hitvilágban betöltött szerepe (lóáldozat, lovas temetkezés, totemös, táltoshit) folytán mind az avarok, mind a honfoglaló magyarok legfontosabb háziállata volt. Részesedése a gazdaságban, a teljes állatállományban ugyan nem érte el a szarvasmarháét, de a hadászatban és a szellemi kultúrában elfoglalt helye annál jelentősebb volt.

A Kárpát-medencében élő avar és honfoglalás kori népesség lómaradványai döntő többségben sírokból származnak. A temetési szertartások során a sírokba helyezett állatok

faj- és fajtaösszetételét szigorú vallási hagyomány határozta meg. Az áldozati állatok hierarchiájában első a ló, majd a szarvasmarha, a juh, a kecske és a sertés. A lovas temetkezéseken az avarok elsősorban 4-7 éves méneket vagy paripákat áldoztak fel, tehát az ún. hadilovakat, míg a honfoglaló magyarok sírjaiban méneket találunk, a fél éves csikótól a 18 éves öreg lóig (Vörös 1997). A magyarok a lenyúzott lóbőrt a sír különböző részébe helyezték és a lovak farkát türk-török szokás szerint levágták (1. ábra).

A lovak morfológiai vizsgálata alapján az avar lovak fenotípusos megjelenésében egyöntetűség látszik (Takács 1995). A lovas sírok döntő többsége harcosoknak tulajdonítható, így elképzelhető, hogy az azokba helyezett lovak valamiféle „katonai szabványt” képviselnek, hasonló korú, nagyságú, sőt nemű lovak alakjában, ugyanis a lovak nagy része 135cm marmagasságú, 4-7 év körüli mén volt. Az állomány egységessége persze a mintavétel egyoldalúságából is fakadhat, mivel ismereteink csaknem kizárólag lovas temetkezések elemzésén alapulnak, amelyek módosabb családok vagy bizonyos társadalmi csoportok kedvenc lovait tartalmazták. Az avar lovak többségében domború homlok figyelhető meg. A szemüregek egymáshoz közelebb helyezkednek el, mint a honfoglalás kori lovak esetén (Bökönyi 1974).

A honfoglalás kori lovak csontozata alapján azonban Vörös István vizsgálatai rámutattak, hogy a honfoglalás kori lóállomány nem volt egységes. Eltérő származáshelyű, testalkatú és tenyésztési fokú egyedek találhatók az egyes ménesekben. A népvándorlás kora alatt kialakult ún. kelet-európai típus alkotta a törzsállományt, amihez az orosz területeken alacsony, az arab-perzsa vidékről magas lovak kerülhettek (Vörös 1997). Vizsgálatai szerint a lovak feje hosszú és magas, a koponya vékony falú. A homlok domború vagy egyenes, esetleg enyhén homorú. Esetenként kosorrú koponyák is előkerültek. A szemüregek az avar lovakhoz képest távolabb helyezkednek el (Bökönyi 1974). A lovak túlnyomó része 128 és 144 cm-es marmagasság közé esik. Ezen belül megtalálhatók alacsony, közepes, és ezidáig csak 3 egyed került elő a Kárpát-medencéből, ami a magas marmagasságú kategóriába sorolható. A magyarok lovait két történelmi leletgyűttessel hasonlította össze, a 10-13. századi kijevi orosz lovakkal, valamint a 9.-10. századi, közép-volga vidéki temetők lovaival. A honfoglaló magyarok lovai a volgai bolgárok lovaival mutatnak nagy hasonlóságot (Vörös 1997). Bökönyi Sándor szerint a többségük a Dél-Oroszországban illetve Ukrajnában élt tarpánra, vagyis a múlt század vége felé kipusztult kelet-európai vadlóra emlékeztet (Bökönyi 1974).

Az avar kori és a honfoglalás kori lóállomány marmagasságának átlag értéke szinte megegyezik. A csontok robusztussága azonban eltérő a két csoportban. Míg az avar

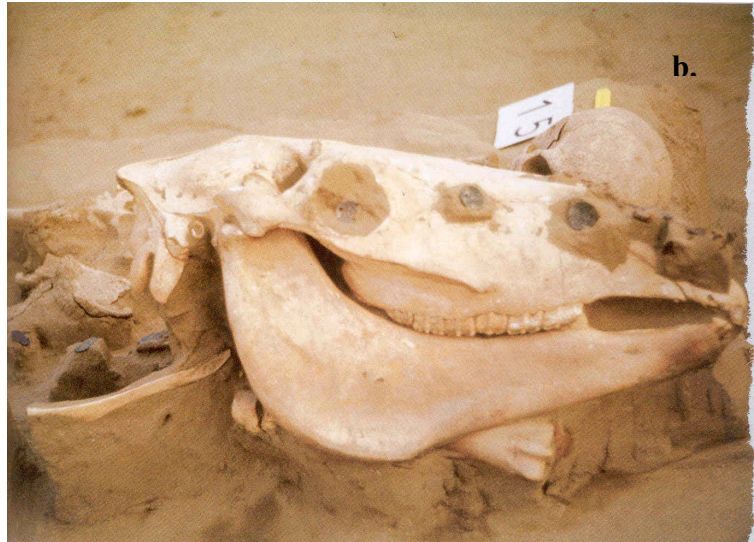
leletek között a közép-karcsú és közép-vastag csontú egyedek figyelhetők meg, a honfoglalás kori leletekben a közép-karcsú csontú egyedek mellett a karcsú és a vékony csontú egyedek találhatók meg (Takács 1995). Bartosiewicz László jelentős számú avar és honfoglalás kori ló koponyaméreteit feldolgozva több alaktani és méretbeli különbséget azonosított, azonban az a koponyaméret, amely esetében a két időrendi alcsoport között lényeges különbség azonosítható, életkorhoz kötött jelleg, és a két vizsgált csoport átlagos életkora között közel 2 év van. Emellett az ivari megoszlás sem egyezik meg a két csoportban (Bartosiewicz 2006).

A ma élő lófajták közül Vörös István a honfoglaló magyarok lovait fenotípusos megjelenésük alapján a „hucul-konik” kislóval rokonítja, mivel a csontanyag alapján azonosítható bélyegek erre utalnak (Vörös 1997). Hecker Walter a honfoglaló magyarok lovait a turáni lótól származtatja, melynek mai leszármazottja az akhal teke ló (Hecker 1955).

Az eddigiekkel kapcsolatban meg kell jegyezni, hogy a vizsgált népcsoportok lóállománya nagy valószínűséggel több forrásból származott. Feltételezhetően számolni kell egy, a vándorlás során magukkal hozott mennyiséggel, valamint a Kárpát-medencében talált lóállomány felhasználásával is, és nem elvethető egy hosszú távú, szervezett lókereskedelem lehetősége sem, habár ennek eddig nem került elő bizonyítéka. Kevésbé jelentős tényező, de mivel jórészt gazdag katonai, vezetői sírok lovait vizsgáljuk, számolni kell az ajándékozás, illetve a zsákmányolás lehetőségével is.



1. ábra a. Nyúzott lóboros temetkezés lószerszámokkal a Karos II. számú honfoglalás kori temető feltárásából. b. Karos II. 15. sírban elhelyezett ló koponyája.



I. 4. Az akhal teke és a hucul fajta

A fajon belüli változatok (a későbbi korokban a fajták) meghatározása meglehetősen bizonytalan a csontmaradványok morfológiai vizsgálati eszközeivel (Vörös 1997). Az eddigi archaeozoológiai kutatások, melyek a honfoglaló magyarok lovaival kapcsolatban próbáltak fajta szintű meghatározást adni, az akhal tekét és a hucult említik (Vörös 1997; Hecker 1955).

Az akhal teke (2. ábra) a mai Türkmenisztán, Üzbegisztán és Kazahsztán területéről származik. Múltja közel 3000 évre tekint vissza, vagyis a ma létező körülbelül 250 lófajta közül a legidősebb. Jellemzően keleti típusú testfelépítésük kialakulása még akkor megkezdődött, mikor kb. 10 ezer éve Közép-Ázsia éghajlata szárazzá kezdett válni. A lovak számára előnyösebb volt a minél hosszabb nyak, valamint az arany színű szőrzet a sztyeppen való rejtőzködés miatt. Hozzá kellett szokniuk a szárazsághoz és a silány legelőkhöz, valamint az óriási nyílt terepekhez, ahol a ragadozók már messziről kiszúrhatják őket.

A nomád törzsek évszázadokon át lovagolták ezeket a lovakat. Amikor az új vallás, az iszlám terjedni kezdett az arab világban, akkor bontogatta szárnyait az arab

lótenyésztés. A csatákban zsákmányolt akhal teke lovak képezték az arab ló alapját. Amikor Nagy Sándor Kr. e. 4. században elérte az akkori ismert világ határát, mely hozzávetőlegesen ma a Türkmenisztán-beli Mary területe, olyan törzsekkel találkozott, akik már ismerték a nyeret és a lovas taktikát. Ezek a népek olyan lovakat tenyésztettek, melyek az összes sztyeppi nép számára kívánatosak lettek. Drága és fejedelmi ajándékként szolgáltak a népek között. Tüzes vérmérsékletű, igazi egygazdás lovak, melyek mindvégig hűségesek a gazdájukhoz (Edwards 1994).

Megjelenésük minden ízében arisztokratikus. Fejük kicsi, egyenes. Mellkasuk keskeny, lapos. Hátuk hosszú, faruk keskeny, csapott, de izmos. Ágyékuk hosszú és hangsúlyos. Szikár lábaik erősek, hosszúak, patáik kemények. Marmagasságuk 150-164 cm, marjuk hosszú, jól izmolt. Szőrük finom, vékony szálú, gyakran aranylóan csillogó. Bőrük egészen vékony, ezért korabeli krónikákban „vért verejtékező lovaként” említik, mivel erős izommunka következtében hajszalereik átlátszanak a vékony bőrrétegen.

Az akhal teke ma is rendkívüli értéket képviselő, tiszta fajta, mely mentes az arab vértől (Draper 1996).



2. ábra. Az akhal teke ló (www.AkhalTeke.net).

A hucult (3. ábra) az erdős Kárpátok áthatolhatatlan hegyi rengetegében élő hucul nép alakította ki. A legkorábbi hiteles említése a fajtának 1792-ből származik, amikor a mai Románia területén, Radauzon volt található a fajta ménese. Innen a bukovinai Lucinára kerültek át a lovak. Az első világháború alatt az állomány óriási veszteségeket szenvedett (Mihók 2004).

Ma az Osztrák–Magyar Monarchia utódállamaiban, illetve Lengyelországban tenyésztik a fajtát, de genetikailag legértékesebb állományai ma is a Kárpátokban találhatóak. Magyarország hucul állománya igencsak megtépázódott a háborúk következtében. Az 50-es években Anghy Csaba, a Fővárosi Állatkert igazgatója a még fellelhető egyedeket összegyűjtötte. Ma az Aggteleki Karszton tenyésztik, 2005-ben már 140 kanca élt itt. 2004-ben génmegőrzési támogatásban részesíthető állatfajta közé soroltatott. Legnagyobb létszámú kancacsaládjai az Árvácska, és az Aspiráns, de további lucinai, szlovák és lengyel kancacsaládok is bekerültek a tenyésztésbe.

A palacknyak-hatást a fajta fennállása óta kétszer szenvedte el (Mihók 2004). Vagyis ezt a fajtát legalább kétszer érte olyan, genetikai varianciáját nagy mértékben csökkentő hatás, mely után a létszám növekedése egy beszűkült genetikai változatosságú populációból zajlott le.

A hucul ló teljesen egyedülálló megjelenésű (3. ábra). Jellemzőek rá a tipikus, primitív fajtajellegek, mint az alacsony termet, nehéz, csontos fej, széles, húsos pofa, és rendkívüli ellenállóképesség. Gyakran előfordul az egérfakó szín, a szíjalt hát, valamint a zebroid csíkoltság a lábakon. Megjelenését a teljesség igénye nélkül abban foglalhatjuk össze, hogy feje nagy, csontozata durva. Szeme nagy és mélyen fekvő. Hosszú, vastag, izmos nyak jellemzi, üstöke és sörénye dús. Széles, lapos mara izmos. Háta széles és hosszú. Fara rövid, széles. Bordái és álbordái dongásak. Lábai rövidek és erősek. Ízületei jól fejlettek. Lábállása széles. A paták kicsinyek, és patkolás nélkül is igen ellenállóak. A kancák marmagassága 131-142 cm között van, a ménék 133-145 cm- es marmagassággal rendelkeznek. Színében az egérfakó az eredeti, de ebből már kevés található. Mindig együtt jár vele a fekete hátszíz illetve a fark és sörényszín, valamint nem ritka a zebroid csíkozás a lábakon, amely atavisztikus jelleg (Mihók 2004).

A hucul kisló állományt, és a lovak törzskönyvi adatait a Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete a hucul kisló méneskönyvben tartja nyilván. A méneskönyvben kerül nyilvántartásba az a hucul kisló, amelyiknek valamennyi őse kizárólag a hucul fajtaéhoz tartozik, és nemzetközileg elismert hucul törzskönyvre vezethető vissza.



3. ábra. A hucul kisló (www.katki.hu).

1.5. Genetikai módszertan a régészettudomány eszköztárában

A régészet, lévén, hogy a feltárások során felszínre bukkant leletek igen sokszínűek, mindig is felhasználta más tudományok eszközeit és eredményeit. A biológiai maradványok vizsgálata során kézenfekvő, hogy a régészek segítségül hívják az élettudományokat. Egy-egy előkerült csontmaradvány témérdek információval szolgál a taxonómiai besorolásától a rajta megfigyelhető patológiai elváltozásokig. Ezek a maradványok ugyanis szintúgy korra jellemző adatokkal szolgálhatnak, mint például a használati eszközök.

A biológiai maradványok továbbá tartalmaznak egy nagyon informatív molekulát, a DNS-t. Számos tulajdonság genetikai markerének vizsgálatára lehetőséget nyújt, hacsak néhány nanogramnyi értékelhető minőségű DNS-t sikerül a leletből kivonni. Elhalt élőlények DNS vizsgálatával új dimenziót nyer a populációgenetika, hiszen az egyes alléloknak nem csak a térbeli, hanem az időbeli eloszlását is tanulmányozhatjuk, ez magában rejti a lehetőségét, hogy széles időhatárok között vizsgálhassunk egy genetikai markert. Fény derülhet rá, hogy a történelem során milyen népmozgások zajlottak, amelyek végül kialakították a jelenlegi populációs mintázatot. A népcsoport mindennapjairól is sokat megtudhatunk, ha bevetjük az archaeogenetika eszközeit a legkülönbözőbb biológiai maradványok tanulmányozásába, például az edényekben maradt étel- vagy gabonamaradványok, konyhai hulladékok, áldozati maradványok.

1984-ben Higuchi és csoportja DNS-t nyert ki egy 150 éves múzeumi quagga példányból, és meg is szekvenálta azt (Higuchi 1984). Ez a faj, amelynek utolsó példánya 1883-ban múlt ki, az *Equus* nemzetségbe tartozott. A kapott archaikus szekvencia megmutatta helyét a lovak evolúciós törzsfáján. Ez az első archaeogenetikai kísérlet új távlatokat nyitott a régészet számára. A következő években Svante Pääbo és csoportja sikeresen kimutatta, majd bakteriális plazmidba klónoztta egy egyiptomi emberi múmia DNS-ének egy meghatározott szakaszát. Pääbo kísérletei bizonyították, hogy az archaikus DNS több ezer éves mintákból is kinyerhető (Pääbo 1985; Pääbo 1986). Az archaeogenetikai kutatások azonban akkor váltak igazán eredményessé, mikor lehetővé vált a kinyert DNS szakaszok felsokszorozása a polimeráz láncreakció (PCR) révén (Mullis 1987). Az első, ezzel a módszerrel vizsgált archaikus DNS szekvenciák kihalt fajokból származtak, mint például erszéyes farkasból (Thomas 1989), moából (Cooper 1992), vagy mamutból (Hagelberg 1994; Höss 1994; Krause 2006).

A sikerek mellett azonban az is előfordult, hogy az ősi mintába került külső DNS szennyeződést a kutatók archaikus DNS-ként azonosították (Woodward 1994). Az ilyen hibás eredmények tették szükségessé, hogy egy egységes kritériumrendszert vezessenek be minden archaeogenetikai kutatást végző kutató számára. A kapott eredmények csak akkor tekinthetők hitelesnek, ha a munkakörülmények ezeknek eleget tesznek. (Cooper 2000; Hofreiter 2001; Pääbo 2004). A szigorú óvintézkedések különösen nagy jelentőségre tesznek szert humán minták esetén, mert az ember evolúciós felmenőinek régészeti genetikai vizsgálata során nagyon nehéz az esetleges szennyező DNS jelenlétét kimutatni, hiszen a vizsgált marker tekintetében az akár egyezhet is a kutató személy DNS-ével.

A szennyeződés veszélyén felül, a régészeti genetikai kutatások másik fontos kerékkötője, hogy a DNS a degradálódott biológiai mintákban töredezett. Ennek áthidalása végett a vizsgálni kívánt DNS szakaszt legfeljebb 250-300 bázispár hosszúságú darabok felsokszorozásával lehet összeolvasni. Az archaikus DNS tehát egészen más bánásmódot igényel, mint a jelenkori mintákból származó DNS.

Milyen tényezők szabják meg, hogy egy leletben mennyi, és milyen minőségű DNS marad fenn? Archaikus DNS gerinces állatok esetén a csöves csontokban és a fogban konzerválódik legjobban. A régészeti leletek DNS tartalma csontszövet esetén az osteocytákból, a fogaknál pedig a fogból származik. A konzervált DNS mennyisége és minősége nem elsősorban a lelet korától, mint inkább a mikrokörnyezetének talaj- és éghajlati viszonyaitól függ (Hoss 1994). Tehát a felhasználhatóság mértéke nagyban függ a környezet hőmérsékletétől, víztartalmától, illetve ezek kölcsönhatásától is. Általában nagyon csekély mennyiségű DNS marad fenn, mely igen töredezett, és bázisainak oxidatív és hidrolitikus károsodása következtében kisebb-nagyobb mértékben degradált (Tuross 1994). Jelenlegi becslések szerint optimális körülmények között, ami állandóan fagyott környezetet jelent, a DNS kinyerhetőségének legfelső határa 1 millió év (Willerslev 2005).

Az ásatag DNS felsokszorozását tovább nehezítik azok a vegyületek, melyek a talajból kerülnek a mintába, illetve a biológiai degradáció során halmozódnak fel benne (Kalmár 2000). Ezek ugyanis a Taq polimeráz enzim gátlásán keresztül akadályozzák a polimeráz láncreakciót. A talajból elsősorban huminanyagok, tannin, illetve idegen eredetű DNS juthat a leletbe. A fulvosav, a humuszsavak és a humin olyan komplex aromás vegyületek, melyek aminosavakat, amino-cukrokat, peptideket, alifás összetevőket és különböző funkciós csoportokat tartalmaznak az aromás gyűrűkhöz kötve (Stevenson 1982). Az enzim reakciók gátlásáért ezek a reaktív funkcionális csoportok felelősek (Tuross 1994). Az idegen eredetű DNS azáltal, hogy kompetitora az endogén DNS-nek, hibás negatív eredményt adhat (Tuross 1994). Maga a DNS kémiai degradálódása során létrejövő redukáló cukrok az ún. Maillard termékek. Ezek szintén enzimatis inbibitorai a polimeráz láncreakciónak (Pääbo 1989).

I.6. Genetikai rokonság vizsgálata mitokondriális DNS szekvencia analízissel

Az ember fejlődéstörténetének kutatásában a molekuláris biológiai eszközök az utóbbi néhány évtizedben jelentős eredményeket hoztak. Rebecca Cann, a Nature-nek írott levelében 1987-ben arról számolt be, hogy mtDNS vizsgálatai hozzájárulnak az emberiség történetének megismeréséhez (Cann 1987). Az 5 különböző kontinensről származó, 147 személy mtDNS-ét magában foglaló kísérlet eredményeként elsőként állapította meg, hogy a ma élő emberek anyai ágon egyetlen ősről vezethetők vissza, aki 140-290 ezer évvel ezelőtt élt az afrikai kontinensen.

Az állati sejtekben DNS a sejtmagban és a nagyszámú mitokondriumban található. A mtDNS azért alkalmas archaikus biológiai minták elemzésére, mert a sejtekben lévő nagyobb kópiaszám miatt nagyobb eséllyel található belőle nem degradálódott, genetikai markerek elemzésére alkalmas maradvány.

A mitokondrium az eukarióta sejtekben átlagosan néhány száz azonos példányban jelenlévő sejtorganellum, mely a sejtlegzésben és az energiatermelésben játszik szerepet. Örökítőanyaga kettős szálú cirkuláris DNS molekula. A ma élő soksejtűek mitokondriális genomjának mérete (és a kódolt gének száma) erősen különböző, legkisebb az emlősöké (Venetianer 1998). A gének rendkívül kompaktak, bennük csak nagyon rövid intronokat találunk. A mitokondriális genom több mint 90%-a kódoló szekvencia.

A mtDNS függetlenül replikálódik a genomiális DNS-től. A kettős szálú DNS molekula két szálának purin-pirimidin bázis aránya oly mértékben különbözik egymástól, hogy cézium-klorid egyensúlyi sűrűséggradiens centrifugálással szétválasztható. Így a nehéz láncot egyezményesen H-láncnak (heavy-nehéz), míg a könnyű láncot L-láncnak (light-könnyű) nevezzük. Minden gerinces mtDNS-e tartalmaz egy olyan szakaszt, amely nem íródik át RNS-re. Ezen a szakaszon, melyet D-loop (displacement loop) régióknak hívnak, található a transzkripció iniciációjához szükséges promóterek, és a H-lánc replikációs origója.

Emlősökben a RNS átírás iniciációja két szomszédos promóterben - az LSP (light-strand promoter), illetve a HSP (heavy-strand promoter) - következhet be attól függően, hogy melyik lánc szolgál templátként. A H lánc replikációja során a naszcens DNS stabilan hibridizál a cirkuláris templáthoz átmeneti, háromszálú struktúrát hozva létre (Gensler 2001). Az egyszálúvá vált régi H lánc ki van téve a nagy mennyiségben jelenlévő endogén reaktív oxigén-gyökök - elsősorban pontmutációt okozó - hatásának.

Mivel a mitokondriumban nincsenek jelen hiszton fehérjék, a DNS védelmét ezen fehérjék nem biztosíthatják (Shadel 1997). A DNS hibajavító rendszere sem működik tökéletesen, mivel nincs excíziós reparációs rendszer, mely a pontmutációkat kijavítaná. Mindezek következtében a mitokondriális genom mutációs rátája körülbelül egy nagyságrenddel nagyobb, mint a kromoszómális DNS-é, és a D-loop régióban nagyfokú polimorfizmus figyelhető meg. Ez a szakasz a hipervariábilis, vagy röviden HVR régió.

