

ANTHROPOLOGIAI KÖZLEMÉNYEK

A MAGYAR BIOLÓGIAI TÁRSASÁG
EMBERTANI SZAKOSZTÁLYÁNAK FOLYÓIRATA

Szerkesztő
ZSÁKAI ANNAMÁRIA

58. kötet





Az Anthropologiai Közlemények e kötetének megjelenését a
Magyar Tudományos Akadémia anyagi támogatása
tette lehetővé

ISSN-0003-5440

ÚJ FILOGENETIKAI MÉRTÉKEK ÉS ALKALMAZÁSUK – ÚJ NÉZŐPONTOK A MAGYAROK KORAI TÖRTÉNETE KAPCSÁN

Németh Endre¹, Csáky Veronika², Székely Gábor³, Bernert Zsolt⁴ és Fehér Tibor⁵

¹AB Consulting Zrt., Budapest; ²MTA Bölcsészettudományi Kutatóközpont Régészeti Intézet Archeogenetikai Laboratórium, Budapest; ³Starschema Kft., Budapest;

⁴Magyar Természettudományi Múzeum Embertani Tár, Budapest; ⁵Family Tree DNA Hungarian/Magyar Projekt, Budapest

Németh E., Csáky V., Székely G., Bernert Zs., Fehér T.: *New phylogenetical measures for characterizing different demographic interactions – A new insight into the early Hungarian history.* The early Hungarian history is short of information and almost lack of relevant historical sources. Thus, linguists and archeologists played the most important role in founding the bases of the early Hungarian history. First of all, the linguists proved that the Hungarian language belongs to Ugric branch of Uralic language family. The other Ugric subgroup, the Ob-Ugrians are living in Western-Siberia, but there is a debate when and where the disjunction of Ugric protolanguage occurred.

The second important observation is that archeological sites of Kusnarenkovo and Karajakupovo cultures (6th–10th centuries AD) in Central and South Ural region point significant parallelism with the sites of ancient Hungarians (9th–10th centuries AD) in the Carpathian Basin. However, the chronology and geographical location of earlier migration stations of early Hungarians from the Ugric age to the Ural region remained rather unclear.

That is why there were high expectations among researchers toward a considerably new science, the DNA based population genetics. Because of the recombination-free inheritance of uni-parental markers, which are unchanged from one male (NRY-DNA) or female (mtDNA) generation to the next, unless mutations occur. Thus, the progress of population genetics resulted in more and more reliable and detailed view on early migration processes.

However, the early studies showed that the recent Hungarian population is a rather typical Central-European population with a surprisingly narrow link to the Ob-Ugric and other Uralic speaking populations both on paternal and maternal line. What was even more unexpected that the ratio of Ugric likely component was relatively low among the ancient Hungarian samples (9th–10th centuries AD), as well.

The questions above point the significance of different demographic interactions like split and series of admixture among different populations in the early Hungarian history. In our understanding the demographic history of a population is a continuous combination of different types of splits and admixtures. In order to be able to identify the different demographic interactions during a life of a population, we worked out a component based general framework, classifying some elementary demographic interactions. In the next step, we tried to find the best measure or measures, what can detect reliably the occurrence of a given elementary demographic interaction. Each of the measuring algorithms was a long-time and widely used data mining method. To test our approach we implemented a free software tool in Python 3.6, and investigated 16710 mtDNA samples of 168 Eurasian populations.

Keywords: Population genetics; mtDNA; Data mining; 10th century Hungarians; Origin of Seklers; Uelgi; Baraba steppe bronze; Konda Mansi; Python software.

Bevezetés

Populációgenetikai, illetve filogenetikai vizsgálatokhoz több genetikai marker használatos, amelyeket két nagy csoportba sorolhatunk: a sejtmagban található nukleáris DNS (nuDNS), valamint a sejtmagon kívüli extranukleáris mitokondriális DNS (mtDNS). Az mtDNS a teljes genom 0,5–1%-át teszi ki, a sejtekben az energiatermelő feladatokat ellátó mitokondriumokban van jelen néhány 100–1000 kópiaszámban. Jellegzetessége, hogy az utódnemzedékbe rekombináció nélkül öröklődik egyik generációról a másikra kizárólag anyai ágon, ezáltal az anyai ági genetikai kapcsolatok igazolására szolgálhat. Az mtDNS-en található polimorfizmusok (pontmutációk) nagy része az ún. D-loop szakaszon található, amely nem kódol semmilyen biológiai információt, ezért az itt keletkezett mutációk nem letálisak az egyedre nézve, nem jelentenek szelekciós előnyt vagy hátrányt, így a populációban könnyen fixálódnak. A konkrét mutációk haplotípusokat határoznak meg, ezek haplocsoportokba tömörülnek, amelyek keletkezése egyes földrészekhez köthető (Torrioni és mtsai 2006). A legtöbb mutációval az afrikai haplotípusok rendelkeznek, amelyekből le lehet vezetni az összes többi ma elterjedt haplotípust, haplocsoportot (van Oven és Kayser 2009).

A korai magyarok története rendkívüli mértékben forráshiányos, és így bővelkedik a magyarok eredetére és vándorlására vonatkozó nyitott kérdésekben. Az előbbieket miatt a kutatók abban reménykedtek, hogy a DNS alapú populációgenetika áttörést hozhat ezeknek a nyitott kérdéseknek a megválaszolásában. Az első eredmények azonban azt jelezték, hogy a mai magyar populáció nem különbözik lényegesen más közép-európai populációktól filogenetikai szempontból. A populációgenetika válaszok helyett tehát először újabb kérdésekre irányította a figyelmünket.

Különösen a speciálisan az uráli nyelveket beszélő és a kelet-eurázsiai népeiségekre jellemző haplocsoportoknak a mai magyarokban egyaránt igen alacsony jelenléte (Bogácsi-Szabó és mtsai 2008) tűnt elsősre nehezen feloldható – látszólagos – ellentmondásnak. Egyedül a csíkszeredai székelyek anyai vonalaiban találtak viszonylag magas arányban (7,8%) kelet-eurázsiai elemeket (Brandstätter és mtsai 2007). Ezek az értékek a régióban ugyan kiugróan magasnak számítanak, de ez sem változtat azon a tényen, hogy a székelyek átfogó genetikai térképe így is – más magyar nyelvű népeiségekhez hasonlóan – alapvetően közép-európai jellegzetességeket mutat (Brandstätter és mtsai 2007). Az első honfoglalás kori archeogenetikai kutatás rávilágított, hogy a honfoglalók genetikai szempontból meglehetősen távol álltak a mai magyaroktól. Például, a kelet-eurázsiai anyai vonalak aránya (11,8%) nemcsak relatíve magas, de sokszorosa is (a csíkszeredai minták kivételével) a mai magyarokra jellemző hasonló értékeknek (Bogácsi-Szabó és mtsai 2008).

Nyilvánvaló, hogy a honfoglalás óta a magyar nyelvű népesség jelentős demográfiai átalakuláson ment keresztül, a Közép-Európában zajló demográfiai folyamatokkal összefüggésben.

Az előbbieket figyelembe véve a korai magyarok vándorlásával foglalkozó filogenetikai kutatások előtt két lehetőség maradt. Egyrészt az archeogenetikai kutatások folytatása és elmélyítése. Másrészt a mai magyarokban olyan uniparentális markerek keresése, amelyek speciális kapcsolatot jelentenek olyan népekkel, amelyek elődeivel a magyarok elődei demográfiai kölcsönhatásban lehettek vándorlásuk során, vagy nyelvi értelemben közös ősük lehetett.

Az archeogenetikai kutatások azt jelezték, hogy a honfoglalók egésze és kisebb közösségei is genetikailag változatosak voltak. Az, hogy az egyes temetőekben a „vizsgált egyének nem állnak genetikailag rokonságban egymással, arra enged következtetni, hogy a közösség vagy nem vérségi (családi) rendszerben szerveződött, vagy a temető használati ideje nem tette lehetővé, hogy a családi kapcsolatrendszer a temetőkezésekben is leképeződjön” (Bogácsi-Szabó és mtsai 2008).

Ennél is nagyobb meglepetést okozott, amikor három szomszédos karosi temető vizsgálatából az derült ki, hogy a három temető alapvetően – a kelet-ázsiai haplocsoportok tekintetében legalábbis – három különböző eredetű népességet, és így vélhetően három különböző etnikumot takar. „Meglepő módon a három szomszédos karosi temetőben a vezérek kivételével nem találtunk átfedő haplocsoportokat, vagyis a három temető népessége egymástól markánsan elkülönül. Az egyes karosi temetőkön belül vannak rokonok, de temetők között csak a vezérek lehettek testvérek.” (Nerapáczy 2017; valójában szórványos haplocsoport átfedések vannak a temetők között, de ez a lényegesen nem változtat).

Modellünk segítségével megmutatjuk, hogy a három karosi temető közül egyedül a legnépesebb, a Karos II temető esetén merül fel, hogy ugor elemeket tartalmazott. Ebbe a tendenciába illik az Urál vidéki, feltételezhetően magyarokhoz köthető (ún. „magyargyanús”) temetők vizsgálata is, ugyanis a 20 Uráltól nyugatra és a 14 Uráltól keletre fekvő temetőből származó minták vizsgálata azt mutatta, hogy a két csoport jelentősen eltér egymástól. Maradva az első honfoglaló archeogenetikai tanulmány kérdésfelvetésénél: az Urál keleti feléről származó minták között szignifikánsan nagyobb (35,0%) a kelet-eurázsiai eredetű haplocsoportok aránya (Csáky és mtsai 2017), mint akár a kárpát-medencei honfoglaló (11,8%) vagy az Urál nyugati oldaláról származó minták esetében (21,0%).

Kutatócsoportunk a nyelvileg rokon mai népekben is megpróbált speciális genetikai kapcsolatokat feltárni. A kutatás keretében a magyarok legközelebbi nyelvrokoni közül a kondai és az északi manysik Y-DNS vizsgálata is elgondolkodtató eredményt hozott. Nevezetesen az N-Tat haplocsoport egy alcsoportja az N3a-L1034, nemcsak összeköti a mai magyarokat a manysikkal, hanem potenciálisan el is választja őket más népektől. Pontosabban: főként ott fordul elő ez a rendkívül ritka uniparentális marker, ahol ugor nyelvű népségek történelmi jelenléte valószínűsíthető. Így a Kárpát-medencében, az obi-ugorok lakta területeken és a Volga-Urál vidéken, Baskíriában és Tatárföldön.

Említésre méltó, hogy a székelyekben más magyar csoportoknál (Fehér és mtsai 2015) és a kondai manysikban az északi manysiknál jóval nagyobb az N3a-L1034 aránya (Németh és mtsai 2016a, b). Érdekes kontraszt továbbá, hogy a legnagyobb uráli nyelvű népességben, a magyarban nemcsak az N3a-L1034 haplocsoport aránya, hanem a diverzitása is jóval kisebb, mint az egyik legkisebb uráli nyelvű népben, a manysiban (Fehér és mtsai 2015). Azaz tisztán a genetikai adatok alapján az valószínűsíthető, hogy a magyar nyelv terjedése döntően domináns elitek által történhetett. A nyelvek terjedése nem feltétlenül domináns elitekhez köthető, de nem is példa nélküli hogy nyelvek terjedésében domináns elitek játszották a meghatározó szerepet. A török nyelvek terjedése is nagy valószínűséggel ilyen domináns elitekhez köthető, mert több török nyelvű nép haplocsoport-eloszlása igen jelentős mértékben eltér egymástól (Yunusbayev és mtsai 2015). Ha feltevésünk igaz, akkor új típusú kérdéseket is fel kell tenni a magyar nyelv terjedése kapcsán. Például, milyen népeket, milyen történelmi környezetben integráltak a korai magyar nyelvű csoportok?

Azon embertani kutatások, amelyek a koponya morfológiai és metrikus vizsgálata alapján (fenotípus) következtettek a magyarok genetikájára, szintén a magyarság összetett eredetére mutattak rá. Miképp arra is, hogy az évszázadok során a magyarság a Kárpát-medencében jelentős változáson ment keresztül, ami döntően a környező népekkel való keveredés következménye volt.

Bartucz Lajos 150 honfoglalás kori koponya elemzése alapján a következő típusmegoszlást közölte: 40% kelet-balti, 40% kaukázusi-mongoloid, 20% alpi, mediterrán, nordikus. Megemlíti, hogy a honfoglalók között gyakori a mongoloid elem (a mongol típus ritkaság). Bartucz úgy vélte, hogy egy török etnikumú (kaukázusi-mongoloid) nép telepedett rá a kelet-balti embertani típusú (ugor etnikumú) népre, majd vele lassan összeolvadt. Szerinte a nordikus és főképpen a dinári elemek aránya csak az Árpád-kor után nőtt meg (Bartucz 1928).

Lipták Pál a honfoglaló magyar embertani hagyatéknak az Urál vidék, az Urál és Altáj közötti sztyeppe és az attól délre fekvő közép-ázsiai területtel való összehasonlítás fontosságát hangsúlyozta. A honfoglaló magyarság összetett etnogenezisének bizonyítéka szerinte az uráli típus, a turanid és a pamíri típus magas aránya; ezek az ugor, a török és az utóbbi iráni vagy iranizált török népesség hagyatéka (Lipták 1959, 1983). Későbbi munkájában a honfoglaló magyarság egyes társadalmi rétegeinek eltérő embertani képéről írt: „a vezetőréteg turanid, urali, pamíri és egyéb brachykran típusokból áll, a középréteg zömmel mediterrán és nordikus, míg a köznép mediterrán, nordikus és cromagnoid típusú” (Lipták 1970).

Tóth Tibor (1965) a következő megállapításokat fogalmazta meg a honfoglaló magyarság és több kelet-európai temető csontanyagának vizsgálat alapján: A honfoglaló magyarság embertani összetételében nem olyan morfológiai sajátosságok konstatálhatók, mint az Urál vidéki finnugorok más csoportjainál. A honfoglaló magyarság embertani összetételében az europid nagyrasz elemei túlnyomó többséget képeztek. Az Azov-melléki nyugat-kazahsztáni szarmata kori leletek tükrözik a legnagyobb hasonlóságot az ősmagyarokéval. A honfoglalóknak a mazuzinói és biszki csoporttól való nagy embertani különbözőségről következően, az ugor hipotézist elfogadva, az elvándorlás ideje nem lehet a 8. század. Az ugor hipotézist és az elvándorlás idejét is elfogadva viszont az őshaza nem lehet az Urál mellékén, hanem a Kaszpi-tengertől északra, Nyugat-Kazahsztánban volt.

Éry Kinga (Éry 1978) 62 lelőhelyről származó 149 férfi és 124 nő koponyaméretei alapján a honfoglaló magyarság regionális különbségeire mutatott rá. Négy régiót különített el, amelyekben eltérő arányban fordultak elő a különböző embertani típusok. Összességében az europo-mongolidok arányát 30%-nak, ezen belül a turanid típust 70%-nak találta. Véleménye szerint a honfoglaló magyarság eltérő embertani csoportjai kezdetben zárt tömbökben települtek az országba.

Thoma Andor a honfoglaló magyarság embertani típus spektrumát a következő képpen adta meg (Thoma 1987): turanid 40%, urali 15%, pamíri 15%, mediterrán 15%, taurid 5%, cromagnoid 5%. Ez a típus megoszlás megegyezik az első évezred Dél-Orosz sztyeppéin élő nyugati török népek típus-spektrumával. A finnugor népek között csak az urali és a cromagnoid típus fordul elő. Az urali típus dél felé Turkesztánig előfordult és gyakori volt, a cromagnoid elterjedése is jóval túlmutat a finn-ugor népek élőhelyén. Szerinte embertanilag a honfoglalóknak legfeljebb 20%-a hozható kapcsolatba ugor etnikummal, 80%-a törökös típusú (Marjalaki 1987).

Mivel a honfoglaló koponyák metrikus és morfológiai elemzésével a magyarság keleti kapcsolatait Nyugat-Kazakisztánnál keletebbre nem látjuk, fontos mindazon kulturális szokások tanulmányozása is, amelyek a magyarságra specifikusan jellemzőek. A jelképes trepanáció egyértelműen ilyen szokás, a honfoglaló csontmaradványok 13%-nál figyelhető meg (Bernert és mtsai 2006, Bereczki és mtsai 2015). A Volga bal partján a Káma torkolattól délre 40 km-re Tankejevka lelőhely 9–11. századi koponyái hasonló arányban hordoznak jelképes trepanációt. A temető tárgyi anyaga szerint bolgár-török vagy ugor lehetett (Éry 1987/88). A honfoglaló magyarokkal biztosan kapcsolatba került népeknél is előfordul a trepanáció kisebb mértékben; előfordul például a késő avaroknál. Különösen értékes lelet a Tata Tóváros Homokbánya területéről másodlagos helyzetből előkerült égetett agyag síp, mérete kb 10 cm, a készítési technika szerint 8–12. századi eredetű. A táltos síp mongoloid arcú emberfej ábrázolása egyértelmű jelképes trepanációt hordoz a bregmapont mellett. A lelet egyetlen párhuzama Ulanbator mellől egy 7–8. századi türk fejedelmi sírból került elő (Kralovánszky 1966). A lelet azért fontos, mert rámutat a magyarság legkeletibb párhuzamaira. Továbbá arra, hogy a jelképes trepanáció a magyarság türk ágához köthető. Végül érthetővé válik, hogy miért a gazdagabb, turanid koponyákkal jól reprezentált honfoglaló temetőkből találunk nagyobb arányban jelképes trepanációt.

Tehát a rendelkezésre álló adatok alapján jogos felvetésnek tűnik, hogy a korai magyarok történetét intenzív demográfiai kölcsönhatások jellemezhették, amely kölcsönhatások megragadására új matematikai módszerek szükségesek. Dolgozatunkban két elemi demográfiai kölcsönhatás: a szétválás, valamint keveredés vagy egyesülés lehetséges matematikai és filogenetikai nyomait keressük. Egy adott népesség belső szaporulatból való növekedése is fontos demográfiai hatás, amely szintén vizsgálható a populációgenetika eszköztárával, de ezt az esetet nem vizsgáljuk a jelen tanulmányban.

Anyag és módszer

Ha egy népesség különböző népségeket folyamatos vagy viszonylag friss keveredéséből áll össze, akkor a haplocsoport-eloszláson alapuló genetikai távolságok gyakorlati, történeti értelmezhetősége korlátozott. Ezért egyrészt a rendelkezésre álló legmélyebb mérési adatokat, jelen esetben a haplotípusokat érdemes felhasználnunk a genetikai kapcsolatok megragadására. Másrészt, a haplocsoportok természetes módon kínálják azt a lehetőséget, hogy modellezzük a különböző egyesüléssel, keveredéssel és szétválással járó demográfiai folyamatokat. Nevezetesen olyan modellek kidolgozására vállalkozunk, amelyek a vizsgált populációra vonatkozó teljes minták mellett az adott populációt reprezentáló minták haplocsoportra szűkített haplotípus halmazainak vizsgálatára adnak lehetőséget.

Vizsgálati módszerek

Az alábbi klaszterező, vizualizációs és genetikai távolság-becslő módszereket alkalmaztuk a tudományos körökben statisztikai célokra egyik leggyakrabban használt fejlesztő eszköz, a Python programozási nyelv (www.python.org) segítségével:

- Jaccard távolság haplotípusok halmazán,
- főkomponens-elemzés haplotípus-gyakoriság alapján,
- átlagos minimális távolság haplotípusok csoportjai között,
- haplocsoport-eloszlás két populáció közös haplotípusai alapján.

A Jaccard távolság. A Jaccard távolság a legegyszerűbb és leghatékonyabb eszköz két halmaz hasonlóságának a számszerűsítésére (Tan és mtsai 2006). A Jaccard távolság alkalmazása nem ismeretlen a genetikában, de humán genetikai felhasználása meglehetősen újszerű (Propenko és mtsai 2016). Definíció szerint a Jaccard hasonlóság két halmaz metszetének és együttes elemszámának a hányadosa, a Jaccard távolság pedig 1 mínusz a Jaccard hasonlóság. A Jaccard távolság értéke tehát 0 és 1 között mozog. Két halmaz Jaccard távolsága 0, ha a két halmaz azonos, és 1, ha a két halmaznak egyetlen közös eleme sincs.

Azt tapasztaltuk, hogy a Jaccard távolság a rendkívüli egyszerűsége ellenére is számos esetben értelmezhető genetikai összefüggésekre mutatott rá. Annak ellenére van ez így, hogy a populációk között, a haplotípusok halmazán értelmezett Jaccard távolság csak bizonyos korlátozásokkal képes megfogni a sokszínű genetikai valóságot. Egyrészt a Jaccard távolság halmazokon értelmezett távolságfogalom, és egy halmaznak nem lehet több azonos eleme. Azaz a haplotípus-gyakoriságokat a Jaccard távolság nem veszi figyelembe. Nem veszi figyelembe azt sem, hogy egyes haplotípusok hány mutációra, azaz milyen távolságra vannak egymástól. Mindenesetre, ha két populáció egy adott haplocsoportjához tartozó haplotípusok halmaza között a Jaccard távolság nulla, az jóval többet jelent, minthogy haplotípus-egyezések vannak a vizsgált populációk között. Azt jelenti, hogy a két mintában egy adott haplocsoportban pontosan ugyanazok a haplotípusok vannak. Illetve a Jaccard távolság mértékéből az is látszik, hogy két haplotípus halmaz mennyire hasonlít egymáshoz. Tehát a haplotípusok halmazán értelmezett Jaccard távolság a haplotípus egyezések olyan általánosításának tekinthető, amely lehetővé teszi, hogy populációk közötti a haplotípus-egyezéseket számszerűsíteni tudjuk. Ha a metrikus többdimenziós skálázás (multidimensional scaling, MDS) alapja a Jaccard távolság, akkor a gyakorlatban akkor találkozhatunk leginkább „beszédes” vizualizációval, amikor ilyen haplotípus egyezéseket keresünk populációk között.

A haplotípusok gyakorisága alapján történő főkomponens-elemzés. A haplotípusok gyakorisága alapján történő főkomponens-elemzés (principal component analysis, PCA) már értelemszerűen figyelembe veszi a haplotípusok többszöri előfordulását, de az egyes haplotípusok közötti távolságot ez a módszer is figyelmen kívül hagyja. Azt tapasztaltuk a gyakorlatban, hogy a haplotípus-gyakoriságon alapuló főkomponens-elemzés által nyújtott vizualizáció általában akkor eredményez jól áttekinthető ábrát, amikor kevesebb populációt vizsgálunk. Mi azonban nem szeretnénk volna semmilyen koncepció mentén szűkíteni az elemzésbe bevont populációk számát, így viszonylag kevés esetben kaptunk jól értelmezhető vizualizációt ezzel a módszerrel.

Az átlagos minimális távolság. Az átlagos minimális távolság az adatbányászatban használt egyik bevett távolságfogalom. Jelölje $D_{avg_min}(X,Y)$ az objektumok X és Y csoportja közötti átlagos minimális távolságot. A $D_{avg_min}(X,Y)$ úgy számolható ki, hogy X halmaz összes eleméhez megkeressük az Y halmaz legközelebbi elemét, az így nyert távolságokat összeadjuk, majd átlagoljuk az X elemszámával. Esetünkben X és Y elemei haplotípusok, és a két haplotípus közötti különbséget a Hamming-távolság alapján számoljuk ki. A Hamming-távolság két haplotípus között azon mutációk legkisebb számával egyenlő, amely mutáció-sorozattal az egyik haplotípusból a másikba el tudunk jutni.

Ez a távolság-fogalom azonban csak nevében távolság, mert nem szimmetrikus a két objektum közötti távolság, ami egyik előfeltétele annak, hogy matematikai értelemben távolságnak tekintsük az átlagos minimális távolságot, mint függvényt. Azaz ha az X és Y objektumok között D_{avg_min} jelöli az átlagos minimális távolságot, akkor a

$D_{\text{avg_min}}(X,Y) = D_{\text{avg_min}}(Y,X)$ nem feltétlenül teljesül. A minimális távolság-fogalom esetünkben is gyakran jelentősen eltér egymástól, és mint később látni fogjuk, ennek konkrét demográfiai jelentése lehet. Mindenesetre ez azt is jelenti, hogy X és Y objektumok viszonyát az átlagos minimális távolság alapján egy számpár: a $D_{\text{avg_min}}(X,Y)$ és a $D_{\text{avg_min}}(Y,X)$ jellemzi együttesen. Ez az észrevétel teljes mértékben összhangban áll azzal a ténnyel, hogy populációk közötti genetikai kapcsolat aszimmetrikus is lehet. Tipikus példa erre, amikor egy kis létszámú népesség elhagyja azt a területet, ahol ősei hosszú időn keresztül éltek. Ilyenkor csak a leggyakoribb haplotípusok jelennek meg nagyobb valószínűséggel az ősi géncentrumából kiszakadt népességben. Attól függően, hogy mennyire kis létszámú népesség hagyja el az adott területet, szűkül le a haplotípusok halmaza a területet jellemző haplotípusok halmazához képest. Ha jóval kisebb népesség válik ki, akkor „kihalásról”, ha az elvált népességek létszáma egymással összehasonlítható, akkor „elválásról” beszélünk. Természetesen fokozatos az átmenet „elválás” és „kihalás” között, de az átlagos minimális távolság képes számszerűsíteni a szétválás különböző folyamatait és fokozatait.

Ha például $D_{\text{avg_min}}(X,Y) = 0$, akkor az azt jelenti, hogy X haplotípusok részei Y haplotípusok halmazának. Amennyiben $D_{\text{avg_min}}(Y,X)$ és $D_{\text{avg_min}}(X,Y)$ is egyaránt nulla, akkor a két halmaz azonos. Ha $D_{\text{avg_min}}(X,Y)$ nulla vagy közel nulla és $D_{\text{avg_min}}(Y,X)$ értéke viszonylag nagy, akkor valószínű, hogy Y diverzebb, mint X, és X-et teljesen vagy nagymértékben tartalmazza.

Ilyen esetekben felmerül a gyanú, hogy az X haplotípusok halmaza kiszakadt az Y népességből. Különösen megerősödik e gyanú, ha egymást megerősítő eredményeket azonosítunk ebben az összefüggésrendszerben. Például, mint később látni fogjuk, a székely C haplotípusok halmaza a 168 eurázsiai populációból 3 tuvai népességhez került a legközelebb az átlagos minimális távolság alapján. Ez egyrészt az valószínűsíti, hogy egyetlen földrajzi központból származnak a székely C haplotípusok, és nem több különböző földrajzi területről érkező különböző demográfiai impulzusok eredője. Másrészt esetünkben konkrétan azt is jelenti, hogy Tuvát benépesítő népességek között kereshetjük a székely C haplotípusok eredetét.

Amikor azonban földrajzilag nem ilyen szorosan behatárolható területeket találunk egy csoport lehetséges eredetére vagy kapcsolataira, hanem egymástól távol eső területeket, akkor joggal merül föl a gyanú, hogy különböző földrajzi területekről lépett be ugyanaz haplocsoport egy adott népességbe. A haplocsoportokat meghatározó markerek a legtöbb esetben több tízezer évesek. Azaz tökéletesen életszerű, hogy egy haplocsoport egyes alcsoportjai különböző földrajzi területeken alakultak ki vagy szaporodtak el, és így különböző földrajzi területről érkező népességekkel azonos haplocsoportok léptek be egy népesség génállományába.

Az átlagos minimális távolság számpár jól jellemzi két populáció genetikai kapcsolatát, mert egyaránt figyelembe veszi a haplotípusok gyakoriságát, a haplotípusok egymástól való távolságát és képes megjeleníteni az aszimmetrikus demográfiai kapcsolatokat is. Ez utóbbi ok – az átlagos minimális távolság aszimmetrikus volta – miatt a népességek közötti genetikai kapcsolat átlagos minimális távolság alapján való vizualizációja korlátokba ütközik. Ezért a jelen tanulmányban csak táblázatos formában tudjuk megadni a populációk közötti átlagos minimális távolságokat.

Haplocsoport-eloszlás két populáció közös haplotípusai alapján. Két populáció genetikai kapcsolatát nemcsak távolságfogalmakkal, számokkal lehet vizualizálni. Egy nagyon hasznos vizualizációs eszköz, ha a két népesség egyező haplotípusai alapján

megrajzoljuk a „metszet” haplocsoport-eloszlását. Ez azért is beszédes eszköz, mert az egydimenziós távolságfogalomnál sokkal fontosabb a kapcsolat szerkezete. Természetesen két népességben meglévő azonos haplotípusok jelenléte nem feltétlenül egy közös ősrre vagy azonos demográfiai impulzusra utalnak. Haplotípus-egyezeit eredményezhet két egymástól független demográfiai behatás is. Például azt valószínűsítjük, hogy az F haplocsoport egymástól független okok miatt van jelen a honfoglalók és a kondai manysik génállományában. A honfoglalókban valószínűleg avar, a kondai manysikban pedig türk népekkel való keveredés nyomait jelezheti.

Vizsgálati adatok

A lehető legszélesebb mintaszám kedvéért 168 populáció 16710 haplotípusát dolgoztuk föl. A vizsgálatba bevont populációk leírása az 1. táblázatban található. Ha egy népességből több minta is rendelkezésre állt, akkor az összes mintát megőriztük és nem vontuk össze. Ha ugyanis egy népességből több különböző minta is hasonló összefüggésrendszert eredményezett, akkor jó okunk volt azt feltételezni, hogy az összefüggés nem az adott mintavételi folyamatnak tudható be, hanem valóban az adott népesség filogenetikai sajátosságaira vonatkozik. Összevontuk azonban a gyimesi csángó és székely népességet, mert a gyimesi csángók székely eredetű csángók, és szeretnénk volna egy minél nagyobb recens magyar nyelvű genetikai kontrollcsoportot a honfoglaló magyarsággal szemben.