A mitokondriumok öröklésmenetében a magi örökléstől eltérő törvényszerűségek érvényesülnek. A petesejtben több százezer mitokondrium van, a spermiumban azonban csak alig néhány száz. A megtermékenyítés során a spermiumnak csak a feje hatol be a petesejtbe - amely gyakorlatilag mitokondrium-mentes - így az esetlegesen a petesejtbe jutó apai eredetű mitokondriumok csak a spermium véletlenszerűen bejutó nyaki részével juthatnak be. A megtermékenyítés után a zigótában egy ubiquitin-függő mechanizmus a spermiumból származó mitokondriumokat elpusztítja, így egyedül az anyától, a petesejtből származó mitokondriumok maradnak fenn (Sutovsky 2000). Rekombináció csak igen ritkán játszódik le. Egy szervezetben tehát a mtDNS-ek több, mint 99,9%-a egyforma (homoplazmia). Ha a mtDNS replikációja során mutáció lép fel, és ez elterjed a mitokondriális populációban, már nem lesz homogén a DNS állomány (heteroplazmia). Az oogenezis során a mitokondriumok sejtenkénti száma százszorosára növekszik, a mtDNS molekulák száma a mitokondriumban azonban drasztikusan, 1-2 kópiára csökken. Ebből feltehetően a blasztociszta stádiumban épül fel újra a mitokondriális DNS populáció (Howell 1992; Hammans 1993). Így a D-loop régióban bekövetkező mutációk gyorsan rögzülhetnek a populációban.

Egy adott egyed mtDNS szekvenciája, a benne lévő mutációkkal meghatározza az egyed haplotípusát. Adott mutációs helyeken azonos polimorfizmust mutató szekvenciák egyazon monofiletikus egységbe, haplocsoportba tartoznak (Torroni 1996). A haplocsoportok létrejöttük után migráció útján terjednek el. A populáció egy egyedében megjelent mutáció rögzülhet a populációban. Ha ezután a populációból kiválnak egyedek, melyek új, az előzőtől független szaporodásközösséget alkotnak, akkor a korábbi együttélés alatt kialakult mutációk közösek a genomban, míg a szétválás után és a vándorlás során kialakult mutációk már csak az adott populációra lesznek jellemzőek. Azok a mutációk tehát, amelyek egy adott haplocsoportot jellemeznek, hosszú idővel ezelőtt, az adott populáció filogenezise során alakultak ki, és többségükben jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak.

I.7. A háziló (*Equus caballus L.*) származástani vizsgálatának eddigi eredményei

Bár a különböző történeti rétegekből előkerült, nagyszámú ősmaradvány a lovakat az evolúciós folyamatok tanulmányozására alkalmas objektummá teszi, az utóbbi 3 millió év még tartalmaz homályos pontokat. A ló evolúciója mintegy hatvanmillió évet vett igénybe, és két kontinensen zajlott, hol párhuzamosan, hol egymástól függetlenül. A ma élő házilókat is magában foglaló *Equus* nemzetség kialakulása 4 millió éve vette kezdetét az amerikai kontinensen, majd kb 2,5 millió éve az eurázsiai kontinensen folytatódott. Míg a lófélék amerikai fajai kihaltak kb 11 ezer évvel ezelőtt, az eurázsiai ágból kifejlődött három ma élő alcsalád, a valódi lovak, szamarak és zebrák. A három alcsaládnak összesen hét faja élt tovább: az afrikai vadszamár (*Equus africanus*), a vadló (*Equus caballus ferus*), a Grévy zebra (*Equus grevyi*), az onager (*Equus hemionus*), a kiang (*Equus kiang*), a Burchell zebra (*Equus burchelli*), és a hegyi zebra (*Equus zebra*). Az eurázsiai sztyeppvidék vadló állománya gazdag volt a pleisztocén korszakban, majd a mezolitikum és a neolitikum idején is (Burke 2003).

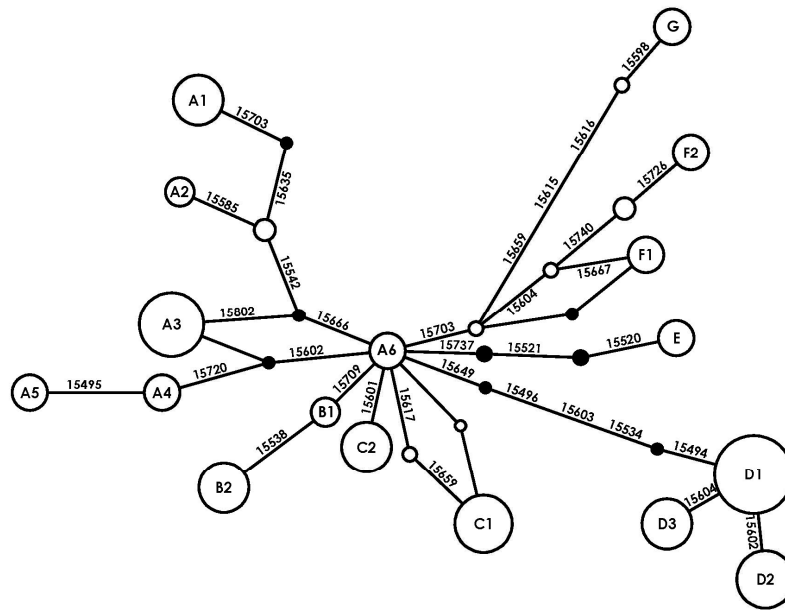
A házasításra tett első kísérletek idejét Marsha Levine Kr. e. 4500 és 3000 közé teszi (Levine 2005). Ebből az időből a mai Ukrajna területén található Dereivka lelőhelyen közvetett bizonyítékokat találtak az ott feltárt lómaradványok házasított voltára nézve, miszerint a fogakon zabla koptatta nyomok azonosíthatók (Telegin 1986). A Kazahsztán területén feltárt Botai település feltárásakor, mely Kr. e 3500-ból származik, szintén számos lómaradvány került napvilágra, Levine azonban a lovak csigolyáinak vizsgálatából azt a következtetést vonta le, hogy vadlovak maradványai lehetnek. A kérdést a lelőhelyen azonosított kancatej maradványok döntötték el, amelyek csak fejhető, azaz házasított példányokból származhatnak (Outram. 2009). A lovak szőrszínét meghatározó hét polimorfizmusnak késő pleisztocén, valamint korai holocén korból származó vadlómaradványain zajlott vizsgálata azt sugallja, hogy a házasítás az eurázsiai sztyeppzónában, körülbelül 5 ezer évvel ezelőtt zajlott le (Ludwig 2009). Kr. e. 2000 körül az Ural sztyeppen található Sintashta-Petrovka kultúra leletanyagában temetkezési mellékletként lóvontatta szekér maradványai azonosíthatók (Anthony 1995). Ha szem előtt tartjuk a tényt, miszerint vadlovak egészen az 1800-as évekig éltek az eurázsiai sztyeppen, akkor elrugaszkodhatunk a házasításnak egy meghatározott helyhez és időhöz társításától, hiszen akár több kísérlet is történhetett a házasításra.

Jansen és munkatársai 652, részben régészeti lómaradvány, részben jelenkori ló mtDNS szekvenciáit felhasználva filogenetikai hálózatot szerkesztettek. Kiszámolták, hogy minimálisan hány vadló kanca vehetett részt a ma élő háziló kialakításában. A vizsgált jelen kori DNS adatok 81 különböző haplotípust tartalmaznak, ebből kivonták azokat a haplotípusokat, amelyek, a legkisebb mutációs rátával számolva, a házasítás legkorábbi feltételezett időpontjától napjainkig kialakulhattak. Ehhez előzőleg megbecsülték a mutációs rátát. Eszerint egy mutáció rögzüléséhez 100-350 ezer év szükséges. Eredményeik alapján 10'000 évvel ezelőtt már legalább 77 mtDNS haplotípusnak léteznie kellett, a házasítás pedig csak jóval később vette kezdetét (Jansen 2002).

Az egyedi haplotípusokat 17 haplocsoportba sorolták (4. ábra). Ez jóval több, mint ahány alapító haplotípus megfigyelhető például a szarvasmarha házasítás esetében (Troy 2001). A mutációs rátából következtettek az egyes haplocsoportok korára is, így kiderült, hogy bizonyos csoportok már a házasítás előtt, mások csak utána terjedtek el. Az A2 haplocsoport az egyetlen, amely fajtaspecifikus, csak a Przewalski lovakra jellemző.

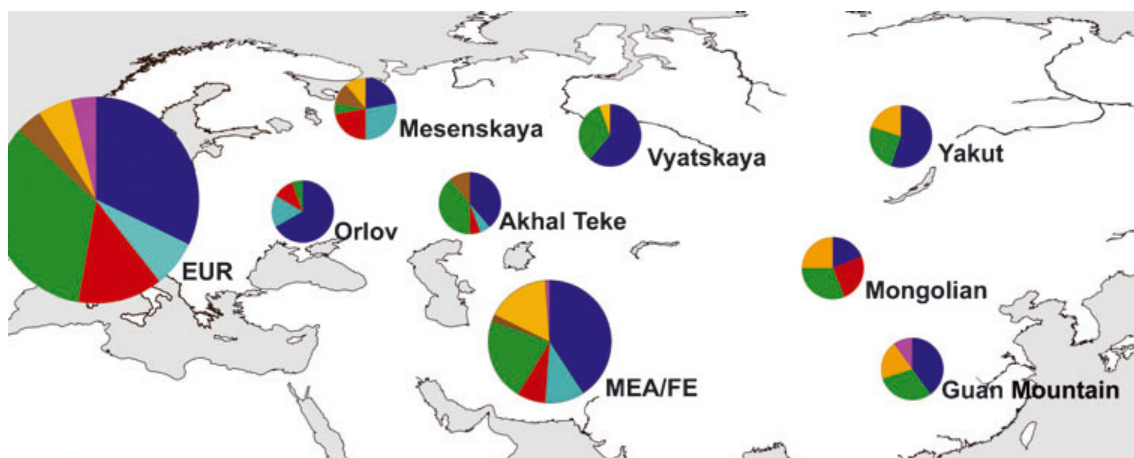
Vannak olyan mtDNS klaszterek, melyek földrajzi specifikitást mutatnak. A D1 haplocsoport az Ibériai-félszigeten mutat gyakorisági maximumot. Az észak-afrikai barb, vagy az amerikai mustang, amelyek feltételezhetően az Ibériai-félszigetről származnak, szintén döntően ezt a haplocsoportot mutatják (Jansen 2002). Ezzel szemben a terület neolitikus és bronz kori vadlovaiban nem sikerült idáig kimutatni a jelenlétét, így feltételezhetően a középkorban terjedt el ez a haplocsoport a félszigeten (Lira 2010; Seco-Morais 2007). A haplocsoportok nagyrésze azonban nem köthető sem földrajzi régióhoz, sem fajtához. A ma élő fajtákban a mtDNS D-loop régiójában nagyfokú varianciát figyelhetünk meg (Lister 1998; Vila` 2001; Jansen 2002; Keyser-Tracqui 2005).

Az anyai vonalon megfigyelhető jelentős genetikai diverzitás az apai vonalon egyáltalán nem tapasztalható (Lindgren 2004), mely a házilovak poligámiájával magyarázható. Emellett azt is sugallja, hogy a házasításban javarészt kancák vettek részt. A mtDNS-ben megfigyelhető nagyfokú variabilitást az is növelte, hogy a házasított egyedek szaporodásközösségéhez esetenként a helyi vadlovak is csatlakoztak (Lira 2010).



4. ábra. A házilovokban meghatározott mitokondriális haplocsoportok filogenetikai hálózata (Jansen 2002). A vonalak mentén a mtDNS-ben bekövetkezett mutációk nukleotidpozíciói olvashatók.

Mivel a korábbi tanulmányban a közel-keleti és az ázsiai fajták kis létszámban voltak képviselve, McGahern számos közel- és távol-keleti lószekvenciát dolgozott fel (McGahern 2006). Ezek segítségével megpróbálta az egyes haplocsoportok földrajzi eredetét meghatározni. Eredményei alapján az F haplocsoport jelentős arányban tartalmazott ázsiai haplotípusokat. Ezzel szemben a D haplocsoport jelentősen alacsonyabb számban fordult elő az ázsiai fajták között, mint az európai fajtákban (5. ábra).



5. ábra. Az európai, valamint a közel- és távol-keleti fajtákban megfigyelhető haplocsoport-gyakoriságok (McGahern 2006). A színek jelentése a következő: sötétkék: A haplocsoport; világoskék: B haplocsoport; piros: C haplocsoport; zöld: D haplocsoport; barna: E haplocsoport; narancssárga: E haplocsoport; rózsaszín: F haplocsoport. EUR: európai fajták; MEA/FE: közel- és távol-keleti fajták.

Több lófajta genetikai rokonsági viszonyait feltérképező mtDNS alapú közlemény olvasható a szakirodalomban. Azonban az adatbázis kis számú archaikus lószekvenciát tartalmaz.

A múlt század első felében orosz régészek Sergei Rudenko vezetésével felszínre hoztak egy rendkívül jelentős leletet az Altáj hegységben, Dél-Szibériában, mely a szkító-szibériai Pazyryk kultúrához tartozik (Rudenko 1953). A Kr. e. 6. században, emberkéz által létrehozott kurgán egy magas rangú sírt rejtett. A fennsík állandóan fagyott talaja tökéletesen mumifikálta a sírba helyezett idős nő, és hat áldozati lovának, valamint egy fiatal férfi és hét lovának testét. A lovak gyönyörűen felszerszámozva, díszes temetkezési maszkban várták, hogy átvigyék gazdájukat a túlvilágra. A lovak két típusba tartoznak. Az egyik az alacsony, przewalski típusú ló, a másik típus az akhal tekével hozható rokonságba (Rudenko 1953). Mindegyik ló szerszámain egyedi díszítómintázat figyelhető meg, melyek az akhamenid-perzsa, szkíta, mongol és a kínai kultúrához tartoznak (Francfort 2000). A régészek feltételezése szerint a sírba helyezett lovak mindegyikét a szövetséges törzsek ajándékozták az elhunytak, és a rájuk jellemző díszítéssel látták el őket (Francfort 2000). Eszerint a lovak különböző eredetűek lehetnek, és a közös díszítőmotívumokkal ellátott lovak azonos származásúak. Ennek igazolására mtDNS vizsgálatnak vetették alá a belőlük származó mintákat. A vizsgálat során meghatározták a kontroll régió származástaniilag jelentős pozícióit tartalmazó DNS szakaszt. Az eredmények azonban nem igazolták, hogy a közös stílushoz tartozó lovak azonos eredetűek lennének (Keyser-Tracqui 2005).

II. Célkitűzések

A Kárpát-medence bőséges régészeti állattani csontanyaga lehetőséget nyújt az állattartás, és azon keresztül az itt letelepedett népek genetikai vizsgálatára. Vizsgálataink célja, hogy a hazai archaeozoológiai kutatásokba is bevezessük a genetikai módszertant.

- Idősebb minták, valamint további állatfajok hasonló korú leleteit vizsgálva igyekszünk felmérni, hogy a használt módszer alkalmas-e az alábbi pontokban megfogalmazott céljaink kivitelezésére.
- A Kárpát-medence avar és honfoglalás kori (6.-10. századi) lóállományának genetikai diverzitását kívánjuk tanulmányozni.
- Az avar és a honfoglalás kori lovak egymáshoz való viszonyából, valamint más, ma élő lófajtákkal való kapcsolatukból pedig az avarok és a honfoglaló magyarok históriájának megértését szeretnénk segíteni.
- A génmegőrzési támogatásban részesített, veszélyeztetett hucul kisló genetikai diverzitását kívánjuk feltérképezni.

III. Anyagok és módszerek

III.1. Mintavétel

III.1.1. Jelenkori minták

Az archeogenetikai vizsgálatok beállításához vérből izolált DNS-t használtunk. A vérminták a Mezőhegyesi Állami Ménesbirtok Rt nóniusz lovaiból származnak. A hucul lovak elemzéséhez Dr. Mihók Sándor, a Huzul International Federation alelnöke biztosította számunkra a szőrmintákat. Az akhal teke szőrmintákat egy Türkmenisztán területén összegyűjtött vizsgálati anyagból kaptuk, valamint egy magyarországi akhal teke tenyésztő segédletével türkmén, orosz és dagesztáni mintákhoz jutottunk (2. táblázat). Továbbá az NCBI adatbázisból összegyűjtöttünk 921 ma élő és archaikus ló mintából származó DNS szekvenciát. Az adatok 76 különböző, európai, ázsiai, afrikai és amerikai fajtához tartozó lófajtából származnak (3. táblázat).

III.1.2. Ásatag minták

Az ásatag DNS vizsgálata az esetek többségében örlőfögből történt. A honfoglalás kori és szkíta lovak, valamint a késő neolitikus őstulok vizsgálatához a minták a Magyar Nemzeti Múzeumból, Vörös István gyűjteményéből származnak. Az avar kori minták és a honfoglalás kori szarvasmarha és juhcsontok Mende Balázs Gusztáv, a Régészeti Intézet munkatársa, valamint Kürti Béla és Lőrincz Attila, a szegedi Móra Ferenc Múzeum munkatársai jóvoltából kerültek hozzánk. Az őstulok a Polgár-Csőszhalom késő neolitikus (Kr. e. 4500-4800) település feltárásából származik. A szkíta anyagi kultúrához tartozó lovak a Szentés-Vekerzug temetkezési helyről (Kr. e. 6. század) származnak. A honfoglalás kori szarvasmarha csontok közül az egyik a karosi, a másik az algyői temetőből került elő. A honfoglalás kori juh csontja szintén az algyői temető leletegyüttesének része.



6. ábra. Az avar és a honfoglalás kori lovakból származó minták lelőhelyei.

A honfoglalás kori lovak esetén a minták nagyobbik része (14-ből 10 minta) a Felső-Tisza-vidék három temetőjéből származik, mely területek a honfoglalás első éveiben a fejedelmi központként szolgáltak (Révész 1999). A fennmaradó négy minta két dél-alföldi és két Duna-menti lelőhelyről származik. Az avar kori lovak is több lelőhelyről gyűltek össze. A kora avar kori leletek a szekszárdi temető leletanyagából származnak. Az avar lovaknak több, mint fele a már a bevezetőben említett vörs-papkerti temetőből került elő. Egy minta a pitvarosi temetőből, és nyolc minta a szekszárdi temetőből származik. A vizsgált minták származási helye a 2. táblázatban olvasható részletesen, valamint a 6. ábra mutatja térképen feltüntetve.

Kód	Hiv.szám	Kor (század)	Lelőhely
AV01	FJ624150	késő avar (8.)	Vörs-Papkert B. g.314.
AV02	FJ624151	késő avar (8.)	Vörs-Papkert B. g.371.
AV03	FJ624152	késő avar (8.)	Vörs-Papkert B. g.397.
AV04	FJ624153	késő avar (8.)	Vörs-Papkert B. g.417.
AV05	FJ624154	késő avar (8.)	Vörs-Papkert B. g.455.
AV06	FJ624155	késő avar (7. vége)	Szekszárd Tószegi Dűlő 611/A. obj.
AV07	FJ624156	késő avar (8.)	Pitvaros g. 51.
AV08	FJ624157	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 533. obj.
AV09	EU559577	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 358. obj.
AV10	EU559578	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 339. obj.
AV11	EU559580	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 195. obj.
AV12	EU559581	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 45. obj.
AV13	EU559582	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 1366. obj.
AV14	GQ119628	késő avar (8.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 1479. obj.
AV15	GQ119629	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 188. obj.
AV16	GQ119630	késő avar (8.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 813. obj.
AV17	GQ119631	korai avar (6-7.)	Szekszárd Tószegi Dűlő 336. obj.
AH01	EU093035	honfoglalás kori 9.	Karos II. g.50.
AH02	EU093036	honfoglalás kori 9.	Karos II. g.51.
AH03	EU093030	honfoglalás kori (9.)	Harta g. 23.
AH04	EU093031	honfoglalás kori (9.)	Eperjes-Takácstábla g.5.
AH05	EU093032	honfoglalás kori (9.)	Balatonujlak Erdő-duló M7/S-37 g.8.
AH06	EU093037	honfoglalás kori (9.)	Karos II. g.4(9.)
AH07	EU093038	honfoglalás kori (9.)	Karos II. g.40.
AH08	EU093033	honfoglalás kori (9.)	Szentes Borbásföld g.15.
AH10	EU093039	honfoglalás kori (9.)	Karos II. g.02.
AH11	EU093040	honfoglalás kori (9.)	Karos II. g.05.
AH12	EU093041	honfoglalás kori (9.)	Karos II. g.15.
AH13	EU093042	honfoglalás kori (9.)	Karos II. g.45.
AH14	EU093043	honfoglalás kori (9.)	Ludas-Varjú dűlő EF18 g.13.
AH15	EU093044	honfoglalás kori (9.)	Tiszaeszlár-Bashalom II. temető
HU01-HU71	EU093064-73	jelenkori	Dr. Mihók Sándor gyűjtéséből
AT21-AT39	EU093045-63	jelenkori	Akhal Oázis Türkmenisztán (Szontagh András gyűjtéséből)
AT40	GQ119632	jelenkori	Dagesztán (Nyéki József tenyésztőtől)
AT41	GQ119633	jelenkori	Oroszország (Nyéki József tenyésztőtől)
AT42	GQ119634	jelenkori	Oroszország (Nyéki József tenyésztőtől)
AT43	GQ119635	jelenkori	Türkmenisztán (Nyéki József tenyésztőtől)
AT44	GQ119636	jelenkori	Oroszország (Nyéki József tenyésztőtől)

2. táblázat. A vizsgálsorozatban szereplő minták hivatkozási száma, kora és származási helye (g: temető; obj: objektum).

Sorszám	Fajta	Mintaszám	Referencia/hivatkozási szám
1	avar	17	FJ624150-FJ624157, EU559577, EU559578, EU559580-EU559582
2	honfoglalás kori	14	EU093030 -EU093044
3	akhal teke	24	EU093045 -EU093063
4	hucul	70	EU093064 - EU093073
5	kazahsztáni akhal teke	24	DQ327950 - DQ327967; AY246174 - AY246179
6	arab	57	Jansen 2002; Mirol 2002;AY246180 - AY246185, Bowling 1999
7	argentín arab	9	Mirol 2002
8	argentín kreol	4	Mirol 2002
9	argentín kreol- perui paso	2	Mirol 2002
10	arab barb	6	Jansen 2002
11	archaikus Kr. e. 27630	1	McGahern 2005
12	archaikus Kr. e. 1680	1	McGahern 2005
13	archaikus Kr. e. 1314	1	McGahern 2005
14	archaikus kínai	9	DQ900930-DQ900922
15	archaikus jeju	1	AY049720
16	andalúz	19	Royo ; 2004; Jansen 2002, Mirol 2002
17	asturcon	13	Mirol 2002
18	barb	11	Jansen 2002
19	belga	9	AY246186 - AY246194
20	caballo de corro	14	Royo 2004
21	carthusian	10	Royo 2004
22	kaszpi	11	Jansen 2002; AY246195 - AY246200
23	cheyu	27	Kim 1999;AY246201 - AY246208; Yang 2001
24	cleveland Bay	5	AY246209 - AY246213
25	clydesale	5	AY246214 - AY246218
26	connemara	10	Hill 2002
27	cukorova	12	Hill 2002
28	dülmener	9	Jansen 2002
29	egyiptomi	5	Hill 2002
30	exmoor	18	AY246219 - AY246222;Jansen 2002
31	fulani	6	Hill 2002
32	fríz	7	Jansen 2002; AY246225 AY246230
33	garrano	15	AY519914 - AY519923; AY246231 - AY246235
34	giara	5	Cozzi 2003
35	guan hegyi	8	McGahern 2005
36	guanzhong	2	AY136786 - AY136786
79	haflinger	10	Cozzi 2003
37	hispan bBreton	35	EU256571-EU256605
39	holsteiner	9	Jansen 2002
40	izlandi póni	7	Jansen 2002
41	olasz ügető	3	Cozzi 2003
42	kerry bog póni	39	McGahern 2005
43	konik	5	Jansen 2002

44	jeju	2	Oh 2001
45	losino	12	Mirol 2002; Royo 2004
46	lipicai	4	Cozzi 2003
47	lusitano	36	AY246242 - AY246247; Jansen 2002; Lopes 2004
48	mallorquina	2	Mirol 2002
49	marremano	5	Cozzi 2003
50	marismeno	11	Royo 2004
51	mellorquina	2	Mirol 2002
52	merens	12	Royo 2004
53	mesenskay	17	McGahern 2005
54	mongol háziló	27	Kim 1999; McGahren 2005, Kakoi 2007
55	kiger-mustang	48	Jansen 2002
56	norvég fjord	11	Jansen 2002
57	noriker	9	Jansen 2002, AY246248 - AY246252
58	orlov	17	McGahern 2005
59	oldenburger	1	Jansen 2002
60	perui paso	3	Mirol 2002
61	pottoka	15	Mirol 2002; Royo 2004
62	przewalski	4	Jansen 2002
63	pura raza espanola	37	Lopes 2004, Perez-Gutierrez 2008
64	rhineland heavy draft	23	Jansen 2002
65	rottaler	6	Jansen 2002
66	sarcidano	3	Cozzi 2003
67	senner	19	Jansen 2002
68	skót felföldi	8	Jansen 2002
69	szkíta kazahsztáni	7	Keyser-Tracqui 2005
70	shetland póni	22	Jansen 2002; AF481291- AF481304; AY246253-AY246258
71	shire	7	Jansen 2002
72	sorraia	25	Jansen 2002; AY246259-AY246265
73	angol telivér	29	Hill 2002; AY246266- AY246271; Cozzi 2003
74	trakehner	4	Jansen 2002
75	tuva	11	Hill 2002
76	vyatskaya	14	McGahern 2005
77	archaikus jakut	2	Keyser-Tracqui 2005
78	jakut	19	McGahern 2005
79	yunnan	2	Kim 1999
80	welszi póni	1	Jansen 2002
	összesen	976	

3. táblázat. A populációgenetikai vizsgálathoz összehasonlításul használt fajták listája. Az adatbázisban szereplő, de még közleménybe nem foglalt szekvenciák esetén a hivatkozási számot adtuk meg.