Ahhoz, hogy az adatok összehasonlíthatók legyenek, a DNS-t a 16090–16362 szakaszon vizsgáltuk, mert ez az az intervallum, amelyen minden tanulmány érvényes vizsgálatot végzett. Ez sajnos meglehetősen kevés a teljes szekvenálás korában, de amíg nagy számban nem állnak rendelkezésre adatok a modernebb mérési technikákkal, addig nagyszámú populációt csak ilyen megszorításokkal tudunk vizsgálni.

Vizsgálati eredmények és értékelésük

168 eurázsiai populáció közül a recens magyarsághoz a Jaccard távolság alapján legközelebbi sorrendben a szlovák, az ukrán és a lengyel népesség áll, negyedik helyen a székely magyarok, ötödik helyen pedig a németek jelennek meg (1. melléklet – Elektronikus Függelék). A székely-csángó népesség szemszögéből vizsgálva anyai ágon hozzájuk a legközelebb a magyarországi magyarok állnak, őket követik az ukránok, a szlovákok, a németek és a volgai tatárok. Ezzel szemben a honfoglaló csontleletek Jaccard távolságok alapján összességében a legközelebbi kapcsolatot sorrendben a baskírokkal, a kondai manysikkal, a marikkal, a türkménekkal és a komikkal mutatják.

Mivel a baskírok és a kondai manysik honfoglalókhöz való relatív közelsége történetileg is értelmezhető, ezért kíváncsiak voltunk a távolság szerkezetére is. Különösen azért fontos ez a kérdés, mert a kapcsolatok szerkezete sokszor jóval fontosabb, mint az egydimenziós genetikai távolság. Azaz elkészítettük a honfoglaló és baskír, valamint a honfoglaló és manysi minták közös haplotípusaihoz tartozó haplocsoport-eloszlást is (1. ábra). Illetve, hogy egy másik magyar nyelvű népesség adatsoraival is össze tudjuk hasonlítani az eredményeket, elkészítettünk székely-csángó és baskír, valamint a székely-csángó és manysi minták közös haplotípusaihoz tartozó haplocsoport-eloszlást is. Meglepetésünkre, annak ellenére, hogy a székely-csángó és a honfoglaló minták genetikai mintázata meglehetősen távol áll egymástól, a két ábra meglepő párhuzamokat mutat.

1. táblázat. A vizsgálatba bevont populációk kódja és mintanagysága.
Table 1. The code and sample size of the analyzed populations.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
Adygei_0056	Adige – Adygei	50	Macaulay és mtsai 1999
Aleuts_0743	Aleut – Aleuts	30	Derbeneva és mtsai 2002
Aleuts_0744	Aleut – Aleuts	35	Rubisz 2007
Aleuts_0745	Aleut – Aleuts	36	Volodko és mtsai 2008
Aleuts_0746	Aleut – Aleuts	108	Rubicz 2007, Rubicz és mtsai 2003
Altaians,Altaians-Kizhi_0811	Altáji, Altáji-Kizhi – Altaians, Altaians-Kizhi	90	Derenko és mtsai 2007
Altaians,Telenghits_0812	Altáji, Telengit – Altaians, Telenghits	71	Derenko és mtsai 2007
Altaians,Teleuts_0813	Altáji, Teleut – Altaians, Teleuts	51	Derenko és mtsai 2007
Altaians,Tubalar_0814	Altáji, Tubalar – Altaians, Tubalar	71	Starikovskaya és mtsai 2005
Altaians_0810	Altáji – Altaians	107	Derenko és mtsai 2003
Altaians_0841	Altáji – Altaians	16	Shields és mtsai 1993
Ancient_Hungarian	Ősi magyar – Ancient Hungarian	76	Csosz és mtsai 2014
Austrians_0057	Osztrák – Austrians	259	Brandstätter és mtsai 2007
Avar	Avar	26	Csosz és mtsai 2016
BagaTurgenGol_1649	BagaTurgenGol	13	González-Ruiz és mtsai 2012
Balkarians_0827	Balkár – Balkarians	19	Quintana-Murci és mtsai 2004
Baraba Bronz	Baraba Bronz	64	Molodin és mtsai (2012)
Baskhir	Baskír – Baskhir	205	Bermisheva és mtsai (2002)
Bronz_Karel	Bronz	18	Sarkassian és mtsai (2013)
Buryats_0737	Burját – Buryats	38	Derenko és mtsai 2003
Buryats_0738	Burját – Buryats	85	Derenko és mtsai 2003
Buryats_0739	Burját – Buryats	290	Derenko és mtsai 2007
Buryats_0740	Burját – Buryats	123	Pakendorf és mtsai 2003
Buryats_0741	Burját – Buryats	25	Starikovskaya és mtsai 2005
Buryats_0840	Burját – Buryats	122	Shimada és mtsai 2002
Buryats_1046	Burját – Buryats	61	Tajima és mtsai 2004
Chechens/Karbardians_0278	Csecsen/Karbardia – Chechens/Karbardians	52	Richards és mtsai 2000
Chechens_0828	Csecsen – Chechens	18	Quintana-Murci és mtsai 2004
Chukchi_0729	Csukcs – Chukchi	182	Volodko és mtsai 2008
Chukchi_0730	Csukcs – Chukchi	15	Derenko és mtsai 2007
Chuvash	Csuvas – Chuvash	54	Bermisheva és mtsai (2002)
Croatians_0342	Horvát – Croatians	108	Tolk és mtsai 2001
Croatians_0864	Horvát – Croatians	119	Jeran és mtsai 2009
CZECH_1606	Cseh – Czech	85	Mielnik-Sikorska és mtsai 2013
Druze_1036	Druze	24	Shlush és mtsai 2008
Druze_1037	Druze	29	Shlush és mtsai 2008
Eskimos_0750	Eszkimó – Eskimos	50	Volodko és mtsai 2008
Eskimos_0751	Eszkimó – Eskimos	39	Volodko és mtsai 2008
Eskimos_0752	Eszkimó – Eskimos	7	Derbeneva és mtsai 2002
Eskimos_0753	Eszkimó – Eskimos	37	Volodko és mtsai 2008
Estonians_0244	Észt – Estonians	117	Lappalainen és mtsai 2008
Estonians_0295	Észt – Estonians	97	Richards és mtsai 2000
Even_0801	Even	49	Rubicz 2007, Rubicz és mtsai 2010
Ewenki_0691	Ewenki	47	Kong és mtsai 2003
Finns_0239	Finn – Finns	100	Meinila és mtsai 2001
Finns_0241	Finn – Finns	100	Meinila és mtsai 2001
Finns_0469	Finn – Finns	189	Finnila és mtsai 2001

1. táblázat folyt. – Table 1 cont'd.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
French_0258	Francia – French	120	Richard és mtsai 2007
Georgians_0337	Grúz – Georgians	124	Reidla 2017
Georgians_0863	Grúz – Georgians	48	Alfonso-Sanchez és mtsai 2006
Germans_0071	Német – Germans	200	Lutz és mtsai 1998
Germans_0072	Német – Germans	49	Richards és mtsai 1996
Germans_0401	Német – Germans	95	Brandstatter és mtsai 2006
Greeks_0281	Görög – Greeks	65	Richards és mtsai 2000
Han_0680	Han	42	Yao és mtsai 2002a
Han_0681	Han	49	Yao és mtsai 2002a
Han_0683	Han	47	Yao és mtsai 2002a
Han_0685	Han	30	Yao és mtsai 2002a
Han_0686	Han	42	Yao és mtsai 2002a
Han_0911	Han	75	Yao és mtsai 2003
Han_1041	Han	60	Tajima és mtsai 2004
Hsiung-nu_1639	Hszüung-nu – Hsiung-nu	46	Keyser-Tracqui és mtsai 2003
Hui_0912	Hui	45	Yao és mtsai 2004
Hungarians	Hungarians	301	Tömöry és mtsai 2007
Iranians_0219	Iráni – Iranians	224	Metspalu és mtsai 2004
Iranians_0638	Iráni – Iranians	37	Quintana-Murci és mtsai 2004
Iraqi_0235	Iraki – Iraqi	167	Al-Zahery és mtsai 2003, 2011
Iraqi_0270	Iraki – Iraqi	116	Richards és mtsai 2000
Italians_0322	Olasz – Italians	83	Tagliabracci és mtsai 2001
Itelmen_0800	Itelmen	46	Schurr és mtsai 1999
Jordanians_0531	Jordán – Jordanians	101	Gonzales és mtsai 2008
Kalmyks_0799	Kalmük – Kalmyks	106	Derenko és mtsai 2007
Kara-Nogay	Kara-Nogaj – Kara-Nogay	115	Estonian Biocentre
Karelians,Aunus_0249	Karelián, Aunu – Karelians, Aunus	218	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Ingirans_0250	Karelián, Ingirán – Karelians, Ingirans	38	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Tver_0253	Karelián, Tver – Karelians, Tver	61	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Vepsians_0251	Karelián, Vepszián – Karelians, Vepsians	64	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians,Viena_0252	Karelián, Viena – Karelians, Viena	87	Lappalainen és mtsai 2008
Karelians_0248	Karelián – Karelians	44	Lappalainen és mtsai 2008
Karos	Karos	17	Neparáczky 2017
Kazakhs_0830	Kazah – Kazakhs	246	Irwin és mtsai 2010
Kazakhs_0916	Kazah – Kazakhs	53	Gokcumen és mtsai 2008
Kazakhs_0917	Kazah – Kazakhs	46	Gokcumen és mtsai 2008
Kazakhs_0918	Kazah – Kazakhs	126	Gokcumen és mtsai 2008
Kazsak_0694	Kazsak	53	Yao és mtsai 2000, 2004
Kets_0792	Ket – Kets	38	Derbeneva és mtsai 2000
Khakassians_0808	Hakasz – Khakassians	53	Derenko és mtsai 2003
Khakassians_0809	Hakasz – Khakassians	57	Derenko és mtsai 2007
Khants_1050	Hanti – Khants	106	Pimenoff és mtsai 2008
Khants_1061	Hanti – Khants	10	Voevoda és mtsai 2017
Komi	Komi	133	Bermisheva és mtsai 2002
Korean_0692	Kórei – Korean	48	Kong és mtsai 2003
Koryaks_0734	Korják – Koryaks	56	Schurr és mtsai 1999
Koryaks_0736	Korják – Koryaks	54	Schurr és mtsai 1999
Kurds_0712	Kurd – Kurds	31	Quintana-Murci és mtsai 2004
Kyrgyzs_0717	Kirgiz – Kyrgyzs	48	Comas és mtsai 1998
Kyrgyzs_0718	Kirgiz – Kyrgyzs	45	Comas és mtsai 1998
Kyrgyzs_0831	Kirgiz – Kyrgyzs	238	Irwin és mtsai 2010

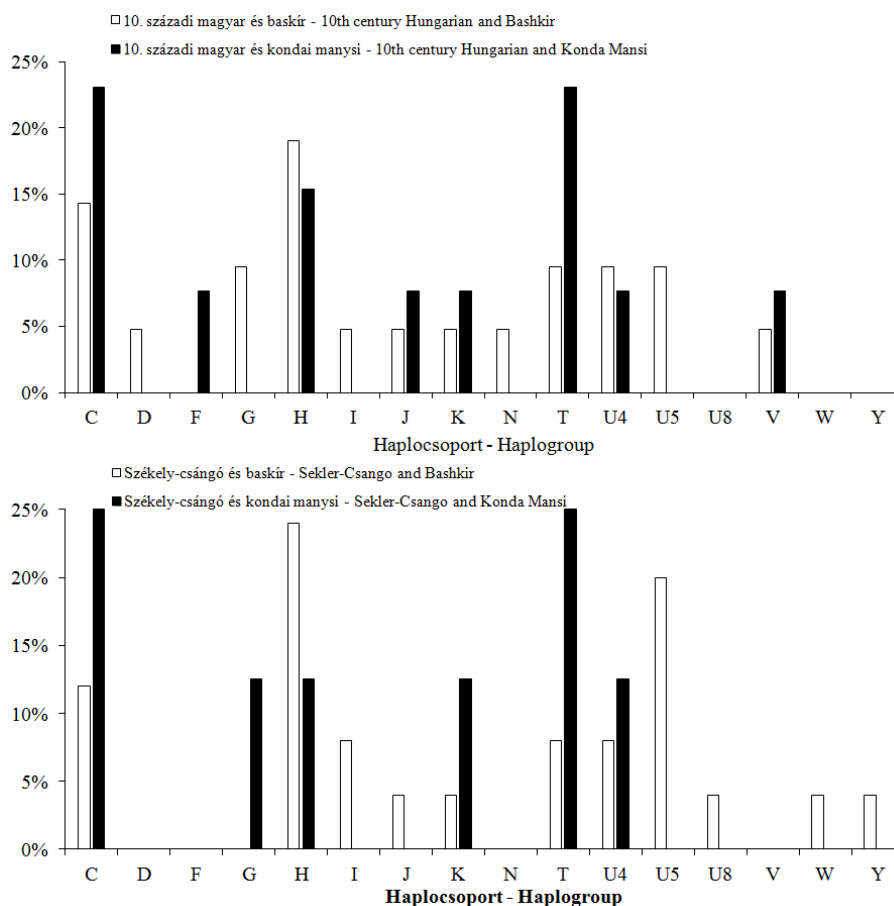
1. táblázat folyt. – Table 1 cont'd.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
Lebanese_1204	Libanoni – Lebanese	787	Haber és mtsai 2011
Mansi_0791	Manysi – Mansi	98	Derbeneva és mtsai 2002
Mansi_1051	Manysi – Mansi	63	Pimenoff és mtsai 2008
Mari	Mari	135	Bermisheva és mtsai 2002
Mongolian,Daur_0690	Mongol, Daur – Mongolian, Daur	43	Kong és mtsai 2003
Mongolian_0688	Mongol – Mongolian	15	Yao és mtsai 2002b
Mongolian_0689	Mongol – Mongolian	48	Kong és mtsai 2003
Mongolian_0914	Mongol – Mongolian	48	Yao és mtsai 2004
Mongolians_0643	Mongol – Mongolians	45	Derenko és mtsai 2007
Mongolians_0915	Mongol – Mongolians	90	Gokcumen és mtsai 2008
Nganasans_0721	Nganaszán – Nganasans	53	Goltsova és mtsai 2005
Nganasans_0722	Nganaszán – Nganasans	38	Volodko és mtsai 2008
Nganasans_0723	Nganaszán – Nganasans	23	Derbeneva és mtsai 2000
Nivkhi_1049	Nivki – Nivkhi	57	Tajima és mtsai 2004
Olon-Kurin-GolValleycemetery10_1649	Olon-Kurin-Gol völgyi – Olon-Kurin-Gol Valley Cemetery	1	Pilipenko és mtsai 2010
Olon-Kurin-GolValleycemetery6[OKG-6-2,3_1649	Olon-Kurin-Gol völgyi – Olon-Kurin-Gol Valley Cemetery	1	Pilipenko és mtsai 2010
Olon-Kurin-GolValleycemetery6_1649	Olon-Kurin-Gol völgyi – Olon-Kurin-Gol Valley Cemetery	1	Pilipenko és mtsai 2010
Oroqen_0693	Oroken – Oroqen	42	Kong és mtsai 2003
Ossetians_0279	Oszét – Ossetians	106	Richards és mtsai 2000
Ossetians_0338	Oszét – Ossetians	198	Kaldma és mtsai unpublished
Palestinians_0994	Paleszton – Palestinians	295	Amar és mtsai 2007
Poles_0100	Lengyel – Poles	435	Malyarchuk és mtsai 2002
Romanians_0283	Orosz – Romanians	91	Richards és mtsai 2000
Russians	Orosz – Russians	197	Malyarchuk és mtsai 2002
Russians_0102	Orosz – Russians	50	Malyarchuk és Derenko 2001
Russians_0109	Orosz – Russians	197	Malyarchuk és mtsai 2002
Saami_0139	Számi – Saami	69	Sajantila és mtsai 1995
Saami_0147	Számi – Saami	61	Delghandi és mtsai 1998
Saami_0148	Számi – Saami	21	Sajantila és mtsai 1995
Sabinka2_1649	Szabinka – Sabinka	1	Allentoft és mtsai 2015
Sali_0700	Száli – Sali	29	Yao és mtsai 2002b
SebsteiValley_1649	Sebstei völgyi – Sebstei Valley	2	Ricaut és mtsai 2004
Sekler-Csango	Székely-Csángó – Sekler-Csango	342	Brandstätter és mtsai (2007)
Shors_0815	Sór – Shors	81	Derenko és mtsai 2007
Shugnan_0708	Shugnan	44	Quintana-Murci és mtsai 2004
Sib-Tat	Szibériai tatár – Siberian Tatars	214	O Yu Naumova és mtsai (2008)
Slovaks_0112	Szlovák – Slovaks	137	Malyarchuk és mtsai 2008
Slovaks_0113	Szlovák – Slovaks	70	Malyarchuk és mtsai 2008
Slovaks_0923	Szlovák – Slovaks	374	Lehocky és mtsai 2008
Spaniards_0225	Spaniards	100	Alvarez-Iglesias és mtsai 2009
Swedes_0243	Svéd – Swedes	295	Lappalainen és mtsai 2008
Swiss_0092	Svájci – Swiss	151	Dimo-Simonin és mtsai 2000
Syrians_0272	Szír – Syrians	69	Richards és mtsai 2000
Syrians_0530	Szír – Syrians	49	Vernesi és mtsai 2001
Tajiks_0832	Tádzsik – Tajiks	228	Irwin és mtsai 2010
Tatar	Tatár – Tatar	215	Bermisheva és mtsai (2002)
Tofalars_0731	Tofalár – Tofalars	58	Derenko és mtsai 2003
Tofalars_0732	Tofalár – Tofalars	46	Starikovskaya és mtsai 2005
TsengelKhairkhan_1649	Tsengel Khairkhan	3	Gonzalez-Ruiz és mtsai 2012

1. táblázat folyt. – Table 1 cont'd.

Népesség kódja – Population code	Népesség – Population	N	Hivatkozás – Reference
Turkmens_0833	Türkmen – Turkmens	240	Irwin és mtsai 2010
Turks_0274	Török – Turks	143	Richards és mtsai 2000
Turks_0629	Török – Turks	48	Quintana-Murci és mtsai 2004
Tuvinians,Todjin_0793	Tuvaji, Todjin – Tuvinians, Todjin	48	Derenko és mtsai 2003
Tuvinians_0305	Tuvaji – Tuvinians	45	Tonks és mtsai unpublished
Tuvinians_0724	Tuvaji – Tuvinians	36	Derenko és mtsai 2000
Tuvinians_0725	Tuvaji – Tuvinians	89	Derenko és mtsai 2003
Tuvinians_0726	Tuvaji – Tuvinians	102	Derenko és mtsai 2007
Tuvinians_0727	Tuvaji – Tuvinians	94	Starikovskaya és mtsai 2005
Tuvinians_1059	Tuvaji – Tuvinians	56	Pakendorf és mtsai 2006
Udmurt	Udmurt	87	Bermisheva és mtsai (2002)
Uighur_0695	Ujgur – Uighur	47	Yao és mtsai 2000, 2004
UKR_1608	Ukrán – Ukrainian	159	Mielnik-Sikorska és mtsai 2013
UKR-DNP_1615	Ukrán, Dnyeppep – Ukrainian, Dniepier	174	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-EAS_1615	Ukrán, keleti – Ukrainian, East	96	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-OTH_1615	Ukrán, Oth – Ukrainian, Oth	15	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-PDL_1615	Ukrán, Pdl – Ukrainian, Pdl	179	Pshenichnov és mtsai 2013
UKR-WST_1615	Ukrán, nyugati – Ukrainian, West	141	Pshenichnov és mtsai 2013
Uzbeks_0834	Üzbég – Uzbeks	96	Irwin és mtsai 2010
Uzbeks_0913	Üzbég – Uzbeks	58	Yao és mtsai 2004
Yakuts_0703	Jakut – Yakuts	35	Derenko és mtsai 2007
Yakuts_0704	Jakut – Yakuts	187	Fedorova és mtsai 2003
Yakuts_0705	Jakut – Yakuts	114	Pakendorf és mtsai 2003
Yakuts_0851	Jakut – Yakuts	155	Crubezy és mtsai 2010
Yakuts_1053	Jakut – Yakuts	83	Puzyrev és mtsai 2003
Yakuts_1056	Jakut – Yakuts	173	Pakendorf és mtsai 2006
Yukaghir,Chuvantsi_0805	Jukagir, Csuvantszi – Yukaghir, Chuvantsi	32	Volodko és mtsai 2008
Yukaghir_0803	Jukagir – Yukaghir	82	Volodko és mtsai 2008
Yukaghir_0804	Jukagir – Yukaghir	18	Volodko és mtsai 2008
Yukaghir_1058	Jukagir – Yukaghir	21	Pakendorf és mtsai 2006

Úgy tűnik, hogy a kondai manysi haplotípus egyezéseket a C, a T és a H haplocsoport dominálja a honfoglalók és a székelyek esetében is. Illetve a K és az U4 haplocsoportban szintén előfordul a kondai manysi-székely és a kondai manysi honfoglaló haplotípus egyezés. Továbbá U5 és az I haplocsoport egyaránt megjelenik a székely-csángó-baskír és a honfoglaló-baskír haplotípus egyezések között. Ezzel párhuzamosan a C és a T haplocsoport aránya csökken a székely-csángó-baskír és a honfoglaló-baskír haplotípus egyezésekben a kondai manysi „metszethez” képes, de a H haplocsoport aránya nő szintén mindkét esetben. Az 1. ábra azt sugallja, mintha a H haplocsoport egy újabb impulzust kaphatott a Volga-Urál vidéken. Ezzel párhuzamosan a C és T haplocsoport azonban talán nem kapott utánpótlást a Volga-Urál vidéken, és ezért más belépő haplocsoportok miatt csökkent az aránya. Érdekes ennek kapcsán megjegyezni, hogy a C haplocsoport a székelyekben (Brandstätter és mtsai 2007) és az obi-ugorokban (Pimenoff és mtsai 2008) egyaránt a legdiverzebb és legnépesebb kelet-eurázsiai haplocsoport, illetve a T haplocsoport andronóvi migrációs markernek számít a bronzkori Nyugat-Szibériában (Molodin és mtsai 2012). Észrevételünk összhangban áll azokkal a nézetekkel, amelyek az ugorok és legkorábbi magyarok történetében az ugor és iráni kölcsönhatásokat meghatározónak találják (Koryakova és Epimakhov 2007, Harmatta 1997).



1. ábra: Haplocsoport-eloszlás haplotípus-egyezések alapján.
 Fig. 1: Haplogroup distribution based on sharing haplotypes.

A továbbiakban az egyedi haplocsoportokat vizsgáljuk. Először megpróbáljuk az egyes haplocsoportok földrajzi előfordulását, esetleges eredetéről szóló információkat feltüntetni, hogy képbe helyezzük az olvasót a vizsgált haplocsoporttal kapcsolatban. A haplocsoportok (Fehér 2016b) alapján ismertetjük röviden. Az ismertetés után rátérünk az adott haplocsoportnak a honfoglalók, mai magyarok és székelyek génállományában betöltött szerepére az új filogenetikai mértékek bemutatására.

Az A haplocsoport

Az A haplocsoport A2 alcsoportja csak az amerikai őslakók és a Csukcs-félszigeti népek (25–47%) között fordul elő. Az eszkimók között 80–96% gyakoriságú, az észak-amerikai indián népek között nagyobb, a dél-amerikai indiánok között kisebb az előfordulási gyakorisága, a szóródást tekintve 17–70% között változó arányban előforduló haplocsoport. A nem A2-höz tartozó ázsiai alcsoportok összesen 13–15%-ot tesznek ki a tibetiek, a mongolok és a hsiungnu (ázsiai hun) csontleletek között. 6–10%-os gyakoriságú a japánok, koreaiak, kínaiak és jenyiszeji ketek között.

Az A haplocsoport a C haplocsoport után a második leggyakoribb északkelet-eurázsiai eredetű haplocsoport a mai székely népességben és az Uelgi „magyargyanús” temetőből származó minták esetében is. A székely és csángó haplotípusok az A4 és A8 alcsoportba tartoznak. Az A4 egyedül a mongolokban és a burjátok között fordul elő viszonylagosan nagyobb arányban (11%). A csángó A4 haplotípus egy Baraba-sztyepei késő krotovói haplotípussal egyezik meg. Az A8 rendkívül ritka haplocsoport. Északkelet-Ázsiában a Bajkál-mellék mongol nyelvű népeinél fordul elő szórványosan (Derenko és mtsai 2007).

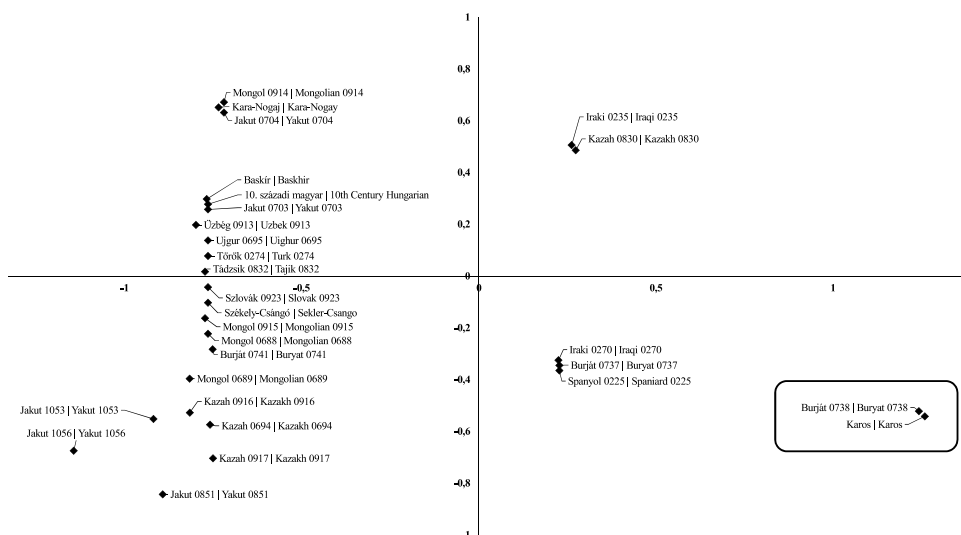
Ahogy a gyakoriság alapján is várható volt, a székely A haplocsoport legvalószínűbb származási eredete a mai burjátok egyik etnikai komponenséhez köthető, mert csak két burját populáció áll az átlagos minimális távolság alapján nulla távolságra a székely A haplotípusok halmazától (2. melléklet – Elektronikus Függelék). A Jaccard távolság alapján is egyértelmű, hogy a székely A haplotípusok halmazához a burjátok, a mongolok és a jakutok állnak legközelebb. A honfoglaló A haplocsoport eredete már több irányba mutat, mint a székelyeké. Az átlagos minimális távolság alapján a honfoglalókban jelen lévő A haplotípusok eredete tekintetében a burjátok mellett számos türk (kírgiz, türkmén, baskír), ázsiai hun és észak-kínai populáció is felmerül. A földrajzi eredet meglehetősen tág volta alapján nem zárható ki, hogy az A haplocsoport több különböző népességgel lépett be a korai magyarok génállományába.

A B haplocsoport

A B haplocsoport a kelet-eurázsiai haplocsoportok közül is az egyik legkeletibb elterjedésű. Elsősorban az ausztrónéz népekre (14–44%), az amerikai őslakókra (22–28%), a vietnamiakra (28–31%) és a laosziakra (25%) jellemző. Gyakorisága a kínaiak, koreaiak és japánok között is 10–20% közötti. Közép-Ázsiában és Dél-Szibériában 1–15% közötti előfordulású. A B haplocsoport szórványosan előfordul a honfoglaló, a mai magyar (pl. Sárreuten) és a székely génállományban. A Karos III temetőben viszont viszonylag nagy arányban van jelen a B haplocsoport (3/13), a kelet-eurázsiai haplocsoportokat számosságában a B haplocsoport dominálja, és ezek a haplotípusok különbözőek is. Így jó okunk van feltételezni, hogy a Karos III temetőhöz tartozó etnikummal került be a B haplocsoport a magyar génállományba, és amennyiben feltevésünk igaz, akkor az is valószínű, hogy a B haplocsoport a honfoglalást nem sokkal megelőző friss keveredés nyomait jelzi a magyarokban (2. ábra).

Ha a Karos III temető B haplotípusait vizsgáljuk, akkor valószínű, hogy azok a Bajkál-mellékről származnak, mert mind a 6 burját populáció az átlagos minimális távolság alapján a legközelebbi populációk közé tartozik (3. melléklet – Elektronikus Függelék). Ha egy másik módszerrel, a B haplotípus gyakoriságára vonatkozóan végzünk főkomponens-elemzést, akkor is egyértelmű, hogy a karosi B haplotípusok halmazának legközelebbi párhuzama a mai burjátok között található meg.

Ha azokat a népségeket keressük, amelyekből végső soron a legnagyobb valószínűséggel ered a Karosi B haplotípusok halmaza, akkor két északkelet-kínai populációt találunk, mindkettőt Shangdong tartományban, a Sárga-folyó alsó folyása és a Sárga-tenger mentén. A burjátokhoz hasonlóan a szibériai tatárok és kazahok is egyfajta átmenetet képeznek a shandongi kínai és a karosi B haplotípus halmazok között. Továbbá a szibériai tatár és kazah haplotípus halmazok egymáshoz is legközelebb állnak Jaccard távolság alapján. Azaz a szibériai tatár és kazah populációkban a B haplotípusok forrása azonos népesség lehetett. Két iraki populáció is rokonságot mutat a Karos III B haplotípusaival. Meglepő, de figyelemreméltó még a B haplocsoport szórványos előfordulása a katalán mintákban is.