III. 2. DNS tisztítása vérből (Walsh 1991)

1. 1,5 ml-es Eppendorf csőbe mérünk 1 ml steril deionizált desztillált vizet, majd hozzámérünk 3 μ l vért.
2. Vortexeljük, majd 15-30 percig szobahőmérsékleten inkubáljuk, miközben néha ismét összekeverjük.
3. Ezután 3 percig centrifugáljuk 13000 rpm-es fordulatszámon.
4. A felülúszót pipetta segítségével óvatosan eltávolítjuk, 20-30 μ l-t a csőben hagyva.
5. A csőbe belemérünk 200 μ l 5%-os Chelex-100 oldatot.
6. 15-30 percig inkubáljuk 56°C-os vízfürdőben.
7. Ezt követően néhány másodpercig nagy sebességgel vortexeljük.
8. 8 percig forrásban lévő vízben inkubáljuk.
9. 3 percig centrifugáljuk 13000 rpm-es sebességgel.
10. A felülúszót használhatjuk templátként a PCR reakcióhoz.
11. Ismételt használat előtt vortexeljük, majd centrifugáljuk 2-3 percig 13000 rpm-es sebességgel.

III. 3. DNS tisztítása szőrszálból (Walsh 1991)

1. A szőrhagymát tartalmazó 0,5 – 1,0 cm hosszú szakaszt levágjuk és megtisztítjuk steril deionizált vízzel.
2. 200 μ l 5%-os Chelex-100 oldatba helyezzük.
3. Egy éjszakán át inkubáljuk 56 °C-on.
4. Rövid ideig erősen vortexeljük.
5. 8 percig forrásban lévő vízben inkubáljuk.
6. 5 - 10 másodpercig vortexeljük.
7. 13000 rpm-es sebességgel 3 percig centrifugáljuk.
8. A felülúszót alkalmazhatjuk templátként a PCR reakcióhoz

III.4. Archaikus minták feldolgozásának körülményei

Az idegen DNS-sel való szennyeződés lehetőségének kizárása végett a munka minden fázisa steril körülmények között, steril, egyszer használatos gumikesztyű, szájmasc, köpeny és hajháló használatával zajlott, erre a célra elkülönített laboratóriumi helyiségekben. A munka egyes lépései a csontok előzetes darabolásától a szekvenálásig külön munkaterületen történtek.

Ezeket, valamint a munkaeszközöket a munka megkezdése előtt és azt követően hypoklórsavval fertőtlenítettük, a spatulákat etanollal leégettük és a minta porrá törésére használt mozsárral együtt 30 percen keresztül autoklávoztuk, valamint az előzőekkel együtt 30 percen keresztül 1.0 J/cm^2 UV-C fénnel sugarztuk be. A felhasznált oldatokat a proteináz K kivételével szintén az előzőekhez hasonlóan sugarztunk be. A pipettázáshoz szűrős, steril pipettahegyeket használtunk. A reakciókeverékek PCR boxban, illetve steril fülkében készültek. Az amplifikációs reakciókeverék elkülönített helyiségben, erre a célra elkülönített eszközökkel készült, melyek sosem érintkeztek DNS-sel. Annak érdekében, hogy az extrakció és az amplifikáció eredményességét és tisztaságát ellenőrizhessük, két párhuzamos kontrollt - az extrakciós kontrollt és az amplifikációs kontrollt - alkalmaztunk. Az extrakció során a kontrollal az összes lépést elvégeztük, de ez csontport nem tartalmazott, így az extrakció során esetlegesen bekövetkezett szennyeződés kizárására szolgált. Az amplifikációs kontroll a reakciókeveréken kívül a templát DNS helyett steril deionizált, desztillált, dietilpirokarbonáttal kezelt vizet tartalmazott, így az amplifikáció során felmerülő szennyeződés kizárására szolgált. A kapott eredményeket csakis akkor fogadtuk el, ha mindkét kontroll szennyeződésmentesnek bizonyult.

III.5. Archaikus csontból történő DNS kivonás körülményei (Kalmár 2000)

A csont metafiziséből körülbelül 1 cm²-es darabot vágunk ki. A minta felszínét UV-C fényel besugárzott csiszoló-koronggal 1-2 mm mélyen lecsiszoltuk, majd a megtisztított csontdarab minden felszínét 30 percen át besugároztuk. A fent említett előkészületeket követően a csontmintát a mozsárban porrá törtük.

1. Körülbelül 0,5 g csontport teszünk egy 2 ml-es Eppendorf csőbe, majd rámérünk 1,8 ml extrakciós puffert [0,1 M EDTA, 0,5% N-laurylsarcosine-Na só], és 7,2 µl proteináz K-t [250mg/ml]. Ezután a cső többszöri átfordításával óvatosan összekeverjük a cső tartalmát, és egy éjszakán át inkubáljuk 37°C-on folyamatos vertikális forgatás mellett.
2. Ezután a mintát 13000 rpm-es sebességgel 10 percig centrifugáljuk
3. A felülúszó 250 µl-ét egy 1,5 ml-es Eppendorf csőbe mérjük, majd hozzáadunk 500 µl 96%-os etanolt , 250 µl 4M NH₄-acetátot és 3,5 µl [1mg/ml] Dextran Blue oldatot (Sigma). Óvatosan összekeverjük.
4. Az elegyet -70°C-on 7-10 percig inkubáljuk.
5. Ezt követően 20 percig 4 °C-on 13000 rpm-es sebességgel centrifugáljuk
6. A felülúszót eltávolítjuk, a csapadékot levegőn szárítjuk annak érdekében, hogy az esetlegesen rajta maradt etanol elpárologjon.
7. Az izolált DNS-t 20 µl steril, kétszer desztillált, dietilpirokarbonáttal kezelt vízben oldjuk fel.

III.6. Archaikus DNS kivonása fogletekből

A minta előkészítése és a kontamináció lehetőségének kizárása az előzőekben leírtak szerint történt. A fogat megtisztítottuk steril deionizált vízzel. Ezt követően felületét lecsiszoltuk, és minden oldalát 20 percen keresztül 1.0 J/cm² UV-C fényel sugaraztuk be. A mintát ezután egy külön erre a célra használatos, előzőleg 30 percen keresztül autoklávozott acél mozsárban durván összetörtük, majd azokat a darabokat, amelyek a fogbélből származtak, porrá törtük. A DNS kivonása a mintából a továbbiakban DNeasy Tissue Kit (Qiagen) segítségével történt a gyártó által ajánlott protokoll alapján, az egyéni tapasztalatok szerint módosítva.

1. Körülbelül 5 gramm mintát teszünk egy 50 ml-es Greiner csőbe, majd hozzáadunk 40 ml EDTA-t [0,5 M; pH 7,5]. 1 napon keresztül inkubáljuk 4°C-on folyamatos vertikális forgatás mellett.
2. A mintát 3500 rpm-es sebességgel 15 percig centrifugáljuk, majd a mintáról eltávolítjuk az EDTA-t.
3. Az első két lépést addig ismételjük, amíg a felülúszó telített ammónium-oxalát [pH 3,0] oldattal nem ad fehér csapadékot.
4. Az utolsó öblítést követően a pelletet 3 alkalommal mossuk 40 ml steril deionizált vízzel.
5. Az EDTA-val kalcium-mentesített, majd vízzel mosott mintából körülbelül 0,7 g-ot 1,5 ml-es Eppendorf csőbe helyezünk, majd hozzáadunk 500 µl ATL puffert és 50 µl proteináz K-t.
6. Minimum 3 órán keresztül inkubáljuk 55 °C-on , közben időnként vortexeljük.
7. Hozzáadunk 400 µl AL puffert, sietve vortexeljük, majd inkubáljuk 70 °C-on 10 percig.
8. Hozzáadunk 400 µl abszolút etanolt, majd vortexelést követően a cső tartalmából 650 µl-t átmérünk a DNeasy Spin Column csőbe, és 8000 rpm-es sebességgel 1 percen keresztül centrifugáljuk.
9. Azt követően, hogy a gyűjtő csövet a kicseréltük, a 8. lépést megismételjük.
10. A gyűjtőcsövet kicserélve a DNeasy Spin Column csőbe 500 µl AW1 oldatot mérünk, és 8000 rpm-es sebességgel 1 percig centrifugáljuk.
11. A gyűjtőcsövet kicserélve a csőbe 500 µl AW2 oldatot mérünk, és 13000 rpm-es sebességgel 3 percig centrifugáljuk.
12. A DNeasy Spin Column oszlopot áthelyezzük egy 1,5 ml-es Eppendorf csőbe, és belemérünk 100 µl AE puffert. Pár percet várakozunk annak érdekében, hogy a DNS beleoldódjon az AE pufferbe, majd centrifugáljuk 8000 rpm-es sebességgel 1 percig.
13. A 12. lépést megismételjük, majd a kapott oldat már alkalmas arra, hogy templátként használjuk egy PCR reakció során.

Sokszor találkozunk azzal a problémával, hogy a minta az izolálás után is tartalmaz annyi gátló anyagot, amennyi miatt a PCR reakció nem kivitelezhető. Ebben az esetben a csont extraktumot újabb tisztítási lépésként benzil-alkohollal és guanidin HCl-Tris-sel kezeljük.

1. 800 µl benzil-alkoholt, 100 µl guanidin HCl-Tris-t, 250 µl steril, kétszer desztillált vizet és 250 µl csont extraktumot mérünk egy 2 ml-es Eppendorf csőbe
2. Össekeverés után 5 percig 10000 rpm-es sebességgel centrifugáljuk 4 °C-on
3. A vizes fázis 250 µl-ét használjuk a további lépésekben (lásd az előző protokoll 3. pontjától)

Azoknál a mintáknál, amelyeknél a DNS kivonás nem volt sikeres, az extrakciós pufferhez N-phenacylthiazolium bromidot (PTB) adtunk. A biológiai anyagok lebomlása során a redukáló cukrok és az aminosavak aminocsoportjai között keresztkötések alakulnak ki, melyeket a PTB hasít (Poinar 1998).

III.7. Jelenkori mintákból származó DNS PCR amplifikációja

Az amplifikáció paramétereit az alábbi táblázatok mutatják.

	ló	szarvasmarha, juh
templát	1-100 ng / 2 µl	1-100 ng / 2 µl
Taq pol.	1,5 Unit*1	2,5 Unit*2
primer	25-25 pmol	25-25 pmol
puffer	1X PCR puffer	1X PCR puffer
MgCl₂	1,5 mM	1,5 mM
ΣdNTP	0,8 mM	0,8 mM
H₂O	21,7 µl	7,2 µl
végtérf.	40 µl	20 µl

4. táblázat. Jelenkori minták vizsgálatánál alkalmazott PCR

reakciókeverék.*¹AmpliTaq Gold (Applied Biosystems)

*²Invitrogen.

	ló		szarvasmarha, juh	
	T (°C)	időtartam	T (°C)	időtartam
elődenaturáció	94	6 perc	94	2 perc
denaturáció	93	30 mp	94	30 mp
primer hibridizáció	58	30 mp	60	30 mp
elongáció	72	40 mp	72	40 mp
végző elongáció	72	5 perc	72	5 perc

5. táblázat. Jelenkori minták vizsgálatánál alkalmazott PCR program.

A középső 3 lépés 37 cikluson keresztül történt.

III.8. Archaikus mintákból származó DNS PCR amplifikációja

	ló	szarvasmarha, juh
templát	5 µl csont izolátum	4-8 µl csont izolátum
Taq pol.	1,5 Unit*1	2,5 Unit*2
primer	25-25 pmol	25-25 pmol
puffer	1X PCR puffer	1X PCR puffer
MgCl₂	1,5 mM	1,5 mM
ΣdNTP	0,8 mM	0,8 mM
H₂O	21,7 µl	7,2 µl
végtérf.	40 µl	20 µl

6. táblázat. Archaikus minták vizsgálatánál alkalmazott PCR reakciókeverék.*¹:AmpliTaq Gold; *² Invitrogen.

	ló		szarvasmarha, juh	
	T (°C)	időtartam	T (°C)	időtartam
elődenaturáció	94	6 perc	94	2 perc
denaturáció	93	30 mp	94	30 mp
primer hibridizáció	58	30 mp	60	30 mp
elongáció	72	40 mp	72	40 mp
végző elongáció	72	5 perc	72	5 perc

7. táblázat. Archaikus minták vizsgálatánál alkalmazott PCR program.

*:A 15736_F-15875_R és a 15612_F- 15670_R primerpár alkalmazása esetén a primerhibridizációs hőmérséklet volt, a többi esetben 61°C. A középső 3 lépés 37 cikluson keresztül történt.

III.9. A vizgálatsorozatban használt primerek

A primerek tervezésénél igyekeztünk az általuk közrefogott szakaszt a lehető legrövidebbre csökkenteni, úgy, hogy a haplotipizáláshoz szükséges nukleotidpozíciókat is magában foglalja. Elvártuk, hogy a primerek csak az adott állatfajra specifikus DNS-t ismerjék fel, és más fajból származó DNS-sel ne adjanak PCR terméket.

A lovak vizsgálatához használt primereket az Oligos [version 9.11] programmal terveztük. Referenciaként a háziló mitokondriális DNS szekvenciája szolgált (NCBI GenBank X79547; Xu 1994). Az első primer pár egy 176 bázispár hosszúságú DNS szakaszt fog át a lovak mtDNS hipervariábilis régiójából (15717-15893), a további három primer pár egy 338 bázispár hosszúságú szakaszt sokszoroz fel a mtDNS hipervariábilis régiójából (15425-15763). Ezen a részen található meg a származástaniilag jelentős nukleotid pozíciók (Jansen 2002). Ilyen hosszúságú DNS azonban igen kis valószínűséggel marad fenn archaikus mintákban, ezért ezekből két,- illetve egy esetben három átfedő szakasz segítségével nyertük ki az említett fragmentet. Előbb kettő átfedő szakaszból terveztük a teljes régió azonosítását, az egyik 166, a másik 226 bp-os. Az utóbbi azonban nem minden esetben volt sikeresen kimutatható, így két köztes primer beiktatásával egy 147 és egy 171 bp-os szakaszra osztottuk. Az alkalmazott primerek nukleotidsorrendje a következő.

15736_F 5'-ACAGCCCATGTTCCACGAGC-3'

15875_R 5'-AAAGAATGGGCGAGGTTGG-3'

15444_F 5' – ACCATCAACACCCAAAGCTG – 3'

15569_R 5' – CACGACGTACATAGGCCATTCA – 3'

15560_F 5' – CACCATACCCACCTGACATGCA – 3'

15742_R 5' – GCTGATTTCGCGGCTTGGTG – 3'

15612_F 5' – CGTGCATTAAATTGTCTGCCCATGA – 3'

15670_R 5' – ACTTGGATGGGGTATGCAC – 3'

A szarvasmarhák és az őstulok vizsgálatához a mtDNS hipervariábilis régiójának 312 bázispáros szakaszát sokszoroztuk (16022-16334). Referenciaként az Anderson által közölt nukleotidszekvenciát használtuk (NCBI GenBank: NC 001567; Anderson 1982). A lovakhoz hasonlóan ebben az esetben is csekély az esélye annak, hogy ilyen hosszú szakaszt archaikus mintából sokszorozni tudunk, így ezekből a mintákból az említett darabot két átfedő, egy 157 és egy 175 bázispáros szakaszból kaptuk meg. Ehhez a Bailey által publikált primereket használtuk (Bailey 1996).

AN2_{FOR} 5'-GCCCCATGCATATAAGCAAG-3'

AN1_{REV} 5'-CACGCGGCATGGTAATAAG-3'

AN1_{FOR} 5'-CTTAATTACCATGCCGCGTG-3'

AN3_{REV} 5'-CGAGATGTCTTATTTAAGAGG-3'

A juhok vizsgálatánál a D-loop régió első 290 bázispár hosszú szakaszát sokszoroztuk (15385-15675; NCBI GenBank: AF010406; Hiendleder 1998). Ezt a korábbiakhoz hasonlóan ebben az esetben is archaikus minták esetén két átfedő fragmentumból, egy 142 és egy 154 bázispár hosszúságú szakaszból kaptuk meg. A használt primerek a következők.

JUH406_F 5'-ATAGCCCCACTATCAACACCCA-3'

JUH527_R 5'-GCTTGTGGAGTGGGAAGTCCGT-3'

JUH541_F 5'-TACAACACGGACTTCCCCTC-3'

JUH646_R 5'-TGTCTATATTACATTAAGCCTATGTACTCG-3'

A primerek tervezése során a Fast PCR [version 3.3.81] programot használtuk. Referenciaként a házijuh mitokondriális DNS szekvenciája szolgált (Hindleder 1998). Az amplifikációt követően a termékek jelenlétének és méretének vizsgálatához 8%-os natív akrilamid gélen futtattuk meg a mintákat. Ha a sikeres amplifikáció mellett mindkét fent említett kontroll kontamináció mentes volt, a specifikus DNS szakaszt a Millipore Montage Single Sample PCR Cleanup Kit segítségével, vagy 1,5 %-os agaróz gélből a Qiagen QIAquick Gel Extraction Kit segítségével visszanyertük. Ezt követően a PCR terméket direkt szekvenáltuk ABI Prism 3100 szekvenátorral, az amplifikáció során használt primerek segítségével. A kapott szekvenciákat a Chromas program segítségével dolgoztuk fel.

III.10. Az adatok feldolgozása

A lovak esetében a DNS szekvenciákat a MEGA 4.0 program segítségével illesztettük és egységesen levágtuk 247 bp hosszúságúra annak érdekében, hogy hozzáilleszthessük az NCBI adatbázis ma élő és archaikus lómaradványokból származó szekvencia adatait. (nukleotid pozíció: 15495-15740 a referencia szekvencia- X79547- szerint). Az eltérő nukleotid helyek alapján haplocsoportosítást végeztünk a Jansen és munkatársai által megállapított kategóriák szerint (Jansen 2002). Az általuk meghatározott haplocsoportok a polimorfikus pozíciókkal a 4. ábrán láthatók.

Az adatok statisztikai értékelése a DnaSP 4.50.2 (Rozas 2003), és az Arlequin 2.000 (Schneider 2005) szoftverrel történt. Az általános diverzitási szint becsléséhez a DnaSP programmal meghatároztuk a polimorfikus helyek számát, a haplotípus diverzitást, amely a haplotípus párok átlagos eltérését jelzi (H_d), a nukleotid diverzitást (P_i), mely megmutatja a valószínűségét, hogy két véletlenszerűen kiválasztott szekvencia homológ nukleotidja különbözik (Saitou 1987), valamint ennek Jukes and Cantor korrekcióját (Jukes 1969; Lynch 1990), mely szerint a bázisok aránya egyenlő és minden pontmutáció egyformán valószínű. A haplotípus diverzitás szintjét 0,900 felett jelentősnek értékeltük. Továbbá meghatároztuk a nukleotid különbségek átlagos értékét (K) (Tajima 1983). Az egyes mintacsoportok haplotípus diverzitásának jellemzésénél a 0,900-nél nagyobb diverzitást magasnént értékeltük.

Páronkénti genetikai távolságot (F_{st} - fixációs index) számoltunk a vizsgált mintacsoportok között, ami azt jelenti, hogy minden egyes csoport gyakorisági értékeit összehasonlítottuk minden más csoport gyakorisági értékeivel. Az F_{st} érték megmutatja azoknak a nukleotid helyeknek az arányát, amelyben a két csoportban található szekvenciák különböző bázist tartalmaznak. A korábbi tapasztalatok alapján, ha az $F_{st} < 0,01$, abban az esetben neveztük a két adott mintacsoportot közelinek.

A genetikai távolság számításába 721, 28 különböző fajtába sorolható mintát vontunk be. Az adatbázisba helyesen, tehát hézag nélkül beadott szekvenciák közül csak azokat használtuk az összehasonlításhoz, amelyek esetében az adott fajta legalább tíz egyeddel volt képviselve, így csökkentve a kis mintaszámból eredő hibás eredményt, kivéve a kazahsztáni szkíta mintákat és a réz kori kínai mintákat, amely esetekben csak nyolc, illetve kilenc minta állt rendelkezésre. Ennek egyik oka, hogy az adatbázisban az ázsiai fajták alulreprezentáltak, és igyekeztünk a lehető legtöbb ázsiai szekvenciát bevonni a vizsgálatba. Különösen a fent említett ló szekvenciákat, mivel ezek archaikus mintákból származnak. Az észak-ibériai (asturcón, caballo de corro, garrano, losino, mérens, and pottoka) és a dél-ibériai (andalusian, carthusian, lusitano, marismeño, and sorraia) fajtaikat egy-egy csoportként kezeltük közeli genetikai rokonságuk, illetve a szakirodalom alapján (Royo 2005).

A Modeltest 3.7 (Posada 1998) Hierarchical Likelihood Ratio Test, valamint az Aikake információs kritériumai segítségével az egyes szubsztitúciós modelleket teszteltük. Ez a teszt a legbonyolultabb szubsztitúciós modellt, a GTR+I+G-t javasolta. A General time-reversible (GTR) modell jellegzetessége, hogy figyelembe veszi a bázisok különböző arányát és a hatféle báziscsere valószínűségét is becsüli a szekvenciákban. Ennek a modellnek azonban a számításigénye meglehetősen nagy, amely nincs arányban az előnyével. Emellett a lófajták maximálisan néhány ezer éves evolúciója meglehetősen rövid idő ahhoz, hogy érdemes lenne a tranzíciók és transzverziók valószínűsége közti különbségekkel számolni. Azok a mutációk, amelyek igazán problémásak, mint a paralell mutációk, vagy a back mutációk, viszont egyik modellbe sem építhetők be rendesen, ezért a p-distance modellt alkalmaztuk (Tamura 1993). Mivel a mutációs ráta nem egységesen ugyanakkora minden nukleotidra nézve, az egyes pozíciók mutációs rátájának gamma eloszlását kell meghatározni, és eszerint korrigálni. Ennek értékét a Modeltest 0,66-nak határozta meg. A szignifikancia szintjének meghatározásához a permutációs analízis 10000 permutációt alkalmazott. Az összehasonlítás során bizonyos esetekben negatív Fst-értékeket tapasztaltunk a populációk között. Ilyenkor az azonos populációhoz tartozó pár tagjaiban egyenként nagyobb a variancia, mint a két populáció között. Ezt a modellt nem képes feloldani, tehát ebben az esetben nem állapítható meg a reális távolság a két mintacsoport között.