2. ábra: Főkomponens-analízis B haplotípus gyakoriság alapján.
 Fig. 2: Principal component analysis based on B haplotype frequency.

A C haplocsoport

Északkelet-Ázsia két leggyakoribb haplocsoportja a C és D haplocsoport. A C haplocsoport északkelet-szibériában (jukagirok, jakutok, evenkik) 62–67%-os gyakoriságú női vonal. A tuvaiaknál és nganaszánoknál 50%-os gyakoriságú. 30%-nál kisebb gyakoriságban egész Belső- és Közép-Ázsiában jellemző. A C haplocsoport a székelyek és az obi-ugorok legnépesebb és legdiverzebb kelet-eurázsiai haplocsoportja. Az Uelgi „magyargyanús” temetőkből szintén a leggyakoribb, 25%-os arányban jelen lévő kelet-eurázsiai haplocsoport.

A C haplocsoport – az A és G haplocsoportokkal együtt – legkorábbi dokumentált előfordulása a Szerovó-Glazkovói kultúrához köthető (Mooder 2006). A Szerovó-Glazkovói kultúra nagyjából i. e. 3100 környékén jelenik meg, a mélyreható ökológiai változásokat eredményező középső holocén klíma-optimummal összefüggésben a Bajkál-Angara régióban (Mooder és mtsai 2006). A régióban a megelőző Kitoj-kultúrát a D és F haplocsoport dominálja (Mooder 2006).

A genetikai adatok alapján egyértelmű, hogy C haplocsoport a szejma-turbinói eszközöket használó késő Krotovo népességgel jelenik meg a Baraba-sztyeppén, és az is, hogy az időben következő Fjodorovo régészeti horizont népessége és a késő-Krotovo népesség között biológiai folytonosság áll fent a Baraba-sztyeppén (Molodin és mtsai 2012). A mi szempontunkból ez azért fontos, mert a C haplocsoport előfordulása mindkét régészeti kultúrában 60% körüli. Ez egyben arra is példa, hogy az archeogenetikai kutatások miként segíthetik annak eldöntését, hogy egy adott régióban a régészeti kultúra megváltozása inkább népmozgásoknak köszönhető-e, vagy inkább belső kulturális kölcsönhatások következménye.

A székely C haplotípusok halmazához 3 tuvai minta áll legközelebb átlagos minimális távolság alapján, de 1 buryát, 1 jakut és egy másik tuvai minta szintén viszonylag közel áll hozzá (4. melléklet – Elektronikus Függelék). A kondai manysik C haplotípus-

halmazához szintén 1 tuvai minta áll legközelebb, de 1 burját, 4 jakut és két tuvai populáció szintén viszonylag közel áll, ugyancsak az átlagos minimális távolság alapján. A honfoglalók C haplotípusának diverzitása viszonylag kicsi, ezért számos populációt reprezentáló mintától nulla az átlagos minimális távolsága. Így a már felsorolt tuvai, jakut és burját minták mellett a baskír, a kondai manysi, az altáji, a kalmük és a jukagír populációktól is. Bár az archeogenetikai adatok reprezentatív volta haplotípus diverzitás szempontjából meglehetősen kérdéses, mégis elgondolkoztató, hogy a rendelkezésre álló adatok alapján a baskír C haplotípusok diverzebbek a honfoglalónál, a baskír C haplotípusok halmaza tartalmazza a honfoglaló C haplotípusok halmazát.

A D haplocsoport

A D haplocsoport a C haplocsoport mellett Északkelet-Ázsia másik leggyakoribb haplocsoportja. A koreaiak, japánok és mongolok között, valamint a hszüngnu (ázsiai hun) csontleletekben 30–40%-os gyakoriságú. A többi törökségi és mandzsú-tunguz népben, valamint a kínaiak és tibetiek között 10–25%-ban fordul elő. Jelen van az amerikai őslakók között is.

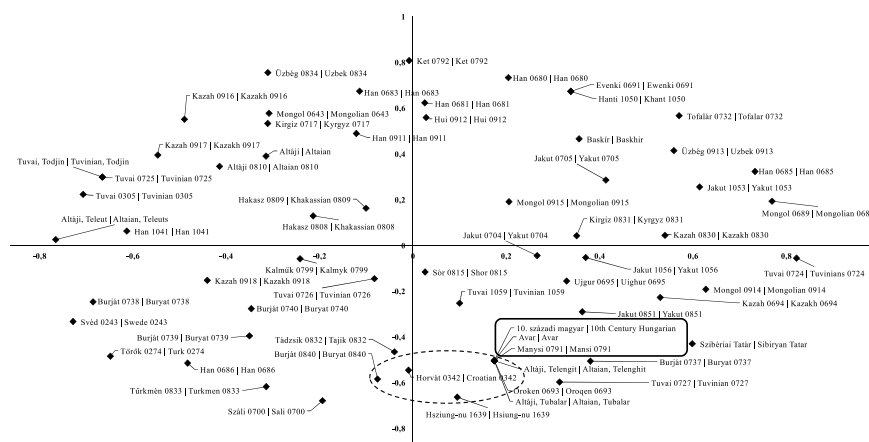
A D haplocsoporthoz tartozó haplotípusok gyakorisági mintázata érdekes jellegzetességeket mutat. Előfordul uráli és törökös népekben is, például a honfoglaló D haplotípusok inkább törökös népekre mutatnak, míg az egyetlen magyar D haplotípus, mint halmaz is, a bronzkori Karéliából származó mintákkal egyezik meg. A vonatkozó D haplotípus megtalálható Olaszországban, Szlovákiában és Görögországban is. A recens karél és számi D haplotípusok is láthatóan kapcsolatban állnak egymással, mert Jaccard távolság alapján egymáshoz és más finnugor népekhez állnak közel. Érdekes még, hogy a számi és karél D haplotípusok egy, a Bajkál-tó nyugati oldalán élő burját populációra mutatnak lehetséges földrajzi forrásként az átlagos minimális távolság alapján. Ezzel szemben a törökös népek D haplotípus-mintázata a Bajkál-tótól keletre eső burját populációk irányába mutat. Említésre méltó még, hogy a manysikhoz a nganaszánok állnak a legközelebb a Jaccard távolság alapján a D haplocsoport tekintetében.

Az F haplocsoport

Az F haplocsoport Kelet-Ázsiára jellemző, Délkelet-Ázsiában több népességben is 10–26%-os gyakoriságú, míg Közép-Ázsiában 1–8% közötti az előfordulása. Nyugat-Szibériában két populációban fordul elő kimagasló arányban, a sórok (41,5%; Derenko és mtsai 2007) és a ketek (23%; Starikovskaya 2005) között. Európában két kiugró gyakorisága található: a Hvar szigeti horvátok, valamint a permi baskírok között. A baskír és a horvát minták egyaránt az F1b alcsoporthoz tartoznak, amely alcsoport Délkelet-Ázsia mellett a Kelet-Ázsia északabbi területein élő népek (mongol, kazakh, ujjur, stb.) között is előfordul (3. ábra).

A kutatókat régóta foglalkoztató kérdés, hogy milyen történelmi folyamatok magyarázhatják az Európában rendkívül ritka F haplocsoport jelenlétét Hvar szigetén (Dalmácia). Egyrészt a Hvar szigeti F haplotípusok halmaza az átlagos minimális távolság alapján egyértelműen a sór népességre mutat lehetséges eredetként (5. melléklet – Elektronikus Függelék). A sórok Oroszország Kemerovo tartományában élő török nyelvű népesség, önnevezésük gyakran nemzetségeik vagy törzseik alapján történik: Koby, Karga, Ky, Aba, Sór. Másrészt pedig történelmi tudásunk alapján a Kárpát-medencében és Dalmáciában éltek avarok a honfoglalás korában, és a kárpát-medencei avar csontmaradványokban ki is mutatták az F haplocsoport jelenlétét (5. melléklet –

Elektronikus Függelék). Így hipotézisként megfogalmazható, hogy az F haplocsoport az avarokkal került Dalmáciába, és a szigetek izoláló hatása miatt maradhatott fenn a mai napig. Ha feltevésünk igaz, akkor az F haplocsoport egymástól független okok miatt van jelen a honfoglaló és a kondai manysi génállományban. A 4 obi-ugor populáció közül ugyanis csak a kondai manysiban van jelen az F haplocsoport, és a kondai manysik törökségi népekkel való történelmi kapcsolata ismert.

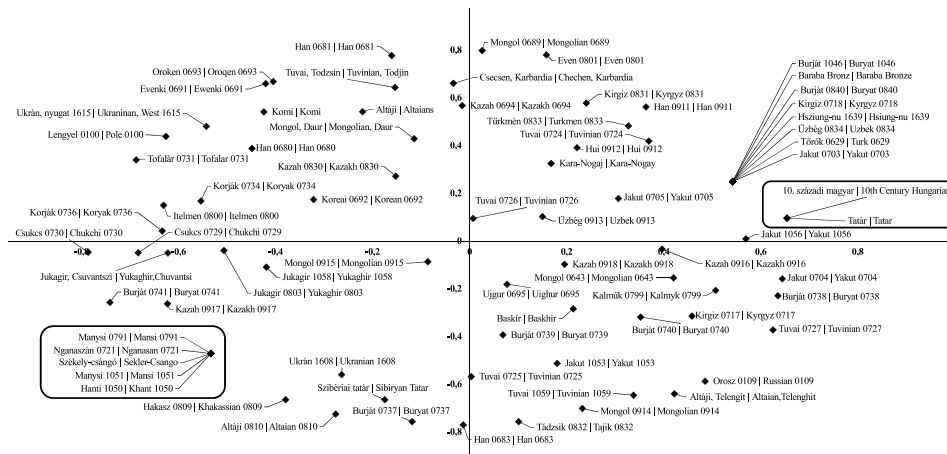


3. ábra: F haplotípus halmazok populációnként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.
Fig. 3: Set of F haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.

A G haplocsoport

A G haplocsoport jellegzetes kelet-eurázsiai haplocsoport. Két alcsoportja van. A G1 alcsoport a csukcs-kamcsatkai népek között fordul elő nagyobb arányban. A G2 alcsoportnak nagyobb az elterjedési területe, a manysiktól Japánig alacsony arányban megtalálható. A G2 alcsoport legnagyobb arányban a Bajkál-tó környékén élő népekben található meg. A Baraba-sztyeppe bronzkorából származó csontmintákból szintén kimutatták. A G2 alcsoport Európából gyakorlatilag hiányzik, és Baskíriában éri el maximumát (4,5%; Bermisheva és mtsai 2002). Európában egyedül a Volga-Urál vidéken, a baskíroknak, tatároknak és komiknak található meg szórványosan.

Éppen ezért érdekes, hogy van egy olyan elemű G haplotípus-halmaz, amely csak az obi-ugorokban, a nganaszánokban és a székelyekben található meg (4. ábra; 6. melléklet – Elektronikus Függelék). A honfoglalóhoz tartozó G haplotípus-halmaz megegyezik a mai tatároknak található haplotípus-halmazzal (4. ábra), és egyedül a baskír és burját G haplotípus halmaz része (7. melléklet – Elektronikus Függelék). Röviden: nagy valószínűséggel a honfoglalókban található G haplocsoportot hordozó anyai vonalak a Bajkál-mellékről származnak, és az már a Volga-Urál vidéken része volt a korai magyarok génállományának. Jelen tudásunk alapján azonban nem eldönthető, hogy a honfoglaló G haplocsoport és a székely G haplocsoport milyen kapcsolatban áll egymással. Azaz nem eldönthető, hogy a honfoglaló G haplotípusok és az ugor G haplotípusok egyszerre, avagy egymástól függetlenül léptek be a magyar génállományba.



4. ábra: G haplotípus-halmazok populácónként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.
Fig. 4: Set of G haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.

A H haplocsoport

A leggyakoribb női vonal Európában, gyakorisága 40–60% között mozog a kontinensen Norvégiától Görögorszáig és Portugáliától Oroszorszáig (a magyarok között is 40–45%-os gyakoriságú). A Volga-vidéki finnugor és türk népekben, valamint a finneknél és a székelyeknél előfordulása 25% és 39% közötti. A Közel-Keleten és Közép-Ázsiában 10–20% közötti, Belső-Ázsiában, Dél-Szibériában, Indiában, valamint a lappok között 1–9%-ban fordul elő, gyakorlatilag az európai földrajzi változat elterjedési területét fedi le. Európában az újkori földművelőkkel jelent meg, de az indo-európai bronzkorban is domináns maradt, mind a mai napig. A magyar H haplocsoport legközelebbi kapcsolatai jellemzően a szlovák-lengyel-ukrán, illetve a svéd irányba mutatnak. Bár a H haplocsoport jellegzetesen nyugat-eurázsiai haplocsoport, a haplotípusok halmazát tekintve a kazah, shugnan (kelet-iráni nyelvet beszélő népesség) és burját csoportok állnak legközelebb a honfoglalókhöz Jaccard távolság alapján a H haplocsoport tekintetében.

Az I haplocsoport

Ritka nyugat-eurázsiai és kelet-európai csoport (2–6%), a magyarok között 2–3%-os, a székelyek és csángók között 0,5–1,5%-os gyakoriságú. A leggyakoribb magyar haplotípus-kapcsolatai a szlovákok és az ukránok. E csoportban ugyanakkor megfigyelhető közvetlen székely-baskír-ukrán egyezés, ami összhangban van az ősmagyarok feltételezett vándorlási útvonalával.

A J haplocsoport

A Közel-Keleten és Európában jellemző csoport, 20% fölötti gyakorisággal Szaúd-Arábiában és Irakban fordul elő, Iránban gyakorisága 17% körüli. A Közel-Kelet többi részén, valamint Észak- és Kelet-Európában 9–16% közötti előfordulású (csángók: 13%, magyarok: 10–12%, székelyek: 8,5%). 1–8%-ban az európai földrajzi változat által lakott többi területen is előfordul Pakisztántól Észak-Afrikáig és Portugáliától Dél-Szibériáig. A magyarok legközelebbi haplotípus-egyezései ukránok, lengyelek, szlovákok és svájciak, a székelyeknél észtek, németek és svédek. A honfoglaló J haplotípusok halmaza a karélokhoz áll legközelebb Jaccard távolság alapján.

A K haplocsoport (U8 alcsoportja)

A korai földművelők legtipikusabb csoportja, 20–40% közötti arányban a kelet-európai zsidó anyai vonalakban, Cipruson, valamint a Balkán és a Duna-völgy korai földművelő csontleleteiben fordul elő (jellemzően a K1a alcsoport). Gyakorisága a gyimesi csángók között is 22% körüli, de ez a K1c alcsoportra és akár egyetlen korai csángó nő „alapító hatására” vezethető vissza. 9–13%-ban fordul még elő elszigetelt és hegyi területeken (Skót-szigetek, Marokkó, Alpok, Pamír), valamint a szírek, libanoniak és kurdok között. Európában és Közép-Ázsiában jellemzően 2–8% közötti az előfordulása (magyarok: 2–6%, székelyek: 4–5%) és 1% körüli mértékben Dél-Szibériában és Belső-Ázsiában is előfordul. A magyar K csoportúak jellemző haplotípus-egyezései osztrákok, szlovákok, libanoniak és palesztinok (véltetően a magyar K anyai vonalak egy része izraelita eredetű). A honfoglaló K haplotípusok halmaza azonos 2 finn, 1 karél és egy mongol populáció mintájával.

A T haplocsoport

A K mellett a másik tipikusan korai földművelő csoport, legnagyobb gyakoriságát 17–28% között a korai földművelő csontleletekben éri el. A K-tól ugyanakkor abban különbözik, hogy jóval keletebbre is eljutott, az ukrainai és dél-oroszországi neolitik és bronzkori csontleletek között is 14–17%-os előfordulású (a K csak 0–5%), a ma élő udmurtokban pedig 24%-os. Erősen jellemző (13–16%) még a ma élő olaszokra, aromunokra, macedónokra, azeriekre, perzsákra, grúzokra és komikra. Ennél kisebb mértékben Dél-Szibériától Észak-Afrikáig és Indiától Izlandig az europid földrajzi változat teljes területén elterjedt.

A késő Krotovo és Fjodorovo kultúrákban, valamint a honfoglaló magyar csontleletek között is 14–15%-os gyakoriságú, a T1a alcsoportban honfoglaló-obi-ugor egyezések is vannak. A mai magyarok (12–14%-os előfordulással) azonban főként a neolitik T2 alcsoportba tartoznak, legközelebbi haplotípus-egyezéseik libanoni, szlovák, lengyel és volgai tatár összefüggéseket mutatnak. A székelyek (9,5%) és csángók (3,8%) között ritkábban fordul elő ez a típus.

A T haplocsoport fontosságát a korai magyar génállományban mutatja, hogy Jaccard távolság alapján az adigék, a manysik és a bronzkori Baraba-sztyeppe népessége áll a honfoglalókhöz legközelebb. Átlagos minimális távolság alapján a honfoglalókhöz a mai magyarok, az adigék, libanoniak és palesztinok állnak, ami véltetően a T haplocsoportnak a keleti mediterráneumból való eredetére utal.

Az U2 haplocsoport

A csontleletek tanúságra szerint az U2 haplocsoport volt a legkorábbi európai őslakók (paleolitik cro-magnoniak) anyai ága, amelyet a jégkorszak végén U4-es és U5-ös lakosság váltott fel. A mai lakosságban az U2 haplocsoport Dél-Ázsiában a leggyakoribb, Indiában, Pakisztánban és az afgánok között 10–15%-ban fordul elő. E régió kivül a 10%-ot csak az udmurtoknál éri el, 1–9% közötti előfordulású Nyugat-Eurázsia más részein. Az Urál-környéki Szintasta-Andronovo csontleletekben viszont még 25%-os gyakoriságú. A mai magyar nyelvű népességekben egységesen 1–2%-ban fordul elő, csak egyféle haplotípus, ami a türkménekből található U2 haplocsoporttal egyezik meg.

Az U4 haplocsoport

A mezolitikum (középső kőkorszak) jellemző anyai génje az U5-tel együtt, de annál keletebbre elterjedéssel. Legnagyobb mai gyakorisága Észak-Pakisztánban (kalas törzs:

34%), valamint Szibériában (ket: 29%, nganaszán: 20%, manysi: 13–15%), illetve a Volga-vidéki népekben (komi-zürjén: 24%, csuvas: 16%, baskír: 13%, mari és komi-permják: 10%) figyelhető meg. Európa és Közép-Ázsia többi részén jellemzően 1–9% közötti gyakoriságban fordul elő. A csontleletekben is az Urál-vidéken és Nyugat-Szibériában, a Szintasta-Andronovo-Baraba bronz- és vaskori időszakban jellemző (15–20%). A magyar nyelvű népeiségekben és a honfoglalók között 2–4%-ban fordul elő. A mai magyar haplotípusok jellemző kapcsolatai szlovákok, lengyelek, németek és svédek. Az U4 haplocsoport a honfoglalókban a Jaccard távolság alapján nyugat-eurázsiai és bajkál-melléki komponensekkel egyaránt mutat rokonságot, így az U4 haplocsoport több egymástól független belépése valószínűsíthető a honfoglalókban.

U5 haplocsoport

Az U5-ös csoport a mezolitikum (középső kőkorszak) jellemző anyai génje az U4-gyel együtt, a mai lakosságban maximumát a lappok (számik) között éri el 46%-kal. Más finnugor népekben (finn, észt, mari, mordvin), valamint a csuvasok és baskírok között 13–17%-os előfordulása. A csontleleteket tekintve legerősebben 20–28%-kal a korai indo-európaiakhoz köthető ukrainai, dél-orosz és dél-szibériai (Andronovo) leletekben fordul elő. Átlag fölött, 8–12% körüli előfordulása még a szláv és a skandináv népekben. Az avar és honfoglaló leletek, valamint a mai magyar nyelvű népeiségek között is 6–9% gyakoriságú. Legközelebbi haplotípus-egyezések a magyar népeiségeken belül egymással, illetve a szlovákokkal, ukránokkal és németekkel vannak. A honfoglaló U5 haplotípusok halmaza a Jaccard távolság szerint kazah és a Baraba bronzkori mintákhoz van legközelebb.

Az U7 haplocsoport

Az U7 haplocsoport nyugat-eurázsiai haplocsoport, amely viszonylag alacsony arányban jelen van a Közel-Keleten és Nyugat-Szibériában is, és maximumát Iránban éri el. Érdekes, hogy amint az ábrán is látszik, a magyar U7 haplotípus-halmaz 3 obi-ugor, egy horezmi üzbegek és egy cseh populációból származó mintákkal egyezik meg, a székely pedig egy szlovákkal és egy törökkel (5. ábra). Nem zárható ki, hogy az ugor népeiségek és valamilyen iráni nyelvű népeiség között zajló demográfiai kölcsönhatás genetikai lenyomatát jelzik az ugor U7 haplotípus egyezések.

A W haplocsoport

Ez a csoport egész Nyugat-Euráziában és Észak-Afrikában elterjedt, de nagyon ritka, jellemzően 1–5% közötti gyakoriságú. Érdekesség viszont, hogy helyi maximuma a finnek (10%), csángók (7,7%) és székelyek (5%) között van az ujugurok, pamíriak és tádzsikok (5–7%), valamint a grúzok, délolaszok és szlovének (4–5%) mellett. A magyarországi magyarokban is 4% körül fordul elő, haplotípus-egyezés csak lengyelekkel van. A honfoglalók között azonban csak 1,7%-ban fordul elő.

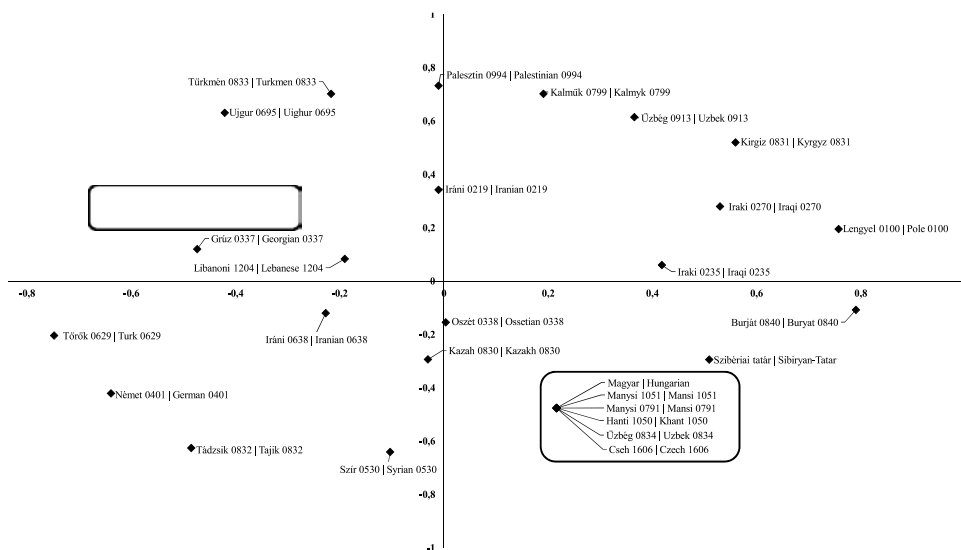
X haplocsoport

E haplocsoport földrajzilag nehezen jellemezhető, egész Euráziában és Észak-Amerikában is előfordul kis mértékben. 7–8%-ban helyi maximuma van a grúzok, romák, Orkney-szigetiek és az észak-amerikai őslakók között. A honfoglalók között 4%-os, a mai magyar nyelvű lakosságban 1–2%-os az előfordulása. Haplotípus-alapon az egyezések nem értelmezhetők.

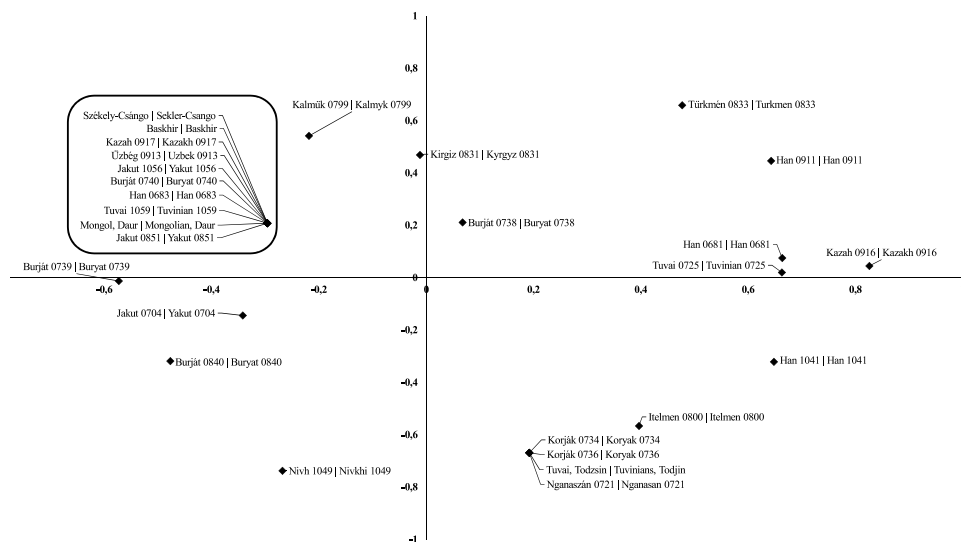
Y haplocsoport

Az Y haplocsoport Nyugat-Euráziában rendkívül ritka haplocsoport. Két alcsoportja közül az Y1 alcsoport az Ohotszki-tenger környékén, az Amur torkolatánál gyakori (nivh:

66%, ulcsi: 38%, negidál: 21%, korják, evenki, udege: 8–10%). Koreában, Kínában és a mongol népek között 1–3% körüli előfordulású (6. ábra). Az Y1 alcsoport Európából gyakorlatilag hiányzik, szórványosan előfordul Baskíriában, és ott is éri el maximumát (Bermisheva és mtsai 2002).



5. ábra: U7 haplotípus-halmazok populácónként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.
 Fig. 5: Set of U7 haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.



6. ábra: Y haplotípus-halmazok populácónként – többdimenziós skálázás Jaccard távolság alapján.
 Fig. 6: Set of Y haplotypes by population – multidimensional scaling based on Jaccard distance.

A baskír Y1 haplotípus megegyezik a székely Y1 haplotípussal, és legvalószínűbb származási helye a mai burjátok lakta terület, de a Burjátíával szomszédos tuvai és jakut népesség is szóba jön lehetséges forrásként. Említésre méltó, hogy a nyugat-mongóliai eredetű kalmükök és a szintén nyugat-mongóliai eredetű kirgizek között több Y1 haplotípus is megtalálható, köztük a székely-baskír Y1 haplotípus.

Következtetések

A Jaccard távolság

A haplotípusok halmazán értelmezett Jaccard távolság egyszerűsége ellenére is alkalmas genetikai kapcsolatok feltérképezésére, mert a honfoglalókra, a mai magyarokra és a székelyekre vonatkozó eredményeink a legtöbb korábbi genetikai tanulmánnyal és a történeti tudásunkkal is összhangban vannak.

A honfoglaló népesség Jaccard távolsága alapján a legközelebbi kapcsolatot a baskírokkal, a kondai manysikkal, a marikkal, a türkménekkal és a komikkal mutatják. Ez az eredmény összhangban van azokkal a társadalomtudományi és történeti embertani eredményekkel, miszerint a honfoglalók jelentős része a Volga-Urál vidékéről érkezett, és egyaránt tartalmaztak ugor és közép-ázsiai elemeket. Fontos kiemelni, hogy a baskíriai és tatársztáni karakakupovoi (6. és 8. század) és kusnerenkovoi (9. és 10. század) régészeti leletek a honfoglaló magyar leletanyaggal szoros párhuzamokat mutatnak (Türk 2014), így genetikai elemzésünkre épülő eredményünk összhangban van a legújabb régészeti eredményekkel.

A mai magyarokhoz legközelebb sorrendben a szlovák, ukrán és lengyel népesség áll, negyedik helyen a székely magyarok, ötödik helyen a németek jelennek meg. Mindezek az eredmények szintén megerősítik, hogy a Kárpát-medencében eltöltött ezer év demográfiai folyamatainak köszönhetően a mai magyarság kialakulásában a szomszédos szláv és germán népek is jelentős szerepet tölthettek be.

Az átlagos minimális távolság

Az átlagos minimális távolság, amely egy adott népesség adott haplocsoportjához tartozó haplotípusok eredetét hivatott modellezni, több esetben határozott összefüggéseket mutatott bizonyos területekkel. Így a székely A, a recens magyar D, a Karos III temető B-je és a honfoglaló G haplotípusok eredete egyaránt a Bajkál mellékére utal lehetséges földrajzi forrásként. Az azonos földrajzi forrás ugyanakkor nem jelenti azt, hogy ezek a csoportok egyszerre is léptek volna be a korai magyar génállományba. A rendelkezésre álló adatok alapján különösen a B haplocsoportról tételezzük föl, hogy az egy viszonylag frissebb keveredés jele lehet a honfoglalók génállományában. A Hvar-szigeti F haplotípusok halmaza a sór népességre mutat. A székely és a kondai C haplotípusok eredete Tuva irányába, a baskír C haplotípusok pedig a kondai manysik – mint lehetséges eredet – irányába mutatnak. Ez utóbbi jelenség úgy is értelmezhető, hogy Baskíriában a C haplocsoport jelenléte döntően ugor eredetű. A korai magyar és ugor szempontból szintén fontos honfoglaló T haplotípusok pedig a mediterráneum keleti oldalára engednek következtetni földrajzi eredetként.

Több haplocsoport esetében is egymástól földrajzilag viszonylag távoli népségek is egyaránt közelinek bizonyultak a honfoglalók haplotípusinak csoportjához. Ez arra utal, hogy bizonyos haplocsoportok különböző, egymástól távoli földrajzi területekről érkező népségekkel léptek be a honfoglalók génállományába. Ilyen az A, a D és az U4 haplocsoport is.

Az Ugorok

A kondai manysik – a székelyekhez hasonlóan és azonos okok miatt – kiemelt szerepet játszhatnak az obi-ugor populációk között. Jaccard távolság alapján a négy obi-ugor populáció közül rendre a kondai manysik kerülnek a legközelebb a honfoglalókhöz, a baskírokhoz és a székelyekhez. Továbbá a kondai manysikban a legmagasabb az aránya az anyai vonalú C haplocsoportnak és az apai vonalú N3a-L1034 alcsoportnak. Érdekes párhuzam, hogy Gulya János nyelvész a nyelvjárási adatok alapján arra a következtetésre jutott, hogy a hantik „a Konda folyó irányából, körülbelül a mai Hanti-Manszijszk táján érték el az Obot, és mintegy attól vezetettve vándoroltak előbb keletre, majd északra” (Gulya 1977).

A bronzkori Baraba-sztyeppe népességéhez két obi-ugor és a honfoglaló populáció áll a legközelebb Jaccard távolság alapján. Ez összhangban van azzal a korábbi észrevételünkkel, miszerint a székelyek kelet-eurázsiai haplocsoport eloszlása 89 populációból a Baraba-sztyeppe bronzkorában élő késő-Krotovó (szeima-turbinói eszközöket használó népesség) és Fjodorovó (andronovói népesség) csoportjaihoz áll a legközelebb (Németh és mtsai 2016b).

A Baraba-sztyeppén még a késő bronzkorban is meghatározó az A és a C haplocsoport jelenléte, amelyek azonban a bronzkor és a vaskor közötti átmenet idején, időszámításunk előtt 800–900 évvel ezelőtt eltűntek a régióból (Molodin és mtsai 2012). Nagy valószínűséggel a korszakot jellemző viszonylag hirtelen lehülés által kiváltott népmozgásokkal függ össze a Baraba-sztyeppe lakosságának nagymérvű átalakulása (Molodin és mtsai 2012). Az időszámításunk előtti második évezred végén általános lehülés kezdődött, amely csúcsát időszámításunk előtt 800–900 évvel ezelőtt időkbén érte el (Koryakova és Epimakhov 2007). A különböző földrajzi régiókban különböző mértékű volt a lehülés mértéke. Míg Kelet-Európában általában lehetséges volt az alkalmazkodás az éghajlatváltozásához. Szibériában és Kazahsztánban nagyobb mértékű volt a lehülés, amely hatására nagyobb arányban válhatott a migrációs modell a megváltozott helyzetre adott válaszként (Koryakova és Epimakhov 2007). Így hipotézisként megfogalmazhatjuk, hogy a hűvösebb és csapadékosabb időjárás hatására a Baraba-sztyeppe népessége délebbre, a mai Kazahsztán északi, esetleg középső sávjába vándorolt.

A székely C haplocsoport eredete egyértelműen a mai tuvai népességek egyik etnikai komponensére mutat, és ezt az eredményt a honfoglaló, sőt a kondai manysi adatokkal is összhangban találjuk. Érdekes egybeesés, hogy egy vélhetően másik finnugor népesség, a 3500 évvel ezelőtti Kola félszigeten élt népesség, a Bol'shoy Oleni Ostrov leletek haplotípus egyezés tekintetében szintén a mai tuvaikkal és azon belül a C haplocsoportban mutatják a legtöbb haplotípus egyezést (Sarkassian és mtsai 2013). Bár ma Tuvát döntően török nyelvű népek lakják, meg kell említenünk, hogy a ma már kihalt, a szamojéd nyelvcsaládhoz tartozó matort, a 18. században még beszélték a mai Tuvai Köztársaság területén (Janhunnen 2014). Tekintve, hogy a folyóölgyek meghatározó szerepet játszottak a korai emberi történelemben, a legvalószínűbb, hogy a Felső-Jenyiszej és az Angara mente lehetett az ugor C haplocsoportot hordozó anyai vonalak géncentruma.

Csak látszólagos ellentmondás, hogy Tuvában és a szomszédos területeken nem található meg az apai vonalú ugor migráció marker, az N3a-L1034 (Ilumae és mtsai 2016), az anyai vonalú C haplocsoport legvalószínűbb párja. Egyszerűen arról van szó, hogy az anyai vonalú C haplocsoport jóval idősebb (20–30 ezer éves; Derenko és mtsai 2007), mint az N3a-L1034 alcsoport (4300 éves; <https://www.yfull.com/tree/N-L1034/>) és az N3a-L1034 első demográfiai expanziója Nyugat-Szibériában következett be. Az N3a-L1034 távoli ősapái közül az N3a-L708 szintén nagy valószínűséggel Közép-

Szibéria és Nyugat-Szibéria határán élhetett, hiszen az N-L708 fivér haplocsoportjának, az N3b-B187 előfordulása a gyakorlatban Khakassziára és a környező területekre korlátozódik, illetve az N3a-L708 leszármazottainak meghatározó csoportjai megtalálhatók Nyugat-Szibériában és Közép-Szibériában egyaránt (Ilumae és mtsai 2016). Azaz valójában a leginkább ugor specifikusnak tűnő apai és anyai vonalak eredete azonos földrajzi régióra mutat, de összhangban a társtudományok adataival az ugor népesség bronzkori expanziója már Nyugat-Szibériában következik be. Tudománytörténeti okokból érdemes megemlíteni, hogy az első tudományos igényű elméletek az uráli őshazát szintén az Altáj-Szaján régióba helyezték (Zsirai 1937). És bár ezt a modellt ma már szinte kivétel nélkül elutasítják a nyelvészek, Juha Janhunen finn kutató újabb érveket sorakoztatott föl a keleti őshaza modell mellett, az uráli nyelvek Ob és Jenyiszej közötti eredetéről (Janhunen 2014).

A másik fontos komponens az ugor etnogenezisben a T haplocsoport, amelyet Nyugat-Szibéria bronzkorában az andronovói migráció markerének tartanak a kutatók, és a honfoglaló T haplocsoport valóban a manysi és a bronzkori Baraba-sztyeppe népességéhez van legközelebb az adigei mellett.

Észrevételünk egyrészt összhangban van azokkal a nyelvészeti eredményekkel, amelyek szerint az ugorok iráni nyelvű népekkel érintkeztek. Továbbá összhangban van a legújabb, a szejma-turbinói népességek eredetére vonatkozó régészeti eredményekkel is, amelyet a régészek általában szintén ugor jellegűnek tartanak. A régészeti leletek alapján a legvalószínűbb ugyanis az, hogy a szejma-turbinói fémművesség egyik etnikai komponense a Bajkál-Jenyiszej-régióból származik (Koryakova és Epimakhov 2007). Maga a szejma-turbinói fémművesség az Altaj lábainál keletkezett, és az andronovói kultúrát hordozó népesség nyomásának hatására húzódott föl északra az Ob és az Irtis mentén (Koryakova és Epimakhov 2007). Mindez összhangban van azzal a korábbi észrevételünkkel, miszerint az Ob és az Irtis közötti Baraba-sztyeppe népessége a bronzkorban jelentős ugor komponenseket tartalmazhatott.

Az avarok és egyik etnikai komponensük

Eredményeink alapján hipotézisként megfogalmaztuk, hogy az F haplocsoport az avarok genetikai öröksége Dalmáciában és a honfoglalókban egyaránt. Továbbá a horvát F haplocsoport eredetét a korai sórok egyik etnikai komponenséhez kötöttük. Ez nem meglepő, ha figyelembe vesszük, hogy a sórok és a ketek között a legmagasabb az F haplocsoport aránya Nyugat-Szibériában. Hvar szigetén található apai vonalon is egy Európában rendkívül ritka haplocsoport a Q3-M378. Sajnos nem tudjuk, hogy milyen történelmi és demográfiai folyamatok keretében került a Q3-M378 Európába, de nem zárható ki, hogy ez a haplocsoport testesítheti meg az anyai vonalú F haplocsoport apai párját. A helyzet bonyolultságát jelzi, hogy az egyetlen mélyebb elemzésnek alávetett Hvar szigeti Q-M378 minta a Q-Y2209 alcsoportozathoz tartozik (az FTDNA Q haplocsoport specialistájának, Rebekah Adelenek a szóbeli közlése), amely meglepő módon Európában az askenázi zsidók között éri el relatív maximumát (Balanovsky és mtsai 2017). Illetve az F haplocsoport arra is példa, hogy a récents obi-ugor és mai magyar haplotípus egyezések nem feltétlenül a két nyelvi alapon azonosított közös korszakából származik.

A székelyek eredete

A székelyek eredete megosztja a társadalomtudósokat. A kutatók alapvetően két elméletet képviselnek: a székelyek török eredetét és eredendően magyar voltát. A

genetikai adatok közvetve az utóbbit erősítik meg. Hiszen az obi-ugorokkal a legspeciálisabb apai vonalú kapcsolatot az N3a-L1034 alcsoport jelenti, amely nagyon kis arányban van csak jelen a mai magyar nyelvet beszélő népegekben, relatíve messze a székelyekben található meg a legnagyobb arányban (Fehér és mtsai 2015). Ugyanígy, az anyai vonalú C haplocsoport, amely az obi-ugorok legnépesebb és legdiverzebb kelet-ázsiai haplocsoportja, szintén messze a székelyekben található meg legnagyobb arányban a mai magyar nyelvű népegek közül (Brandstätter és mtsai 2007).

A jelen tanulmányban újabb érveket találtunk arra vonatkozóan, hogy a székelyek eredendően magyarok voltak. Akár a honfoglalókhöz, akár a baskírokhöz, a volgai tatárokhoz vagy éppen a kondai manysikhoz hasonlítjuk a székelyeket és a mai magyarokat, a Jaccard távolság alapján egyértelműen és rendre a székelyek kerülnek a legközelebb a korai magyarokkal kapcsolatba hozható népegekhez. A közös haplotípusokon alapuló haplocsoport-eloszlás vizsgálatával pedig még egy érvet találtunk a székelyek magyar eredete mellett. Hiszen a baskírokra és kondai manysikra vonatkozó haplotípus-egyezésen alapuló haplocsoport-eloszlás tekintetében a székelyek a honfoglalókkal egyértelmű párhuzamokat mutattak. Ez tehát egyben az első eset a magyar őstörténeti kutatásokban, amikor két független mintavétel – a székely és a honfoglaló – megerősíti egymást a korai magyarokra vonatkozó haplocsoport-eloszlása tekintetében.

Amennyiben elfogadjuk a székelyek magyar eredetét, és összevetjük a székelyek és honfoglalók haplocsoport-eloszlását, mégis számos kisebb anomália érzékelhető. Az anomáliák egyike sem perdöntő, de az anomáliák együttese mégis elgondolkodtató. Az egyik legfontosabb az, hogy a mai székelyekben nagyjából ugyanakkora a C haplocsoport aránya (5%), mint a honfoglalókban (4%) volt. Ez önmagában meglepő, mert modellünk alapján a C haplocsoport jelenléte egyetlen és igen régi demográfiai szálon érkezik a honfoglaló és a székely génállományba. Azt várnánk, hogy a székelyekben 1100 év keveredés után jóval alacsonyabbnak kellene lennie a C haplocsoport arányának, mint a honfoglalókban.

A C haplocsoporttal szemben – elvárásuknak megfelelően - , más kelet-eurázsiai haplocsoportok aránya egyértelműen kisebb a székelyekben, mint a honfoglalókban, vagy éppen teljesen hiányzik a székelyekből. Például a D haplocsoport törökös népek lenyomatának tűnik a honfoglalókban, ugyanakkor a D haplocsoport hiányzik a székelyekből. Úgy tűnik, mintha a székelyeket nem érte volna egy olyan törökös demográfiai hatás, amely a honfoglalókban kimutatható. Ezt az észrevételünket erősíti meg, hogy a székelyekben a kelet-eurázsiai haplocsoportok egymáshoz viszonyított aránya feltűnően hasonlít az Uelgi népesség adataihoz. Azaz a C haplocsoport a legnépesebb, és az A haplocsoport a második legnépesebb anyai vonalú kelet-eurázsiai eredetű haplocsoport mind a két csoportban.

Egy másik önmagában szintén nem túl érdekes anomália, hogy bár a baskírokhöz a legközelebb Közép-Európában a székelyek állnak Jaccard távolság alapján a 168 populációból, a székelyekhez a Volga-Ural vidéken a tatárok állnak legközelebb. Tehát a székelyeknek a mai baskírokkal és a mai tatárokkal való genetikai kapcsolata egyértelmű, de a székelyek a tatárokhoz közelebb állnak, mint a baskírokhöz. Úgy tűnik, mintha a székelyek a régészek által lokalizált Ural-vidéki őshaza északnyugati területeivel, a honfoglalók pedig a központi és délkeletibbi területekkel mutatnának párhuzamot a ma élő népegek közül.

A felsorolt anomáliáknak számos feloldása lehetséges. A rendelkezésre álló genetikai adatok alapján elképzelhető, hogy a székelyek nem a honfoglaló törzsszövetség keretében érkeztek a Kárpát-medencébe, és ezért tűnnek kevésbé törökösnek a honfoglalóknál – legalábbis a kelet-eurázsiai haplocsoportok tekintetében. Ez természetesen nem azt

jelenti, hogy a székelyek ősei az avarok lettek volna, hiszen pont azt mutattuk ki, hogy a legvalószínűbb speciális avar migrációs marker az F hiányzik a székelyekből. Azt viszont elképzelhetőnek tartjuk, hogy a késő-avar népességben magyar nyelvű csoportok is megjelenhettek. A középkori korai székely temetők, illetve sírok embertani vizsgálatának egyik fontos tanulsága szintén az volt, hogy a székely koponyákon rendre megjelenő mongoloid bélyegek és a koponya metrikus adatai sem Árpád magyarságához kötik a székelyeket. A korai székelység embertani maradványai sokkal inkább az avar kori mintákkal mutatnak hasonlóságot (Fóthi és mtsai 2012). Érdeemes lenne a vizsgálatba bevont korai székely mintákat archeogenetikai vizsgálatnak is alávetni, és összehasonlítani az embertani párhuzamokat hordozó dunántúli késő-avar temetőkkel, hogy közelebb kerüljünk a problémakör megoldásához. Természetesen távolról sem egyértelmű, hogy a késő-avar és a korai székely fenotípusos párhuzamok valóban haplocsoportok tekintetében is párhuzamokat eredményeznek majd, de abban biztosak lehetünk, hogy a székely eredet kérdés megoldásához közelebb kerülünk majd.

Észrevételek a karosiakról és a honfoglalókról

Modellünk alapján a honfoglalók legközelebbi récents párhuzamai a mai baskírok között található meg. Ez azt is jelentheti, hogy a honfoglalókat komoly demográfiai hatás érte a Volga-Urál vidéken, és ennek nem ellentmondva az sem zárható ki, hogy az Urál vidéken maradt magyarok szerepet játszottak a mai baskír génállomány alakításában. A jelen adatokból nem dönthető el, hogy a kölcsönhatásban melyik elem volt az erősebb, csak az valószínűsíthető, hogy a C haplocsoport nagy részben ugor eredetű hatás a mai baskír génállományban.

Érdekes az is, hogy bár az ugor elemek valószínűsíthetők a honfoglaló génállományban, de más, esetleg törökös hatás is igen jelentősnek tűnik. Különösen a földrajzi eredetként a Bajkál-mellékre vagy a Bajkál-mellékre is mutató haplocsoportok esetében merül föl annak a gyanúja, hogy azok türk elemek jelzői lehetnek a honfoglaló génállományban. Szép példája ennek a sokszínűségnek a három karosi temető vizsgálata, mert úgy tűnik, hogy a Karos I, Karos II, Karos III temető három különböző eredetű népességet takar. Jelentős eltérés mutatkozik a Karos III és a Karos I temető kelet-ázsiai eredetű haplocsoportjai tekintetében. A B haplocsoport csak Karos III temetőben fordul elő, ott viszont az a domináns kelet-ázsiai elem és az egyetlen másik kelet-ázsiai haplocsoport az A haplocsoport. Karos I-ben pedig a domináns kelet-ázsiai eredetű haplocsoport a D haplocsoport, amelyet az Y haplocsoport egészít ki. Talán a Karos II temetőben feldolgozott nagyobb mintaszám is közrejátszik abban, hogy ott viszonylag kiegyenlített a különböző kelet-ázsiai eredetű haplocsoportok előfordulása, de az A, a B és az Y haplocsoport így is teljesen hiányzik ebből a temetőből.

Azaz tökéletesen hihető a rendelkezésre álló – Karos I és Karos III esetében nem túl nagy elemszámú – adat alapján, hogy a három karosi temető három különböző népességet takar. Természetesen elképzelhető, hogy a mintaszámok növekedésével konvergálnának egymáshoz a három karosi temető genetikai jellemzői. Különösen a Karos I és Karos II temető között nem tudjuk ezt a lehetőséget kizárni, mert a Karos I temetőből kinyert kicsi mintaszám ellenére is azt valószínűsítjük, hogy Karos I temető egyénei legalábbis részben a Volga-Urál vidékről érkeztek. Az azonban elgondolkoztató, hogy Karos II és Karos III temetők haplocsoport-eloszlása értelmezhető struktúrát mutat, és azok eltérnek – legalábbis a kelet-ázsiai eredetű haplocsoportok tekintetében.

A három temető közül valóban egyedül a legnépesebben, a Karos II-ben merül föl, hogy abban ősi ugor elemek jelen lennének, de azok aránya a rendelkezésre álló felbontás

elégtelen volta (csak haplocsoport adatokat publikáltak Karos II-ben) miatt egyelőre nem becsülhető meg. Modellünk szerint ugyanis a C, G, H, T, J, K és U4 haplocsoportok esetén merül föl, hogy része lehetett az ősi ugor közösségeknek és ezek mind megtalálhatók Karos II-ben, és ezek a haplocsoportok jelen vannak Karos II-ben. Említésre méltó, hogy az anyai vonalú C haplocsoport – modellünk szerint a legfontosabb anyai vonalú ugor migrációs marker – előfordul a Felső-Tisza-vidéki, Szeged környéki és sárréti honfoglaló temetőkből, és ezeken a területeken a potenciális ugor migrációs marker, az N3a-L1034 a mai magyar népességben is kimutatható.

Összefoglalás

Eredményeinket úgy foglalhatjuk össze, hogy két biológia alapú tudomány, a több évtizedes múltra tekintő embertani és a tudományok világában újoncnak számító DNS alapú populációgenetikai kutatások számos tekintetben megerősítik egymást. Mind a két tudományág úgy látja, hogy a honfoglaló magyarok eredete sokszínű demográfiai szárla bomlik, amely között az ugor, iráni és törökös elemek egyaránt megtalálhatók. Paradox módon úgy tűnik filogenetikai elemzésünk alapján, hogy a korai székelyekben kevesebb lehetett a törökös elem, mint a honfoglalókban. És míg a mai székelyek inkább az Urál vidéki őshaza északnyugati, addig a honfoglalók az Urál-vidéki őshaza központi és délkeleti területein élő récents mintákkal mutatnak közelebbi párhuzamot. Illetve úgy tűnik, hogy a korai magyar és székely génállományt több hullámban fontos genetikai impulzusok érthették a Bajkál-tó és a Jenyiszej folyó vidékéről. Eredményeink összhangban vannak továbbá azokkal a régészeti észrevételekkel is, amelyek az Urál-vidéken maradt magyar, a bronzkori Baraba-sztyeppén pedig ugor jelenléttel számolnak.

Természetesen a matematikai alapú modellezésnek meg vannak a maga korlátai a populációgenetikán belül. Azaz további és alaposabb elemzésekre van szükség a kutatás reménybeli folytatásakor. Az is világos, hogy még a legegyszerűbb genetikai kapcsolatok sem fordíthatók át automatikusan a hagyományos értelemben vett történelmi folyamatokká. Számos módszertani kérdés merül föl ugyanis a DNS alapú filogenetikai kutatások történettudományokban való alkalmazhatóságát illetően. Tehát további kutatások feladata, hogy a jelen dolgozatban megfogalmazott észrevételeket pontosítsák, megerősítsék, kiegészítsék vagy éppen megcáfolják.

* * *

Köszönetnyilvánítás: Köszönettel tartozunk Richard Willemsnek, Kristiina Tambetsnek és Ene Meatspalunak az Estonian Biocentre (Tartu, Észtország) kutatóinak adatbázisunk bővítéséért, elsősorban a kutatásunk szempontjából kritikus Volga-Urál vidéki adatokkal. Köszönettel tartozunk még Benczúr Andrásnak (MTA SZTAKI Adatbányászat és Webkeresés Kutatócsoport) és Varga Dánielnek (MTA Rényi Matematikai Kutató Intézet) az adatbányászati módszerek kiválasztásában, megvalósításában és finomításában adott útmutatásaikért. Köszönjük továbbá Türk Attilának és Mende Baláznak kutatási projektünk szakmai támogatását.

Irodalom

Alfonso-Sánchez, M.A., Martínez-Bouzas, C., Castro, A., Pena, J.A., Fernández-Fernández, I., Herrera, R.J., de Pancorbo, M.M. (2006): Sequence polymorphisms of the mtDNA control region in a human isolate: The Georgians from Swanetia. *Journal of Human Genetics*, 51(5): 429–439. DOI: [10.1007/s10038-006-0381-x](https://doi.org/10.1007/s10038-006-0381-x)

- Allentoft, M.E., Sikora, M., Sjögren, K.G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P.B., Schroeder, H., Ahlström, T., Vinner, L., Malaspinas, A.S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Aron, J., Della Casa, P., Dąbrowski, P., Duffy, P.R., Ebel, A.V., Epimakhov, A., Frei, K., Furmanek, M., Gralak, T., Gromov, A., Gronkiewicz, S., Grupe, G., Hajdu, T., Jarysz, R., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kiss, V., Kolar, J., Kriiska, A., Lasak, I., Longhi, C., McGlynn, G., Merkevicius, A., Merkyte, I., Metspalu, M., Mkrtychyan, R., Moiseyev, V., Paja, L., Pálfi, G., Pokutta, D., Pospieszny, L., Price, T.D., Saag, L., Sablin, M., Shishlina, N., Smrcka, V., Soenov, V.I., Szeverényi, V., Tóth, G., Trifanova, S.V., Varul, L., Vicze, M., Yepiskoposyan, L., Zhitenev, V., Orlando, L., Sicheeritz-Ponten, T., Brunak, S., Nielsen, R., Kristiansen, K., Willerslev, E. (2015): Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522(7555): 167–172. DOI: [10.1038/nature14507](https://doi.org/10.1038/nature14507)
- Alvarez-Iglesias, V., Mosquera-Miguel, A., Cerezo, M., Quintáns, B., Zarrabeitia, M.T., Cuscó, I., Lareu, M.V., García, O., Pérez-Jurado, L., Carracedo, A., Salas, A. (2009): New population and phylogenetic features of the internal variation within mitochondrial DNA macro-haplogroup R0. *PLoS One*, 4(4): e5112. DOI: [10.1371/journal.pone.0005112](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005112)
- Al-Zahery, N., Pala, M., Battaglia, V., Grugni, V., Hamod, M.A., Hooshiar Kashani, B., Olivieri, A., Torrioni, A., Santachiara-Benerecetti, A.S., Semino, O. (2011): In search of the genetic footprints of Sumerians: a survey of Y-chromosome and mtDNA variation in the Marsh Arabs of Iraq. *BMC Evolutionary Biology*, 11: 288. DOI: [10.1186/1471-2148-11-288](https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-288)
- Al-Zahery, N., Semino, O., Benuzzi, G., Magri, C., Passarino, G., Torrioni, A., Santachiara-Benerecetti, A.S. (2003): Y-chromosome and mtDNA polymorphisms in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 28(3): 458–472. DOI: [10.1016/S1055-7903\(03\)00039-3](https://doi.org/10.1016/S1055-7903(03)00039-3)
- Amar, S., Shamir, A., Ovadia, O., Blanaru, M., Reshef, A., Kremer, I., Rietschel, M., Schulze, T.G., Maier, W., Belmaker, R.H., Ebstein, R.P., Agam, G., Mishmar, D. (2007): Mitochondrial DNA HV lineage increases the susceptibility to schizophrenia among Israeli Arabs. *Schizophrenia Research*, 94(1–3): 354–358. DOI: [10.1016/j.schres.2007.04.020](https://doi.org/10.1016/j.schres.2007.04.020)
- Balanovsky, O., Gurianov, V., Zaporozhchenko, V., Balaganskaya, O., Urasin, V., Zhabagin, M., Grugni, V., Canada, R., Al-Zahery, N., Raveane, A., Wen, S-Q., Yan, S., Wang, X., Zalloua, P., Marafi, A., Koshel, S., Tyler-Smith, C., Balanovska, E. (2017): Phylogeography of human Y-chromosome haplogroup Q3-L275 from an academic/citizen science collaboration. *BMC Evolutionary Biology*, (Suppl 1): 18–32. DOI: [10.1186/s12862-016-0870-2](https://doi.org/10.1186/s12862-016-0870-2)
- Bartucz, L. (1928): A honfoglaló magyarok fajisága. *Magyar Szemle*, 2.
- Bereczki, Zs., Molnár, E., Marcsik, A., Pálfi, Gy. (2015) Rare types of trephination from Hungary shed new light on possible cross-cultural connections in the Carpathian Basin. *International Journal of Osteoarchaeology*, 25: 322–333. DOI: [10.1002/oa.2304](https://doi.org/10.1002/oa.2304)
- Bermisheva, M.A., Tambets, K., Villems, R., Khusnutdinova, E.K. (2002): Diversity of mitochondrial DNA haplogroups in ethnic Populations of the Volga–Ural Region. *Molecular Biology*, 36(6): 802–812.
- Bernert, Zs., Évinger, S., Fóthi, E. (2006): New symbolic trephination cases from Hungary. *Annales Historico-Naturales Musei Nationalis Hungarici*, 98: 177–183.
- Bogácsi-Szabó, E., Csányi, B., Tömöry, G., Blazsó, P., Csósz, A., Kiss, D., Langó, P., Köhler, K., Raskó, I. (2008): Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén. *Magyar Tudomány*, 169: 1204–1216.
- Brandstätter, A., Egyed, B., Zimmermann, B., Duftner, N., Padar, Z., Parson, W. (2007): Migration rates and genetic structure of two Hungarian ethnic groups in Transylvania, Romania. *Annals of Human Genetics*, 71(6): 791–803. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2007.00371.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00371.x)
- Comas, D., Calafell, F., Mateu, E., Pérez-Lezaun, A., Bosch, E., Martínez-Arias, R., Clarimon, J., Facchini, F., Fiori, G., Luiselli, D., Pettener, D., Bertranpetit, J. (1998): Trading genes along the silk road: mtDNA sequences and the origin of central Asian populations. *American Journal of Human Genetics*, 63(6): 1824–1838.