Az általunk feldolgozott négy lópopuláció közötti genetikai kapcsolatrendszer, valamint a teljes genetikai variancia megoszlását molekuláris variancia analízissel végeztük (AMOVA). A teljes genetikai variabilitást a populációkon belüli, és a populációk közötti komponensre bontottuk.

Annak érdekében, hogy objektív képet kaphassunk az egyes fajtákat képviselő csoportok közötti viszonyokról, mellőztük a csoportba sorolást, és a bennük megtalálható egyedi haplotípusokkal dolgoztunk tovább. A rendelkezésünkre álló, összesen 976 szekvenciából a Collapse program segítségével meghatároztuk az egyedi haplotípusokat. Megjelölve az általunk feldolgozott mintákat, megállapítottuk az egyedi nukleotid-sorrenddel rendelkező egyedeket, illetve azokat a fajtákat, amelyekhez tartozó egyedek az egyes mintáinkkal egyező haplotípust mutatnak. A Network 4.5.1 program Reduced Median-Joining algoritmusát alkalmazva az általunk feldolgozott minták segítségével a bennük található haplotípusokból hálózatot rajzoltunk, melyben jelöltük a Jansen által meghatározott haplocsoportokat is. A hálózat szerkesztésekor a Jansen által meghatározott mutációs forrópontokat mellőztük az értékelésből (nukleotid pozíció: 15585, 15597, 15650), valamint további két pozíciót (16659, 15737) 0,5-ös súlyozással láttunk el (Jansen 2002).

IV. Eredmények

IV.1. Archaikus DNS vizsgálatok hitelesítése

A vizsgálni kívánt DNS szakaszt a jelen kori mintákból amplifikáltuk, és szekvenáltuk, annak érdekében, hogy a primerek optimális működéséhez szükséges amplifikációs körülményeket beállítsuk. A PCR reakció során az adott állatfaj mitokondriális DNS-ére specifikus primerek mellett humán mitokondriális DNS-re specifikus primereket is alkalmaztunk. Abban az esetben ugyanis, ha az emberi DNS-re specifikus primerek segítségével nem kapunk a DNS izolátumból PCR terméket, csak a speciális, az adott állatfaj mitokondriális DNS-ére tervezett primerekkel, biztosak lehetünk benne, hogy a keletkezett kópiák az endogén DNS-ről készültek, és nem a lelet feldolgozáskor jelenlévő idegen DNS-ről. Emellett annak ellenőrzésére, hogy a tervezett primer pár biztosan nem ad-e PCR terméket a humán DNS-ből, egy PCR reakcióban a tervezett primerek mellé templátként humán vérből izolált DNS-t adtunk. Mivel az említett kontrollok nem adtak PCR terméket, az eredmények hitelességében megbízhatunk.

IV.2. Eltérő korú és fajtájú régészeti leletek DNS megtartása

Elsőként a módszereink érzékenységét vizsgáltuk meg. Az avar és honfoglalás kori mintáknál régebbi ló és őstulok mintákból próbáltunk DNS-t kinyerni, emellett a honfoglalás korából két másik állatfajt, a szarvasmarhát és a juhót is bevontuk a munkába. Ezek a leletek igen nagy számban fordulnak elő a lovak mellett a honfoglalás kori sírokban, és segítségükkel kipróbálhattuk, hogy a használt módszerünk valóban alkalmas különböző korú és típusú minták archaikus DNS vizsgálatára.

Elsőként a Polgár-Csőszhalom késő neolitik (Kr. e. 4500-4800) település feltárásából származó őstulok (*Bos primigenius bojanus*) felső állkapcsából kíséreltük meg a DNS kinyerését. Az őstulok, melynek házasításából fejlődött ki a ma élő szarvasmarha, mára kihalt, utolsó populációi 2000 évvel ezelőtt éltek Közép-Európa legelőin. Polgár-Csőszhalom pedig az őstulok egy feltételezett házasítási központja lehetett a neolitikumban (Bartosiewicz 2006). A sikeres DNS kivonást követően meghatároztuk a 313 bázispáros, két átfedő DNS szakaszból leolvasott nukleotid-

sorrendet (NCBI GenBank: EF362615; 8. táblázat). A szarvasmarha mitokondriális DNS-ének referencia szekvenciája alapján a vizsgált szakaszon kilenc polimorfizmust azonosítottunk, amelyek a P haplocsoportba sorolják a szekvenciát (Edwards 2007). Ezt a mintázatot eddig csak a szarvasmarhák már kihalt őseiben mutatták ki, így bizonyosan az endogén DNS-t sikerült kimutatnunk (Priskin 2007). A szakirodalomban addig a pillanatig mindössze 2 őstulok szekvencia volt ismert, melyek 12 ezer éves angliai állatokból származnak. Összehasonlítottuk a szekvenciát a másik két közölt adattal, és a vizsgálatunk tárgyát képező neolitikus, és az egyik paleolitikus minta közt 100%-os azonosságot tapasztaltunk, a másik lelettel pedig csak egy nukleotidban tért el a kapott szekvenciánk.

A következőkben a szkíta anyagi kultúrához tartozó, a Szentés-Vekerzug temetkezési hely (Kr. e. 6. század) 8 lófogmintáját vettük vizsgálat alá. A fogak jó megtartásúnak tűntek, azonban a lovagnál használt 254 bázispáros szakaszt csak az egyikből sikerült teljes egészében kinyernünk. Az első, 166 bp-os szakasz mindegyik mintából kimutatható volt, a hosszabb, 226 bp-os szakaszt azonban csak az SZ17-es és SZ18-as mintából sikerült kinyerni, de a kapott szekvencia nem volt teljes egészében értékelhető. Az SZ17 esetében az utolsó 40 bázispárt az ismételt kísérletekben sem sikerült meghatározni, de a haplocsoportja mégis nagy bizonyossággal megjósolható, hiszen az azonosított 210 bp-os darabon megfigyelhető nukleotidsorrend csak a C2 haplocsoportra jellemző. Az SZ12 esetében 3 átfedő szakaszból kaptuk meg a teljes DNS szakaszt, ami alapján a D2 haplocsoportba sorolható, teljes szekvenciaegyezést mutat az AV02 késő avar lószekvenciával (9. táblázat).

A fentiek mellett honfoglalás kori szarvasmarha mintákon is megpróbáltuk a nukleotidsorrend meghatározását elvégezni. A szarvasmarhák mitokondriális DNS-ének kontroll régiójából egy 313 bp-os szakaszt vizsgáltunk meg (16022-16334). Referenciaként Anderson és munkatársai által közölt nukleotidszekvenciát használtuk (NCBI GenBank: NC 001567; Anderson 1982). Ez a régió mutatja a legnagyobb nukleotid diverzitást, és tartalmazza a származástaniilag jelentős pozíciókat (Bailey 1996).

kinyerni. A DNS izolálást követően azonban többször sikertelen PCR reakciót tapasztaltunk. A sikertelenséget alapvetően két tényező okozhatja: Előfordulhat, hogy a csontmintát nem lehet olyan mértékben megszabadítani az amplifikációt gátló anyagoktól, hogy az sikeres PCR reakciót eredményezzen, illetve az, hogy az archaikus mintában nincs az általunk alkalmazott technikával kimutatható mennyiségű DNS. Ahhoz, hogy kiderítsük, vajon a PCR reakció sikertelenségét mi okozza, alkalmaztunk egy olyan kontrollt, amely templátként azonos mennyiségű modern DNS izolátumot és archaikus csont izolátumot tartalmazott. Ebben a kontrollban a PCR reakció részlegesen gátolt volt, azt jelezve, hogy mindhárom esetben a csont izolátumban oldott gátló anyagok akadályozták a DNS amplifikációját. Ezért az egyik minta esetében a DNS izolálást követően benzil-alkohollal és guanidin HCl-Trissel utótisztítást végeztünk. A guanidin-HCl-Tris olyan sókoncentrációt biztosít, amelynél a humuszsavak a benzil-alkohol által képzett hidrofób fázisba, a DNS pedig a vizes fázisba kerül. Az így feldolgozott mintából már sikeresen kimutattuk a 154 bázispáros fragmentet. Ez a minta sem mutatott polimorfizmust a vizsgált szakaszon.

A minták 6 különböző haplocsoportba tartoznak. Az avar mintákat magas genetikai variabilitás jellemzi ($h=0.94$). A 17 egyed 11 egyedi haplotípust mutat, melyeket 18 variábilis pozíció határoz meg. A haplotípusok páronkénti átlagos különbsége (K) 5,679. A nukleotid diverzitás (P_i) 0,023. Az avar lovak szekvenciájával egyező haplotípust mutató fajták a 11. táblázatban olvashatók. A haplotípusok között legnagyobb számban (5 esetben) a D haplocsoport figyelhető meg. Három haplotípus sorolható az A haplocsoportba. Két-két haplotípus tartozik a B és az F haplocsoportokba, és egy haplotípus mutat C haplocsoportra jellemző mintázatot.

Az általunk létrehozott szekvenciaadatbázis adataival összevetve kiderül, hogy a minták legalább négy különböző fajtához tartozó szekvenciával mutatnak teljes egyezést, de a szekvenciák többsége 10-25 további fajtában megtalálható. A honfoglalás kori mintákkal egy közös haplotípust észleltünk (AH06, AH07), melyet azonban további 22 fajtában is fellelhetünk az adatbázisban reprezentált fajták közül. Az akhal teke és az avar minták között pedig 4 közös haplotípus azonosítható, melyek közül két motívum (az AV08, AV09 és AV17, valamint az AV11 és AV15) igen gyakorinak bizonyultak, hiszen 22, valamint 16 fajtában azonosíthatók még. Az AV04, és AV05 haplotípusok viszont már sokkal kevésbé nevezhetők gyakorinak, hiszen az AV04-es minta szekvenciamotívuma, amellet, hogy az AT25 akhal teke mintával mutat egyezést, mindössze négy fajtában fedezhető fel. Ezek közül három keleti (arab, koreai és kazahsztáni) valamint egy európai (ibériai connemara). Az AV05-ös mintában talált szekvencia az AT22-es akhal teke mintán felül két keleti (kazahsztáni akhal teke, és konik) valamint egy ibériai fajtában volt fellelhető (7. ábra). A hucul szekvenciákkal összehasonlítva hét közös haplotípus figyelhető meg.

A honfoglalás kori mintacsoport kiemelkedően magas genetikai diverzitást mutat ($h=0,989$). A 14 egyed szekvenciája 12 haplotípusba sorolható, melyekben összesen 21 variábilis pozíció található. A haplotípusok páronkénti átlagos különbsége (K) 5,747. A nukleotid diverzitás (P_i) 0,023. A nagy haplotípus diverzitás ellenére csak négy haplocsoport van jelen, ráadásul a négy közül az egyik a G haplocsoport, amely meglehetősen ritka. McGahern legtöbb fajtát összehasonlító, 962 szekvenciát feldolgozó kutatásában mindössze egy archaikus, 25 európai, két közel- és két távol-keleti ló tartalmazott G haplocsoportba sorolható szekvenciát (McGahern 2005). A haplotípusok fele az A haplocsoportba sorolható. A többi haplotípus közül

kettő a C haplocsoportba, kettő az F haplocsoportba és kettő a G haplocsoportba sorolható.

A honfoglalás kori szekvenciák közül kiemelkedően sok, a 13 haplotípusból 5 egyedi mintázatot mutat. A fennmaradó minták 2-25 további haplotípussal mutattak teljes szekvenciaazonosságot (11. táblázat). Az avar és a honfoglaló csoport között egy esetben találtunk egyező szekvencia mintázatot (az AV08, AV09 és AV17-es minták, és az AH06, és AH07-es minták közt), továbbá két haplotípus esetében figyelhető meg szekvencia egyezés a honfoglalás kori és az akhal teke minták között (AH02 és az AT28, AT29 és AT37-es minták, valamint AH06, AH07 és az AT23, AT43-as minták közt). Valamennyi esetben elterjedt haplotípusról van szó, melyet összeségében 18-22 fajtában figyeltünk meg az adatbázis szekvenciái közt (7. ábra). A hucul és a honfoglalás kori minták között három esetben figyelhető meg szekvenciaegyezés (HT03 és az AH03, AH15 között, valamint a HT11 és az AH06, AH07 között).

IV. 4. Akhal teke minták szekvencia analízise

Az akhal teke lovak szintén magas genetikai diverzitást mutatnak ($h=0,945$). A 24 szekvencia 14 különböző haplotípust mutat, melyet 25 variábilis pozíció határoz meg a vizsgált szakaszon. A haplotípusok páronkénti átlagos különbsége (K) 5,797. A nukleotid diverzitás (P_i) 0,023 (10. táblázat). A lovak szekvenciájával egyező haplotípust mutató fajták a 12. táblázatban olvashatók. A minták közül 12 az A haplocsoportba sorolható, két minta a B haplocsoportba helyezhető. Szintén két minta tartozik a C haplocsoportba. Egyetlen tartozik a D haplocsoportba. Négy minta mutat E haplocsoportot. Három szekvencia sorolható az F haplocsoportba.

A 14 haplotípusból kettő egyedi motívumot mutat. Az AT33-as ló haplotípusa is meglehetősen ritkának mutatkozik, mindössze két egyező mintát találtunk az adatbázisban (kóreai cheyu és shetland póni). Hasonlóan az előzőhöz az AT44-es ló haplotípusa csak egy egyiptomi és egy mongol házilóban volt megtalálható. Említésre méltó az AT22-es ló, melynek haplotípusa megegyezik az AV05 korai avar ló haplotípusával, továbbá két kazahsztáni akhal teke, egy konik, egy spanyol pura raza española, valamint egy Szibériában feltárt pleisztocén kori ló tartalmazta (DQ007580). Az AT31-es, AT32-es és AT42-es lovak által hordozott haplotípus feltehetőleg jelentős a fajta szempontjából, mert vizsgálatunkban a mi

Kód	N(fajta)	Egyező haplotípust mutató fajták
AH01	6 (5)	KA,AR,AD(2),LU,ES
AH02	30 (18)	AT28,AT29,AT37, AK,AR(6),BA,CN,DU,GA,HO(2),IK(2),LO(2),LU,ML,MR,NO(3),PO,ES,RH,TR
AH03	54 (18)	AH15, HT03, ACPP1,AD(2),AR(2),AB,AS,CH,CU,FU(2),GA,HB,HO(2),LU(7),ML(3),MO(2),MU17,ES(2),RH,TV,VY(4)
AH04	EGYEDI	
AH05	30 (18)	HT09, AS,CC(2),CA,CN,AD,GA,HB(2),IP,IT(2),LO,LU,MO(4),MU(2),ES,RH,TB
AH06	43 (22)	AV08,AV09,AV17,AT23,AT43, HT11, AK,AR(3),BE(2),CL(3),CU,GA,GN,HA,IP,IK(4),KA(2),ML,ME(2),MO,MU(3),NO(2),NR,OR,RO,SC(2)
AH07	43 (22)	AV08,AV09,AV17,AT23,AT43, HT11, AK,AR(3),BE(2),CL(3),CU,GA,GN,HA,IP,IK(4),KA(2),ML,ME(2),MO,MU(3),NO(2),NR,OR,RO,SC(2)
AH08	17 (11)	BA,CU,GA,HO,IP(2),IK,KA,LU,NO(2),ES,SP(5)
AH10	EGYEDI	
AH11	EGYEDI	
AH12	EGYEDI	
AH13	EGYEDI	
AH14	28 (10)	AR(3),AA,AS,GI(2),HB,HO,LU,RH(2),SO(15),TV
AH15	54 (18)	AH03, HT03, ACPP1,AD(2),AR(2),AB,AS,CH,CU,FU(2),GA,HB,HO(2),LU(7),ML(3),MO(2),MU17,ES(2),RH,TV,VY(4)
AV01	53 (26)	AV12,AV13,AV16, HT12, ANC1314,AD,AK,AC,AS(4),CC(8),CR(2),CN(2),CU,AD,FR,FU(2),GA(2),GU,HB,KA(2),LO,LU(3),ML(4),MR,OR,PP,PO,ES,ES(2),TB
AV02	49(19)	HT13, AR,AB,AA,CU,HA(2),HB(2),IK(2),KA(5),LU,ML,MO(5),MU(5),NR(3),PO,ES,RH(4),SC(3),TB(6)
AV03	5(4)	AR,ES (2),SR,TB
AV04	10(5)	AT25,AR(2),CH(5),CN,KA
AV05	5(4)	AT22,KA(2),KO,ES, AN2
AV06	4(4)	AR,EG,ME,MO
AV07	14(9)	HT02, AK,AR(5),BA,EG,FR(2),KA,TV,VY
AV08	39(22)	AV09,AV17, AH06,AH07, AT23,AT43 HT11, AK,AR(3),BE(2),CL(3),CU,GA,GN,HA,IP,IK(4),KA(2),ML,ME(2),MO,MU(3),NO(2),NR,OR,RO,SC(2)
AV09	39(22)	AV08,AV17, AH06,AH07, AT23,AT43, HT11, AK,AR(3),BE(2),CL(3),CU,GA,GN,HA,IP,IK(4),KA(2),ML,ME(2),MO,MU(3),NO(2),NR,OR,RO,SC(2)
AV10	17(8)	HT15, AR(4),AB,AA,CH(3),ML,MO,VY
AV11	29(16)	AV15,AT27,AT35,AT36,AT41, HT04, AJ,AR,AA,CA(2),CN,CU(2),GU,HA,KO,ME,MU,NR(2),OR(5),VY(2),YA(2)
AV12	50(25)	AV01,AV13,AV16, HT12, ANC1314,AD,AK,AC,AS(4),CC(8),CR(2),CN(2),CU,AD,FR,FU(2),GA(2),GU,HB,KA(2),LO,LU(3),ML(4),MR,OR,PP,PO,ES,ES(2),TB
AV13	49(25)	AV01,AV12, AV16, HT12, ANC1314,AD,AK,AC,AS(4),CC(8),CR(2),CN(2),CU,AD,FR,FU(2),GA(2),GU,HB,KA(2),LO,LU(3),ML(4),MR,OR,PP,PO,ES,ES(2),TB
AV14	47(26)	HT14, ACPP2,AK,AN(2),AR,AS,BA,BE(2),CL(2),CN,CU,DU(6),EA(2),ES(2),FR,FU,GA,GU(2),HB(2),LU,MR,MU(3)RH,SR(2),TB(3),TR,VY,YA(3)
AV15	29(16)	AV11,AT27,AT35,AT36,AT41, HU20, HU53, HU55, HU56, HU61, HU59,HU58,AY,AR,AA,CA(2),CN,CU(2),GU,HA,KO,ME,MU,NR(2),OR(5),VY(2),YA(2)
AV16	50(25)	AV01,AV12,AV13, HT12, ANC1314,AD,AK,AC,AS(4),CC(8),CR(2),CN(2),CU,AD,FR,FU(2),GA(2),GU,HB,KA(2),LO,LU(3),ML(4),MR,OR,PP,PO,ES,ES(2),TB
AV17	39(22)	AV08,AV09, AH06,AH07, AT23,AT43 HT11, AK,AR(3),BE(2),CL(3),CU,GA,GN,HA,IP,IK(4),KA(2),ML,ME(2),MO,MU(3),NO(2),NR,OR,RO,SC(2)

11. táblázat. A vizsgálatba bevont avar és honfoglalás kori mintákkal egyező haplotípust mutató fajták. N az egyező szekvenciák számát jelöli, a zárójelben lévő szám a fajták számát mutatja. Az általunk szekvenált minták kiemelve láthatók, pirossal a honfoglalás kori, kézzel az avar, zölddel az akhal teke és sárgával a hucul minták. A rövidítések a következőket jelentik: AA-argentín arab; AB – arab barb; AC – argentín kreol; AJ – archaikus jeju; AK – archaikus kazahsztáni; AD – andalúz; AN1 – archaikus minta (DQ327851); AN2 – archaikus minta (DQ007580); AR – arab; AS – asturcon; AT – akhal teke; AV – avar; BA – barb; BE – belga; CA – kaszpi; CC – caballo de corro; CH – cheyu; CL – cleveland bay; CN - connemara AH – honfoglalás kori; CR – karthúsi-andalúz; CU – cukorova; DU – dülmener; EA – spanyol; EG – egyiptomi; ES – spanyol pura raza; FR – fríz; FU – fulani; GA – garrano; GI – giara; GN – guanzhong; GU – guan hegyi; HA – haflinger; HB – hispan breton; HO – holsteiner; HT – hucul; IK – ír kerry; IP – izlandi póni; IT – olasz ügető; KA – kazahsztáni akhal teke; KO – konik; LI – lipicai; LO – losino; LU – lusitano; MA – marismeno; ME – mesenskaya; ML – mallorquina; MM – maremmano; MO – mongol háziló; MR – merens; MU – mustang; NO – norvég fjord; NR – noriker; OR – orlov; PO – pottoka; PP – perui paso; RH – rhineland heavy draft; RO – rottaler; SA – sarcidano; SC – skót; SO – sorraia; SP – shetland póni; SR – shire; TB – angol telivér; TR – trakehner; TV – tuva; VY – vyatskaya; YA – jakut; YU – yunnan; AY - archaikus jakut.