- Csáky, V., Stégmár, B., Türk, A., Mende, B.G., Egyed, B., Szécsényi-Nagy, A. (2017): New data on the genetic origin of early Hungarians, and its comparison with archaeological, linguistic and historical sources. *Abstracts of 23rd Annual Meeting of the European Association of Archaeologists*. pp. 437.
- Csász, A., Szécsényi-Nagy, A., Csákyová, V., Langó, P., Bódis, V., Köhler, K., Tömöry, G., Nagy, M., Mende, B.G. (2016): Maternal genetic ancestry and legacy of 10th century AD Hungarians. *Scientific Reports*, 16(6): 33446. DOI: [10.1038/srep33446](https://doi.org/10.1038/srep33446)
- Crubézy, E., Amory, S., Keyser, C., Bouakaze, C., Bodner, M., Gibert, M., Röck, A., Parson, W., Alexeev, A., Ludes, B. (2010): Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA. *BMC Evolutionary Biology*, 10: 25. DOI: [10.1186/1471-2148-10-25](https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-25)
- Delghandi, M., Utsi, E., Krauss, S. (1998): Saami mitochondrial DNA reveals deep maternal lineage clusters. *Human Heredity*, 48(2): 108–114. DOI: [10.1159/000022789](https://doi.org/10.1159/000022789)
- Derbeneva, O.A., Starikovskaia, E.B., Volodko, N.V., Wallace, D.C., Sukernik, R.I. (2000): Mitochondrial DNA variation in Kets and Nganasans and the early peoples of Northern Eurasia. *Genetika*, 38(11): 1554–1560.
- Derbeneva, O.A., Sukernik, R.I., Volodko, N.V., Hosseini, S.H., Lott, M.T., Wallace, D.C. (2002): Analysis of mitochondrial DNA diversity in the Aleuts of the Commander Islands and its implications for the genetic history of Beringia. *American Journal of Human Genetics*, 71(2): 415–421. DOI: [10.1086/341720](https://doi.org/10.1086/341720)
- Derenko, M., Malyarchuk, B., Grzybowski, T., Denisova, G., Dambueva, I., Perkova, M., Dorzhu, C., Luzina, F., Lee, H.K., Vanecek, T., Villems, R., Zakharov, I. (2007): Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in northern Asian populations. *American Journal of Human Genetics*, 81(5): 1025–1041. DOI: [10.1086/522933](https://doi.org/10.1086/522933)
- Derenko, M.V., Grzybowski, T., Malyarchuk, B.A., Dambueva, I.K., Denisova, G.A., Czarny, J., Dorzhu, C.M., Kakpakov, V.T., Miščicka-Sliwka, D., Zakharov, I.A. (2003): Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia. *Annals of Human Genetics*, 67(5): 391–411.
- Dimo-Simonin, N., Grange, F., Taroni, F., Brandt-Casadevall, C., Mangin, P. (2000): Forensic evaluation of mtDNA in a population from south west Switzerland. *International Journal of Legal Medicine*, 113(2): 89–97. DOI: [10.1007/PL00007715](https://doi.org/10.1007/PL00007715)
- Éry, K. (1978): Regionális különbségek a magyarság X. századi embertani anyagában. *Anthropologiai Közlemények*, 22: 77–86.
- Éry, K. (1987/88): Újabb jelképes trepanációk a Volga vidékéről. *Anthropologiai Közlemények*, 31: 115–120.
- Fedorova, S.A., Bermisheva, M.A., Villems, R., Maksimova, N.R., Khusnutdinova, E.K. (2003): Analysis of mitochondrial DNA haplotypes in Yakut population. *Molecular Biology*, 37(4): 643–653.
- Finnila, S., Lehtonen, M.S., Majamaa, K. (2001): Phylogenetic network for European mtDNA. *American Journal of Human Genetics*, 68(6): 1475–1484. DOI: [10.1086/320591](https://doi.org/10.1086/320591)
- Fóthi, E., Bernert, Zs., Hajdu, T., Kóvári, I. (2012): Középkori embertani leletek a Székelyföldön. In: Benkő, E. (Szerk.) *A középkori székelyföld*. MTA BTK Régészeti Intézet, Budapest. p. 473–662.
- Gokcumen, O., Dulik, M.C., Pai, A.A., Zhadanov, S.I., Rubinstein, S., Osipova, L.P., Andreenkov, O.V., Tabikhanova, L.E., Gubina, M.A., Schurr, T.G. (2008): Genetic Variation in the Enigmatic Altaian Kazakhs of South-Central Russia: Insights into Turkic Population History. *American Journal of Physical Anthropology*, 136(3): 278–293. DOI: [10.1002/ajpa.20802](https://doi.org/10.1002/ajpa.20802)
- Goltsova, T.V., Osipova, L.P., Zhadanov, S.I., Villems, R. (2005): The effect of marriage migration on the genetic structure of the Taimyr Nganasan population: genealogical analysis inferred from MtDNA markers. *Genetika*, 41(7): 954–965.
- González, A.M., Karadsheh, N., Maca-Meyer, N., Flores, C., Cabrera, V.M., Larruga, J.M. (2008): Mitochondrial DNA variation in Jordanians and their genetic relationship to other Middle East populations. *Annals of Human Biology*, 35(2): 212–231. DOI: [10.1080/03014460801946538](https://doi.org/10.1080/03014460801946538)

- González-Ruiz, M., Santos, C., Jordana, X., Simón, M., Lalueza-Fox, C., Gigli, E., Aluja, M.P., Malgosa, A. (2012): Tracing the origin of the east-west population admixture in the Altai region (Central Asia). *PLoS One*, 7(11): e48904. DOI: [10.1371/journal.pone.0048904](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048904)
- Gulya, J. (1977): Megjegyzések az ugor őshaza és az ugor nyelvek szétválása kérdéséről. Bartha, A., Czeglédy, K., Róna, T-A. (Szerk.) *Magyar őstörténeti tanulmányok*. Akadémiai Kiadó, Budapest. pp. 115–123.
- Haber, M., Youhanna, S.C., Balanovsky, O., Saade, S., Martínez-Cruz, B., Ghassibe-Sabbagh, M., Shasha, N., Osman, R., El Bayeh, H., Koshel, S., Zaporozhchenko, V., Balanovska, E., Soria-Hernanz, D.F., Platt, D.E., Zalloua, P.A. (2011): mtDNA Lineages Reveal Coronary Artery Disease-Associated Structures in the Lebanese Population. *Annals of Human Genetics*, kötet: 76 1-8 oldal. 20. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2011.00682.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2011.00682.x)
- Harmatta, J. (1997): Iráni nyelvek hatása az ősmagyar nyelvre. In: Kovács, L., Veszprémy, L. (Szerk.) *Honfoglalás és nyelvészet*. Balassi Kiadó, Budapest. pp. 71–83.
- Ilumae, A.M., Reidla, M., Chukhryaeva, M., Järve, M., Post, H., Karmin, M., Saag, L., Agdzhoyan, A., Kushniarevich, A., Litvinov, S., Ekomasova, N., Tambets, K., Metspalu, E., Khusainova, R., Yunusbayev, B., Khusnutdinova, E.K., Osipova, L.P., Fedorova, S., Utevska, O., Koshel, S., Balanovska, E., Behar, D.M., Balanovsky, O., Kivisild, T., Underhill, P.A., Villems, R., Rootsi, S. (2016): Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *American Journal of Human Genetics*, 99(1): 163–173. DOI: [10.1016/j.ajhg.2016.05.025](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025)
- Irwin, J.A., Ikramov, A., Saunier, J., Bodner, M., Amory, S., Röck, A., O'Callaghan, J., Nuritdinov, A., Atakhodjaev, S., Mukhamedov, R., Parson, W., Parsons, T.J. (2010): The mtDNA composition of Uzbekistan: a microcosm of Central Asian patterns. *International Journal of Legal Medicine*, 124(3): 195–204. DOI: [10.1007/s00414-009-0406-z](https://doi.org/10.1007/s00414-009-0406-z)
- Janhunen, J. (2014): A legkeletibb uráliak. In: Csúcs, S. (Szerk.) *Finnugor Világ*. Reguly Társaság, Solymár.
- Jeran, N., Havas, A.D., Grahovac, B., Kapović, M., Metspalu, E., Villems, R., Rudan, P. (2009): Mitochondrial DNA heritage of Cres Islanders – example of Croatian genetic outliers. *Collegium Anthropologicum*, 33(4): 1323–1328.
- Keyser-Tracqui, Ch., Crubézy, E., Ludes, B. (2003): Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2,000-Year-Old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *American Journal of Human Genetics*, 73: 247–260. DOI: [10.1086/377005](https://doi.org/10.1086/377005)
- Kong, Q.P., Yao, Y.G., Liu, M., Shen, S.P., Chen, C., Zhu, C.L., Palanichamy, M.G., Zhang, Y.P. (2003): Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China. *Human Genetics*, 113(5): 391–405. DOI: [10.1007/s00439-003-1004-7](https://doi.org/10.1007/s00439-003-1004-7)
- Koryakova, L., Epimakhov, A. (2007). *The Urals and Western Siberia in the Bronze and Iron Ages*. Cambridge University Press, Cambridge. p. 338.
- Kralovánszky, A. (1966): Antropológiai adatok a honfoglalók sámanhitéhez. *Anthropologiai Közlemények*, 10: 91–98.
- Lappalainen, T., Laitinen, V., Salmela, E., Andersen, P., Huoponen, K., Savontaus, M.L., Lahermo, P. (2008): Migration Waves to the Baltic Sea Region. *Annals of Human Genetics*, 72(3): 337–348. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x)
- Lehocky, I., Baldovic, M., Kádasi, L., Metspalu, E. (2008): A database of mitochondrial DNA hypervariable regions I and II sequences of individuals from Slovakia. *Forensic Science International: Genetics*, 2(4): e53–59. DOI: [10.1016/j.fsigen.2007.12.008](https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.12.008)
- Lipták, P. (1959): Embertan és történeti embertan. *Anthropologiai Közlemények*, 3(3–4): 111–120.
- Lipták, P. (1970): A magyarság ethnogenezisének paleoantropológiája. Doktori értekezés tézisei. *Anthropologiai Közlemények*, 14: 85–94.
- Lipták, P. (1983): *Avars and Ancient Hungarians*. Akadémiai Kiadó, Budapest. pp. 207.
- Lutz, S., Weisser, H.J., Heizmann, J., Pollak, S. (1998): Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany. *International Journal of Legal Medicine*, 111(2): 67–77. DOI: [10.1007/s004140050117](https://doi.org/10.1007/s004140050117)

- Macaulay, V., Richards, M., Hickey, E., Vega, E., Cruciani, F., Guida, V., Scozzari, R., Bonn -Tamir, B., Sykes, B., Torroni, A. (1999): The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *American Journal of Human Genetics*, 64(1): 232–249. DOI: [10.1086/302204](https://doi.org/10.1086/302204)
- Malyarchuk, B.A., Derenko, M.V. (2001): Mitochondrial DNA variability in Russians and Ukrainians. *Annals of Human Genetics*, 65(1): 63–78.
- Malyarchuk, B.A., Grzybowski, T., Derenko, M.V., Czarny, J., Woźniak, M., Miścicka-Sliwka, D. (2002): Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Annals of Human Genetics*, 66(4): 261–283. DOI: [10.1017/S0003480002001161](https://doi.org/10.1017/S0003480002001161)
- Malyarchuk, B.A., Perkova, M.A., Derenko, M.V., Vanecek, T., Lazur, J., Gornolcak, P. (2008): Mitochondrial DNA Variability in Slovaks, with Application to the Roma Origin. *Annals of Human Genetics*, 72(2): 228–240. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2007.00410.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00410.x)
- Marjalaki, K.L. (1987): Gondolatok a magyar n p eredet r l. T rt neti tanulm nyok. *Miskolc V rost rt neti K zlem nyek*, 1: 89–124.
- Meinila, M., Finnila, S., Majamaa, K. (2001): Evidence for mtDNA admixture between the Finns and the Saami. *Human Heredity*, 52(3): 160–170. DOI: [10.1159/000053372](https://doi.org/10.1159/000053372)
- Metspalu, M., Kivisild, T., Metspalu, E., Parik, J., Hudjashov, G., Kaldma, K., Serk, P., Karmin, M., Behar, D.M., Gilbert, M.T., Papiha, S.S., Skorecki, K., Villems, R. (2004): Most of the extant mtDNA boundaries in south and southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans. *BMC Genetics*, 31(5): 26–31. DOI: [10.1186/1471-2156-6-41](https://doi.org/10.1186/1471-2156-6-41)
- Mielnik-Sikorska, M., Daca, P., Malyarchuk, B., Derenko, M., Skonieczna, K., Perkova, M., Dobosz, T., Grzybowski, T. (2013): The History of Slavs Inferred from Complete Mitochondrial Genome Sequences. *PLoS ONE*, 8(1): e54360. DOI: [10.1371/journal.pone.0054360](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054360)
- Molodin, I., Pilipenko, A.S., Romaschenko, A.G., Zhuravlev, A.A., Trapezov, R.O., Chikisheva, T.A., Pozdnyakov, D.V. (2012): Human migrations in the southern region of the West Siberian Plain during the Bronze Age. In: Kaiser, E., Burger, J., Schier, W. (Eds) *Population Dynamics in Prehistory and Early History*. pp. 92–102. DOI: [10.1515/9783110266306](https://doi.org/10.1515/9783110266306)
- Mooder, K. (2006): Population affinities of Neolithic Siberians. *American Journal of Physical Anthropology*, 129(3): 349–361. DOI: [10.1002/ajpa.20247](https://doi.org/10.1002/ajpa.20247)
- Naumova, O.Y., Rychkov, S.Y., Morozova, I.Y., Hayat, S.S., Semikov, A.V., Zhukova, O.V. (2008) Mitochondrial DNA diversity in Siberian Tatars of the Tobol-Irtysh basin. *Russian Journal of Genetics*, 44: 215–226. DOI: [10.1134/S1022795408020154](https://doi.org/10.1134/S1022795408020154)
- N meth, E., Feh r, T., Pamjav, H. (2016): Apai lesz rmaz si vonalak (a magyar  s a manysi n pess g  sszehasonl t s nak p ld j n). In: Cs ji, K. (Szerk.) *Genetika  s  st rt net*. Napk t Kiad , Budapest. pp. 162–172.
- N meth, E., Feh r, T., Pamjav, H. (2016b): Anyai lesz rmaz si vonalak (az ugor nyelvi k zss g lesz rmazottainak p ld j n). In: Cs ji, K. (Szerk.) *Genetika  s  st rt net*. Napk t Kiad , Budapest. pp. 173–210.
- Nepar czki, E. (2017): *A honfoglal k genetikai sz rmaz s nak  s rokons gi viszonyainak vizsgálata archeogenetikai m dszerekkel*. PhD disszert ci . Szegedi Tudom nyegyetem, Term szettudom nyai  s Informatikai Kar, Genetikai Tansz k, Szeged.
- Pakendorf, B., Novgorodov, I., Osakovskij, V., Danilova, A., Protodjakonov, A., Stoneking, M. (2006): Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia. *Human Genetics*, 120(3): 334–353.
- Pakendorf, B., Wiebe, V., Tarskaia, L.A., Spitsyn, V.A., Soodyall, H., Rodewald, A., Stoneking, M. (2003): Mitochondrial DNA evidence for admixed origins of central Siberian populations. *American Journal Physical Anthropology*, 120(3): 211–224.
- Pilipenko, A.S., Romaschenko, A.G., Molodin, V.I., Parzinger, H., Kobzev, V.F. (2010): Mitochondrial DNA studies of the Pazyryk people (4th to 3rd centuries BC) from northwestern. *Mongolia Archaeological and Anthropological Sciences*, 2(4): 231–236.
- Pimenoff, V.N., Comas, D., Palo, J.U., Vershubsky, G., Sajantila, A. (2008): Northwest Siberian Khanty and Mansi in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. *European Journal of Human Genetics*, 16(10): 1254–1264. DOI: [10.1038/ejhg.2008.101](https://doi.org/10.1038/ejhg.2008.101)

- Prokopenko D, Hecker J, Silverman EK, Pagano M, Nöthen MM, Dina C, Lange C, Fier C. (2016) Utilizing the Jaccard index to reveal population stratification in sequencing data: a simulation study and an application to the 1000 Genomes Project. *Bioinformatics*, 32(9): 1366–1372. DOI: [10.1093/bioinformatics/btv752](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv752)
- Pshenichnov, A., Balanovsky, O., Utevska, O., Metspalu, E., Zaporozhchenko, V., Churnosov, M., Atramentova, L., Balanovska, E. (2013): Genetic affinities of Ukrainians from the maternal perspective. *American Journal Physical Anthropology*, 152(4): 543–550. DOI: [10.1002/ajpa.22371](https://doi.org/10.1002/ajpa.22371)
- Puzyrev, V.P., Stepanov, V.A., Golubenko, M.V., Puzyrev, K.V., Maksimova, N.R., Kharkov, V.N., Spiridonova, M.G., Nogovitsyna, A.N. (2003): MtDNA and Y-chromosome lineages in the Yakut population. *Genetika*, 39(7): 975–981.
- Rubicz, R. (2007): *Evolutionary consequences of recently founded Aleut communities in the Commander and Pribilof Islands*. PhD thesis. <http://kuscholarworks.ku.edu/dspace/handle/1808/4055>
- Rubicz, R., Schurr, T.G., Babb, P.L., Crawford, M.H. (2003): Mitochondrial DNA variation and the origins of the Aleuts. *Human Biology*, 75(6): 809–835. DOI: [10.1353/hub.2004.0009](https://doi.org/10.1353/hub.2004.0009)
- Quintana-Murci, L., Chaix, R., Wells, R.S., Behar, D.M., Sayar, H., Scozzari, R., Rengo, C., Al-Zahery, N., Semino, O., Santachiara-Benerecetti, A.S., Coppa, A., Ayub, Q., Mohyuddin, A., Tyler-Smith, C., Qasim Mehdi, S., Torroni, A., McElreavey, K. (2004): Where west meets east: the complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian corridor. *American Journal of Human Genetics*, 74(5): 827–845.
- Ricaut, F.X., Keyser-Tracqui, C., Bourgeois, J., Crubézy, E., Ludes, B. (2004): Genetic analysis of a Scytho-Siberian skeleton and its implications for ancient Central Asian migrations. *Human Biology*, 76(1): 109–125.
- Richard, C., Pennarun, E., Kivisild, T., Tambets, K., Tolk, H.V., Metspalu, E., Reidla, M., Chevalier, S., Giraudet, S., Lauc, L.B., Perićić, M., Rudan, P., Claustres, M., Journal, H., Dorval, I., Müller, C., Villems, R., Chaventré, A., Moisan, J.P. (2007): An mtDNA perspective of French genetic variation. *Annals of Human Biology*, 34(1): 68–79.
- Richards, M., Côte-Real, H., Forster, P., Macaulay, V., Wilkinson-Herbots, H., Demaine, A., Papiha, S., Hedges, R., Bandelt, H.J., Sykes, B. (1996): Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *American Journal of Human Genetics*, 59(1): 185–203.
- Richards, M., Macaulay, V., Hickey, E., Vega, E., Guida, V., Rengo, C., Sellitto, D., Cruciani, F., Kivisild, T., Villems, R., Thomas, M., Rychkov, Y., Gölge, M., Dimitrov, D., Hill, E., Bradley, D., Romano, V., Cali, F., Vona, G., Demaine, A., Papiha, S., Triantaphyllidis, C., Stefanescu, G., Hatina, J., Belledi, M., Di Rienzo, A., Novelletto, A., Oppenheim, A., Nørby, S., Al-Zaheri, N., Santachiara-Benerecetti, S., Scozzari, R., Torroni, A., Bandelt, H.J. (2000): Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *American Journal of Human Genetics*, 67(5): 1251–1276. DOI: [10.1016/S0002-9297\(07\)62954-1](https://doi.org/10.1016/S0002-9297(07)62954-1)
- Sajantila, A., Lahermo, P., Anttinen, T., Lukka, M., Sistonen, P., Savontaus, M.L., Aula, P., Beckman, L., Tranebjaerg, L., Gedde-Dahl, T., Isel-Tarver, L., DiRienzo, A., Pääbo, S. (1995): Genes and languages in Europe: an analysis of mitochondrial lineages. *Genome Research*, 5(1): 42–52. DOI: [10.1101/gr.5.1.42](https://doi.org/10.1101/gr.5.1.42)
- Sarkassian, C., Balanovsky, O., Brandt, G., Khartanovich, V., Buzhilova, A., Koshel, S., Zaporozhchenko, V., Gronenborn, D., Moiseyev, V., Kolpakov, E., Shumkin, V., Alt, K.W., Balanovska, E., Cooper, A., Haak, W. (2013): Ancient DNA reveals prehistoric gene-flow from Siberia in the complex human population history of North East Europe. *Plos Genetics*, 9(2): e1003296. DOI: [10.1371/journal.pgen.1003296](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003296)
- Schurr, T.G., Sukernik, R.I., Starikovskaya, Y.B., Wallace, D.C. (1999): Mitochondrial DNA variation in Koryaks and Itelmen: population replacement in the Okhotsk Sea-Bering Sea region during the Neolithic. *American Journal of Physical Anthropology*, 108(1): 1–39. DOI: [10.1002/\(SICI\)1096-8644\(199901\)108:1<1::AID-AJPA1>3.0.CO;2-1](https://doi.org/10.1002/(SICI)1096-8644(199901)108:1<1::AID-AJPA1>3.0.CO;2-1)
- Shields, G.F., Schmiechen, A.M., Frazier, B.L., Redd, A., Voevoda, M.I., Reed, J.K., Ward, R.H. (1993): mtDNA sequences suggest a recent evolutionary divergence for Beringian and northern North American populations. *American Journal of Human Genetics*, 53(3): 549–562.

- Shimada, M.K., Kim, C.G., Takahashi, A., Spitsyn, V.A., Ikeya, K., Gojobori, T., Saitou, N. (2002): Mitochondrial DNA control region sequences for a Buryats population in Russia. In: Ishida, H. (Ed.) *DNA Polymorphism Tokyo*. TOYO Shoten CO. Ltd, Tokyo, Japan. pp. 151–155.
- Shlush, L.I., Behar, D.M., Yudkovsky, G., Templeton, A., Hadid, Y., Basis, F., Hammer, M., Itzkovitz, S., Skorecki, K. (2008): The Druze: a population genetic refugium of the Near East. *PLoS One*, 3(5): e2105. DOI: [10.1371/journal.pone.0002105](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002105)
- Starikovskaya, E.B., Sukernik, R.I., Derbeneva, O.A., Volodko, N.V., Ruiz-Pesini, E., Torroni, A., Brown, M.D., Lott, M.T., Hosseini, S.H., Huoponen, K., Wallace, D.C. (2005): Mitochondrial DNA diversity in indigenous populations of the southern extent of Siberia, and the origins of Native American haplogroups. *Annals of Human Genetics*, 69(1): 67–89. DOI: [10.1046/j.1529-8817.2003.00127.x](https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2003.00127.x)
- Tagliabracci, A., Turchi, C., Buscemi, L., Sassaroli, C. (2001): Polymorphism of the mitochondrial DNA control region in Italians. *International Journal of Legal Medicine*, 114(4–5): 224–228. DOI: [10.1007/s004140000168](https://doi.org/10.1007/s004140000168)
- Tajima, A., Hayami, M., Tokunaga, K., Juji, T., Matsuo, M., Marzuki, S., Omoto, K., Horai, S. (2004): Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *Journal of Human Genetics*, 49(4): 187–193. DOI: [10.1007/s10038-004-0131-x](https://doi.org/10.1007/s10038-004-0131-x)
- Tan, P.N., Steinbach, M., Kumar, V. (2006): *Introduction to data mining*. Addison-Wesley, Minnesota, USA.
- Thoma, A. (1987): Mit mond ma az antropológia. In: Dombosy, I. (Szerk.) Gondolatok a magyar nép eredetéről. Történeti tanulmányok. *Miskolc Várostartörténeti Közlemények*, 1: 89–124.
- Tolk, H.V., Barac, L., Pericic, M., Klaric, I.M., Janicijevic, B., Campbell, H., Rudan, I., Kivisild, T., Rudan, P. (2001): The evidence of mtDNA haplogroup F in a European population and its ethnohistoric implications. *European Journal of Human Genetics*, 9(9): 717–723.
- Torroni, A., Achilli, A., Macaulay, V., Richards, M., Bandelt, H.J. (2006): Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. *Trends in Genetics*, 22: 339–345. DOI: [10.1016/j.tig.2006.04.001](https://doi.org/10.1016/j.tig.2006.04.001)
- Tóth, T. (1965): A honfoglaló magyarság ethnogenezisének problémája. *Anthropologiai Közlemények*, 9: 139–149.
- Tömöry, G., Csányi, B., Bogácsi-Szabó, E., Kalmár, T., Czibula, A., Csoz, A., Priskin, K., Mende, B., Langó, P., Downes, C.S., Raskó, I. (2007): Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134(3): 354–368. DOI: [10.1002/ajpa.20677](https://doi.org/10.1002/ajpa.20677)
- Türk, A. (2014): Uelgi in: A honfoglalók viselete. In: Sudár, B., Petkes, Zs. (Szerk.) *Magyar őstörténet I*. Helikon Kiadó, Budapest.
- van Oven, M., Kayser, M. (2009): Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 30(2): E386–E394. DOI: [10.1002/humu.20921](https://doi.org/10.1002/humu.20921)
- Vernesi, C., Di Benedetto, G., Caramelli, D., Secchieri, E., Simoni, L., Katti, E., Malaspina, P., Novelletto, A., Marin, V.T., Barbujani, G. (2001): Genetic characterization of the body attributed to the evangelist Luke. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 98(23): 13460–13463. DOI: [10.1073/pnas.211540498](https://doi.org/10.1073/pnas.211540498)
- Volodko, N.V., Starikovskaya, E.B., Mazunin, I.O., Eltsov, N.P., Naidenko, P.V., Wallace, D.C., Sukernik, R.I. (2008): Mitochondrial genome diversity in arctic Siberians, with particular reference to the evolutionary history of Beringia and Pleistocenic peopling of the Americas. *American Journal of Human Genetics*, 82(5): 1084–1100. DOI: [10.1016/j.ajhg.2008.03.019](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2008.03.019)
- Yao, Y.G., Kong, Q.P., Bandelt, H.J., Kivisild, T., Zhang, Y.P. (2002a): Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *American Journal of Human Genetics*, 70(3): 635–651. DOI: [10.1086/338999](https://doi.org/10.1086/338999)
- Yao, Y.G., Kong, Q.P., Man, X.Y., Bandelt, H.J., Zhang, Y.P. (2003): Reconstructing the evolutionary history of China: a caveat about inferences drawn from ancient DNA. *Molecular Biology and Evolution*, 20(2): 214–219. DOI: [10.1093/molbev/msg026](https://doi.org/10.1093/molbev/msg026)

- Yao, Y.G., Kong, Q.P., Wang, C.Y., Zhu, C.L., Zhang, Y.P. (2004): Different matrilineal contributions to genetic structure of ethnic groups in the silk road region in china. *Molecular Biology and Evolution*, 21(12): 2265–2280. DOI: [10.1093/molbev/msh238](https://doi.org/10.1093/molbev/msh238)
- Yao, Y.G., Nie, L., Harpending, H., Fu, Y.X., Yuan, Z.G., Zhang, Y.P. (2002b): Genetic relationship of Chinese ethnic populations revealed by mtDNA sequence diversity. *American Journal of Physical Anthropology*, 118(1): 63–76. DOI: [10.1002/ajpa.10052](https://doi.org/10.1002/ajpa.10052)
- Yao, Y.G., Lü, X.M., Luo, H.R., Li, W.H., Zhang, Y.P. (2000): Gene admixture in the silk road region of China: evidence from mtDNA and melanocortin 1 receptor polymorphism. *Genes and Genetic Systems*, 75(4): 173–178. DOI: [10.1266/ggs.75.173](https://doi.org/10.1266/ggs.75.173)
- Yunusbayev, B. Metspalu, M., Metspalu, E., Valeev, A., Litvinov, S., Valiev, R., Akhmetova, V., Balanovska, E., Balanovsky, O., Turdikulova, S. (2015): The Genetic Legacy of the Expansion of Turkic-Speaking Nomads across Eurasia. *PLoS Genetics*, 11: 4. DOI: [10.1371/journal.pgen.1005068](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005068)
- Zsirai, M. (1937): *Finnugor rokonságunk*. Trezor Kiadó, Budapest. pp. 587.

A tanulmányhoz tartozó mellékletek a folyóirat honlapján az Elektronikus Függelék tárbán találhatóak (http://www.mbt-biologia.hu/gen/pro/mod/let/let_fajl_kiiras_lista.php?i_faj_konyvtar_azo=287). – The appendices of the article can be found on the website of the journal in the Electronic Storage of Supplementary Materials (http://www.mbt-biologia.hu/gen/pro/mod/let/let_fajl_kiiras_lista.php?i_faj_konyvtar_azo=287).

1. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció Jaccard távolságai. – Appendix 1. The Jaccard distances of the studied 168 Eurasian populations.
2. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – A haplotípusok. – Appendix 2. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – A haplotypes.
3. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – B haplotípusok. – Appendix 3. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – B haplotypes.
4. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – C haplotípusok. – Appendix 4. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – C haplotypes.
5. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – F haplotípusok. – Appendix 5. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – F haplotypes.
6. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció átlagos minimális távolságai – G haplotípusok. – Appendix 6. The minimum average distances of the studied 168 Eurasian populations – G haplotypes.
7. melléklet. A vizsgált 168 eurázsiai populáció Jaccard távolságai – U7 haplotípusok. – Appendix 7. The Jaccard distances of the studied 168 Eurasian populations – U7 haplotypes.

Levelezési cím: Németh Endre
 Mailing address: AB Consulting Zrt.
 Petzvál József utca 56.
 H-1119 Budapest
 Hungary
 andre.nemeth@gmail.com

A TUBERKULÓZIS ELŐFORDULÁSA EGY XVIII. SZÁZADI VÁCI CSALÁDBAN

Pap Ildikó¹, Pálfi György², Molnár Erika², Karlinger Kinga³, K. Kovács Balázs³, Korom Csaba³, Michael Schultz⁴, Tyede H. Schmidt-Schultz⁵, Mark Spigelman^{6,7}, Helen D. Donoghue^{6,8}, Kustár Ágnes¹ és Szikossy Ildikó^{1,9}

¹Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani tár, Budapest; ²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged; ³Semmelweis Egyetem, Radiológiai és Onkoterápiás Klinika, Budapest; ⁴Department of Anatomy, University Medical School Göttingen, Göttingen, Németország; ⁵Department of Biochemistry, University Medical School Göttingen, Göttingen, Németország; ⁶Centre for Clinical Microbiology, Division of Infection and Immunity, University College London, London, Egyesült Királyság; ⁷Department of Anatomy and Anthropology, Sackler Faculty of Medicine, Tel Aviv University, Tel Aviv, Izrael; ⁸Centre for the History of Medicine, Division of Biosciences, University College London, Egyesült Királyság; ⁹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biológia Doktori Iskola, Szeged

Pap I., Pálfi Gy., Molnár E., Karlinger K., K. Kovács B., Korom Cs., Schultz, M., Schmidt-Schultz, H.T., Spigelman, M., Donoghue, H.D., Kustár Á., Szikossy I.: *Tuberculosis cases in a Hungarian family, 18th century, Vác, Hungary.* Two individuals of the Nigrovits family from the Vác Mummy Collection of the Hungarian Natural History Museum were the subjects of multidisciplinary, anthropological, paleopathological, radiological, paleomicrobiological and paleoproteomic studies. The father, József Nigrovits (No 29), died at the age of 55 on the 11th of November 1793; his son, Antal Nigrovits (No 54), died on the 16th of July 1803, at the age of 22. They lived in the 18th century in a small town of northern Hungary. The macroscopic examination of body No 54 showed a severely deformed neck and back region; body No 29 had no characteristic marks of any illnesses. The CT scan data of the bodies and their 3D reconstructions showed no skeletal evidence of tuberculosis, despite the positive results of their paleomicrobiological studies. The deformity of body No 54 turned to be a developmental abnormality of unknown origin, but no Pott's gibbus was present.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis; Paleopathology; Developmental abnormality; Paleomicrobiology; Natural mummies; 18th century; Vác; Hungary.*

Bevezetés

A váci Fehérek templomának 1994–1995-ben zajlott felújítása közben fedezték fel a templom alatt elhelyezkedő kriptát. A leletmentést a váci Tragor Ignác Múzeum munkatársai végezték Susa Éva antropológus segítségével (Zomborka 1996).

A feltárás során előkerült koporsókból 265, halotti ruhába öltöztetett egyén mumifikálódott holtteste, valamint egy osszarium került elő (Tragor Ignác Múzeum 1995, Pap és mtsai 1997, Szikossy és mtsai 1997). A koporsókra festett évszámok, valamint az anyakönyvi bejegyzések tanúsága szerint a kriptát Vác lakosai, polgári és egyházi személyek használták 1731–1838 között.

A feltárt koporsók és mellékletek a Tragor Ignác Múzeumba kerültek. Az antropológiai leleteket a Váci Püspökség hozzájárulásával a Magyar Természettudományi Múzeum Embertani tára őrzi.

A kriptába temetettek természetes úton konzerválódtak. A természetes mumifikálódást a kripta mikroklímája és a temetkezés módja tette lehetővé (Susa 1995, Susa és Józsa 1995, Pap és mtsai 1999).

A 265 egyén közül 166-nak ismerjük a nevét. A mikrotörténeti kutatások információval szolgáltattak a családi és rokoni kapcsolatokra.

Anyag és módszer

A vizsgálat anyaga

Vizsgálatainkat a néhai Nigrovits család két tagjának, az apának és a fiának a maradványain végeztük.

Az apa, Nigrovits József. Szám: 29. Leltári szám: 2009.19.29. Név: Nigrovits József. Elhalálási életkora: 55 éves. Meghalt: 1793. november 11-én. Feltárás időpontja: 1994. december 2. A koporsón szereplő felirat: Josephus Nigrovits anorum aetatis suae 55 / obiit die 11 Novembris Ano Domini 1793. A koporsón szereplő felirat fordítása: Nigrovits József életének 55. esztendejében/elhunyt 1793. november 11-én. A halotti anyakönyvi bejegyzés: nincs.

A fiú, Nigrovits Antal. Szám: 54. Leltári szám: 2009.19.54. Név: Nigrovits Antal. Elhalálási életkora: 22 éves. Meghalt: 1803. július 16-án. Feltárás időpontja: 1995. január 16. A koporsón szereplő felirat: PD Antonius Nigrovits Caelebs Anorum 22 / Obiit 16 Iulii Ano 1803. A koporsón szereplő felirat fordítása: Nigrovits Antal nőtlen, életének 22. esztendejében / elhunyt 1803. július 16-án. A halotti anyakönyvi bejegyzés: nincs.

Alkalmazott módszerek

Radiológia. A testek makroszkópos megfigyelését követő radiológiai vizsgálatokat a Semmelweis Egyetem Radiológiai és Onkoterápiás Klinikáján (Budapest) végeztük. A Philips Brilliance 16 spirál CT készülékkel 1 mm-es szelet vastagságot alkalmazva a teljes testekről 1600–2500 felvétel készült. A nyers adatok felhasználásával a szeleteket HRCT módban rekonstruáltuk. Az utófeldolgozás (post-processing) során úgynevezett csontablakot használtunk. A 3 dimenziós (3D) virtuális rekonstrukció a Philips CT készülék beépített programjával készült.

Paleomikrobiológia. Korábbi kutatásunkban paleomikrobiológiai vizsgálatokat végeztünk a University College London munkatársaival együttműködésben, amelynek során a Nigrovits család két tagját is elemeztük. Célunk a csontokban és a mumifikálódott szövetekben megőrződött Mycobacterium tuberculosis komplex DNS-ének kimutatása volt (Fletcher és mtsai 2003).

Az elemzés során az archaikus DNS (aDNS) kimutatására ajánlott protokollt követtük (O'Rourke és mtsai 2000), az eljárás különböző fázisait elkülönített helyiségekben végezve, a korábban megjelent munkákban (Fletcher és mtsai 2003, Donoghue és mtsai 2005) közzétettek szerint. Az eljárást röviden összefoglalva: kis mennyiségű zúzott vagy porított mintát proteináz K / EDTA-ban 56 °C-on 1–4 napig előemésztettünk. Egy alikvotot 0,1 M N-fenacil-tiazolium-bromiddal kezeltünk (Poinar és mtsai 1998), amely a korábbi kutatások szerint alkalmas a régen élt népelemek emberi maradványaiból vett mintákban lévő DNS extrahálására. Ezután mindkét alikvotot guanidinium-tiocianát-

oldatban lizáltuk, szilikagél capture-t végeztünk, a maradék felülúszóból a DNS-t izopropil-alkohollal kicsapatva kinyertük, mostuk, majd a felhasználásig szárítottuk. A kontrollreakciókat minden esetben, rutinszerűen elvégeztük, az extrakciókat és az elemzéseket ismételtük.

A baktérium DNS-ének amplifikálását a korábban részletesen leírtak szerint végeztük (Fletcher és mtsai 2003, Donoghue és mtsai 2005). Az eljárást röviden összefoglalva: a *M. tuberculosis* komplex (MTBC) DNS maradványokat az IS6110 specifikus régió célzásával detektáltuk nested PCR alkalmazásával, amely első körben 123 bp-nyi amplicont, a második reakció során a célszekvenciát tartalmazó 92 bp (1. táblázat) PCR terméket adott. Qiagen Hotstar® Taq polimerázt és reagenseket (Qiagen, West Sussex, UK) használtunk. A negatív kontrollreakciókat minden esetben rutinszerűen elvégeztük. A PCR-termékeket elektroforézisnek vetettük alá, agaróz gélen futtattuk, etidium-bromiddal festettük, UV fényel tettük láthatóvá, majd Polaroid kamerával fényképeztük. Egy későbbi vizsgálat során az 54. számú múmia tüdőszövetét real-time (valós idejű) PCR alkalmazásával (Évinger és mtsai 2011) az IS1081 lókusra specifikus primerekkel (1. táblázat) értékeltük újra.

Hisztológia, paleoproteomika. Mindkét egyénből vettünk mintát a szövettani és paleoproteomikai vizsgálatokhoz. A 29. számú múmia bal borda darabját és egy csigolyatestet, az 54. számú múmia jobb szárkapocs csontjának középdarabját különítettük el. Valamennyi csont felszínét nagyító segítségével tekintettük át. A vékonyréteg csiszolatok Schultz (2001) módszerét használva készültek.

Mindhárom mintát az extracelluláris csontmátrix fehérjék kivonására és kimutatására is felhasználtuk (Schmidt-Schultz és Schultz 2004). Az esetek paleoproteomikai elemzése még folyamatban van.

1. táblázat. A vizsgálat során használt *M. tuberculosis* komplex-specifikus oligonukleotid szekvenciák (primerek).

Table 1. *M. tuberculosis* complex-specific primers used in this study.

Név Name	Célszakasz Target region	Célszakasz mérete Target size	Oligonukleotid szekvenciája Primer
P1	IS6110	123 bp	5'CTCGTCCAGCGCCGCTTCGG 3'
P2	IS6110		5'CCTGCGAGCGTAGGCGTCGG 3'
IS-3	IS6110	92 bp	5'TTCGGACCACCAGCACCTAA 3'
IS-4	IS6110		5'TCGGTGACAAAGGCCACGTA 3'
NF	IS1081	72 bp	5' TGATTGGACCGCTCATCG 3'
NR	IS1081		5' CTTGATGGGGGCTGAAGC 3'
1081 Probe	IS1081		5'-FAM-GGGCTACCGCAACGCA-BHQ1-3'

Vizsgálati eredmények

Az apa, Nigrovits József (29. számú múmia)

Nigrovits Józsefet háton fektetve, fejét előre állítva, kezeit a hasa előtt keresztbe téve helyezték a koporsóba. Teste nagymértékben mumifikálódott. A fej az állkapocs kivételével jó állapotban konzerválódott. A nyak teljesen ép. A mellkas és a hasi régió 100%-ban mumifikálódott. A testnedvek pangása miatt a hát területe kevésbé mumifikálódott, csontváz állagú. A végtagok bőrrel fedettek.

Az orron fokozott faggyútermelésre utaló seborrhea, valamint maradandó értágulatok, rosacea okozta elváltozások láthatók (Cseplák és mtsai 2012, 2015).

A vizsgálható fogak épek, az életkornak megfelelő kopottságúak, a koronákon fogkő van.

A mellkas keskeny, kachektikus (1. ábra). A nyakon enyhe görbület figyelhető meg. A szabadon álló csigolyákon kismértékű hypervascularisatio nyomai figyelhetők meg, amelyek felvethetik a tuberkulózis lehetőségét (Pálfi és mtsai 2012; 2. ábra).

A paleomikrobiológiai vizsgálatok eredményei szerint a mellkasból vett minta pozitív volt a nested PCR (92 bp) eljárást alkalmazva, ugyanakkor negatív eredményt adott a single stage PCR (123 bp) módszer szerint. A hasi régióból vett minta negatív eredményt szolgáltatott.

Nigrovits József esetében a szövettani vizsgálatra kiemelt bordán és csigolyatesten makroszkópos elváltozás nem volt megfigyelhető. Mikroszkóp alatt a csigolyatest szivacsos állományában kismértékű oszteoklaszt reszorpció nyomai láthatók.

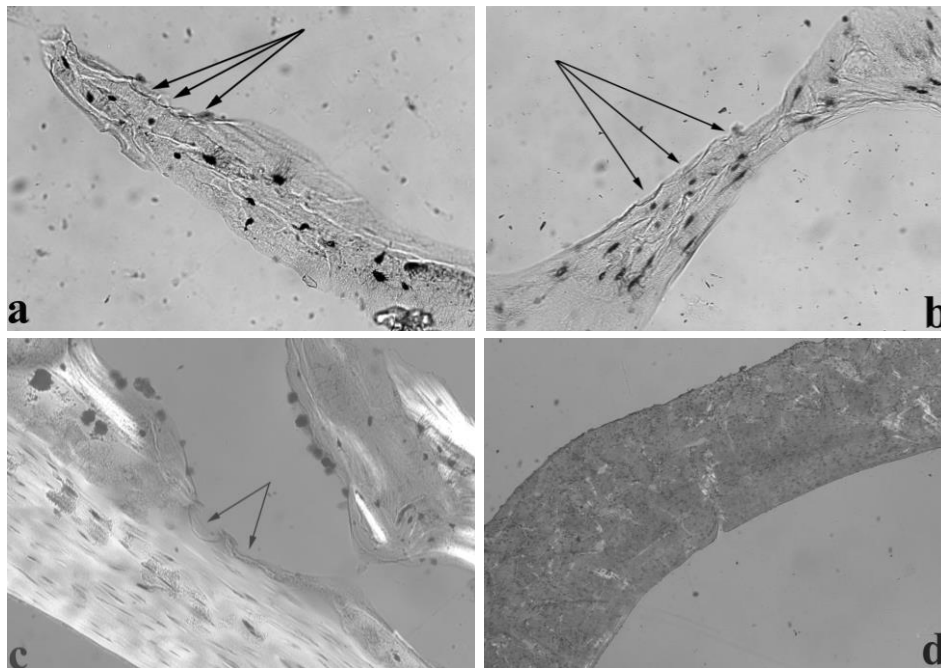
A szivacsos állomány néhány csontgerendájában gyengén fejlett és részben újjáépült Howship-féle lakunák maradványai figyelhetők meg (3a–b. ábra). Ugyanakkor vannak olyan csontgerendák is, amelyek kifejezett oszteoklaszt reszorpciót mutatnak (3c. ábra). Ezek az elváltozások nem jellemzőek az ilyen korú egyének csontszerkezetére. Az idős kori oszteoporózisban általában nem mutathatók ki a Howship-féle lakunák. Ezért fennáll egy kezdeti gyulladásos folyamat valószínűsége, amely összefügghet a korai tuberkulózis fertőzéssel. A kompakt csontállomány rossz megtartási állapotának köszönhetően extracelluláris csontmátrix nem volt észlelhető.



1. ábra: Nigrovits József (29. számú múmia) teste. A mellkas keskeny, kachektikus.
Fig. 1: Body of József Nigrovits (No 29).
Cachectic, narrow chest.



2. ábra: A szabadon álló csigolyákon kismértékű hypervascularisatio nyomai (29. számú múmia).
Fig. 2: Traces of slight hypervascularisation on the vertebrae (No 29).



3. ábra: Nigrovits József (29. számú múmia), csigolyatest. Vékony-réteg csiszolat (70 μm); a–b: transzmissziós, c: polarizációs mikroszkópos felvétel. 200x nagyítás. A nyilak a Howship-lakunákat mutatják. d: Nigrovits Antal (54. számú múmia) fibulája. A kompakt csontállomány lamelláris csontszerkezetében inaktivitásra utaló atrófia.

Fig. 3: Vertebral body of József Nigrovits (No 29). Thin-ground sections (thickness 70 μm); a–b: viewed in plain, c: viewed in polarized light. Magnification 200x. Arrows points to Howship's lacunae; d: Fibula of Antal Nigrovits (No 54). Inactivity atrophy in the lamellar structure of the compact bone substance.

A fiú, Nigrovits Antal (54. számú múmia)

Nigrovits Antalt háton fektetve, fejét baloldalra hajtva, kezeit a hasa előtt keresztbe téve helyezték a koporsóba. A test részlegesen mumifikálódott. A fej bal oldala jó állapotban őrződött meg, jobb oldala csontos. A nyak lágy szövetei elenyésztek. A mellkas és a hasi régió 70%-ban mumifikálódott. A hát területének megtartása rossz, csontváz állagú. A végtagokat csontokra feszült, vékony bőr fedi.

A vizsgálható fogak koronáin jelentős mennyiségű fogkő látható. A jobb felső második metszőfogon nagyfokú zománc hypoplasia figyelhető meg. A mandibula jobb oldalán több fogat érintő (I2-C-P1) pre mortem foghiány van. A jobb oldalon szabad szemmel nem vizsgálható a fogazat.

Az ifjú sovány testalkatú volt. A mellkas feltűnően szűk és keskeny, kachektikus (4. ábra). A gerinc nyaki és háti szakaszán nagyfokú deformitás, görbület figyelhető meg, amely felveti a tuberkulózis lehetőségét (5–6. ábra). A csigolyák többsége a mumifikálódás következtében szabad szemmel nem vizsgálható.

A CT adatok felhasználásával megalkottuk a deformált gerincoszlop virtuális 3D-s modelljét, azért, hogy megvizsgálhassuk az érintett csontok elváltozásait. A nyaki és ágyéki

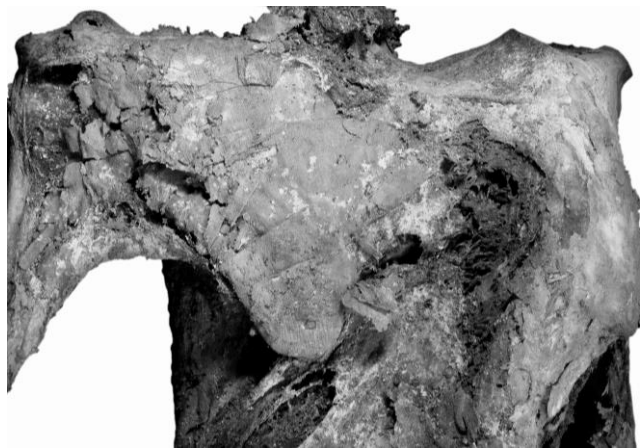
gerincen kisebb mértékű, a háti gerincen nagymértékű (60 foknál nagyobb) scoliosis figyelhető meg. A nyaki és a háti szakaszon kyphosis is észlelhető (7. ábra). A súlyos deformációt fejlődési rendellenesség okozta és nem csonttuberkulózis.



4. ábra: Nigrovits Antal (54. számú múmia) kachektikus teste.
Fig. 4: Cachectic body of Antal Nigrovits (No 54).



5. ábra: Deformálódott nyaki régió, közelebbi kép (54. számú múmia).
Fig. 5: Deformed neck, a closer look (No 54).



6. ábra: Nagy mértékben deformálódott hát (54. számú múmia).
Fig. 6: Extremely deformed back (No 54).



7. ábra: A nyaki és háti régió virtuális 3D-s rekonstrukciója (54. számú múmia).
Fig. 7: Virtual 3D model of the neck and back region using the CT scan data (No 54).

A korábban elvégzett paleomikrobiológiai kutatások eredménye szerint a tüdőszövetből és a has bal oldalából vett minták egyaránt negatív eredményt mutattak. Ugyanakkor a has egy másik részéből származó minta a nested PCR-ral (92 bp) erős pozitív, a single stage PCR-ral (123 bp) negatív eredményt adott. Az újvizsgált tüdőszövetekből kinyert DNS-extraktum valamennyi frakciója a real-time PCR alkalmazásával az IS1081 lókusza specifikus primerekkel negatív eredményt adott.

Nigrovits Antal fibulája alapvetően nem mutatott semmilyen kóros elváltozást. Azonban a diafizis mediális oldalának kompakt állományában a lamelláris csontszerkezetben inaktivitásra utaló atrófia észlelhető (3d. ábra). Az elváltozás hosszú idejű ágyhoz kötöttségre utal. Ezt valamilyen krónikus betegség, például a tüdő tuberkulózis is eredményezhette. Ugyanakkor más lehetséges ok is szóba jöhet.

A fibula diafizis töredékében extracelluláris csontmátrix fehérjék, például oszteonektin és IgG mutatható ki. Ugyanakkor nem találtunk a tuberkulózisra jellemző specifikus fehérjéket (például Ag85).

A vizsgálati eredmények értékelése

A 29. számú egyén szemmel láthatóan kachektikus volt. A nyakon enyhén patológias görbület, a szabadon álló csigolyákon kismértékű hypervascularisatio nyomai figyelhetők meg, amelyek felvethetik a tuberkulózis lehetőségét. Bár a mellkasi radiológiai felvételeken nem mutatkoztak rendellenességek, a mellkasból származó csontminta a nested PCR-vel (92 bp) tuberkulózisra pozitívnak bizonyult. A hasból vett szövetszövetminta negatív volt. A mellkasi minta pozitívítása tüdő tuberkulózist sugall. Bár a szövetszöveti vizsgálatra kiemelt bordán és csigolyatesten szabad szemmel nem észlelhető gyulladásra utaló elváltozás, a paleohisztológiai vizsgálatok eredményei korai TBC-s fertőzéshez köthető, kezdeti gyulladásos folyamatra utalnak.

Az 54. számú egyén esetében a nyak és a hát szabad szemmel is észlelhető súlyos deformitása, valamint a mellkas és az egész test kachektikus megjelenése tuberkulózisra utal. A radiológiai képek tanúsága szerint a súlyos deformációt nem csonttuberkulózis eredetű Pott-gibbus, hanem fejlődési rendellenesség okozta.

A paleomikrobiológiai vizsgálat pozitív eredményt adott a nested PCR (92 bp) eljárás alkalmazásával, de csak a hasi szövet esetében. Bár az összes többi minta és alkalmazott módszer negatív eredményt mutatott, a hasi minta pozitívítása aktív tuberkulózisfertőzésre utal. A hasi minta pozitívítása azt jelezheti, hogy a köpet (sputum) lenyelése megfertőzte az emésztőrendszert. A paleohisztológiai eredmények is krónikus betegségekre utalnak, amely akár tüdő tuberkulózis is lehetett.

Az 54-es számú múmia esete hasonló egy korábban vizsgált másik váci múmia esetéhez. Tauber Antónia (97. szám) hátán látható súlyos gerinc deformitás felvetette a Pott-gibbus lehetőségét. A radiológiai képek ismeretlen eredetű, súlyos fejlődési rendellenességet, idiopátiás scoliosis mutattak (8. ábra). A molekuláris biológiai vizsgálatok kimutatták az MTBC DNS jelenlétét. A kórokozó bár jelen volt a testben, nem alakította ki a TBC-re jellemző csontelváltozásokat (Kustár és mtsai 2011a, b).

A becslések szerint a csontvázat érintő tuberkulózis általában mintegy 40%-a érinti a gerincet (Aufderheide és Rodriguez-Martin 2008). Fontos azonban hangsúlyozni, hogy a gerinctuberkulózis viszonylag ritka. Természetes lefolyása szerint csak 3–5%-ban alakul ki, és az esetek túlnyomó többségében nem valószínű, hogy csontvázon nyomot hagyó elváltozásokat okoz. Ezért a tuberkulózis előfordulása kétségtelenül jóval magasabb a történeti népeiségekben, mint amennyit a paleopatológusok észlelnek a csontokat érintő elváltozások alapján (Donoghue 2008).

A 29. és 54. számú új esetek (Szikossy és mtsai 2015), valamint a korábban vizsgált 97. számú váci múmia (Kustár és mtsai 2011a, b) példája alátámasztja azt a korábbi megfigyelést, hogy a TBC DNS-e morfológiai elváltozásokat nem mutató csontokban is kimutatható (Zink és mtsai 2001, Dutour 2008).



8. ábra: A röntgenfelvétel és a virtuális 3D-s rekonstrukció jól mutatja a nagymértékben deformálódott testet (97. számú múmia, Tauber Antónia).

Fig. 8: X-Ray picture and virtual 3D model of the extremely deformed body (Antonia Tauber, No 97).

Következtetések

A tanulmány a Magyar Természettudományi Múzeum Embertani tára Múmia Gyűjteményében őrzött Nigrovits család két tagjának mumifikálódott maradványain végzett multidiszciplináris, antropológiai, paleopatológiai, radiológiai, paleomikrobiológiai és paleoproteomikai vizsgálatok eredményeit mutatja be. A családfő, Nigrovits József (No. 29), 55 esztendőskorában, 1793. november 11-én; fia, Nigrovits Antal (No. 54), 1803. július 16-án, 22 éves korában hunyt el. Mindketten Vácott, az észak-magyarországi kisvárosban éltek a XVIII. században.

A makroszkópos vizsgálatok eredménye szerint az apa (29. számú múmia) csigolyáin kismértékű elváltozások észlelhetők. A fiú (54. számú múmia) nyaki és háti gerincszakaszán szabad szemmel is látható, súlyos deformáció látható. A CT-vizsgálat és a 3D-s rekonstrukció egyik test esetében sem mutatott semmilyen tuberkulózisra utaló elváltozást, ugyanakkor a paleomikrobiológiai vizsgálatok pozitív eredményt szolgáltatottak. A fiú testén a CT felvételeken mutatkozó deformitás nem a tuberkulózisra jellemző Pott-gibbus, hanem ismeretlen eredetű fejlődési rendellenesség következtében kialakult púp. Esete hasonló egy korábban vizsgált és ismertetett váci múmia (97. számú egyén, néhai Tauber Antónia) testén észlelt elváltozáshoz. A 29. és 54. számú, valamint a korábban vizsgált 97. számú váci múmia esete alátámasztja azt a korábbi megfigyelést, hogy a TBC archaikus DNS-e morfológiai elváltozásokat nem mutató csontokban is kimutatható.

Köszönetnyilvánítás: Köszönjük Vellainé Dr. Takács Krisztina tanszékvezető asszonynak a paleomikrobiológiai vizsgálatok során alkalmazott módszerek magyar nyelvű ültetésében nyújtott segítségét. A kutatás az OTKA 61155, OTKA K 73441 és 78555 és az NKFIH K 125561 projektek támogatásával valósult meg.

Irodalom

- Aufderheide, A., Rodriguez Martin, C. (2008): *The Cambridge Encyclopedia of Human Paleopathology*. Cambridge University Press, Cambridge. pp. 480.
- Cseplák, Gy., Pap, I., Szikossy, I. (2015): *A váci múmiákról – Antropo-medicinális tanulmányok 52 váci múmia vizsgálatáról egy bőrgyógyász fényképes jegyzeteivel*. Semmelweis Kiadó és Multimédia Stúdió Kft., Budapest. p. 212.
- Cseplák, Gy., Szikossy, I., Pap, I. (2012): Rosacea a XVIII. században. *Bőrgyógyász Info*, 8(4): 94–95.
- Donoghue, H.D. (2008): Palaeomicrobiology of Tuberculosis. In: Raoult, D., Drancourt, M. (Eds) *Paleomicrobiology: Past Human Infections*. Springer International Publishing AG. pp. 75–97.
- Donoghue, H.D., Marcsik, A., Matheson, C., Vernon, K., Nuorala, E., Molto, J.E., Greenblatt, C.L., Spigelman, M. (2005): Co-infection of Mycobacterium tuberculosis and Mycobacterium leprae in human archaeological samples. *Proceedings of the Royal Society of London B*, (272): 389–394. DOI: [10.1098/rspb.2004.2966](https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2966)
- Dutour, O. (2008): Archaeology of Human Pathogens: Palaeopathological Appraisal of Palaeoepidemiology. In: Raoult, D., Drancourt, M. (Eds) *Paleomicrobiology: Past Human Infections*. Springer International Publishing AG. pp. 125–144.
- Évinger, S., Bernert, Zs., Fóthi, E., Wolff, K., Kővári, I., Marcsik, A., Donoghue, H.D., O’Grady, J., Kiss, K.K., Hajdu, T. (2011): New skeletal tuberculosis cases in past populations from Western Hungary (Transdanubia). *HOMO Journal of Comparative Human Biology*, 62: 165–183. DOI: [10.1016/j.jchb.2011.04.001](https://doi.org/10.1016/j.jchb.2011.04.001)
- Fletcher, H.A., Donoghue, H.D., Holton, J., Pap, I., Spigelman, M. (2003): Widespread occurrence of Mycobacterium tuberculosis DNA from 18th–19th century Hungarians. *American Journal of Physical Anthropology*, 120: 144–152. DOI: [10.1002/ajpa.10114](https://doi.org/10.1002/ajpa.10114)
- Kustár, Á., Pap, I., Végvári, Zs., Kristóf, L.A., Pálfi, Gy., Karlinger, K., Kovács, B., Szikossy, I. (2011a): Using of 3D virtual reconstruction for pathological investigation and facial reconstruction of an 18th century mummified nun from Hungary. *Yearbook of Mummy Studies*, 1: 83–93.
- Kustár, Á., Pap, I., Végvári, Zs., Kristóf, L.A., Pálfi, Gy., Karlinger, K., Kovács, B., Szikossy, I. (2011b): Tauber Antónia, 18. századi váci apáca múmiájának patológiai vizsgálata és arc-rekonstrukciója, 3D rekonstrukciós módszerek alkalmazásával. *Anthropologiai Közlemények*, 52: 5–15.
- O’Rourke, D.H., Hayes, M.G., Carlyle, S.W. (2000): Ancient DNA studies in physical anthropology. *Annual Review of Anthropology*, 29: 217–242. DOI: [10.1146/annurev.anthro.29.1.217](https://doi.org/10.1146/annurev.anthro.29.1.217)
- Pap, I., Susa, É., Józsa, L. (1997): Mummies from the 18th–19th century Dominican Church of Vác, Hungary. *Acta Biologica Szegediensis*, 42: 107–112.
- Pap, I., Józsa, L., Repa, I., Bajzik, G., Lakhani, S.R., Donoghue, H.D., Spigelman, M. (1999): 18–19th century tuberculosis in naturally mummified individuals (Vác, Hungary). In: Pálfi, Gy., Dutour, O., Deák, J., Hutás, I. (Eds) *Tuberculosis: Past and Present*. Budapest – Szeged. pp. 419–428.
- Pálfi, Gy., Zink, A., Maixner, F., Pósa, A., Lovász, G., Wicker, E., Bereczki, Zs., Molnár, E. (2012): Egy késő-középkori embertani széria tuberkulózis fertőzöttségének vizsgálata morfológiai és molekuláris biológiai módszerekkel. *Anthropologiai Közlemények*, 53: 35–50.
- Poinar, H.N., Hofreiter, M., Spaulding, W.G., Martin, P.S., Stankiewicz, B.A., Bland, H., Evershed, R.P., Possnert, G., Paabo, S. (1998): Molecular coproscopy: dung and diet of the extinct ground sloth *Nothrotheriops shastensis*. *Science*, 281: 402–406. DOI: [10.1126/science.281.5375.402](https://doi.org/10.1126/science.281.5375.402)
- Schmidt-Schultz, T.H., Schultz, M. (2004): Bone protects proteins over thousands of years: extraction, analysis, and interpretation of extracellular matrix proteins in archaeological skeletal remains. *American Journal of Physical Anthropology*, 123: 30–39. DOI: [10.1002/ajpa.10308](https://doi.org/10.1002/ajpa.10308)
- Schultz, M. (2001): Paleohistopathology of bone. A new approach to the study of ancient diseases. *Yearbook of Physical Anthropology*, 44: 106–147. DOI: [10.1002/ajpa.10024](https://doi.org/10.1002/ajpa.10024)

- Susa, É. (1995): Előzetes jelentés a váci Fehérek temploma kriptafeltárásáról. *Anthropologiai Közlemények*, 37: 192–193.
- Susa, É., Józsa, L. (1995): A múmiakészítés technikája és eredményei az ókortól napjainkig. *Anthropologiai Közlemények*, 37: 100–118.
- Szikossy, I., Bernert, Zs., Pap, I. (1997): Anthropological investigation of the 18th–19th century ossary of the Dominican Church, Vác, Hungary. *Acta Biologica Szegediensis*, 42: 145–150.
- Szikossy, I., Pálfi, Gy., Molnár, E., Karlinger, K., Kovács, B.K., Korom, Cs., Schultz, M., Schmidt-Schultz, T.H., Spigelman, M., Donoghue, H.D., Kustár, Á., Pap, I. (2015): Two positive tuberculosis cases in the late Nigrovits family, 18th century, Vác, Hungary. *Tuberculosis*, 95 (Suppl. 1): S69–S72. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.015](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.015)
- Tragor Ignác Múzeum (1995) A váci Fehérek temploma feltárási dokumentációja. ND 95.3.2.1-262.
- Zink, A., Haas, C.J., Reischl, U., Szeimies, U., Nerlich, A.G. (2001): Molecular analysis of skeletal tuberculosis in an ancient Egyptian population. *Journal of Medical Microbiology*, 50: 355–366. DOI: [10.1099/0022-1317-50-4-355](https://doi.org/10.1099/0022-1317-50-4-355)
- Zomborka, M. (1996): Vác „Fehérek temploma” kriptafeltárás. 1994–95. *Magyar Múzeumok*, 2(1): 3–7.