Kód	N(fajta)	Egyező haplotípust mutató fajták
AT21	7 (5)	AT39, HT16, AS(2), CU, GU
AT22	5 (4)	AV05, KA(2), KO, ES, AN2
AT23	39 (23)	AT43, AH07, AV08, AV09, AV17, HT11, AK, AR(3), BE(2), CL(3), CU, GA, GN, HA, IP, IK(4), KA(2), ML, ME(2), MO, MU(3), NO(2), NR, OR, RO, SC(2)
AT24	7 (6)	GA (2), GU, KA, MU, TV, YA
AT25	10 (5)	AV04, AR(2), CH(5), CN, KA
AT26	EGYEDI	
AT27	29 (16)	AT35, AT36, AT41, AV11, AV15, HT04, AY, AR, AA, CA(2), CN, CU(2), GU, HA, KO, ME, MU, NR(2), OR(5), VY(2), YA(2)
AT28	30 (18)	AT29, AT37, AH02, AK, AR(6), BA, CN, DU, GA, HO(2), IK(2), LO(2), LU, ML, MR, NO(3), PO, ES, RH, TR
AT29	30 (18)	AT28, AT37, AH02, AK, AR(6), BA, CN, DU, GA, HO(2), IK(2), LO(2), LU, ML, MR, NO(3), PO, ES, RH, TR
AT30	EGYEDI	
AT31	6 (3)	AT32, AT42, KA, BA, TB(2)
AT32	6 (3)	AT31, AT42, KA, BA, TB(2)
AT33	2 (2)	CH, SP
AT34	28 (15)	AT40, HT01, AS, CR(3), CH, EG, GI(3), KA(4), LO, LU, ME, MU(6), OR(2), ES, SP
AT35	29 (16)	AT27, AT36, AV11, AV15, HT04, AY, AR, AA, CA(2), CN, CU(2), GU, HA, KO, ME, MU, NR(2), OR(5), VY(2), YA(2)
AT36	29 (16)	AT27, AT35, AV11, AV15, HT04, AY, AR, AA, CA(2), CN, CU(2), GU, HA, KO, ME, MU, NR(2), OR(5), VY(2), YA(2)
AT37	30 (18)	AT29, AT28, AH02, AK, AR(6), BA, CN, DU, GA, HO(2), IK(2), LO(2), LU, ML, MR, NO(3), PO, ES, RH, TR
AT38	30 (16)	AD, AR(4), AA, BA, CR(4), HB, HO(2), IK, IT, MR, NR, OR(3), ES, RH(6), SA, TV
AT39	5 (3)	AT21, HT16, AS(2), CU, GU
AT40	28(15)	HT01, AT34, AS, CR(3), CH, EG, GI(3), KA(4), LO, LU, ME, MU(6), OR(2), ES, SP
AT41	29(16)	AT27, AT35, AT36, AV11, AV15, HT04, AY, AR, AA, CA(2), CN, CU(2), GU, HA, KO, ME, MU, NR(2), OR(5), VY(2), YA(2)
AT42	6(3)	AT31, AT32, KA, BA, TB(2)
AT43	39(23)	AT23, AH07, AV08, AV09, AV17, HT11, AK, AR(3), BE(2), CL(3), CU, GA, GN, HA, IP, IK(4), KA(2), ML, ME(2), MO, MU(3), NO(2), NR, OR, RO, SC(2)
AT44	2(2)	EG, MO

12. táblázat. A vizsgálatba bevont akhal teke mintákkal egyező haplotípust mutató fajták. N az egyező szekvenciák számát jelöli, a zárójelben lévő szám a fajták számát mutatja. Az általunk szekvenált minták kiemelve láthatók, pirossal a honfoglalás kori, kékkel az avar, zölddel az akhal teke és sárgával a hucul minták. A rövidítések a következőket jelentik: AA-argentin arab; AB – arab barb; AC – argentin kreol; AJ – archaikus jeju; AK – archaikus kazahsztáni; AD –andalúz; AN1 – archaikus minta (DQ327851); AN2 – archaikus minta (DQ007580); AR – arab; AS – asturcon; AT – akhal teke; AV –avar BA – barb; BE – belga; CA – kaszpi; CC – caballo de corro; CH – cheyu; CL – cleveland bay; CN - connemara AH – honfoglalás kori; CR – karthúsi-andalúz; CU – cukorova; DU – dülmener; EA – spanyol; EG – egyiptomi; ES – spanyol pura raza; FR – fríz; FU – fulani; GA – garrano; GI – giara; GN – guanzhong; GU – guan hegyi; HA – haflinger; HB – hispan breton; HO – holsteiner; HT – hucul; IK – ír kerry; IP – izlandi póni; IT – olasz ügető; KA – kazahsztáni akhal teke; KO – konik; LI – lipicai; LO – losino; LU – lusitano; MA – marismeno; ME – mesenskaya; ML – mallorquina; MM – maremmano; MO – mongol háziló; MR – merens; MU – mustang; NO – norvég fjord; NR – noriker; OR – orlov; PO – pottoka; PP – perui paso; RH – rhineland heavy draft; RO – rottaler; SA – sarcidano; SC – skót; SO – sorraia; SP – shetland póni; SR – shire; TB – angol telivér; TR – trakehner; TV – tuva; VY – vyatskaya; YA – jakut; YU – yunnan; AY - archaikus jakut.

IV. 5. Hucul lovak szekvencia analízise

Amellett, hogy az előzőekben részletezett 3 mintacsoporttal való genetikai kapcsolatáról, a fajta genetikai diverzitásáról is igyekeztünk képet kapni. A fajta állomány nagysága Európában 2000-re tehető. Törzskönyvi adataik alapján az általunk vizsgált lovak 22 kancacsaládba sorolhatóak. Ez a 22 család az európai hucul állománynak körülbelül 80%-át lefedi.

Összesen 70 ló szekvenciáját elemeztük. Bár a mitokondriális DNS öröklődési szabályai következtében egy kancacsalád valamennyi tagja ugyanazt a haplotípust kell hogy hordozza, mégis, ahol lehetséges volt, egy családból több mintát is megvizsgáltunk a méneskönyvi adatok bizonytalanságai miatt. A minták között 18 egyedi haplotípust találtunk, melyek 23 variábilis pozíciót tartalmaznak a vizsgált szakaszon. A szekvenciák közötti átlagos különbség 6,012. A 22 családban megfigyelhető 18 haplotípusra vonatkoztatott haplotípus variancia 0,982 (lsd. 14. táblázat). Összevetve a molekuláris, és a méneskönyvi adatokat, kiderült, hogy hat család esetében a kancacsaládon belül különböző haplotípusok is előfordultak. Ez azt jelenti, hogy bizonyos lovak hibás törzskönyvi adatokkal kerülhettek be a méneskönyvbe. A *Panca* és a *4 Kitka* családok esetében egy családon belül három eltérő haplotípust figyeltünk meg, a *17 Aglalia*, a *86 Deremoxa*, a *Rotunda*, a *Lucina* kancacsaládok esetében pedig két különböző haplotípus figyelhető meg egy családban. A méneskönyvi, illetve a mtDNS szerinti kancacsaládokba sorolást a 13. táblázat mutatja.

Kód	Név	Törzskönyvi származás	mtDNS származás
HU01	Goral Tünde HL	Árvácska	Árvácska
HU02	Ousor Sellő HL	4 Kitka	4 Kitka
HU03	Ousor Enikő Kedves	Aspiráns	Aspiráns
HU04	Polan Oliva	Aspiráns	Aspiráns
HU05	3737 Ousor Diana	Árvácska	Árvácska
HU06	3724 Ousor Borcsa	Aspiráns	Aspiráns
HU07	Hroby XXI-3 Erna	12 Sarata	12 Sarata
HU08	Ousor Kedves Aggtelek	Árvácska	Árvácska
HU09	3723 Ousor Ara	Árvácska	Árvácska
HU10	<i>Polan Optika</i>	<i>1 Panca</i>	<i>Árvácska</i>
HU11	2966 Goral XVI-82 Zenő	4 Kitka	4 Kitka
HU12	<i>Polan Optika</i>	<i>1 Panca</i>	<i>Árvácska</i>
HU13	Ousor IX-17-44 Masni	12 Sarata	12 Sarata
HU14	Goral Jolan HL	4 Kitka	4 Kitka
HU15	Pietrosu X-67 Borsika	11 Rotunda	11 Rotunda
HU16	Hroby Bálint Buda	882 Gelnica	882 Gelnica
HU17	Hroby Homály	86 Deremoxa	86 Deremoxa
HU18	Polan Szeder HL	882 Gelnica	882 Gelnica
HU19	Hroby XXIII-19	17 Aglalia	17 Aglalia
HU20	Ousor Márta	2 Lucina	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU21	Hroby Garam HL	882 Gelnica	882 Gelnica
HU22	<i>Hroby XXI-99</i>	<i>1 Panca</i>	<i>11 Rotunda</i>
HU23	<i>Ousor IX-71</i>	<i>17 Aglalia</i>	<i>4 Kitka</i>
HU24	<i>Hroby XXII-35</i>	<i>86 Deremoxa</i>	<i>4 Kitka</i>
HU25	733 Hroby XXI-43	11 Rotunda	11 Rotunda
HU26	Prislop X-66	11 Rotunda	4 Kitka
HU27	Pietrosu X-39	11 Rotunda	11 Rotunda
HU28	<i>Pietrosu X-61</i>	<i>2 Lucina</i>	<i>11 Rotunda</i>
HU29	<i>Pietrosu XI-7</i>	<i>86 Deremoxa</i>	<i>4 Kitka</i>
HU30	Prislop X-23	17 Aglalia	17 Aglalia
HU32	Goral Britta	Bajkalka	Bajkalka/Wydra
HU33	Prislop Naja	Nakoneczka	Nakoneczka
HU34	620 Gurgul VIII-2	11 Rotunda	11 Rotunda
HU35	729 Ousor III-49	Srocza	Srocza
HU36	673 Hroby IX-10	Srocza	Srocza
HU37	679 Goral XVII-1	Pasztuszka	Pasztuszka
HU38	672 Ousor III-35	Pasztuszka	Pasztuszka
HU39	656 Gurgul VIII-6	Pasztuszka	Pasztuszka
HU40	709 Hroby XII-20	86 Deremoxa	86 Deremoxa
HU41	Goral Britta II.	Bajkalka	Bajkalka/Wydra
HU42	<i>Polan Picur Zoo 0015</i>	<i>1 Panca</i>	<i>17 Aglalia</i>
HU43	4912 Ousor Egér	86 Deremoxa	86 Deremoxa
HU44	Prislop Bársony	Wydra	Bajkalka/Wydra
HU45	Prislop Kislány	5 Plosca	5 Plosca
HU46	Polan naiv	5 Plosca	5 Plosca
HU47	Hroby Walia	Wydra	Bajkalka/Wydra
HU48	<i>Hroby Orsó HL</i>	<i>Wolga</i>	<i>4 Kitka</i>
HU49	<i>Hroby Bryf HL</i>	<i>Bajkalka</i>	<i>Pasztuszka</i>
HU50	Gurgul Castor HL	84 Polónia	84 Polónia

Folytatás a következő oldalon.

HU51	4677 Hroby Grad	17 Aglalia	17 Aglalia
HU52	Hroby Bolyhos HL08103	5 Plosca	5 Plosca
HU53	677 Prislöp -8	825 Agla	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU54	611 Goral XIII-11	862 Dagmar	862 Dagmar
HU55	622 Goral XIV-46	825 Agla	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU56	707 Hroby XII-24	825 Agla	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU57	655 Ousor III-13	86 Deremoxa	86 Deremoxa
HU58	621 Goral XXX-21	Bukovina	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU59	568 Goral XIII-12	Bukovina	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU60	434 Hroby VI-3	17 Aglalia	17 Aglalia
HU61	514 Goral XIV-14	Bukovina	825 Agla/Lucina/Bukovina
HU62	730 Hroby XII-26	17 Aglalia	17 Aglalia
HU63	Ousor IX 32	4 Kitka	4 Kitka
<i>HU64</i>	<i>Hroby XXII-35</i>	<i>86 Deremoxa</i>	<i>4 Kitka</i>
<i>HU65</i>	<i>Pietrosu XI-8</i>	<i>86 Deremoxa</i>	<i>4 Kitka</i>
<i>HU66</i>	<i>Prislöp X-64</i>	<i>4 Kitka</i>	<i>12 Sarata</i>
HU67	Goral XIX-40	4 Kitka	4 Kitka
HU68	Pietrosu X-14	12 Sarata	12 Sarata
HU69	Fekete kanca	ismeretlen	Nakoneczka
HU70	Pietrosu XI-1	3 Tatarca	3 Tatarca
HU71	Hroby Félös VI-15	Aspiráns	Aspiráns

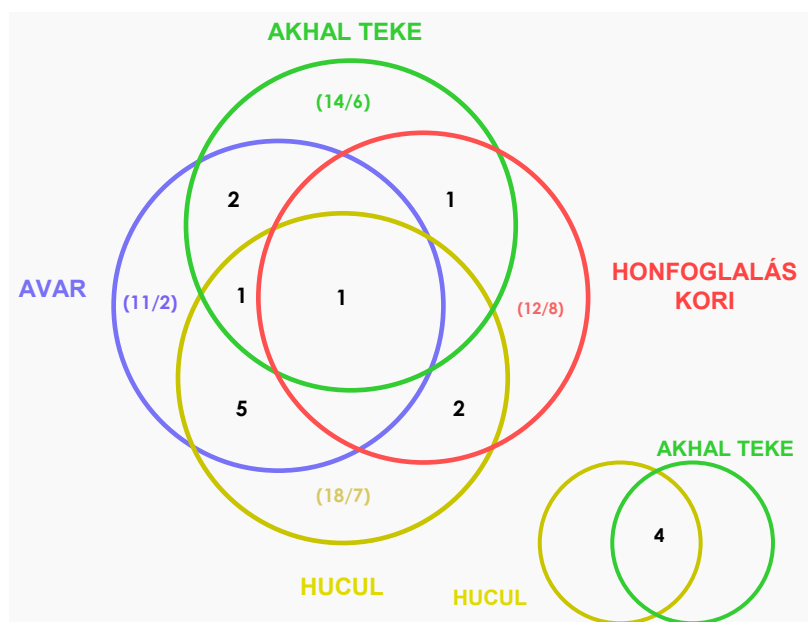
13. táblázat. A vizsgálatban szereplő hucul lovak törzskönyvi származása, valamint a mtDNS alapján megállapított kancacsaládja. A 825 Agla, Lucina és a Bukovina családok, a Bajkalka és Wydra családok és a Wolga és 4 Kitka családok közös anyai vonalat képviselnek. Szürke, dőlt betűk jelzik szürke mezőben azokat az egyedeket, melyeknél a mitokondriális vizsgálat eltérő eredményt adott, mint a méneskönyvi adatok.

Legnagyobb arányban az A haplocsoport van jelen, a 18-ból nyolc haplotípus tartozik ide. Ezt követi az F haplocsoport négy haplotípussal, majd a C és D haplocsoportok három - három haplotípussal képviseltetik magukat, míg a B haplocsoportba egy haplotípus sorolható.

Az általunk vizsgált csoportok közül hét haplotípus esetében figyelhető meg egyezés az avar szekvenciákkal. Két esetben a honfoglalás kori szekvenciákkal, és négy esetben az akhal teke mintákkal (7. ábra). Közülük a HT16 haplotípus bizonyult kevésbé elterjedtnek, a AT21 és AT39 akhal teke mintákon felül csak három fajtában (ibériai asturcon, dél-török cukorova, kínai guan-hegyi) azonosítottuk (15. táblázat).

Kód	N(fajta)	Egyező haplotípust mutató fajták
HT01	28(15)	HU07, HU13, HU66, HU68, AT34, AT40, AS, CR(3), CH, EG, GI(3), KA(4), LO, LU, ME, MU(6), OR(2), ES, SP
HT02	14(9)	HU02, HU11, HU14, HU24, HU26, HU23, HU29, HU48, HU63, HU64, HU65, HU67, AV07, AK, AR(5), BA, EG, FR(2), KA, TV, VY
HT03	54(18)	HU16, HU18, HU21, AH03, AH15, ACPP1, AD(2), AR(2), AB, AS, CH, CU, FU(2), GA, HB, HO(2), LU(7), ML(3), MO(2), MU17, ES(2), RH, TV, VY(4)
HT04	29(16)	HU20, HU53, HU55, HU56, HU61, HU59, HU58, AT35, AT36, AT41, AV11, AV15, AY, AR, AA, CA(2), CN, CU(2), GU, HA, KO, ME, MU, NR(2), OR(5), VY(2), YA(2)
HT05	13(4)	HU37, HU38, HU39, HU49, ML(2), OR, SO(9)YA
HT06	28(10)	HU54, AR(3), AA, AS, GI(2), HB, HO, LU, RH(2), SO(15), TV
HT07	EGYEDI	
HT08	3(3)	AR, CA, FR
HT09	27(17)	AH05, HU03, HU04, HU06, HU71, AS, CC(2), CA, CN, AD, GA, HB(2), IP, IT(2), LO, LU, MO(4), MU(2), ES, RH, TB
HT10	9(8)	HU15, HU22, HU25, HU27, HU28, HU31, HU34, CH(2), CN, CU, IK, LU, RH, SC, TB
HT11	39(22)	HU32, HU41, HU44, HU47, AV08, AV09, AV17, AT23, AT43, AH06, AH07, AK, AR(3), BE(2), CL(3), CU, GA, GN, HA, IP, IK(4), KA(2), ML, ME(2), MO, MU(3), NO(2), NR, OR, RO, SC(2)
HT12	49(25)	HU17, HU40, HU43, HU57, AV12, AV13, AV16, ANC1314, AD, AK, AC, AS(4), CC(8), CR(2), CN(2), CU, AD, FR, FU(2), GA(2), GU, HB, KA(2), LO, LU(3), ML(4), MR, OR, PP, PO, ES, ES(2), TB
HT13	45(18)	HU30, HU51, HU62, HU60, AV02, AR, AB, AA, CU, HA(2), HB(2), IK(2), KA(5), LU, ML, MO(5), MU(5), NR(3), PO, ES, RH(4), SC(3), TB(6)
HT14	47(26)	HU33, HU69, AV14, ACPP2, AK, AN(2), AR, AS, BA, BE(2), CL(2), CN, CU, DU(6), EA(2), ES(2), FR, FU, GA, GU(2), HB(2), LU, MR, MU(3)RH, SR(2), TB(3), TR, VY, YA(3)
HT15	17(8)	HU01, HU05, HU08, HU09, H10, HU12, AV10, AR(4), AB, AA, CH(3), ML, MO, VY
HT16	8(5)	HU36, HU35, AT39, AT21, AS(2), CU, GU
HT17	3(3)	AR, RH, YA
HT18	5(3)	AR(3)ML, RO

15. táblázat. A vizsgálatba bevont hucul mintákkal egyező haplotípust mutató fajták.
A rövidítések értelmezése a 11. táblázat szerint. HT a hucul haplotípusokat, HU a hucul egyedek kódját jelöli.



7. ábra. Az avar, a honfoglalás kori, az akhal teke és a hucul lovakban azonosított haplotípusok egymáshoz való viszonya kördiagrammos megjelenítésben.

IV.6. Populációgenetikai analízis

IV.6.1. Páronkénti genetikai távolság számítása

A genetikai távolság számításába 721, 28 különböző fajtába sorolható mintát vontunk be (16. táblázat). Mivel a variancia a csoportokon belül sokkal nagyobb, mint a csoportok között, így sok esetben a kapott távolság nem szignifikáns ($P > 0,05$).

A távolság-mátrix alapján az általunk vizsgált avar populáció negatív F_{st} értéket mutat a kazahsztáni szkíta mintákkal, a barb, az ibériai connemara és a dél-török cukorova fajtával. Szignifikáns genetikai távolságot mutat az akhal teke, honfoglalás kori, arab, cheyu, archaikus kínai, ír kerry, mesenskaya, orlov, senner, és a dél-ibériai csoporttal. A felsoroltak közül egyikkel sem mutatott alacsony ($F_{st} < 0,01$) értéket. Genetikailag legközelebb a vyatskaya ($F_{st} = 0,005$) ló áll, de a távolság nem szignifikáns ($P = 0,316$). Az avar és a honfoglalás kori lovak között jelentős genetikai távolság tapasztalható ($F_{st} = 0,117$; $P = 0,006$), valamint az akhal teke lovakkal is igen nagy

távolságot észlelhetünk ($F_{st} = 0,090$; $P = 0,004$). Legnagyobb távolságra az archaikus kínai mintacsoport áll tőlük ($F_{st} = 0,202$; $P = 0,002$).

A honfoglalás kori lovakkal negatív F_{st} értéket mutatott a hucul, a norvég fjord, és a tuva lófajta. Szignifikáns genetikai távolságot mutat az avar, kazah akhal teke, barb, connemara, cukorova, hispan breton, ír kerry, észak- és dél-ibériai, rhineland heavy draft, senner, shetland, angol telivér, vyatskaya és jakut lovakkal. A felsoroltak közül egyikkel sem mutat kis genetikai távolságot. Legkisebb távolságra az akhal teke lovak ($F_{st} = 0,002$) állnak, a távolság azonban velük nem szignifikáns ($P = 0,390$). Legnagyobb távolságra az angol telivér áll tőlük ($F_{st} = 0,208$; $P = 0,000$). Az avar mintákkal mutatott nagy távolságot már fentebb részleteztük.

Az akhal teke lovak és a hucul, a tuva valamint a norvég fjord lovak között negatív F_{st} értéket kaptunk. Szignifikáns genetikai távolságot mutat az avar, kazah akhal teke, barb, connemara, hispan breton, mongol, észak- és dél-ibériai, rhineland heavy draft, senner, shetland, angol telivér, vyatskaya és jakut lovakkal. Ezek közül azonban egyikkel sem mutat kis ($F_{st} < 0,01$) genetikai távolságot. Legkisebb távolságot a mongol házilóval tapasztalhatunk ($F_{st} = 0,036$). Az akhal teke lovaink meglepő módon jelentős távolságra helyezkednek el a kazah akhal teke lovaktól ($F_{st} = 0,076$; $P = 0,011$). Az avar lovakkal szintén jelentős távolságot tapasztalhatunk ($F_{st} = 0,090$; $P = 0,004$). Legnagyobb távolságra tőlük az angol telivér áll ($F_{st} = 0,144$; $P = 0,000$).

A hucul lovak esetében a genetikai távolság számítása problematikus. A genetikai távolság meghatározásában az előforduló haplotípusok gyakorisága fontos paraméter. Egy olyan fajta esetében, amelynek létszáma alig 2000, és a fennmaradását csakis a tenyésztési programoknak köszönheti, az egyes haplotípusok gyakorisága annak függvénye, hogy az azt hordozó kancákat milyen mértékben vonták be a tenyésztésbe. Ezért a 22 kancacsaládot a fajtát alapító kancavonalakként értelmeztük. Ezen adatok alapján csak néhány olyan csoport van, amelyeknél a kapott távolság szignifikáns (barb, ír kerry, észak-ibériai, senner és az angol telivér), és ezek mindegyike nagy távolságot mutat a hucul lovakkal ($0,046 < F_{st} < 0,595$), legnagyobb távolságra tőlük is az angol telivér áll. Negatív F_{st} értéket mutatnak az alábbi fajtákkal: akhal teke, honfoglalás kori, kazahsztáni szkíta, arab, mongol háziló, norvég fjord és tuva.

	HU	AT	AH	AV
HU		-0,002 (0,470)	-0,011 (0,614)	0,032 (0,104)
AT	-0,002 (0,470)		0,002 (0,390)	0,090 (0,004)
AH	-0,011 (0,614)	0,002 (0,390)		0,117 (0,006)
AV	0,032 (0,104)	0,090 (0,004)	0,117 (0,006)	
KA	0,049 (0,052)	0,076 (0,011)	0,125 (0,004)	0,032 (0,151)
AK	-0,021 (0,614)	0,032 (0,189)	0,058 (0,084)	-0,048 (0,757)
AR	-0,003 (0,522)	0,025 (0,063)	0,015 (0,175)	0,108 (0,000)
BA	0,066 (0,035)	0,107 (0,008)	0,161 (0,002)	-0,002 (0,355)
CA	0,036 (0,146)	0,040 (0,092)	0,083 (0,027)	0,049 (0,106)
CH	0,003 (0,368)	0,012 (0,215)	0,033 (0,093)	0,118 (0,001)
CN	0,038 (0,131)	0,051 (0,080)	0,041 (0,151)	0,202 (0,002)
CO	0,056 (0,099)	0,114 (0,007)	0,154 (0,002)	-0,029 (0,679)
CU	0,016 (0,237)	0,061 (0,033)	0,075 (0,050)	-0,021 (0,600)
HB	0,017 (0,126)	0,051 (0,007)	0,073 (0,007)	0,023 (0,111)
IK	0,053 (0,007)	0,022 (0,103)	0,082 (0,005)	0,062 (0,025)
ME	0,018 (0,182)	0,024 (0,132)	0,064 (0,037)	0,088 (0,019)
MO	-0,007 (0,548)	0,036 (0,043)	0,042 (0,065)	0,020 (0,188)
NI	0,046 (0,037)	0,105 (0,000)	0,123 (0,005)	0,010 (0,215)
NO	-0,020 (0,723)	-0,019 (0,670)	-0,005 (0,457)	0,049 (0,116)
OR	0,019 (0,190)	0,012 (0,274)	0,020 (0,205)	0,099 (0,021)
RH	0,025 (0,145)	0,055 (0,025)	0,091 (0,006)	0,025 (0,178)
SE	0,595 (0,000)	0,606 (0,000)	0,616 (0,000)	0,656 (0,000)
SP	0,039 (0,068)	0,064 (0,018)	0,089 (0,008)	0,018 (0,224)
SI	0,022 (0,097)	0,069 (0,007)	0,074 (0,013)	0,060 (0,017)
TB	0,123 (0,000)	0,144 (0,000)	0,208 (0,000)	0,041 (0,089)
TV	-0,041 (0,963)	0,001 (0,385)	-0,009 (0,571)	-0,005 (0,327)
VY	0,027 (0,147)	0,080 (0,013)	0,076 (0,027)	0,005 (0,316)
YA	0,009 (0,273)	0,066 (0,013)	0,097 (0,007)	0,042 (0,110)

16. táblázat. Az általunk feldolgozott mintacsoportok Fst-értékei a többi populációval összehasonlítva. HU: hucul, AT: akhal teke, AH: honfoglalás kori, AV: avar. A zárójelben az Fst értékekhez tartozó P értékek, vagyis a szignifikancia szintje olvasható. A további rövidítések a következőket jelentik: KA – kazah akhal teke; AK – kazahsztáni szkita; AR – arab; BA – barb; CA – kaszpi; CH – cheyu; CN – archaikus kínai; CO – connemara; CU – cukorova; HB – hispan breton; IK – ír kerry; ME – mesenskay; MO – mongolian; NI – észak ibériai; NO – norvég fjord; OR – orlov; RH – rhineland heavy draft; SE – senner; SI – dél ibériai; SP – shetland póni; TB – angol telivér; TV – tuva; VY – vyatskaya; YA – jakut.