Levelezési cím: Pap Ildikó
Mailing address: Embertani tár
Magyar Természettudományi Múzeum
Ludovika tér 2–6.
H-1082 Budapest
Hungary
pap.ildiko@nhmus.hu

SZOMATOTÍPUS DOMINANCIA ÉS SZEXUÁLIS ÉRÉS

Pápai Júlia¹, Tróznai Zsófia¹ és Négele Zalán²

¹Testnevelési Egyetem, Sporttudományi és Diagnosztikai Laboratórium, Budapest;

²Székesfehérvári Teleki Blanka Gimnázium és Általános Iskola, Székesfehérvár

Pápai J., Tróznai Zs., Négele Z.: Somatotype dominance and sexual maturation. *The purposes of the study were 1) to examine indices of sexual maturation in athlete girls having predominantly endo-, meso- and ectomorph physique; 2) to demonstrate alterations in somatotype by breast maturation. 813 pubertal athlete girls (aged between 10 and 17 years) belonging to different sports events were studied. Somatotype was determined by the Heath–Carter method. Somatotype dominance was decided arbitrarily; the cut-off point was 4.75 unit for the dominant component. The other two components were minimum 1.5 unit below the dominant one. Breast development was rated according to Tanner’s suggestions. Data for menarche were collected by “status-quo” method. The age medians of maturation indices were calculated.*

Athletes with endomorph dominance matured the earliest. Mesomorphs started to develop their sexual characteristic later than endomorphs and had the latest completion of breast maturation. Girls with ectomorph predominance matured the latest and the fastest. Meso- and ectomorphs preserved their dominant component during breast maturation. Similarly to normal pubescent girls, they increased their relative fatness, but in a different rate. Staying in the mesomorphic endomorph field, endomorphs did not change their body form as maturation proceeded.

Keywords: Somatotype dominance; Breast maturation; Menarche; Female athletes.

Bevezetés

A sheldoni szomatotípus az emberi alak megközelítésének különleges, egyedi módja. Alapjául a különböző csiralemezekből kifejlődő szervek dominanciájának gondolata szolgál (Sheldon és mtsai 1940). Az egyedi szomatotípust három független komponens – endomorfia, mezomorfia, ektomorfia – együttesének tekinti, amelyek segítségével a testalakot egységes egészként ragadja meg. A formabecslő módszer vizuális megtekintésen alapul, a test mérete ebben a rendszerben nem játszik jelentős szerepet. A három domináns faktor egyben a szélsőséges variánsokat reprezentálja.

A dominánsan endomorf szomatotípusra a lekerekítettség jellemző. Szövetei lágyak, csontjai kicsik és vékony kérgűek, a testsűrűsége alacsony. A belső szervek közül a táplálkozási rendszer tagjai az uralkodók. A tömeg a test közepére koncentrálódik. A törzs térfogata dominál a végtagoké felett, a has a mellkas felett, és a végtagok proximális szegmensei a disztálisak felett. A legszembetűnőbb külső jellemzője a zsírfelhalmozás, amely az abszorptív funkciók túlsúlyának a kifejeződése.

A mezomorf szomatotípus dominanciája a nagy, vastag csontokban és az erőteljes izomzatban nyilvánul meg. Kötőszöveti túlsúly, arányaiban nagy szív- és érrendszer jellemzi. A test szögletes és erős. A törzs nagy és vastag izomzat borítja. A mellkas térfogata jelentősen nagyobb a has térfogatánál. A végtagok izmosak és változatos hosszúságúak. Szembetűnőek a vastos izomzattal borított masszív disztális szegmensek.

A dominánsan ektomorf szomatotípus esetében a felület arányaiban dominál a tömeg felett. A felületi struktúrák, a bőr és származékai, az érzékszervek, valamint az idegrendszer túlsúlyban vannak a belső rendszerek felett. A test lineáris, karcsú és törékeny. A törzs arányaiban rövid, a végtagok hosszúak. A mellkas a hasrégióhoz képest hosszú, a törzs átmérői redukáltak. A végtagok disztális szegmensei proporcionálisan hosszabbak a proximális végtagrészeknél.

Sheldon az egyedi szomatotípust változatlanak tekintette, és úgy gondolta, hogy azt teljes egészében a genotípus határozza meg.

Heath és Carter a sheldoni rendszer fontos elemeit megtartva alakították ki antropometriai szomatotipizálási eljárásukat (Carter és Heath 1990). A módszer végső változata a három komponens relatív dominanciáját csak testméretek alapján állapítja meg. Az első komponens a test relatív zsírosságáról, a második a mozgatórendszer dominanciájáról, a relatív robuszticitásról, míg a harmadik komponens a relatív nyúlánkságról nyújt felvilágosítást.

Az emberek döntő többsége a három komponens különböző mértékű ötvözete, és az egyedi szomatotípusban e komponens arányok fejeződnek ki. Ez az alkati rendszer a fenotípust vizsgálja, így lehetővé teszi a test formájában bekövetkező módosulások nyomon követését.

A szomatotípus skála szélső pontjai az extrém variánsok, akiknek alakjában valamelyik komponens szinte egyeduralkodóvá válik. A testalak szélsőséges kifejeződése kihangsúlyozza a sajátos vonásokat. Sokkal tisztábban mutathatja meg az adott típusra jellemző tulajdonságokat, tulajdonság együtteseket, mint ahol a dominancia nem ilyen erős. Szélsőséges fizikai alkattal gyakran találkozunk a sport világában, sőt vannak sportágak, amelyek megkövetelik az extremitást.

Az extrém vagy a kifejezetten domináns variánsok tanulmányozására több lehetőség áll rendelkezésre. A komponenseket lehet külön-külön vizsgálni. Mivel Heath és Carter úgy definiálja a szomatotípust, mint az emberi alak és testösszetétel egyfajta becslését (Carter és Heath 1990, Claessens és mtsai 2004), ennek a megközelítésnek van létjogosultsága. Ez esetben azonban pontosan az az információ vesz el, ami a becsült alak lényege, a komponensek egymáshoz viszonyított kifejezettsége.

Lehet tanulmányozni a komponensek megoszlását (Bodzsár 1980), amely plasztikusan mutatja a dominanciaviszonyokat. A szomatotípusok differenciálására felhasználhatók a Carter által meghatározott szomatotípus kategóriák (Carter 1975), vagy különböző indexek (Drywien 2016). Az a néhány tanulmány, amelyet e tárgyban találtunk, elsősorban a Carter féle kategóriákra támaszkodott (Bolonchuk 2000, Veldre 2004, Chaouachi és mtsai 2005, Marta és mtsai 2013).

Munkánkban nem extrém alkatú fiatalokat vizsgáltunk. Arra törekedtünk, hogy a három alkati csoportban az adott komponens a másik kettőhöz viszonyítva kifejezett legyen, jelezze a komponens dominanciát. Az így elkülönített serdülőknél a testalkat és a szexuális érésközti kapcsolatot elemeztük.

Célkitűzéseink a következők voltak: 1) a szomatotípus dominancia alapján csoportosított sportolónők szexuális érésközti vizsgálata, illetve 2) a szomatotípusban bekövetkező változások tanulmányozása az emlő fejlődésének stádiumai szerint.

Vizgált személyek és alkalmazott módszerek

A tanulmány alanyait a munkacsoportunkban 1990 és 2010 között vizsgáltuk adatbázisából válogattuk. A lányok mindannyian egyesületi sportolók voltak. Az anyag heterogén volt többek között a sportképességek, az eredményesség, a sportmúlt és az edzésterjedelem tekintetében. A vizsgálatba került sportolók 21 sportágat képviseltek, közülük 35% az állóképességi, 31% a torna, 29% a labdajátékok, 5%, a küzdő sportági csoportokba tartozott.

Az adatbázisból azok kerültek kiválogatásra, akikre valamelyik szomatotípus komponens dominanciája volt a jellemző. A komponensdominanciát eredetileg magasabb értékre terveztük. Limitáló faktornak a II. komponens bizonyult; még a sportoló lányoknál sem volt egyszerű feladat kifejezetten mezomorf túlsúlyú fiatalokat találni. A dominancia alsó határát végül 4,75 egységben határoztuk meg. A másik két komponens számértéke a domináns faktor aktuális értékénél legalább 1,5 egységgel volt kevesebb. Az így kiválasztott sportolók megoszlása az 1. táblázatban látható. A legnépesebbnek a dominánsan ektomorf lányok csoportja bizonyult. A táblázatból az is kiolvasható, hogy a mezomorf dominancia inkább a szexuális érés korai stádiumaiban, míg az endomorf dominancia a késői fokozatokban volt jellemzőbb. Ez a lányok testfejlődési jellemzőinek ismeretében könnyen magyarázható.

1. táblázat. A vizsgált sportolónők megoszlása az emlő érési fokozatai és a szomatotípus komponensek dominanciája szerint.

Table 1. The distribution of female athletes by maturation stages of breast and by the dominance of somatotype components.

Emlő érési fokozatai – Maturation stages of breast	Szomatotípus komponens dominancia – Somatotype component dominance			Együtt – Together
	Endomorf – Endomorph	Mezomorf – Mesomorph	Ektomorf – Ectomorph	
B1	29	60	72	161
B2	28	50	55	133
B3	38	50	79	167
B4	57	43	91	191
B5	71	32	58	161
Együtt – Together	223	235	355	813

A gyermekeket attól az életkortól kezdve vontuk be a feldolgozásba, amely kortól az emlő kifejlődésének első jelét (B2) tapasztaltuk. Felső határnak azt az életkort tekintettük, amelyben még megfigyelhető volt fejlődésben lévő fiatal (B4). A vizsgálatban átfogott életkori intervallum 10 és 17 év között volt.

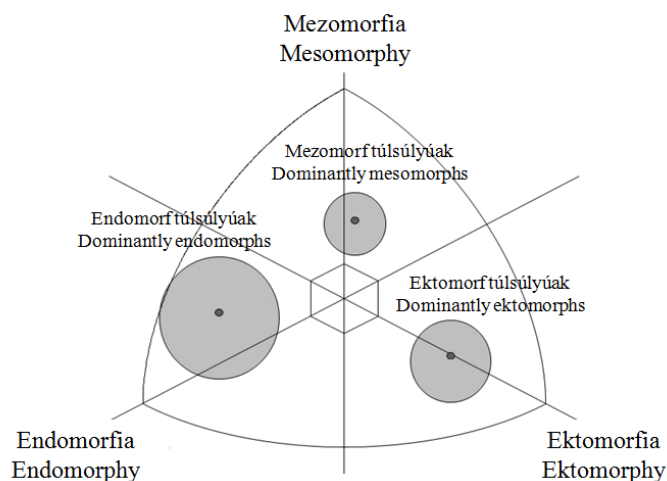
A hosszúsági, szélességi, kerületi és bőrredő méreteket a standard leírás alapján (Martin és Saller 1957/1966, Bodzsár és Zsákai 2004), a Nemzetközi Biológiai Program ajánlásait (Tanner és mtsai 1969) figyelembe véve vettük fel. A szomatotípus komponenseket Heath és Carter módszerével (Carter 1975), Szmodis (1977) regresszió-egyenletei alapján számítottuk. A szomatopontok átlagos szóródását az SDM (mean somatotype dispersion) mutatóval jellemeztük (Ross és mtsai 1977).

A szexuális érés indikátorai közül az emlő fejlődésének stádiumait (B1–B5) megtekintéssel vizsgáltuk (Tanner 1962). A menarche bekövetkeztére vonatkozó adatokat

status quo módszerrel gyűjtöttük. Az emlő fokozatainak megjelenési idejére kormediánt számítottunk, a csoportok menarche medián értékét probit analízis segítségével állapítottuk meg (Weber 1969).

Vizsgálati eredmények és értékelésük

Az 1. ábrán a szomatotípus dominancia alapján kialakított csoportok szomatopontjainak átlagát tüntettük fel és kiszámítottuk a szomatotípus diszperziós indexet (SDM), amely a szomatopontok átlagos megoszlását mutatja.



1. ábra: A szomatotípus komponensek dominanciája alapján elkülönített csoportok (•: csoportok szomatopont átlaga, ●: a lányok szomatopontjainak alkati csoportra jellemző SDM érték alapján becsült szóródása a csoportok átlagos szomatopontja körül).

Fig. 1: The groups separated on the basis of somatotype component dominance (•: mean somatoplots, ●: the dispersion of girls' somatotypes based on the SDM values around the mean somatotypes).

A dominánsan mezo- és ektomorf alkatúak szomatopont átlaga az egyensúlyos mezőbe esett, míg az endomorf dominanciával rendelkezőké a mezomorfiás endomorf mezőbe került. Az átlagos szomatopont körüli körök jól mutatják, hogy testalak szempontjából a mezomorf túlsúlyú lányok voltak a leghomogénebbek, az endomorfok pedig a legszórtabbak.

Az érés mutatói szerint (2. táblázat) az emlő kifejlődése legkorábban a dominánsan endomorf, míg legkésőbb a dominánsan ektomorf alkatú lányoknál indult meg. Amennyire a fokozatmediánok időkülönbségeiből becsülhető, a leggyorsabban az ektomorf dominanciával bírók haladtak keresztül az emlőfejlődés stádiumain, míg a leglassabb fejlődést a mezomorf alkatúaknál találtuk. A hazai standardhoz képest (Bodzsár és Zsákai 2012, Bodzsár és mtsai 2013) még a legkorábban fejlődő endomorf alkati túlsúllyal jellemzett csoportnál is későbbi életkorban indult a szexuális érés.

A hazai sportoló gyermekek másodlagos nemi jellegeinek fejlődéséről az 1980-as évektől vannak adataink (Pápai 1996, 2002, Pápai és mtsai 2012, László 1998). A különböző mintákon végzett elemzések szerint a lányoknál az emlő fejlődése 11 éves kor

körül indul és a felnőttnek jelölt B5 állapotba átlagosan 3,5 év alatt ér el. Az egymást követő fázisok megjelenése között 0,8–1,2 év a különbség. A jelen anyagban ez a mintázat csak az ektomorf túlsúlyúak esetében és csak a fejlődési fokozatokra teljesül. A dominánsan endo- és mezomorf alkatúaknál a B4 és B5 stádiumokba való eljutás ennél jelentősen hosszabb időt vesz igénybe.

2. táblázat. Az érés indikátorainak kormediánjai (\pm szórás; év) és a menarchekor 95%-os konfidencia intervalluma a szomatotípus komponensek dominanciája szerint.

Table 2. The median age (\pm SD; years) of sexual maturation indices and the 95% confidence interval of menarcheal age by the dominance of somatotype components.

Érésí indikátorok – Sexual maturation indices	Endomorf – Endomorph	Mezomorf – Mesomorph	Ektomorf – Ectomorph
B2	10,40 \pm 0,23	11,40 \pm 0,37	11,63 \pm 0,44
B3	11,22 \pm 0,31	12,22 \pm 0,42	12,53 \pm 0,23
B4	13,04 \pm 0,28	13,79 \pm 0,54	13,34 \pm 0,24
B5	14,54 \pm 0,24	15,30 \pm 0,51	14,91 \pm 0,43
Menarche	12,42 \pm 0,16	13,68 \pm 0,23	14,05 \pm 0,14
95% CI	12,11–12,74	13,22–14,14	13,79–14,32

95% CI: menarchekor 95%-os konfidencia intervalluma – 95% confidence interval of menarcheal age

A lányok érésének másik igen fontos indikátora a menarche, az első menstruáció bekövetkezési ideje. Számos adat igazolja, hogy a normál populációhoz képest a sportoló nők később kezdenek menstruálni (Erdélyi 1962, Malina és mtsai 1978, Malina 1986, Malina és Bouchard 1991, Claessens és mtsai 1992, Famosi 1992, Baxter Jones és mtsai 1994). A jelenség háttérében összetett, eddig még nem teljesen felderített hatásrendszer áll, amelynek egyik fontos eleme a sportági szelekció (Malina 1983, Pápai és mtsai 2012). A hazai sportolói mintákban a menarche medián 13,1 és 13,5 év között variált, ami a magyar lányok menarchekorához képest (Bodzsár és mtsai 2013) mintegy 0,3–0,7 év késést jelent. Ez azt jelzi, hogy még a kevésbé szigorú kiválasztásnak alávetett serdülőkorúak esetében is megfigyelhető a késői fiziológiás érés.

A 2. táblázatban feltüntettük a vizsgált csoportok menarche medián értékét is. Legkorábban az endomorf, legkésőbb az ektomorf túlsúlyú lányok kezdtek menstruálni. A hazai standard mediánhoz képest a dominánsan endomorf alkatú sportolónőknél a menarche korábban, míg a mezo- és ektomorf dominanciával bíró csoportoknál később következett be.

A későbbi menarche a nemi jellegek későbbi kifejlődésével kapcsolódik össze és fordítva. Sportoló lányoknál (László 1998, Balázs és László 2006) longitudinális mintában szoros pozitív kapcsolatot találtunk az első menstruáció megjelenése és az emlő fejlődési fázisaiba (B2–B4) való belépés ideje között ($r=0,81-0,87$), ami a két érési bélyeg időzítésének szoros kapcsolatára utal. Nem sportoló leányoknál (Bodzsár és Pápai 1989) a kapcsolat szintén igen szorosnak bizonyult ($r=0,92$). Az irodalmi adatok szerint a menarche a lányok nagy többségénél az emlő fejlődésének negyedik stádiumában jelenik meg (Tanner 1962, Tanner és mtsai 1976, Malina 1986, Malina és Bouchard 1991, Bodzsár 2001, 2003). Ugyanezt figyeltük meg a sportolói mintákban is (Pápai 1996, 2002, Pápai és mtsai 2012). Azonban a szomatotípus dominancia alapján kialakított csoportjaink közül – amennyire a fokozatmediánok és a menarche medián összevetése

alapján kikövetkeztethető – ez a mintázat csak a dominánsan mezomorf sportolókra volt jellemző. A legkorábban érő, endomorf dominanciával jellemzett lányok esetében a menarche a B3 és B4 stádiumok között, míg az ektomorf túlsúlyú leányoknál a B4 és B5 stádiumok között következett be.

A szomatotípus dominancia és az érés kapcsolatával foglalkozó tanulmányok nem alkotnak túl nagy halmazt. Sheldon és munkatársai (1940) az emberi alkatról szóló könyvükben az endokrin funkciók és az alkat kapcsolatáról írt fejezetben megemlíti, hogy a harmadik komponens dominanciája hajlamos késleltetni a szexuális érést, míg az első két komponens mérsékelt túlsúlya siettetni azt. Tanner már 1955-ben megjegyezte, hogy az endomorf alkátú lányoknál a menarche korábban jelenik meg, mint az ektomorf túlsúlyúaknál (cit. Susanne és Bodzsár 2004). Hunt és munkatársai (1958) arról számoltak be, hogy a fiúknál az ektomorfia mint domináns jelleg, a késői érési folyamatokhoz kapcsolódik. A mezomorf túlsúlyú gyermekek nemi jellegei korán indulnak fejlődésnek, míg az endomorf dominanciájú fiatalok nemi érése szintén korán indul, de érési folyamataik elhúzódóak, érésük sebessége a három csoport közül a leglassúbb. A jelen dolgozatban nagyon hasonló eredményeket kaptunk azzal a különbséggel, hogy a lányoknál a dominánsan mezomorf alkatúak érése volt a leglassúbb.

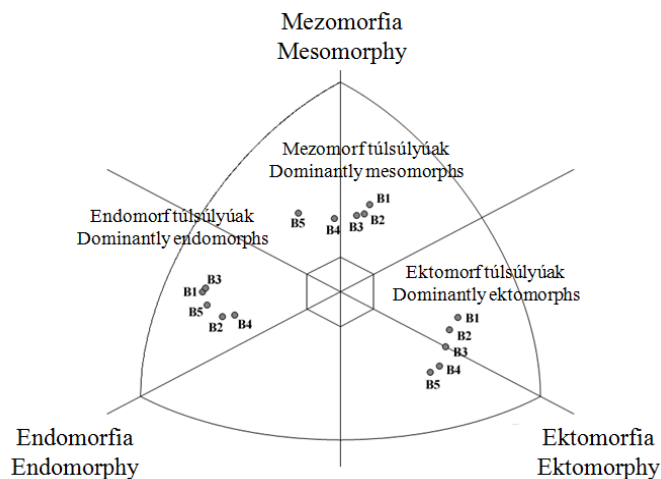
Bodzsár (1980, 1991) adatai szerint a túlnyomórészt endomorf testalkatú lányok korábban érnek, mint az ektomorf túlsúllyal bírók. Hasonló eredményre jutottak Rahmawati és munkatársai (2017), akik azt találták, hogy az ektomorfia emelkedésével nő, az endomorfia emelkedésével csökken a menarchekor. Ugyancsak alátámasztotta eredményeinket Veldre kutatása (2004), aki a főbb szomatotípus kategóriákba tartozó gyermekek érési paramétereit vizsgálta. Adatai szerint a kiegyensúlyozott endomorf és az endomorfiás mezomorf mezőbe tartozók menstruálnak a legkorábban. A későn érők az ektomorfia tengelye körül sűrűsödnek, de az egyes kategóriák reprezentánsainak mediánjai között csak árnyalatnyi különbségek.

Izgalmas kérdés, hogy vajon a fordított megközelítés – azaz amikor a szexuális érés, az érési típus alapján elkülönített csoportok szomatotípusának különbségeit tesszük vizsgálat tárgyává – hasonló eredményekre vezet-e. Az egyik legkorábban megjelent tanulmány szerzője (Zuk 1958) a lányoknál a korán érőket endomorfabbnak és kevésbé ektomorfhnak találta, mint a későn érőket. A későbbi vizsgálati adatok is mind hasonló eredményre vezettek: a korán érők robusztusabb és relatíve zsírosabb, míg a későn érők lineárisabb testfelépítésűnek bizonyultak (Bodzsár 1980, 1991, 2003, Pápai 1985, Pápai és Szabó 1986, Pápai és mtsai 2013).

A továbbiakban megvizsgáltuk, hogy az alkati dominancia alapján csoportosított leányoknál az emlő fejlődése során történik-e változás a szomatotípusban. Az endomorf túlsúlyú leányok átlagos szomatotípusát megjelenítő szomatopontok a mezomorfiás endomorf mezőben helyezkedtek el (2. ábra). Az emlő kifejlődési fokozataihoz nem volt köthető semmilyen irányultság, határozott vándorlási tendencia. A mezomorf túlsúlyú sportolónők szomatopontja az érés megindulása előtt (B1) az ektomorfiás mezomorf mezőben volt. Először kissé csökkent a mezomorfia kifejezettsége, majd az érés végéig változatlan maradt, miközben az endomorfia komponensének növelésével és az ektomorfia csökkentésével az endomorfiás mezomorf mezőbe értek el. Az ektomorf túlsúlyú csoport a mezomorfiás ektomorf mezőből az endomorfiás ektomorf mezőbe jutott el. A vándorlás során a stabilan tartott ektomorfia mellett kissé növelték az endomorfia, és számottevően csökkentették a mezomorfia komponensét. A szexuális érés folyamán tehát a dominánsan endomorf csoport kivételével a szomatopontok határozott

irányba történő vándorlása volt megfigyelhető. E két utóbbi csoport a domináns faktor állandó szinten tartása mellett a női nemre jellemzően növelte az endomorfia komponensét.

Egy korábbi tanulmányunkban az emlő fejlődési fokozatai szerint vizsgáltuk a sportoló lányok szomatotípus változásának irányvonalát (Pápai 2001). A serdülés megindulásakor a szomatopontok átlaga a mezomorfiás ektomorf mezőben volt, a vándorlás során a centrális mezőt érintve az egyensúlyos endomorf mezőbe jutott el. A fejlődési stádiumokon (B2–B4) való áthaladás során jelentősen csökkent a mezomorfia komponense, majd a B4 stádium után megtartott mezomorfia szint mellett az endomorfia komponense vált dominánssá. A normál lányoknál (Bodzsár 2003) lényegében hasonló irányú vándorlást lehetett megfigyelni, csak a mezomorfia sokkal kevésbé volt kifejezett, mint a sportolóknál. A szomatotípus komponensek dominanciája alapján képzett csoportjainkban ez az általánosnak mondható irányvonal egyáltalán nem volt fellelhető.



2. ábra: Az átlagos szomatopontok elhelyezkedése az emlő fejlődésének stádiumai szerint (B1–B5) a szomatotípus komponensek dominanciája alapján elkülönített csoportokban.

Fig. 2: The position of mean somatoplots by the stages of breast maturation (B1–B5) in the groups separated on the basis of somatotype component dominance.

Korán és későn érő sportolók szomatopontjainak vándorlását vizsgálták Pápai és munkatársai (2013) szintén az emlő fejlődése szerint. A két csoport szomatopontjai a testtérfék eltérő területein helyezkedtek el, egyébként követték az előbbieken a sportolókra bemutatott vándorlási mintázatot. A későn érők lineárisabb testfelépítésűek voltak, különösen a szexuális érés korai stádiumaiban. Pápai és Szabó (1986) nem sportoló lányokat a menarchekoruk alapján csoportosítva azt találták, hogy a nagyon korán érő lányok extrém mezo-endomorfok voltak és a vizsgált időintervallumban endomorfiájukat tovább fokozták.

Az érés különböző indikátorai alapján kapott vizsgálati adatok tehát azt mutatják, hogy a kortársaiknál korábban érő lányok testalkatában – legyenek akár sportolók vagy nem sportolók – az endomorfia komponense dominál, míg a későbbben fejlődőkre a kifejezettebb ektomorfia a jellemző. Tanulmányunk eredményei ugyanezt egy másik nézőpontból erősítették meg.

Arra vonatkozóan, hogy a már induláskor is szélsőséges szomatotípus hogyan változik a szexuális fejlődés során, nehéz pontos választ adni. Ehhez célzott longitudinális vizsgálatokra lenne szükség. Feltételezzük – amint azt az általunk bemutatott elrendezésben is tapasztaltuk, hogy a komponensdominancia stabil marad. Különösen igaz lehet ez az ektomorfia komponensére, de a csont- és izomkerületekre alapozott relatív muszkularitás genetikai faktora sem elhanyagolható (Malina és Rarick 1973, Peeters és mtsai 2007). Ezt a gondolatot támasztja alá az is, hogy a lányoknál az öröklődés jobban befolyásolta a mezo- és ektomorfia faktorát, míg az endomorfia komponense környezeti hatásoknak való kitétsége nagyobb (Skibinska és Sklad 2004).

A tanulmányunkban bemutatott adatok, valamint a hivatkozott irodalmak a testalkat és a szexuális érés közötti kapcsolatot tárták fel, és azt mutatták, hogy a szomatotípus komponensek dominanciája és az éresi típus egymással kapcsolatban van. Ez csak egy szempont és csak egy kis szelete az érésre vonatkozó szerteágazó humánbiológiai vizsgálatoknak. Ebbe a hatalmas folyamba csatlakoztathatók a testösszetétel és az érés kapcsolatát taglaló munkák, a szekuláris trend azon vonatkozásai, amelyek az érés korábbra tolódásának jelenségét kutatják, valamint ugyanebbe a családba tartoznak azok a kutatások is, amelyek az elhízás és az érés kapcsolatával foglalkoznak. Az e tárgykörökbe tartozó számtalan tanulmány egyértelműen jelzi, hogy a test zsírtartalma és a szexuális érés időzítése kapcsolatban van egymással, nevezetesen, hogy a korábbi éréshez emelkedett testzsírtartalom kapcsolódik és fordítva. Az a kérdés, hogy milyen mechanizmus(ok) állnak a pubertás megindulása hátterében, milyen szignál(ok) és hogyan indítják el a nemi érést, régóta az érdeklődés homlokterében áll. A múlt században e kérdésben több feltételezés is született. Kennedy és Mitra (1963) úgy gondolták, hogy a serdülés időzítése a test energia szabályozásán alapul. Állatkísérletek alapján arra következtettek, hogy a táplálékbevitel és annak az anyagcserével való összefüggése fontos jel lehet a pubertás megindulásában.

Jól ismert a kritikus testtömeg hipotézis, amely ok-okozati kapcsolatot feltételez a testtömeg adott mennyisége és a menarche megjelenése között. Később a hipotézist finomították, mert kiderült, hogy a testösszetétel, nevezetesen a zsírtömeg jobb előrejelzője volt a pubertás indításának, mint önmagában a testtömeg. Még később nagyobb hangsúly került az anyagcsere folyamatok szerepére (Frisch 1972, 1980, Frisch és McArthur 1974).