IV.6.2. Amova analízis

A molekuláris variancia analízissel felderíthetjük a vizsgált csoportjaink genetikai struktúráltóságát. Az avar, a honfoglalás kori, az akhal teke és a hucul lovak csoportját elemezve a genetikai variancia 96,52%-a a populációkon belüli varianciára vezethető vissza. A fixációs index (F_{st}) 0,03478 ($P = 0,02639$), tehát a 4 csoport szignifikánsan elkülönül egymástól és a genetikai differenciálódás a csoportok között igen alacsony.

IV.6.3. Haplotípus-alapú hálózat analízis

Mivel a háziló fajtákon belüli variabilitása nagyon magas, nem különülnek el élesen az egyes fajták. A gyakori visszakereszteződések miatt az egyes lófajták kialakulásának története különbözik a természeti populációk kialakulásának folyamatától, ezért a filogenetikai modellek kritikával alkalmazhatók. Így a továbbiakban a vizsgált szekvenciákat nem csoportosítottuk fajtákba, hanem a bennük megtalálható egyedi haplotípusokkal dolgoztunk tovább.

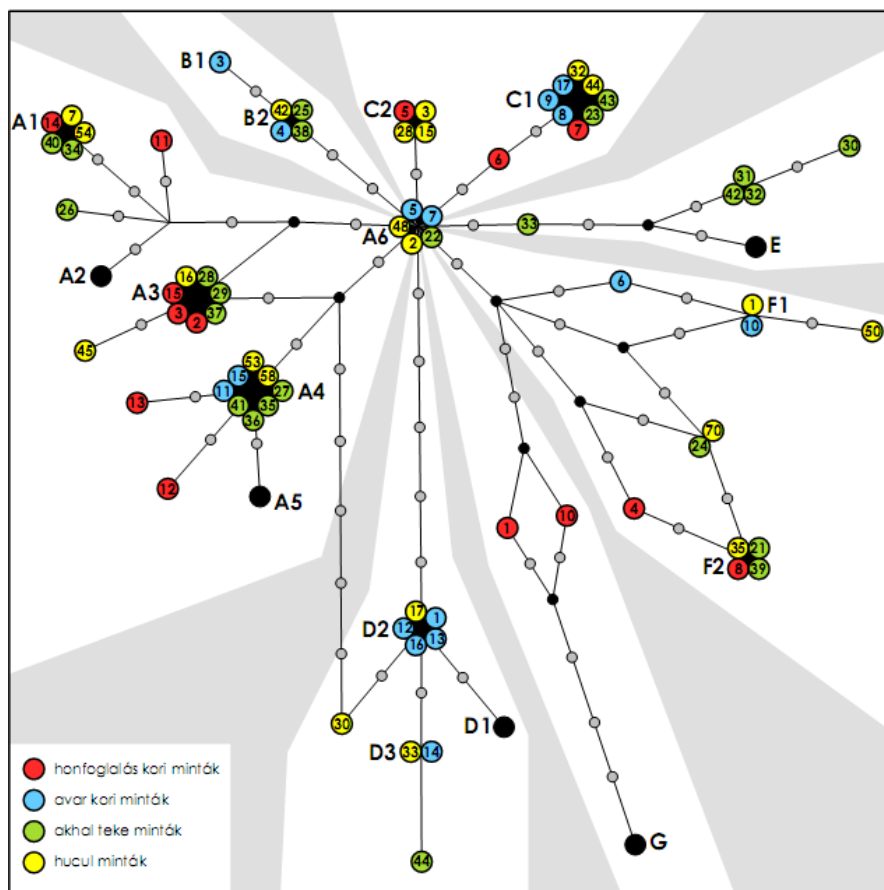
A kapott anyai vonalak közötti rokonsági viszonyok felderítésére hálózat analízist végeztünk a Network 4.5 program Reduced Median Joining algoritmusával segítségével (8. ábra). A hálózat csillag-szerű elágazódást mutat, tartalmaz azonban filogenetikai négyzeteket is, amelyek paralell mutációkat jelölnek. A vizsgált csoportok anyai eredetüket tekintve igen változatosak. Egyik vizsgált csoport sem mutatott határozott elkülönülést.

A 17 avar szekvencia közül 6 a D kládban helyezkedik el, a honfoglalás kori minták fele, valamint az akhal teke mintáknak több mint fele az A kládban található. Amellett, hogy mindkét csoport tagjai elszórtan helyezkednek el a hálózatban, az avar és a honfoglalás kori minták elhelyezkedése között jelentős eltérés figyelhető meg. Az avar lovak több mint fele a B és D vonalakon helyezkednek el. Ezzel szemben a honfoglalás kori minták egyike sem tartózkodik ezeken a vonalakon. Ezzel szemben az A haplocsoporthoz tartozó vonalakon a honfoglalók fele lokalizálódik. Az avar és honfoglalás kori minták elhelyezkedése ellentétes jellegű a hálózaton, csak a C1 haplocsoport közös a két mintacsoportban.

A honfoglalás kori minták, annak ellenére, hogy kiemelkedően magas haplotípus diverzitás figyelhető meg, mindössze 4 főágon oszlanak el (A, C, F, G). Egy részük az akhal teke lovakkal mutatnak közös elterjedési mintázatot. Ez több esetben nem konkrét haplotípus egyezést jelent, hanem közeli rokon haplotípusokat, mint amilyenek az AH11 honfoglalás kori ló és a AT26 akhal teke ló szekvenciamotívuma, mindkettő egyedi. Továbbá az F2 kládban elhelyezkedő AH04 honfoglalás kori minta, mely szintén egyedi motívummal rendelkezik és az AT24 akhal teke és AH08-as mintákkal együtt lokalizálódik, valamint az AT21 és AT39-es akhal teke mintáktól két nukleotidban tér el a hálózatban. Mellettük az AH12 és AH13-as honfoglalás kori minták, melyek mindketten sajátos, más lóban nem leírt szekvenciával rendelkeznek, közvetlen szomszédságban állnak az AT27, AT35, AT36 és AT41-es akhal teke mintákkal, valamint az AV11 és AV15-ös avar minták is az említett akhal teke mintákkal közös haplotípust mutatnak.

Az akhal teke minták a G haplocsoportot leszámítva mindegyik főágon megtalálhatók, de legnagyobb számban az A ágon fordulnak elő. Szembetűnő az E haplocsoport, ahol csak ez a fajta képviselteti magát, mégpedig öt mintával. Ezek három különböző haplotípusba tartoznak, melyek közül az egyik egyedi, a másik csak egy koreai és egy shetland póniban fordult elő, a harmadik haplotípus pedig az általunk vizsgált (türkmén és orosz) akhal tekéken kívül egy kazah akhal tekében, egy barb, és két angol telivér lóban fordult elő.

A hucul lovakban megfigyelhető 18 haplotípus közül hét esetében figyelhető meg egyezés az avar szekvenciákkal, négy esetben a honfoglalás kori szekvenciákkal, és négy esetben az akhal teke mintákkal. Közülük a HT16 haplotípus bizonyult kevésbé elterjedtnek, a AT21 és AT39 akhal teke mintákon felül csak három fajtában (ibériai asturcon, dél-török cukorova, kínai guan-mountain) azonosítottuk. A hucul lovakban szintén változatos anyai vonalakat találunk. A minták főként az A, C, D és F vonalakra helyezkednek el.



8. ábra. Az általunk feldolgozott mintákban megfigyelt haplotípusokból rajzolt Reduced Median Joining haplotípus hálózat. A szürke körök a szekvenciák között lévő mutációk számát jelölik.

V. Eredmények megvitatása

A Kárpát-medencében élő avar és honfoglaló magyar népesség rokonságának lehetősége máig vitatott kérdés a történelemtudományban. A Kárpát-medence bőséges régészeti állattani csontanyaga felvetette a lehetőségét, hogy ezt a kérdést a két nép lóállományának archaeogenetikai elemzése által közelíthessük meg. A két népcsoport lóállományának mtDNS alapú összehasonlító elemzését végeztük el. A lovaikra esett választásunk három alapvető okra vezethető vissza. Először is az etnikai változások mindig ott hagyják lábnyomukat a kultúrában és a genetikai állományban, és ugyanez vonatkozik az állatállományra is. Tehát egy esetleges népességváltást egy független paraméterrel, a lóállománnyal is vizsgálhatunk. Továbbá az erre a fajra tervezett specifikus DNS markerek használatával kiküszöbölhető a külső DNS szennyezés, amely az archaikus DNS vizsgálatokat rendkívül megnehezíti. Végül az sem elhanyagolható szempont, hogy mindkét népcsoport szellemi kultúrájában kiemelkedő szerepet játszott a ló, mely a sírjukba is követte a gazdáját.

Munkánk egyik célja az volt, hogy az avar korinál idősebb minták, valamint további állatfajok hasonló korú leleteit vizsgálva igyekezzünk felmérni, vajon a használt módszer alkalmas-e a fent megfogalmazott tervünk kivitelezésére. Ezért vaskori (Kr. e. 6. század) lófogakból, késő-neolitikum (Kr. e. 4800) őstulok állkapocscsontból, továbbá a magyar honfoglalás korából származó szarvasmarhafogakból és juhcsontokból is megpróbáltunk DNS-t kinyerni és egy-egy származástani fontos szekvenciát leolvasni. Ezt követően a Kárpát-medence avar és honfoglalás kori (6.-10. századi) lóállományának genetikai diverzitását kívántuk tanulmányozni, valamint az avar és a honfoglalás kori lovak egymáshoz való viszonyából, és más, ma élő lófajtákkal való kapcsolatukból pedig az avarok és a honfoglaló magyarok történetének megértését igyekeztünk segíteni. Munkánk további célja az előzőekkel szervesen összefügg. A Kárpát-medence koraközépkori lovainak vizsgálata egy nagyon értékes, ám veszélyeztetett fajtára hívta fel a figyelmünket, mely feltételezett rokonságot mutat a honfoglaló magyarok lovaival. Így ennek a génmegőrzési támogatásban részesített, veszélyeztetett fajtának a genetikai diverzitását is felmértük.

A Polgár-Csőszhalom lelőhelyről származó késő-neolitikumi őstulok DNS-éből sikeresen leolvasott nukleotid-sorrendet eddig csak a szarvasmarhák már kihalt ősében mutatták ki, így bizonyosan az endogén DNS-t sikerült kimutatnunk (Priskin 2007). A

szakirodalomban addig mindössze két őstulok szekvencia volt ismert, melyek 12 ezer éves angliai állatokból származnak. Összehasonlítottuk a szekvenciát a másik két közölt adattal, és a vizsgálatunk tárgyát képező neolit, valamint az egyik paleolit minta közt 100%-os azonosságot tapasztaltunk, a másik lelettel pedig csak egy nukleotidban tért el a kapott szekvenciánk. Ez az egyezés magában rejti egy széles földrajzi és időbeli intervallumban genetikailag egységes őstulok-populáció létezését Európában. Az irodalomban megjelent további közlemények is ezt igazolták (Edwards 2007; Stock 2009). Polgár-Csőszhalom lelőhelyen a kisebb méretű szarvasmarha csontok, valamint a robosztus őstulok csontok mellett köztes méretűek is találhatóak, amelyek az őstulok helyi, kezdetleges házasítását jelenthetik (Bartosiewicz 2006). Az itt házasított állatok azonban nem hagytak nyomot a szarvasmarha génállományában, hiszen sem az általunk vizsgált honfoglalás kori, sem a jelenkori szarvasmarhák közt nem mutatható ki az őstulokra jellemző haplotípus.

A vaskori szkíta lovakból származó fogak mindegyikéből sikerült kimutatnunk a két átfedő szakasz közül a rövidebb darabot, ez azonban nem elegendő a haplotipizáláshoz. A teljes szakaszt viszont csak két mintából sikerült értékelhető formában kinyernünk. A két minta a C2, illetve a D2 haplocsoportba tartozik. A C2 haplocsoport az eddigi szakirodalmi adatok alapján nem rendelkezik földrajzi, vagy fajtaspecificitással, nagyjából ugyanakkora gyakorisággal fordul elő az ázsiai, mint az európai fajták között (McGahern 2006). Az utóbbi, D2 haplocsoportot mutató szekvencia megtalálható az AV02 avar mintában is, de további 19 fajtában is előfordul. Ez a haplocsoport az európai fajtákban szignifikánsan nagyobb arányban fordul elő, mint az ázsiai fajtákban (McGahern 2006). A 13 szkíta korú pazyryk lóban, melyek egy Kr. e. 6. századi kazahsztáni feltárásból származnak, tehát a fenti szkíta mintákkal egyező korúak, szintén megfigyelhető a C és a D haplocsoport, három - három mintával képviselve, de egyikük haplotípusa sem egyezik a magyarországi leletekével.

A két honfoglalás kori szarvasmarhából sikeresen kimutattuk a két átfedő, 157 és 175 bázispáros DNS szakaszt. Mindkét állat európai anyai vonalat képviselt. A karosi minta szekvenciája megegyezett az Európában leggyakoribb T3 haplotípussal, míg az algyői mintában két polimorfizmust találtunk, azonban ez is a T3, vagyis az európai kládhoz sorolható. Ez a motívum egyedinek bizonyult. A T3 haplocsoport haplotípusai előfordulnak a Közel-Keleten is, a szakirodalom szerint az európai szarvasmarhák szinte kivétel nélkül ebbe a haplocsoportba tartoznak (Troy 2002).

Az avar és a honfoglalás kor régészeti leletanyaga, és annak morfológiai feldolgozottsága igen mélyreható. Ezek a bonyolult összetételű népeiségek meghatározóak voltak a Kárpát-medence története szempontjából.

Összesen 14 honfoglalás kori, és 17 avar kori ló mitokondriális DNS mintázatát dolgoztunk fel. A 31 szekvencia 23 egyedi haplotípust tartalmaz, melyekben összesen 24 variábilis pozíció azonosítható.

Az avar lovak korban nem alkotnak kronológiailag olyan homogén csoportot, mint a honfoglalás kori lovak. Hiszen az avar minták között egyaránt található a korai (6-7. század) és a késő avar korból (8-9. század) származó lelet (1. táblázat). A genetikai diverzitás mégis alacsonyabb, mint a honfoglalók esetében, ahol valamennyi minta 9. századi, klasszikus honfoglaló leletanyaggal rendelkezik. A 17 avar szekvencia 11 haplotípusra oszlik. A haplotípusok közt nem fordul elő egyedi szekvencia. A legkisebb genetikai távolságra a vyatskaya fajtát találjuk, azonban a kapott érték nem szignifikáns. A honfoglalás kori és az akhal teke lovaktól jelentős távolságra helyezkednek el. A haplotípus hálózat az avar, és a honfoglalás kori populáció határozott elkülönülését mutatja, melyet a két csoport között észlelhető genetikai távolság is alátámaszt. Az avarok és a honfoglaló magyarok lovai között leírt fenotípusban megfigyelt morfológiai különbség ez által genetikailag is megerősíthető. Az avar és az akhal teke lovak között négy, az avar és hucul lovak között pedig hét közös haplotípus azonosítható. Ez a hét közös haplotípus felveti az avar és a hucul lovak közti genetikai kapcsolat lehetőségét.

A honfoglalás kori lovakat tekintve elsőként a nagyon jelentős genetikai diverzitás tűnik fel az adatsorból. Ez egybevág a koponyamorfológiai változatossággal, amelynek azonban ezek szerint nem egyszerűen a vegyes korösszetétel vagy ivari kétfalakúság az alapja (Bartosiewicz 2006). A jelentős diverzitás nagy létszámú állományt valószínűsít. Ez egybeesik a korabeli feljegyzésekkel, melyek szintén kiterjedt ménesekről szólnak (Révész 1999). A 14 szekvencia 12 haplotípusba sorolható. Ezen motívumok közt pedig 5 olyan szekvencia található, melyek teljesen egyediek, és nem mutatnak egyezést az adatbázis egy szekvenciájával sem. Mivel több olyan haplotípus is van, amelyik más fajtákban nem lelhető fel, csak a honfoglaló lovakra jellemző, az egyedi szekvenciák ilyen nagy száma arra utalhat, hogy a közeli genetikai rokonságban álló fajták nincsenek a szekvencia adatbázisban képviselve. A nagy haplotípus diverzitás ellenére csak négy haplocsoport van jelen, ráadásul a négy közül az egyik a G haplocsoport, amely meglehetősen ritka. A B, D és E haplocsoportok egyáltalán nem jelennek meg a

szekvenciák között. A B haplocsoport jelentős arányban az arab fajtában jelenik meg. A D és E haplocsoportok kifejezetten európai eredetűek, és jobbra európai elterjedésűek (Jansen, 2002). A honfoglaló minták által alkotott csoport legkisebb genetikai távolságra az akhal teke lovaktól található. Ezt alátámasztja, hogy a haplotípus hálózatban a két mintacsoport egyedei gyakran közös, vagy szomszédos lokalizációt mutatnak. Szem előtt kell tartani azonban, hogy az említett genetikai távolság szignifikancia értéke (P) túl magas volt ahhoz, hogy azt elfogadhassuk. A honfoglalás kori haplotípusok közül kettő a G haplocsoportba sorolható, mely igen ritka. A két szekvencia közül az egyik egyedi, a másikat egy kazahsztáni akhal teke lóban, egy arab, és négy ibériai (andalúz, lusitano, spanyol pura raza) lóban azonosítottuk. A két ló, amely a G haplocsoportba sorolható, igen hasonló jellegű és morfológiailag is elkülönül a többi honfoglalás kori lótól. Az AH01-es minta magas, középkarcsú csontozatú, marmagassága 150,0 cm-re becsülhető. Ez az egyed a honfoglalás kori leletanyagban található legmagasabb ló. Az AH10-es ló 142,2 cm marmagasságú, nagyközepes, középkarcsú csontozatú ló. A G haplocsoport nagyon ritka, 3 % alatti, de európai és ázsiai fajtákban is előfordul (McGahern 2005).

A lóminták hét különböző temetkezési helyről kerültek elő, melyek között dunántúli, duna-tisza közí és tiszántúli ásatások egyaránt szerepelnek. A sírok jellemzően honfoglaló magyar leletanyaggal ellátott, gazdag, lovas temetkezések, tehát a katonai illetve a vezető réteg köréből kerültek ki. Ez azt jelenti, hogy a honfoglalás kori lovak egy bizonyos réteg által használt körét teszteltük a módszerünkkel. Valószínűsíthető, hogy a köznép nem ugyanazt a lófajtát használta, mint a vezetők. Az akhal tekét az évezredek során mindig harcászati célokra használták, ami kiemelkedő fizikai teljesítményének, és ragaszkodó, hűséges természetének köszönhető (Edwards 1991). Türkmenisztánban és Kazahsztánban ma is kiváltságnak számít a tartása, ami által sokkal inkább „tisztihátasként”, és a felderítők, valamint a testőrség lovaként képzelhető el (Tompá 2009). A magyarok, vándorlásuk során az állományuk feljavítására, vagy a vezető réteg ellátására zsákmányolhattak lovakat az akkoriban nagyra tartott és közkedvelt turáni lovakból, az akhal teke korabeli megfelelőjéből (Szontagh 2005).

Az akhal teke fajta nagy genetikai variabilitást mutat. A 24 minta 14 haplotípust határoz meg, a genetikai diverzitás 0,945. A lovakban megfigyelhető szekvenciák a G haplocsoportot kivéve mindegyik kládban előfordulnak, legnagyobb arányban az A haplocsoport, valamint az E és az F haplocsoportok vannak képviseltetve. A haplotípus hálózatban tehát nem alkotnak elkülönült kládot az egyedek. A szekvenciák között kettő

esetben fordul elő egyedi haplotípus. Ha összeadjuk, hogy az egyes haplotípusok hány további fajtában lelhetők fel, és ezt elosztjuk az adott mintacsoport egyedeinek számával, kiderül, mennyi az egy mintára eső egyező haplotípusok száma. Ez az érték a négy vizsgált csoporton belül az akhal teke esetében a legkisebb. Bár teljes szekvencia egyezés az avar lovakkal négy esetben, a honfoglalókkal csak két esetben fordul elő, a honfoglaló és az akhal teke lovak között sok közeli rokon szekvencia van. A népvándorlás során a magyar törzsek az egykori iráni és török lovas nomádok szokásos útvonalán vándoroltak Ázsiából Nyugat-Szibéria, a Kaszpi-vidék száraz sztyeppéiről Európába, így volt alkalmuk megismerni az itt tenyésztett turáni lovat, melynek mai leszármazottja az akhal teke (Hecker 1955).

A hucul lovak esetében önkényesen az egyes kancacsaládokat értelmeztük alapító kancákként. Mindenképpen örvendetes, hogy egy ilyen visszaszorult, kis létszámú fajta, mely már többször elszenvedte a palacknyak-hatást, anyai vonalaiban jelentős diverzitást mutat. A 18 hucul haplotípus közül egy teljesen egyedi mintázatot mutat. A hucul haplotípusok nagy számban fordulnak elő a többi vizsgált csoportban. Az avar lovakkal hét esetben fordul elő egyező haplotípus. De a honfoglaló és az akhal teke lovakkal is kettő, illetve négy esetben találunk közös haplotípusokat. Ezek a mintázatok további 4-26 fajtában is előfordulnak. A honfoglalás kori, avar és akhal teke lovakkal mutatott genetikai távolság értéke egyik esetben sem szignifikáns. Az adatok nem támasztják alá a honfoglalás kori lovaknak a hucul lovakkal feltételezett rokonságát, a nagyszámú haplotípus egyezés inkább az avar lovakkal való rokonságot veti fel.

A vizsgálatunkba bevont 22 kancacsalád az európai hucul állomány 4/5-ét jelenti. Azzal, hogy az egyes anyai vonalak tipizálása megtörtént, értékes adalékot nyújthatunk a tenyésztésnek. Hiszen amellett, hogy valamennyi kancacsalád értékes, vannak olyan vonalak, amelyek nagy valószínűséggel a fajta egy eredeti típusát képviselik, és fenntartásuk, tenyésztésbe való bevonásuk különösen fontos. Ilyen, a hucul ló egyediségét mutató vonal lehet a HT07 haplotípust hordozó *Plosca* család, amely teljesen egyedi anyai vonalat hordoz. Továbbá a *Volga* illetve a *4 Kitka* család, amelyeknek haplotípusa megtalálható egy avar mintában, valamint egy kazahsztáni szkíta lóban is. A HT08-as haplotípus szintén értékes vonalat képviselhet, mely motívumot csak egy arab, egy kaszpi és egy fríz lóban találtuk meg. Ez a haplotípus egy, az *1 Panca* családba és egy a *17 Aglalia* családba tartozó lóban volt azonosítható. A két ló családfája a méneskönyvben 1906-ig (a HU19 esetében), illetve 1917-ig (a HU42 esetében) vissza van vezetve eredeti

hucul kancára, melyek azonban különbözőek, a mtDNS haplotípusuk azonban egyező. A feldolgozásra került hucul lovak között szerepel még további három, az *1 Panca* családba tartozó ló is (HU22, HU10, HU12). Ezek azonban a mtDNS alapján a HU22 esetében a *11 Rotunda*, a HU10 és HU12 esetében pedig az *Árvácska* kancacsaládba sorolódtak be. Így tehát a HT08-as haplotípus az *1 Panca* családot jelezheti helyesen, és a HU42-es lónak a *17 Aglalia* családba való besorolása hibás lehet. A HT16 haplotípus, mely a *Srocza* családot képviseli, mindössze négy fajtában lelhető fel, köztük az általunk feldolgozott akhal tekében, tehát ez is egy nem túlságosan elterjedt, értékes vonalat jelenthet. Továbbá a HT17-es haplotípus, mely a Polónia családot képviseli, csak három egyedben volt fellelhető az adatbázisban (arab, Rhineland és yakut). Végül a *3 Tatarca* család, melyet vizsgálatunkban a HU70-es minta képvisel, csak három fajtában volt megtalálható (arab, mallorquina és rottaler). A *Tatarca* vonalat alapító kanca az irodalom szerint kiemelkedően jó fajtajellegekkel bírt (Mihók 2004), tehát egy ritka és értékes típust képvisel.

A hucul lovak vizsgálatánál fény derült számos, a méneskönyvi regisztrációban ejtett hibára is. Ez nem meglepő egy olyan fajta esetében, ahol a két világháború helyrehozhatatlan csapásokat mért a lóállományra, és az 50-es években, számos esetben magántulajdonosoktól történő visszavásárlások révén lehetett az állami ménest felállítani.

A fenti eredmények azt mutatják, hogy a lovak esetében a mitokondriális haplotipizálás értékes információkat rejt egyes populációk közti kapcsolatok tisztázására, de igen feltételes következtetéseket lehet levonni a populációk, vagy a fajták eredetére nézve. Ennek hátterében a lovak irányított tenyésztési gyakorlata áll. Az ember évezredekkel ezelőtt eljutott arra az empirikus felismerésre, hogy a lovak szabályozott párosításával befolyásolni tudja a születő csikók adottságait. A beduin törzsek által tenyésztett arab, az akhal teke, vagy a mongol háziló már több száz, vagy akár ezer éve szabályozott tenyésztés alatt áll. A lótenyésztés kezdeti stádiumában persze más irányelvek érvényesültek, mint a későbbiekben, a tenyésztői igények, sőt divatok, folyamatosan változhattak. Az arab, akhal teke, vagy a mongol háziló esetében az élőhely adottságainak leginkább megfelelő jellegek erősítése volt a cél. Tehát a populáción belül a legerősebb fajtajelleget mutató egyedek tenyésztésbe vonásával valószínűleg a helyi viszonyokhoz egyre jobban alkalmazkodó egyedeket érhetek el. Így jött létre a sivatagi élethez, szárazsághoz, és nagy távolságok gyors megtételéhez leginkább szokott arab, vagy az akhal teke fajta. A tenyésztési praktikák fejlődésével, valamint az emberi

populációk mozgásával a lovaik keveredése is együtt járt, hiszen a ló házasításának lényege éppen az emberi mobilitás addig elképzelhetetlen megnövekedése volt. Így jöttek létre olyan fajták, melyek már különböző szaporodásközösségekből származó lovak keveredésével alakultak ki. Ez más haszonállatokhoz képest jelentősen elősegítette a magas haplotípus diverzitást az egyes fajtákban. Emiatt azonban egy archaikus fajta összehasonlítása ma élő fajtákkal számos problémába ütközik. A populációgenetikai modellek alkalmazásának további problémája abban áll, hogy a modellek akkor használhatók nagyobb biztonsággal, ha az összehasonlításra kerülő populációk között nagyobb a variancia, mint a populációkon belül. Azonban ez a feltétel a háziló fajták kialakulási története következtében nem mindig valósulhat meg. A fajták ugyanis nem a természeti populációk kialakulási mintázata szerint alakultak ki, nem hasonlíthatók az emberi populációk elterjedéséhez.

A két archaikus csoport közti genetikai távolság konkrét származástani különbséget jelez az avarok és a honfoglaló magyarok lovai között. A honfoglalás előtt a Kárpát-medence lakossága részben szlávokból állt, emellett jelen voltak még többek közt avarok, bolgárok, szarmaták, keleti frankok, illetve germán törzsek. A szlávok földművelők és állattenyésztők voltak, ismerték az ekés gazdálkodást (Borosy 1985). Az Avar Birodalom először egyesítette politikailag a Kárpát-medencét annak ismert története során, de feltehetőleg sokban hasznosította az itt talált korábbi infrastruktúrát, vívmányokat. Tekintve, hogy az avar honfoglalás, az anthropometriai eredmények alapján, hatását tekintve nagyon radikális volt (Holló 2008), lehetséges, hogy ez az agresszíven terjeszkedő nép az itt élő népek európai típusú lovait is használatba vette. Ily módon elképzelhető, hogy az avarok és a magyarok lovai között tapasztalt eltérés arra vezethető vissza, hogy az avarok által használt helyi lovakat hasonlítottuk össze a magyarok keleti eredetű lovaival.

Az a megfigyelés, hogy az avar és honfoglalás kori lovak hasonlósága az említett keveredés ellenére is csekély, nem támasztja alá a kettős honfoglalás által sugallt avar-magyar kontinuitás elméletét, legalábbis a lótarás terén. Hiszen, ha az avarok továbbéltek volna a magyar népességben, nem csak stílust, de gazdaságot is kellett volna váltaniuk. Emellett nem támogatja az avar és a honfoglaló népesség rokonságát sem, hiszen ha az avarok ugyanannak a népnek a később idekerült tagjai lennének, mint a késő avarok, akkor a lóállományok között nagyobb genetikai hasonlóságot kéne tapasztalnunk.

Ez a tanulmány, mivel a régészettel határos, számolhat néhány olyan jellegű problémával, amely ehhez a tudományághoz köthető. A múlt nem azonos azzal, ami megmaradt belőle, vagyis, ami a vizsgálat tárgyát képezheti, már soklépcsős „szelekción” átesett mintacsoport. Az előkerült minták ugyanis csak töredékei a korabeli állományoknak. Ebben az esetben, bár az avarok és magyarok lovait szerették volna megismerni, csak azt láthatjuk, hogy a régészeti feltárt sírokba milyen lovakat temettek. Valószínű azonban, hogy egy katonai ló, és egy málhás ló nem ugyanolyan szakrális jelentőségű volt. A különböző társadalmi rétegek más-más típusú lovakat helyezhettek a sírba. Maga a tény, hogy a mintául szolgáló leletek lovas temetkezésekből kerültek elő, meghatároz egy társadalmi kört. Ezen belül is lehetnek azonban különbségek, minthogy a honfoglaló magyarok a nők és egyes rangos személyek mellé helyeztek kancákat, a férfiak mellé csak mének kerülhettek (Vörös 1997).

Arra következtethetünk, hogy önmagában a mitokondriális kontroll régió vizsgálata nem elegendő, és további markerekre is szükség van a lovak esetében a fajták elkülönítéséhez. Mivel túl nagy a variancia egyetlen populáción belül is, a jelenlegi populációgenetikai modellek algoritmusai nem alkalmasak ennek feloldására. Az embercsont-leletek haplotipizálásához hasonlóan, ahol számos mitokondriális kódoló régiós marker bizonyult szükségesnek az anyai vonalak részletes elkülönítéséhez, a lovak esetében sem elegendő csak a D-loop régió legvariábilisabb szakaszának vizsgálata. Fajtaspecifikus mitokondriális, vagy sejtmagi DNS markereket kell bevonni, hogy közelebb juthassunk a korabeli lófajtákhoz.

„Látod ott a magas dombot?

Magas dombon ház.

Ott alszik öcsém

Vasderes lovával,

Lova bőre alatta ,

Fehér kendő arcán .

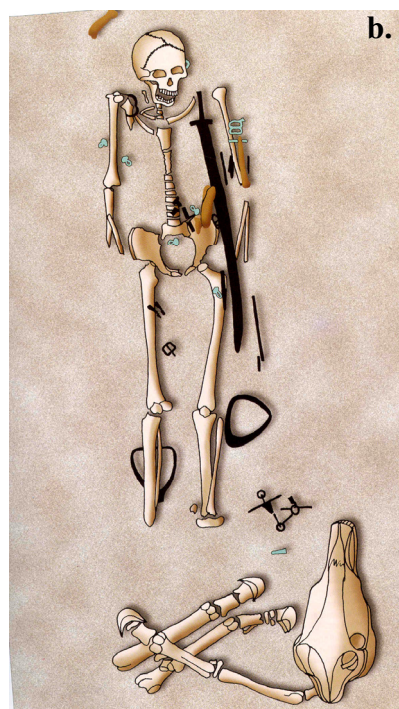
Zöld buzogány kezében.

Nyerge a feje alatt,

Lándzsája a lába végénél"

Csuvas népi ballada

K. Ivanov néprajzi gyűjtése, 1908, Baskíria



9. ábra. a. A Karos III. temetőben nyugvó vezér kibontott sírja. b. Honfoglalás kori férfi sírjáról készült rajz. (fotó és rajz: Révész László)

VI. Közlemények jegyzéke

A dolgozat alapját szolgáló közlemények:

Priskin K, Szabó K, Tömöry G, Bogácsi-Szabó E, Csányi B, Eördögh R, Downes CS, Raskó I. (2010) **Mitochondrial sequence variation in ancient horses from the Carpathian Basin and possible modern relatives.** *Genetica*, 138:211-8.

IF (2008):1,98

Priskin K, Tömöry G, Bogácsi-Szabó E, Csányi B, Eördögh R, Raskó I. (2007) **Mitochondrial DNA control region analysis of a late neolithic aurochs (*Bos primigenius* Boj.1827) from the Carpathian Basin.** *Acta Biol Hung*, 58:131-7. IF:

0,447

Egyéb közlemények:

Csányi B, Bogácsi-Szabó E, Tömöry G, Czibula Á, **Priskin K**, Csősz A, Mende B, Langó P, Csete K, Zsolnai A, Conant EK, Downes CS and Raskó I. (2008) **Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin.** *Ann Hum Genet*, 72:519-534.

IF: 2,307

Tömöry G, Csányi B, Bogácsi-Szabó E, Kalmár T, Czibula Á, Csősz A, **Priskin K**, Mende B, Langó P, Downes CS and Raskó I. (2007) **Comparison of maternal lineage and biogeographic analysis of ancient and modern Hungarian populations.** *Am J Phys Anthropol*, 134:354-68. IF: 2,273

Bogácsi-Szabó E, Kalmár T, Csányi B, Gyöngyvér Tömöry G, Czibula Á, **Priskin K**, Horváth F, Downes CS, Raskó I. (2005) **Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more Western Eurasian mitochondrial DNA lineages.** *Hum Biol*, 77:639-662. IF:

0.996

Impakt faktoral rendelkező absztraktok:

Csányi B- Tömöry Gy, Bogácsi-Szabó E, Czibula Á, **Priskin K**, Mórocz M, Szécsényi A, Csósz A, Mende B, Langó P, Csete K, Zsolnai A, Raskó I (2007) **Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations.** Eur J Hum Genet 15 Supplement 1, IF: 4.003

VII. Irodalomjegyzék

Anderson S, de Bruijn MH, Coulson AR, Eperon IC, Sanger F, Young IG. (1982) **Complete sequence of bovine mitochondrial DNA.** J.Mol. Biol, 156:683-717.

Anthony D, Vinogradov N. (1995) **"Birth of the Chariot"**. Archaeology, 2:36-41.

Bailey JF, Richards MB, Macaulay VA, Colson IB, James IT, Bradley DG, Hedges RE, Sykes BC. (1996) **Ancient DNA suggests a recent expansion of European cattle from a diverse wild progenitor species.** Proc. R. Soc. Lond, B 263:1467-73.

Bartosiewicz L. (2006) **Phenotype and age in protohistoric horses: a comparison between Avar and Early Hungarian crania.** Recent Advances in Ageing and Sexing Animal Bones. Oxbow Books, Oxford.

Bartosiewicz L. (2006) **Régenvolt háziállatok.** L'Harmattan, Budapest.

Borosy A. (1985) **Magyarország hadügye és háborúi a honfoglalástól az Árpád-ház kihalásáig.** Magyarország hadtörténete [I.], Zrínyi Katonai kiadó.

Bökönyi S. (1974) **History of Domestic Animals in Central and Eastern Europe.** Akadémiai Kiadó, Budapest.

Bökönyi S. (1988) **History of Domestic Mammals in Central and Eastern Europe.** Akadémiai Kiadó, Budapest.

Bradley DG, MacHugh DE, Cunningham P, Loftus RT. (1996) **Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle.** Proc. Natl Acad. Sci. USA, 93:5131-5.

Bóna I. (2000) **A magyarok és Európa a 9-10. században.** MTA Történettudományi Intézet, Budapest.

Bowling AT, Del Valle A, Bowling M. (2000) **A pedigree-based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses.** Anim Genet, 31:1-7.

Burke A, Eisenmann V., Ambler GK. (2003) **The systematic position of *Equus hydruntinus*, an extinct species of Pleistocene equid.** Quatern Res, 59:459-46.

Cann RL, Stoneking M, Wilson AC. (1987) **Mitochondrial DNA and human evolution.** Nature, 325:31-6.

Cooper A, Mourer-Chauviré C, Chambers GK, von Haeseler A, Wilson AC, Pääbo S. (1992) **Independent origins of New Zealand moas and kiwis.** Proc Natl Acad Sci USA, 89:8741-4.

Cooper A, Poinar HN. (2000) **Ancient DNA: do it right or not at all.** Science, 289:113.

Cozzi MC, Strillacci MG, Valiati P, Bighignoli B, Cancedda M, Zanotti M. (2004) **Mitochondrial D-loop sequence variation among Italian horse breeds.** Genet Sel Evol, 36:663-72.

Draper J (1996) **The book of horses and horse care.** 2nd edn. Smith mark, NewYork.

Edwards CJ, Bollongino R, Scheu A, Chamberlain A, Tresset A, Vigne JD, Baird JF, Larson G, Ho SY, Heupink TH, Shapiro B, Freeman AR, Thomas MG, Arbogast RM, Arndt B, Bartosiewicz L, Benecke N, Budja M, Chaix L, Choyke AM, Coqueugniot E, Döhle HJ, Göldner H, Hartz S, Helmer D, Herzig B, Hongo H, Mashkour M, Ozdogan M, Pucher E, Roth G, Schade-Lindig S, Schmölcke U, Schulting RJ, Stephan E, Uerpmann HP, Vörös I, Voytek B, Bradley DG, Burger J. (2007) **Mitochondrial DNA analysis shows a Near Eastern Neolithic origin for domestic cattle and no indication of domestication of European aurochs.** Proc Biol Sci, 274:1377-85.

Edwards EH. (1994) **The Encyclopedia of the Horse.** Dorling Kindersley, London.

Excoffier L, Laval G, Schneider S. (2005) **Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis.** *Evol Bioinform Online*. 1:47-50.

Éry K. (1994) **A Kárpát-medence embertani képe a honfoglalás korában.** Honfoglalás és régészet. Balassi, Budapest.

Forster P, Harding R, Torroni A, Bandelt HJ. (1996) **Origin and evolution of Native American mtDNA variation: a reappraisal.** *Am J Hum Genet*, 59:935-45.

Fóthi E. (2000) **Anthropological conclusions of the study of Roman and Migration periods.** *Acta Biologica Szegediensis*, 44:87-94.

Francfort HP, Ligabue G, Samashev Z. (2000) **La fouille d'un kourgane scythe gele' du I^{ve} sie'cle av. Notre e're a' Berel dans l'Altai" (Kazakhstan).** *Acade'mies Inscriptions et Belles-Lettres, DeBoccard Edt, Paris.*

Gensler S, Weber K, Schmitt WE, Perez-Martos A, Enriquez JA, Montoya J, Wiesner RJ. (2001) **Mechanism of mammalian mitochondrial DNA replication: import of mitochondrial transcription factor A into isolated mitochondria stimulates 7S DNA synthesis.** *Nucleic Acids Res*, 29:3657-63.

Gilbert MT, Tomsho LP, Rendulic S, Packard M, Drautz DI, Sher A, Tikhonov A, Dalén L, Kuznetsova T, Kosintsev P, Campos PF, Higham T, Collins MJ, Wilson AS, Shidlovskiy F, Buigues B, Ericson PG, Germonpré M, Götherström A, Iacumin P, Nikolaev V, Nowak-Kemp M, Willerslev E, Knight JR, Irzyk GP, Perbost CS, Fredrikson KM, Harkins TT, Sheridan S, Miller W, Schuster SC. (2007) **Whole-genome shotgun sequencing of mitochondria from ancient hair shafts.** *Science*, 317:1927-30.

Giles RE, Blanc H, Cann HM, Wallace DC. (1980) **Maternal inheritance of human mitochondrial DNA.** *Proc Natl Acad Sci U S A*, 77:6715.

Györffy Gy. (1970) **A helynevek és a történettudomány.** *Ny tud Ért*, 70:196-200.

Hagelberg E, Thomas MG, Cook CE Jr, Sher AV, Baryshnikov GF, Lister AM. (1994) **DNA from ancient mammoth bones.** Nature, 370:333-4.

Hammans SR, Sweeney MG, Brockington M, Lennox GG, Lawton NF, Kennedy CR, Morgan-Hughes JA, Harding AE. (1993) **The mitochondrial DNA transfer RNA(Lys)A-->G(8344) mutation and the syndrome of myoclonic epilepsy with ragged red fibres (MERRF).** Brain, 116:617-32.

Hecker W (1955) **Egy elfelejtett fajta, a Czindery.** Lovas Nemzet, 1:24-26.

Hiendleder S, Lewalski H, Wassmu. R, Janke A. (1998) **The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (Ovis aries) and comparison with the other major ovine haplotype.** J Mol Evol, 47:441-8.

Higuchi R, Bowman B, Freiberger M, Ryder OA, Wilson AC. (1984) **DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family.** Nature, 312:282-4.

Hill EW, Bradley DG, Al-Barody M, Ertugrul O, Splan RK, Zakharov I, Cunningham EP. **History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation.** Anim Genet, 33:287-94.

Hofreiter M, Serre D, Poinar HN, Kuch M, Pääbo S. (2001) **Ancient DNA.** Nat Rev Genet, 2:353.

Holló G, Szathmáry L, Marcsik A, Barta Z. (2008) **History of the peoples of the Great Hungarian Plain in the first millennium: a craniometric point of view.** Hum Biol, 80:655-67.

Hoss M, Jaruga P, Zastavny ., Dizdaroglu M, Paabo S. (1996) **DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues.** Nucleic Acids Res, 24:1304-7.

Höss M, Pääbo S, (1994) **Vereshchagin NK. Mammoth DNA sequences.** Nature, 370:333.

Howell N, Halvorson S, Kubacka I, McCullough DA, Bindoff LA, Turnbull DM. (1992) **Mitochondrial gene segregation in mammals: is the bottleneck always narrow?** Hum Genet, 90:117-20.

Jansen T, Forster P, Levine MA, Oelke H, Hurles M, Renfrew C, Weber J, Olek K. (2002) **Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse.** Proc Natl Acad Sci USA, 99:10905-10.

Jukes TH, Cantor CR. (1969) **Evolution of protein molecules.** Mammalian Protein Metabolism, Academic Press, New York. pp. 21-132.

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

Kakoi H, Tozaki T, Gawahara H. (2007) **Molecular analysis using mitochondrial DNA and microsatellites to infer the formation process of Japanese native horse populations.** Biochem Genet, 45:375-95.

Keyser-Tracqui C, Blandin-Frappin P, Francfort HP, Ricaut FX, Lepetz S, Crubézy E, Samashev Z, Ludes B. (2005) **Mitochondrial DNA analysis of horses recovered from a frozen tomb (Berel site, Kazakhstan, 3rd Century BC).** Anim Genet, 36:203-9.

Kim KI, Yang YH, Lee SS, Park C, Ma R, Bouzat JL, Lewin HA. (1999) **Phylogenetic relationships of Cheju horses to other horse breeds as determined by mtDNA D-loop sequence polymorphism.** Anim Genet, 30:102-8.

Költő L. (1996) **A Vörs–Papkert-B lelőhely 8-9. századi temetője** Évezredek üzenete a láp világából (Régészeti kutatások a Kis–Balaton területén 1979-1992). Kaposvár – Zalaegerszeg.

Krause J, Dear PH, Pollack JL, Slatkin M, Spriggs H, Barnes I, Lister AM, Ebersberger I, Pääbo S, Hofreiter M. (2006) **Multiplex amplification of the mammoth mitochondrial genome and the evolution of Elephantidae.** Nature, 439:724-7.

Kutzián I. (1944) **A Körös-kultúra.** Dissertationes Pannonicae, Budapest.

László Gyula (1978) **A „kettős honfoglalás”.** Magvető, Budapest.

Lindgren G, Backström N, Swinburne J. (2004) **Limited number of patrilineages in horse domestication.** Nature Genetics, 36:335-6.

Lipták P. (1983) **Avars and Ancient Hungarians.** Akadémiai Kiadó, Budapest.

Lira J, Linderholm A, Olaria C, Brandström Durling M, Gilbert MT, Ellegren H, Willerslev E, Lidén K, Arsuaga JL, Götherström A. (2010) **Ancient DNA reveals traces of Iberian Neolithic and Bronze Age lineages in modern Iberian horses.** Mol Ecol, 19:64-78.

Lister AM, Kadwell M, Kaagan LM (1998) **Ancient and modern DNA in a study of horse domestication.** Ancient Biomolecules, 2:267–80.

Loftus RT, MacHugh DE, Bradley DG, Sharp PM. & Cunningham P. (1994) **Evidence for two independent domestications of cattle.** Proc. Natl Acad. Sci. USA, 91:2757-61.

Ludwig A, Pruvost M, Reissmann M. (2009) **Coat color variation at the beginning of horse domestication.** Science, 324:485.

Lynch M, Crease TJ. (1990) **The analysis of population survey data on DNA sequence variation.** Mol Biol Evol, 7:377-94.

McGahern A, Bower MA, Edwards CJ, Brophy PO, Sulimova G, Zakharov I, Vizuet-Forster M, Levine M, Li S, MacHugh DE, Hill EW. (2006) **Evidence for biogeographic patterning of mitochondrial DNA sequences in Eastern horse populations.** Anim Genet, 37:494-7.

Mende B. (2008) **Archeogenetika és a honfoglalás kor népességtörténete: új módszer - régi problémák.** Magyar Tudomány. 2008/10:1188.

Mihók S. (2004) **A hucul ló. (A fajta monográfiája és közép-európai helyzete).** A Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete kiadványa, Debrecen.

Mirol PM, Peral García P, Vega-Pla JL, Dulout FN. (2002) **Phylogenetic relationships of Argentinean Creole horses and other South American and Spanish breeds inferred from mitochondrial DNA sequences.** Anim Genet, 33:356-63.

Mullis KB, Faloona FA. (1987) **Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction.** Methods Enzymol, 155:335-50.

Nagy I. (1991) **Őstörténetünk néhány kérdése; szokatlan analógiák. (Some Questions of Ancient Hungarian History; Unconventional Analogies. Несколько вопросов венгерской праистории непривычные аналогии.)** MFMÉ 1984/85-2. 537-552.

Némethi M, Klima L. (1992) **Kora avar kori lovastemetkezések** JAMÉ XXX-XXXII. 1987-1989. 173-23.

Oates D, Oates J. (1976) **The Rise of Civilization.** Elsevier Phaidon, Oxford.

Outram AK, Stear NA, Bendrey R, Olsen S, Kasparov, Zaibert V, Thorpe N, Evershed RP. (2009) **The Earliest Horse Harnessing and Milking.** Science, 323:1332-5.

Posada D, Crandall KA. (1998) **MODELTEST: testing the model of DNA substitution**. *Bioinformatics*, 14:817-8.

Posada, D. (2004). **Collapse: Describing Haplotypes from Sequence Alignments**. Version 1.2. Vigo, Spain: University of Vigo. Elérhető: <http://darwin.uvigo.es/software/collapse.html>

Pääbo S. (1985) **Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA**. *Nature*, 314:644-5.

Pääbo S. (1986) **Molecular genetic investigations of ancient human remains**. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol*, 1:441-6.

Pääbo S. (1989) **Ancient DNA: extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification**. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 86:1939-43.

Pääbo S, Poinar H, Serre D, Jaenicke-Despres V, Hebler J, Rohland N, Kuch M, Krause J, Vigilant L, Hofreiter M. (2004) **Genetic analyses from ancient DNA**. *Annu Rev Genet*, 38:645-7.

Poinar GO Jr, Danforth BN. (2006) **A fossil bee from Early Cretaceous Burmese amber**. *Science*, 314:614.

Poinar HN, Hofreiter M, Spaulding WG, Martin PS, Stankiewicz BA, Bland H, Evershed RP, Possnert G, Pääbo S. (1998) **Molecular coproscopy: dung and diet of the extinct ground sloth *Nothrotheriops shastensis***. *Science*, 281:402-6.

Révész L. (1999) **Emlékezzetek utatok kezdetére... Régészeti kalandozások a magyar honfoglalás és államalapítás korában** Timp Kiadó, Budapest.

Richards M. Macaulay V. (2001) **The mitochondrial gene tree comes of age.** Am J Hum Genet, 68:1315-20.

Royo LJ, Alvarez I, Beja-Pereira A, Molina A, Fernández I, Jordana J, Gómez E, Gutiérrez JP, Goyache F (2005) **The origins of Iberian horses assessed via mitochondrial DNA.** J Hered, 96:663-9.

Rudenko, Sz. I. (1953): **Kul'tura naseleniia Gornogo Altaia v skifskoe vremia** ("The Population of the High Altai in Scythian Times")(Moscow and Leningrad, 1953) fordítása angolra: **Frozen Tombs of Siberia: The Pazyryk Burials of Iron Age Horsemen,** M.W. Thompson, University of California Press, Berkeley.

Saitou N, Nei M. (1987) **The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees.** Mol Biol Evol, 4:406-25.

Seco-Morais J, Oom MM, Quesada F, Matheson CD. (2007) **Ancient Iberian horses: a method to recover DNA from archaeological samples buried under sub-optimal conditions for preservation.** Journal of Archaeological Science, 34,1713–1719.

Shadel GS, Clayton DA. (1997) **Mitochondrial DNA maintenance in vertebrates.** Annu Rev Biochem, 66:409-35.

Stevenson F. J. (1982) **Humus Chemistry: Genesis, Composition, Reactions,** Wiley-Interscience. New York.

Sutovsky P, Schatten G. (2000) **Paternal contributions to the mammalian zygote: fertilization after sperm-egg fusion.** *Int Rev Cytol*, 195:1-65.

Stock F, Edwards CJ, Bollongino R, Finlay EK, Burger J, Bradley DG. (2009) **Cytochrome b sequences of ancient cattle and wild ox support phylogenetic complexity in the ancient and modern bovine populations.** *Anim Genet*, 40:694-700.

Szathmáry L. (1996) **Honfoglalás kori népességünk struktúrája.** Honfoglaló magyarság Árpád-kori magyarság. JATE, Szeged.

Szőke B. (1996) **A Kárpát-medence a honfoglalás előtti évszázadban.** Honfoglaló őseink, Budapest.

Szontagh A, Ban B, Bodo I, Cothran EG, Hecker W, Jozsa C, Major A. (2005) **Genetic diversity of the Akhal-Teke horse breed in Turkmenistan based on microsatellite analysis.** *European Association for Animal Production*, 116:123-8.

Takács I, Somhegyi T, Bartosiewicz L (1995) **A study of Avar period horses on the basis of bones from the cemetery of Vörs–Papkert.** *Somogyi Múzeumok Közleményei*, 11:173–81.

Tamura K, Nei M (1993) **Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees.** *Mol Biol Evol*, 10:512–526.

Tajima F. (1983) **Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations.** *Genetics*, 105:437-60.

Telegin, D.Ya. (1986) **Dereivka: a settlement and cemetery of copper age horse keepers on the middle Dnieper.** British Archaeological Reports, (Int. Series) 287.

Thomas RH, Schaffner W, Wilson AC, Pääbo S. (1989) **DNA phylogeny of the extinct marsupial wolf.** Nature, 340:465-7.

Tompa B. (2009) **A 10. századi magyar harcászat vitatott kérdéseinek vizsgálata /Kísérleti Régészet/.** Szakdolgozat, Nyugat-Magyarországi Egyetem - Savaria Egyetemi Központ Bölcsészettudományi Kar, Történelem Tanszék.

Torrioni A, Huoponen K, Francalacci P, Petrozzi M, Morelli L, Scozzari R, Obinu D, Savontaus ML, Wallace DC. (1996) **Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations.** Genetics, 144:1835-50.

Tömöry Gy. (2008) **A Kárpát-medence honfoglalás kori (10-11. századi) lakosságának valamint mai magyar nyelvű népcsoportoknak összehasonlító mitokondriális alapú filogeográfiai analízise.** Doktori értekezés, Szegedi Tudományegyetem, Biológia Doktori Iskola, Szeged.

Troy CS, MacHugh DE, Bailey JF, Magee DA, Loftus RT, Cunningham P, Chamberlain AT, Sykes BC, Bradley DG. (2001) **Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle.** Nature, 410:1088-91.

Tuross N. (1994) **The biochemistry of ancient DNA in bone.** Experientia, 50:530-535.

Venetianer P. (1998) **Az emberi mitokondriumok genetikája.** Természet Világa, 12 évf. 11:486-8.

Veres P (1996) **The ethnogenesis and ethnic history of the Hungarian people.** Occasional Papers in Anthropology, Budapest.

Vila` C, Leonard JA, Götherström A. (2001) **Widespread origins of domestic horse lineages.** Science, 291:474-7.

Vörös I. (1997) **A honfoglaló magyarok állatai az írott források és a régészeti leletek alapján.** Honfoglalás és Árpád-kor. A Verecke híres útján tudományos konferencia anyagai. Kárpátaljai Magyar Kultúrális Szövetség, Ungvár.

Walker MJC, Björck S, Lowec JJ. (2001) **Integration of ice core, marine and terrestrial records (INTIMATE) from around the North Atlantic region: : an introduction.** Quaternary Science Reviews, 20:1169-74.

Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R. (1991) **Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material.** Biotechniques,10:506-13.

Wood NJ, Phua SH. (1996) **Variation in the control region sequence of the sheep mitochondrial genome.** Animal Genet, 27:25-33.

Woodward SR, Weyand NJ, Bunnell M. (1994) **DNA sequence from Cretaceous period bone fragments.** Science, 266:1229-32.

Xu X, Arnason U. (1994) **The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, Equus caballus: extensive heteroplasmy of the control region.** Gene,148:357-62.

Yang YH, Kim KI, Cothran EG, Flannery AR.(2002) **Genetic diversity of Cheju horses (Equus caballus) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism.** Biochem Genet, 40:175-86.

VIII. Összefoglalás

A Kárpát-medencében élő avar és honfoglaló magyar népesség rokonságának lehetősége máig vitatott kérdés a történelemtudományban. A Kárpát-medence bőséges régészeti állattani csontanyaga felvetette a lehetőségét, hogy ezt a kérdést a két nép lóállományának archaeogenetikai elemzése által közelíthessük meg. A csontmaradványok hagyományos, az archeozoológia eszköztárával történő morfológiai vizsgálata értékes eredményekre vezetett, mégsem nélkülözheti az objektív genetikai megközelítést sem. Az eddigi morfológiai elemzések ugyanis kizárólag a csontozat fenotípusának értékelésére korlátozódhattak, emiatt alkalmatlannak bizonyultak úgy a tisztán örökléstani mint a közvetlen környezeti következtetésre.

Munkánk első céljaként, hogy a módszert próbára tegyük, a vizsgálatba bevontunk egy késő neolitik (Kr. e. 4500-4800) őstulokból, nyolc vaskori szkíta lóból (Kr. e. 6. század), valamint két honfoglalás kori szarvasmarhából és egy juhból származó csont illetve fogmaradványt.

Munkánk során 31 archaikus lómaradványt dolgoztunk fel, melyek közül hat egyed a korai avar korból, hét egyed a késő avar korból és 14 ló a honfoglalás korából való. Ezáltal az avar és a honfoglaló magyar nép lóállományának egymáshoz való viszonyát igyekeztünk feltérképezni.

Az archaikus DNS vizsgálatot kiegészítettük a hucul, és az akhal teke lófajta elemzésével, melyek történelmi források vagy morfológiai vizsgálatok alapján kapcsolatban lehetnek a honfoglalás kori állományokkal. Emellett a szekvencia adatbázisból összegyűjtöttünk 851 lószekvenciát, melyek 76 különböző lófajtahoz tartoznak, melyeket szintén felhasználtuk az összehasonlításához.

Mivel a hucul kisló 2002-ben génmegőrzési támogatásban részesült, így a fajta genetikai diverzitásának feltérképezését is célul tűztük ki.

A régészeti leleteken megfigyelhető jegyek korra jellemző adatokkal szolgálhatnak. Nincs ez másként a DNS-sel sem, amelyet a biológiai maradványok rejtenek. Régészeti genetikai vizsgálatok során legalkalmasabb módszer az mtDNS vizsgálata. Mivel a mitokondriális DNS segítségével hosszú időre visszavezethető a populációk anyai vonala, amely többnyire földrajzi specificitást mutat, munkánk során a házilo mitokondriális DNS-ének egy rövid, 254 bázispáros szakaszát elemeztük, amely tartalmazza a származástaniilag jelentős pozíciókat.

Az avar, a honfoglalás kori, az akhal teke és a hucul mintacsoport közötti genetikai kapcsolatrendszer genetikai távolság-alapú populáció genetikai, és haplotípus-alapú hálózat analízissel tártuk fel.

Az avar és a honfoglalás kori lovak vizsgálata arra adott választ, hogy a két mintacsoport származástanilag különböző vonalon található. Az avar lovak korban nem alkotnak kronológiailag olyan homogén csoportot, mint a honfoglalás kori lovak. Hiszen az avar minták között egyaránt található a korai (6-7. század) és a késő avar korból (8-9. század) származó lelet (1. táblázat). A genetikai diverzitás mégis kissé alacsonyabb, mint a honfoglalók esetében, ahol valamennyi minta 9. századi, klasszikus honfoglaló leletanyaggal rendelkezik. Bár mindkét csoportra nagy genetikai variabilitás jellemző, mégis, mind a genetikai távolság számítás, mind a haplotípus hálózat az eltérő származást támogatja. Az avarok és a honfoglaló magyarok lovai között leírt fenotípusban megfigyelt morfológiai különbség ezáltal genetikailag is megerősíthető. Az a megfigyelés, hogy az avar és honfoglalás kori lovak hasonlósága az említett keveredés ellenére is csekély, nem támasztja alá a kettős honfoglalás által sugallt avar-magyar kontinuitás elméletét, legalábbis a lótarás terén. Hiszen, ha az avarok továbbéltek volna a magyar népességben, nem csak stílust, de gazdaságot is kellett volna váltaniuk. Emellett nem támogatja az avar és a honfoglaló népesség rokonságát sem, hiszen ha az avarok ugyanannak a népnek a később idekerült tagjai lennének, mint a késő avarok, akkor a lóállományok között nagyobb genetikai hasonlóságot kéne tapasztalnunk. Természetesen az sem zárható ki, hogy a két mintacsoport között észlelt különbség a két nép által a temetéshez kiválasztott lovak jellemzőinek különbségéből fakad. Azonban az avarok és a honfoglaló magyarok kultúráis szokásai sok szempontból nagyon hasonlóak. Azt tudjuk, hogy az avarok legtöbb esetben 4-7 éves, tehát a legértékesebb lovakat helyezték a sírokba, míg a honfoglaló sírokban a 2 évestől a 15 évesig minden korosztály megtalálható. A régészeti minták elemzése során mindig figyelembe kell venni, hogy ami a vizsgálat tárgyát képezheti, már soklépcsős „szelekción” átesett mintacsoport. Az előkerült minták ugyanis csak töredékei a korabeli állománynak. Ebben az esetben, bár az avarok és magyarok lovait szeretnénk volna megismerni, csak azt láthatjuk, hogy a régészetileg feltárt sírokba milyen lovakat temettek. A különböző társadalmi rétegek más-más típusú lovakat helyezhettek a sírba. Maga a tény, hogy a mintául szolgáló leletek lovas temetkezésekből kerültek elő, meghatároz egy társadalmi kört.

Az akhal teke lovak az avar lovaktól nagy genetikai távolságra helyezkednek el, a honfoglalás kori lovakkal viszont az összehasonlításban résztvett fajták közül a legkisebb távolságot mutatják. Az utóbbi esetben azonban a szignifikancia értéke (P) túl magas volt. Teljes szekvencia egyezés az avar lovakkal négy esetben, a honfoglalókkal csak két esetben fordul elő, de a hálózat analízis alapján a honfoglaló és az akhal teke lovak között sok közeli rokon szekvencia van. Mindkét mintacsoportra jellemző, hogy a haplotípusok fele az A haplocsoportba tartozik. Azok a honfoglalás kori és akhal teke minták, amelyek egyedi nukleotidsorrenddel rendelkeznek, a hálózatban egymás mellett helyezkednek el. Az eredményeket magyarázhatja az a feltételezés, hogy a népvándorlás során a magyar törzsek az egykori iráni és török lovas nomádok szokásos útvonalán vándoroltak Ázsiából Nyugat-Szibéria, a Kaszpi-vidék száraz sztyeppéiről Európába, így volt alkalmuk megismerni az itt tenyésztett turáni lovat, melynek mai leszármazottja az akhal teke. Ezt a lovat az évezredek során mindig harcászati célokra használták, ami kiemelkedő fizikai teljesítményének, és ragaszkodó, hűséges természetének köszönhető. Türkmenisztánban és Kazahsztánban ma is kiváltságnak számít a tartása, ami által sokkal inkább „tisztihátasként”, és a felderítők, valamint a testőrség lovaként képzelhető el. A magyarok, vándorlásuk során az állományuk feljavítására, vagy a vezető réteg ellátására zsákmányolhattak lovakat az akkoriban nagyra tartott és közkedvelt turáni lovakból, az akhal teke korabeli megfelelőjéből.

A hucul fajta vizsgálatába bevont 22 kancacsalád az európai hucul állomány 4/5-ét jelenti. A hucul lóállomány genetikai felmérése során kiderült, hogy a fajta filogenetikailag nem egységes. Ez a kis létszámú fajta, mely már többször elszenvedte a palacknyak-hatást, anyai vonalaiban jelentős diverzitást mutat. A haplotípusok nagy számban fordulnak elő a többi vizsgált csoportban. Az avar lovakkal hét esetben fordul elő egyező haplotípus, amely felveti a genetikai rokonság lehetőségét. A honfoglaló és az akhal teke lovakkal is két, illetve négy esetben találunk közös haplotípusokat. Ezek a mintázatok azonban további 4-26 fajtában is előfordulnak. Az adatok nem támasztják alá a honfoglalás kori lovaknak a hucul lovakkal feltételezett rokonságát.

A többi lófajtában megtalálható haplotípusokkal összehasonlítva fény derült olyan kancacsaládokra, amelyek feltehetőleg a fajta egy eredeti típusát képviselik, és fenntartásuk, tenyésztésbe való bevonásuk különösen fontos. Emellett azonosítottunk néhány, a méneskönyvi regisztrációban esett hibát is. Ez nem meglepő egy olyan fajta esetében, ahol a két világháború helyrehozhatatlan csapásokat mért a lóállományra, és az

50-es években, számos esetben magántulajdonosoktól történő visszavásárlások révén lehetett az állami ménest felállítani.

Tekintve, hogy az egyes mintacsoportokon belül túlságosan nagy a genetikai változatosság, ez nem teszi lehetővé, hogy a lófajták közötti leszármazási kapcsolatokat feltárhassuk. A két archaikus csoport közti genetikai távolság viszont konkrét, származástani különbséget jelez az avarok és a honfoglaló magyarok lovai között.

Arra következtethetünk, hogy önmagában a mitokondriális kontroll régió vizsgálata nem elegendő, és további markerekre is szükség van a lovak esetében az esetleg már kialakult fajták elkülönítéséhez. Mivel túl nagy a variancia egyetlen populáción belül is, a jelenlegi populációgenetikai modellek algoritmusai nem alkalmasak ennek feloldására. Az embercsont-leletek haplotipizálásához hasonlóan, ahol számos mitokondriális kódoló régiós marker bizonyult szükségesnek az anyai vonalak részletes elkülönítéséhez, a lovak esetében sem elegendő csak a D-loop régió legvariábilisabb szakaszának vizsgálata. Fajtaspecifikus mitokondriális, vagy sejtmagi DNS markereket kell bevonni, hogy közelebb juthassunk a korabeli lófajtákhoz.

IX. Summary

The possible genetic relationship between the avars and the early hungarians is a controversial question of the Hungarian history. Avars and early hungarians, like most of their nomadic predecessors on the steppes buried their dead with weapons, jewelry and, most importantly, with their horses. It gave us the possibility to examine this question by the horse stock of the two ethnical groups. Because, whatever the place, ethnic changes always leave their footprint in the local culture and genetic makeup and the same applies to the horses moving with their owners. On examination of exclusively morphological data, only the phenotypic and not the genotypic parameters can be observed.

This study is concerned with the mitochondrial (mtDNA) control region genotypes of ancient horses from the Carpathian Basin, where the incoming pagan hungarian tribes permanently changed the population in the late 9th century AD. DNA was extracted from archeological samples with standard precaution to minimize the risk of exogenous DNA contamination, with methods routinely in use in our laboratory.

First of all, the archeogenetic method was tested by extracting ancient DNA from much older samples. The mtDNA haplotipization from not just avar and early hungarian, but Iron Age schytian horses and late Neolithic aurochs was successful.

Furthermore, to determine genetic diversity and origin of horse populations in the Carpathian Basin at the time of the avars and of the Hungarian Conquest, mitochondrial DNA analysis was undertaken on 31 archaeological horse remains, excavated from avar and pagan hungarian burial sites. To reveal relationships with other ancient and recent breeds, modern hucul and akhal teke samples were also collected, and mtDNA sequences from 76 breeds representing 851 individual specimens were combined with our sequence data.

Since in 2002, the endangered hucul horse was involved in a conservation genetic program, we tried to estimate the genetic diversity of this genus.

Mitochondrial DNA is a usable tool for population genetic studies. One of the most informative way to study ancestry and history of populations is to examine ancient DNA from the biological remains of the populations. On that score amplification was carried

out by using two sets of overlapping primers designed to amplify a 254 bp fragment from the most variable segment of the horse mtDNA control region.

Phylogenetic relationships among horse mtDNA control region haplotypes were estimated using both genetic distance and the non-dichotomous network method.

Both methods indicate a clear separation between horses of the avar and hungarian leading nobles. The phenotypical differences, that are written in the scientific literature, are proven also in molecular genetic way. Despite the fact, that avar sampling has more significant chronological heterogeneity, avar sequences were genetically less heterogeneous than the early hungarian horses. Beside the great heterogeneity, the genetic separation of the two groups confutes the avar-early hungarian continuity, at least, in case of the horse husbandry. If the avars had assimilated into the hungarian mass, avars would have changed the lifestyle and also the economy. We can't exclude the possibility that the reason for this genetic difference is the diverse cultural custom of the horse sacrifice. Beside the mostly similar cultural customs avars sacrificed the 4-7 year old, most valuable horses. Contrary to the early hungarians, who sacrificed 2-15 year old, diverse value horses. Consequently, archaeological material is a highly selective group of samples. The investigated horses are just the small part of the whole horse stock. Different social groups used supposedly different kind of horses, too.

The results don't support the genetic relationship between the two ethnical groups. Ancient hungarian horses showed a relatively close relationship with the akhal teke breed, indicating an eastern ancestry. By all means, the high variability of hungarian horse haplotypes may be connected with the well-attested, continent-wide raiding habits of the early hungarians. In contrast with the early hungarians, avar horses show great distance from the akhal teke horses. There are four identical haplotypes between the avar and the akhal teke horses, and two identical haplotypes between the akhal teke and the early hungarian horses. The haplotype network shows some closely related sequences between akhal tekes and early hungarian horses in the cases of the unique haplotypes. In both sample groups, half of the haplotypes were grouped into the haplogroup A. The ancestor of the akhal teke, the turanian horse has been used as military horse for thousands of years by steppe nomads. Due to its extreme physical performance, this breed was in request by the nomad tribes, like early hungarians, especially the leading nobles.

The hucul data represented 22 mare families that involve 80% of the european hucul stock. Despite of the two bottleneck-effect in the breed's history, it shows relatively high genetic diversity. The high significance level of the genetic distance values between hucul and the other breeds can't allow to take it on trust. The sequence similarities show some mare families that are possibly important in the breed history. In addition, testing the mtDNA showed some error in the registration in the hucul studbook. These data can be very important in the genetic conservation of the breed.

Our results suggest that the geographical and historical origin of horse breeds cannot be traced through mitochondrial haplotypes, but the relationships between breeds can, to some extent. The ancestry of commoners' horses remains beyond conjecture; though in conquest period burials, a clear distinction between the mitochondrial genotypes of low-status and more Asian high-status hungarians has been established. But at least at the level of high quality horses, our results show that the ethnic changes induced by the Hungarian Conquest in the late 9th century were accompanied by a similar change in the stables of the Carpathian Basin. Therefore genetic characterization of horse remains from that particular geographic region might be misleading without the proper knowledge of the genetic origin of populations which bred them.

As the genetic variance is much higher within the groups than among the groups, it doesn't allow to reveal the exact genealogical relationship between the breeds. Moreover, genealogical history of horse breeds are often highly complex, showing great genetic divergence within breeds. Therefore, population genetic methods can give false results. As in the case of the human mitochondrial haplotipization, where coding markers are also necessary to the exact determination of the maternal lines, the horse breeds need additional mitochondrial and nuclear markers to better understand the history of the breeds.