Felvetődik a kérdés, hogy vajon a testzsír mennyisége/aránya befolyásolja-e a pubertás indulását, avagy a korai/késői érés szabályozza a zsírtartalmat. Vannak, akik a szexuális érés hatásának tulajdonítanak nagyobb jelentőséget (Garn és mtsai 1986, Wang 2002, Demerath és mtsai 2004), de a bizonyítékok többsége arra utal, hogy a lányok serdülésének időzítésében a megemelkedett zsírtartalom a kritikus faktor (Kaplowitz és mtsai 2001, Davison és mtsai 2003, Ebling 2005).

A zsírszövetről alkotott tudás gyarapodásával derült fény arra, hogy a zsírsejtekben szintetizálódó hormonoknak és hormonszerű anyagoknak nagy jelentőségük van többek között az energiaegyensúly fenntartásában, a metabolikus folyamatokban, a reprodukcióban, a szív- érrendszeri működésekben, valamint az immunfolyamatokban (Trayhurn és Beattie 2001, Meier és Gressner 2004, Wells 2012, Wronska és Kmiec 2012). A kutatók a zsírsejtek által termelt leptin nevű hormonnak tulajdonítanak szerepet a pubertás indításában (Considine és mtsai 1996, Foster és Nagatani 1999, Meier és Gressner 2004, Dar és mtsai 2017), de maga a pontos mechanizmus nincs még megnyugtatóan feltárva. A leptin közreműködik az energiaegyensúly szabályozásában,

együttműködik a reproduktív tengellyel, számos ponton serkentő hatást gyakorolva a hipofízisre és a hipotalamuszra (Meier és Gressner 2004, Dar és mtsai 2017). A leptin szekréciója a periférián kapcsolatban van a testtömeggel és a testzsírtömeggel, valamint annak regionális megoszlásával (Lassek és Gauli 2007); jelzi a központi idegrendszernek a periféria energia ellátottságát. Matkovic és társai (1997) longitudinális mintában a szérumban leptin hatását vizsgálták a menarche időzítésére. A szerzők szerint a vérben lévő leptinnek el kell érni egy kritikus szintet a fiatal nők reproduktív képességeinek kiváltásához. Véleményük szerint a késői pubertás elsődleges oka a leptin deficit.

Úgy tűnik, hogy a leptin lehet az az összekötő kapocs a zsírszövet, az energia homeosztázist szabályozó hipotalamikus központok és a reproduktív rendszer között, amely jelzi, hogy a normál reproduktív működéshez vajon rendelkezésre állnak-e a megfelelő energiatartalékok (Meier és Gressner 2004). Kaplowitz (2008) szerint a zsírszövet és a reproduktív tengely közötti kapcsolat olyan mechanizmusként fejlődhetett ki, amely arról gondoskodik, hogy a fogamzás és az utód kihordása ne következhesse be addig, amíg az anya és a fejlődő magzat biztonságát lehetővé tevő zsírraktárak nincsenek feltöltve.

Összefoglalás

- A szomatotípus dominancia alapján csoportosított sportoló lányoknál a normál populációhoz képest az érési paraméterek késői időzítése figyelhető meg.
- A különböző alkati dominanciával bíró csoportok érési mintázatában a különbségek főként a pubertás második felében válnak nyilvánvalóvá.
- Az emlő fejlettségi stádiumainak időviszonyai a középfázisig a „reguláris” menetet követik. A B3 stádium utána e nemi jelleg kifejlődése a sportoló leányoknál nagymértékben lassul. Ez alól csak az ektomorf túlsúlyú csoport tekinthető kivételnek.
- A menarche csak a köztes időben érő mezomorf túlsúlyú lányoknál következik be a B4 stádium medián értéke körül. A korán érő, endomorf túlsúlyú alkatúak többsége ennél korábban, a későn érő dominánsan ektomorf alkatúak többsége pedig ennél későbbben kezd menstruálni.
- Az érés folyamata leggyorsabb az ektomorf alkati túlsúlyú sportolóknál. A mezomorf és endomorf alkatú lányok nemi jellegei lassabban, közel azonos idő alatt fejlődnek ki. Ez a különbség az anyagcsere folyamatok gyorsaságával hozható összefüggésbe.
- Azok a leányok, akikre valamelyik alkati komponens túlsúlya jellemző, különböző kronológiai életkorban és eltérő sebességgel érnek.
- A szexuális érés idején az ekto- és mezomorf túlsúlyú csoport megőrzi a rá jellemző komponens dominanciát, miközben növeli testének zsírtartalmát. A dominánsan endomorf csoportban nem történik változás, az amúgy eléggé magas testzsírtartalom – mintegy kompenzációként – stabil marad.
- A szomatotípus dominanciával jellemzett csoportok mindegyike a maga sajátos módján tölti fel azokat az energiaraktárakat, amelyek a reprodukciós folyamatok megindulásához szükségesek.

* * *

A tanulmányt dr. Bodzsár Évának ajánljuk 70. születésnapja alkalmából.

Irodalom

- Balázs, N., László, A. (2006): Sportoló fiúk érése és testösszetétele. In: Pápai, J. (Szerk.) *Fejlődés, fizikai aktivitás, egészség*. Alfadat Press, Tatabánya-Budapest. 39–47.
- Baxter-Jones, A.D., Helms, P., Baines-Preece J., Preece, M. (1994): Menarche in intensively trained gymnasts, swimmers and tennis players. *Annals of Human Biology*, 21: 407–415. DOI: [10.1080/03014469400003422](https://doi.org/10.1080/03014469400003422)
- Bodzsár, É.B. (1980): Physique and sexual maturation. *Anthropologiai Közlemények*, 24: 23–30.
- Bodzsár, É.B. (1991): *The Bakony growth study*. Humanbiologia Budapestinensis, 22.
- Bodzsár, É.B. (2001): *A pubertás auxológiai jellemzői*. Humanbiologia Budapestinensis, Suppl. 28.
- Bodzsár, É.B. (2003): *A pubertáskor*. ELTE Eötvös Kiadó, Budapest. pp. 66–75.
- Bodzsár, É.B., Pápai, J. (1989): Maturation and body composition. *Humanbiologia Budapestinensis*, 19: 215–218.
- Bodzsár, É., Zsákai, A. (2004): *Humánbiológia. Gyakorlati kézikönyv*. Eötvös Kiadó, Budapest. p. 300.
- Bodzsár, É., Zsákai, A. (2012): *Magyar gyermekek és serdülők testfejlétségi állapota, Országos Növekedésvizsgálat 2003-2006 – Body developmental status of Hungarian children and adolescents, Hungarian National Growth Study 2003-2006*. Plantin Press, Budapest. p. 240.
- Bodzsár, É., Zsákai, A., Tausz, K. (2013): Hátrányos helyzetű kistérségek gyermekei nemi érésének mintázata. *Anthropologiai Közlemények*, 54: 3–11.
- Bolonchuk, W.W., Siders, W.A., Lykken, G.I., Lukaski, H.C. (2000): nutritional assessment. *American Journal of Human Biology*, 12: 167–180. DOI: [10.1002/\(SICI\)1520-6300\(200003/04\)12:2<167::AID-AJHB2>3.0.CO;2-3](https://doi.org/10.1002/(SICI)1520-6300(200003/04)12:2<167::AID-AJHB2>3.0.CO;2-3)
- Carter, J.E.L. (1975): *The Heath-Carter somatotype method*. San Diego University Press, San Diego. p. 145.
- Carter, J.E.L., Heath, H.B. (1990): *Somatotyping – development and applications*. Cambridge University Press, Cambridge – New York – Port Chester – Melbourne – Sydney. p. 525.
- Chaouachi, M., Chaouachi, A., Chamari, K., Chtara, M., Feki, Y., Amri, M., Trudeau, F. (2005): Effects of dominant somatotype on aerobic capacity trainability. *British Journal of Sports and Medicine*, 39: 954–959. DOI: [10.1136/bjism.2005.019943](https://doi.org/10.1136/bjism.2005.019943)
- Claessens, A.L., Lefevre, J., Philippaerts, R., Thomis, M., Beunen, G. (2004): Relation between body composition and Heath–Carter somatotype in adult males. In Bodzsár, É.B., Susanne, C. (Eds) *Physique and body composition*. Biennial Books of EAA, 3. Eötvös University Press, Budapest. pp. 41–51.
- Claessens, A.L., Malina, R.M., Lefevre, J., Beunen, G., Stijnen, V., Maes, H., Veer, F.M. (1992): Growth and menarcheal status of elite female gymnasts. *Medicine and Science in Sports and Exercise*, 24: 755–763.
- Considine, R.V., Sinha, M.K., Heiman, M.L., Kriauciunas, A., Stephens, T.W., Nyce, M.R., Ohannesian, J.P., Marco, C.C., McKee, L.J., Bauer, T.L., Caro, J.F. (1996): Serum immunoreactive-leptin concentrations in normal-weight and obese humans. *New England Journal of Medicine*, 334: 292–295. DOI: [10.1056/NEJM199602013340503](https://doi.org/10.1056/NEJM199602013340503)
- Dar, R.R., Lone, F.A., Sheikh, A.A., Ahmad, S.F., Islam, S.T., Lakhani, N. (2017): Role of leptin in reproduction. *Theriogenology Insight*, 7(2): 113–121.
- Davison, K.K., Susman, E.J., Birch, L.L. (2003): Percent body fat at age 5 predicts earlier pubertal development among girls at age 9. *Pediatrics*, 111(4): 815–821.
- Demerath, E.V., Li, J., Sun, S.S., Chumlea, W.C., Remsberg, K.E., Czerwinski, S.A., Towne, B., Siervogel, R.M. (2004): Fifty-year trends in serial body mass index during adolescence in girls: the Fels Longitudinal Study. *American Journal of Clinical Nutrition*, 80: 441–446.
- Drywien, M., Frackiewicz, J., Gornicka, M., Wielgosz, J., Sobolewska, A., Kulik, S. (2016): Influence of the somatotype on intake of energy and nutrients in women. *Anthropological Notebooks* 22 (3): 147–157.

- Ebling, F.J.P. (2005): The neuroendocrine timing of puberty. *Reproduction*, 129: 675–683. DOI: [10.1530/rep.1.00367](https://doi.org/10.1530/rep.1.00367)
- Erdélyi, G.J. (1962): Gynaecological survey of female athletes. *Journal of Sports Medicine and Physical Fitness*, 2: 174–179.
- Farmosi, I. (1982): Adatok a sportoló nők menarchekorához. *Sportorvosi Szemle*, 23: 11–17.
- Foster, D.L., Nagatani, S. (1999): Physiological perspectives on leptin as a regulator of reproduction: Role in timing puberty. *Biology of Reproduction*, 60: 205–215. DOI: [10.1095/biolreprod60.2.205](https://doi.org/10.1095/biolreprod60.2.205)
- Frisch, R.E. (1972): Critical weight at menarche, initiation of the adolescent growth spurt and control of puberty. In: Grumbach, M.M., Grave, G.D., Mayer, F.E. (Eds) *Control of puberty*. John Wiley & Sons, New York – London – Sydney – Toronto. pp. 403–423.
- Frisch, R.E. (1980): Pubertal adipose tissue: is it necessary for normal sexual maturation? Evidence from the rat and human female. *Federation Proceedings*, 39: 2395–2400.
- Frisch, R.E., McArthur, J.W. (1974): Menstrual cycles: fatness as a determinant of minimum weight for height necessary for their maintenance or onset. *Science*, 185: 949–951.
- Garn, S.M., LaVelle, M., Rosenberg, K., Hawthorne, V. (1986): Maturational timing as a factor in female fatness and obesity. *American Journal of Clinical Nutrition*, 43: 879–883.
- Hunt, E.E., Cocke, G., Gallagher, J.R. (1958): Somatotype and sexual maturation in boys: a method of developmental analysis. *Human Biology*, 30: 73–91.
- Kaplowitz, P.B. (2008): Link between body fat and the timing of puberty. *Pediatrics*, 121 (Suppl. 3): S208–S217. DOI: [10.1542/peds.2007-1813F](https://doi.org/10.1542/peds.2007-1813F)
- Kaplowitz, P.B., Slora, E.J., Wasserman, R.C., Pedlow, SE, Herman-Giddens, M.E (2001): Earlier onset of puberty in girls: relation to increased body mass index and race. *Pediatrics*, 108: 347–353. DOI: [10.1542/peds.108.2.347](https://doi.org/10.1542/peds.108.2.347)
- Kennedy, G.C., Mitra, J. (1963): Body weight and food intake as initiating factors for puberty in the rat. *Journal of Physiology*, 166: 408–418.
- Lassek, W.D., Gaulin, S.J.C. (2007): Brief Communication: Menarche is related to fat distribution. *American Journal of Physical Anthropology*, 133: 1147–1151. DOI: [10.1002/ajpa.20644](https://doi.org/10.1002/ajpa.20644)
- László, A. (1998): *Sportolók érése és testi fejlődése*. Szakdolgozat. ELTE, TFK, Budapest.
- Malina, R.M. (1983): Menarche in athletes: a synthesis and hypothesis. *Annals of Human Biology*, 10: 1–24.
- Malina, R.M. (1986): Maturational considerations in elite young athletes. In: Day, J.A.P. (Ed.) *Perspectives in Kinanthropometry*. Human Kinetics, Champaign. pp. 29–43.
- Malina, R.M., Bouchard, C. (1991): *Growth, Maturation and Physical Activity*. Human Kinetics, Champaign. pp. 229–463.
- Malina, R.M., Rarick, G.L. (1973): Growth, physique and motor performance. In: Rarick, G.L. (Ed.) *Physical activity*. Academic Press, New York – San Francisco – London. pp. 125–154.
- Malina, R.M., Spirduso, W.W., Tate, C., Baylor, A.M. (1978): Age at menarche and selected menstrual characteristics in athletes at different competitive levels and in different sports. *Medicine and Science in Sports*, 10(3): 218–222.
- Marta, C.C., Marinho, D.A., Barbosa, T.M., Carneiro, A.L., Izquierdo, M., Marques, M.C. (2013): Effects of body fat and dominant somatotype on explosive strength and aerobic capacity trainability in prepubescent children. *Journal of Strength and Conditioning Research*, 27(12): 3233–3244. DOI: [10.1519/JSC.0000000000000252](https://doi.org/10.1519/JSC.0000000000000252)
- Martin, R., Saller, K. (1957/1966): *Lehrbuch der Anthropologie*. 3. Band. Fischer, Stuttgart.
- Matkovic, V., Ilich, J.Z., Skugor, M., Badenhop, N.E., Goel, P., Clairmont, A., Klisovic, D., Nahhas, R.W., Landoll, J.D. (1997): Leptin is inversely related to age at menarche in human females. *Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, 82: 3239–3245. DOI: [10.1210/jcem.82.10.4280](https://doi.org/10.1210/jcem.82.10.4280)
- Meier, U., Gressner, A.M. (2004): Endocrine regulation of energy metabolism: Review of pathobiochemical and clinical chemical aspects of leptin, ghrelin, adiponectin, and resistin. *Clinical Chemistry*, 50(9): 1511–1525. DOI: [10.1373/clinchem.2004.032482](https://doi.org/10.1373/clinchem.2004.032482)

- Pápai, J. (1985): Korán és későn érett leányok testfejllettsége és testalkata. *Anthropologiai Közlemények*, 29: 89–96.
- Pápai, J. (1996): Biológiai életkorok és testi fejlődés. In: Tonkáné, M., Szabó, T. (Szerk.) *Utánpótlás-nevelési Konferencia*. OTSH, Budapest. pp. 56–65.
- Pápai, J. (2001): Sportoló leányok testalkati változásai az érés során. *Magyar Sporttudományi Szemle*, 3–4: 37–40.
- Pápai, J. (2002): Physiological age and changes in body dimensions. In: Eiben, O.G., Bodzsár, É.B., Zsákai, A. (Eds) *Children and Youth at the Beginning of the 21st Century*. Humanbiologia Budapestinensis, 27: 67–75.
- Pápai, J., Szabó, T. (1986): The physique of urban girls. *Anthropologiai Közlemények*, 30: 221–225.
- Pápai, J., Tróznai, Zs., Négele, Z. (2013): Sexual maturation type and body structure of girls. *Anthropologiai Közlemények*, 54: 13–23.
- Pápai, J., Tróznai, Zs., Szabó, T., Szabó, A. (2012): Fat pattern of athlete and non-athlete girls during puberty. *Anthropological Review*, 75: 41–50.
- Peeters, M.V., Thomis, M.A., Loos, R.J.F., Derom, C.A., Fagard, R., Claessens, A.L., Vlietinck, R.F., Beunen, G.P. (2007): Heritability of somatotype components: a multivariate analysis. *International Journal of Obesity*, 31: 1295–1301. DOI: [10.1038/sj.ijo.0803575](https://doi.org/10.1038/sj.ijo.0803575)
- Rahmawati, N.T., Hastuti, J., Suriyanto, R.A. (2017): Relationship between somatotype and age at menarche among adolescent girls in Yogyakarta Province, Indonesia. *Pakistan Journal of Nutrition*, 16(5): 351–358. DOI: [10.3923/pjn.2017.351.358](https://doi.org/10.3923/pjn.2017.351.358)
- Ross, W.D., Carter, J.E.L., Roth, K., Willimczik, K. (1977): Sexual dimorphism in sport by a (a) somatotype I-index. In: Eiben, O.G. (Ed.) *Growth and Development: Physique*. Symposia Biologica Hungarica, 20. Akadémiai Kiadó, Budapest. pp. 363–376.
- Sheldon, W., Stevens, S.S., Tucker, W.A. (1940): *The varieties of human physique*. Hafner Publishing Company, Darien, Connecticut, USA.
- Skibinska, A., Sklad, M. (1984): Genetic determination of Heath and Carter somatotype. *Biology of Sport*, 1: 37–53.
- Susanne, C., Bodzsár, É.B. (2004): On physique and body composition. In: Bodzsár, É.B., Susanne, C. (Eds) *Physique and body composition*. Biennial Books of EAA, 3. Eötvös University Press, Budapest. pp. 9–40.
- Szmodis, I. (1977): Physique and growth estimated by Conrad's and Heath–Carter's somatocharts in athletic children. In: Eiben, O.G. (Ed.) *Growth and Development: Physique*. Symposia Biologica Hungarica, 20. Akadémiai Kiadó, Budapest. pp. 407–415.
- Tanner, J.M. (1962): *Growth at Adolescence*. Blackwell, Oxford, UK. 2nd Edition.
- Tanner, J.M., Hiernaux, J., Jarman, S. (1969): Growth and physique studies. In: Weiner, J.S., Lourie, J.A. (Eds) *Human Biology. A guide to field methods*. International Biological Programme Handbook 9. Blackwell, Oxford – Edinburgh. pp. 1–76.
- Tanner, J.M., Whitehouse, R.H., Marubini, E., Resele, L.F. (1976): The adolescent growth spurt of boys and girls of the Harpenden Growth Study. *Annals of Human Biology*, 3: 109–126.
- Trayhurn, P., Beattie, J.H. (2001): Physiological role of adipose tissue: white adipose tissue as an endocrine and secretory organ. *Proceedings of the Nutrition Society*, 60: 329–339. DOI: [10.1079/PNS200194](https://doi.org/10.1079/PNS200194)
- Veldre, G. (2004): Heath–Carter somatotype categories and their sexual maturation differences in 12–15-year-old Estonian boys and girls. *Papers on Anthropology*, 13: 269–285.
- Wang, Y.M.D. (2002): Is obesity associated with early sexual maturation? A comparison of the association in American boys versus girls. *Pediatrics*, 110: 903–910. DOI: [10.1542/peds.110.5.903](https://doi.org/10.1542/peds.110.5.903)
- Weber, E. (1969): *Grundriss der biologischen Statistik*. 5. Aufl. Fischer, Jena. pp. 81–82.
- Wells, J.C.K. (2012): The evolution of human adiposity and obesity: where did it all go wrong? *Disease Models and Mechanism*, 5: 595–607. DOI: [10.1242/dmm.009613](https://doi.org/10.1242/dmm.009613)

Wronska, A., Kmiec, Z. (2012): Structural and biochemical characteristics of various white adipose tissue depots. *Acta Physiologica*, 205(2): 194–208. DOI: [10.1111/j.1748-1716.2012.02409.x](https://doi.org/10.1111/j.1748-1716.2012.02409.x)
Zuk, G.H. (1958): The plasticity of the physique from early adolescence through adulthood. *Journal of Genetic Psychology*, 92: 205–214.

Levelezési cím: Pápai Júlia
Mailing address: Testnevelési Egyetem, Sporttudományi és Diagnosztikai Laboratórium
Istvánmezei út 1–3.
H-1146 Budapest
Hungary
papaijulia7@gmail.com

A GYERMEK- ÉS SERDÜLŐKORI KÖVÉRSÉG MEGHATÁROZÁSÁNAK TESTZSÍROSSÁG MUTATÓIRA ÉPÜLŐ, ÚJ HAZAI HATÁRÉRTÉKEI

Zsákai Annamária, Fehér Virág Piroska, Annár Dorina és Bodzsár Éva

Embertani Tanszék, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest

Zsákai A., Fehér V. P., Annár D., Bodzsár É.: *New Hungarian cut-off values of childhood obesity based on body fatness indicators.* The increasing prevalence of obese children and adolescents emphasizes the importance of national and international standards for screening childhood obesity. The main aim of the study was to construct the Hungarian cut-off values of waist-to-hip ratio, body fat percentage and visceral fat area to diagnose obesity and abdominal obesity in children aged between 7 and 18 years. The distribution of obese children diagnosed by the international standards as well as by the new national standards was compared in the analysis. A group of healthy children (n: 869 boys and 881 girls, aged between 7 and 18 years) formed the sample of the present analysis. Body composition and body fat distribution of subjects was estimated by impedance analysis (Inbody 720 device, Biospace, USA) and by anthropometric methods. Nutritional status was estimated by body mass index. The international cut-off values of body fatness indicators determined for adults as well as the centile distribution of body fatness indicators by age were used to construct the critical cut-off values of obesity and abdominal obesity in the studied age-group of subadults.

By considering the results of the present analysis the age-dependent 95th centiles of body fat percentage and visceral fat area were recommended for screening childhood obesity and abdominal obesity in the studied age-group in both genders.

Keywords: Body fatness; Obesity; Waist-to-hip ratio; Visceral fat area; Screening; Children, adolescents.

Bevezetés

Az emberi test zsírtartalma az ún. esszenciális zsír és a tartalékszír formájában raktározódik. Legjelentősebb esszenciális zsírraktáraink a csontvelőben, izomszövetben, zsigereinkben és a központi idegrendszer lipid-gazdag régióiban található meg, illetve a sejtek hártájának fontos összetevői a zsírmolekulák. Az esszenciális zsír mennyisége jelentős nemi különbséget mutat (reprodukciós szerepek különbségei miatt), felnőtt férfiakban a testtömeg 3–5%-át teszi ki, ezzel szemben a felnőtt nőkben mennyisége eléri a 10–12%-ot is. Az esszenciális zsír mennyisége jelentősen nem csökkenhet ezen értékek alá anélkül, hogy fontos élettani funkcióink ne sérülnének (például megfelelő mennyiségű esszenciális zsír szükséges a megfelelő hőszabályozáshoz és energiatermeléshez; Lohman és Going 2006, Wells 2007).

Testünk legnagyobb tartalékszír raktárjai a bőraltati rétegben, illetve a zsigerék között találhatóak. A tartalékszír mennyisége is nemi és életkori különbséget mutat, mindezen túl életmódunk tényezői, köztük is leginkább táplálkozásunk és fizikai aktivitásunk tényezői, illetve általános egészségi állapotunk is jelentős mértékben befolyásolja a tartalékszír mennyiségét (Shen és mtsai 2009, Bodzsár és Zsákai 2012).

A tartalékszír megnövekedett mennyisége kezdetben túlsúlyhoz, majd mennyiségének további fokozódása elhízáshoz vezet, míg csökkent mennyisége esetében rosszul táplált állapot alakulhat ki. Mindezek háttérében a felvett és felhasznált energia arányának eltolódása áll. A tápláltsági állapot ezen zavarait természetesen a test további összetevőinek rendellenes mennyiségei is kísérik, így a rosszul tápláltak, túlsúlyosak, ill. elhízottak izom- és csontkomponenseinek mennyisége is általában jelentősen eltér a normál tápláltsági állapotú, azonos nemű kortársaikétól. Éppen ezért a megnövekedett, ill. csökkent zsírtömeg jellemzésére ajánlatos az abszolút és relatív mennyiség mutatóit együttesen használni (Jensen 2008, Garg 2011).

Az Egészségügyi Világszervezet (WHO 2011) ajánlásai alapján kiemelt jelentőségű, hogy a tápláltsági állapot, testösszetétel jellemzésékor a zsírtömeg mutatóin túl a zsíreloszlás mutatóit is figyelembe vegyük, hiszen a tápláltsági állapot zavarait kísérő betegségek kockázata a testmagassághoz viszonyított testtömeg, az abszolút és relatív zsírtömeg mutatóinak ismeretén túl a zsíreloszlás ismeretében pontosabban becsülhető (Björntorp 1991, Smith és mtsai 2001).

A zsírtömeg mennyisége becsülhető a bőralatti zsírréteg vizsgálatára épülő antropometriai módszerrel (bőrredővastagságok alapján történő szubkután zsírtömeg becslése), bőrellenállás mérésén alapuló testösszetétel-analízissel (bioelectrical impedance analysis, BIA), nagy műszeres képalkotó technikák (MR, CT, DEXA) segítségével. Míg a zsírraktárak eloszlása vizsgálható a derékkerület-csípőkerület hányadosával (waist-to-hip ratio, WHR), a BIA módszer által becsült abdominális zsírtömeggel, illetve a képalkotó módszerek által regionálisan becsült abszolút és relatív zsírtömeg segítségével (Deurenberg és Yap 1999).

A népegészségügyi szűrővizsgálatok során a kövér tápláltsági állapot jellemzésére leggyakrabban használt testszerkezeti mutató a testtömeg-index, míg az abdominális kövérség meghatározása leggyakrabban a derékkerület-csípőkerület hányadosa alapján történik (Hsieh és Yoshinaga 1995, WHO 2000, 2011, Reilly 2005, Okorodudu és mtsai 2010). A WHO a kövérség BMI-n alapuló határértékét felnőttek esetében nemtől és rasszbeli hovatartozástól függetlenül határozta meg (WHO 2000), a 30 kg/m^2 -től nagyobb testtömeg-index a kövér tápláltsági állapotot jelenti felnőttek esetében. Az elmúlt évtizedben felmerült a határérték rasszbeli hovatartozástól függő módosítása, mongolid népességeknél a vizsgálatok alapján egyre több epidemiológus az index 28 kg/m^2 értékét ajánlja a kövérség határértékének (Zhou 2002, Ma és mtsai 2005, Weng és mtsai 2006) az ember földrajzi változatainak testszerkezeti különbségei miatt. A gyermekek és serdülők esetében a BMI életkortól és nemtől függő, nemzetközi határértékei használatosak a kövér tápláltsági állapot meghatározására (Cole és mtsai 2000). A WHR abdominális kövérséget meghatározó, WHO által megadott felnőttkori határértéke férfiak esetében 0,90, míg nők esetében 0,85. Gyermekek és serdülőkorúak abdominális kövérségét kijelölő, általánosan elfogadott WHR határértékek még nem léteznek (Taylor és mtsai 2000, Fredriks és mtsai 2005, Fujita és mtsai 2011, Magalhaes és mtsai 2014).

Mindezek a testszerkezeti mutatók mellett a testzsírszázalékot használják leggyakrabban a kövérség diagnózisának felállításakor. A nemzetközi ajánlások ebben az esetben sem egybehangzóak, Jeukendrup és Gleeson (2010) a férfiak esetében a 24%-nál, míg a nők esetében a 37%-nál nagyobb zsírszázalékot ajánlják a kövérség meghatározására (testzsírszázalék-becslő módszertől függetlenül). Nemzetközileg a kövérség megállapításának leggyakrabban használt határértékei azonban a >25%-os (férfiak) és >35%-os (nők) értékek (WHO 1995, Lohman és mtsai 1997, Deurenberg és

mtsai 2001, Okorodudu és mtsai 2010 – bőrredők alapján becsült testzsír százalék esetén; Bosy-Westphal és mtsai 2006 – DEXA vizsgálatok alapján becsült testzsír százalék esetén; Phillips és mtsai 2013 – BIA TANITA típusú műszerrel becsült testzsír százalék esetén). A testzsír százalék becslésekor a különböző módszerekkel becsült értékek között jelentős különbségek figyelhetők meg (akár 2–4% is lehet a különbség, Shah és Braverman 2012), ezért kiemelt jelentőségű, hogy a testzsír százalék alapján történő tápláltsági állapot besorolásakor (kövér, ill. nem kövér alcsoportokba) a becslés során alkalmazott módszerre meghatározott életkori határértékeket használjuk.

A BIA módszerrel becsült viszcerális zsírtérfogat esetében a 100 cm²-től nagyobb zsírtérfogatot ajánlják az abdominális kövérség határértékeként felnőtteknél (Kim és mtsai 1998, Examination Committee of Criteria for ‘Obesity Disease’ in Japan, Japan Society for Study of Obesity 2002, Berker és mtsai 2010). Gyermek és ifjak esetében a viszcerális zsírtérfogat kövérséget jelző kritikus határértékét még nem határozták meg (El-Masry és mtsai 2011).

Mindezek alapján elemzésünk célja volt, hogy a WHR, illetve az InBody 720-as típusú BIA testösszetétel-analizátorral becsült zsír százalék és viszcerális zsírtérfogat gyermek- és serdülőkorú kövérség becslésére alkalmas hazai határértékeit meghatározzuk a vizsgálatban résztvevő egészséges gyermekek és serdülők testszerkezeti adatai alapján. Célunk volt továbbá, hogy a testzsírosság ezen mutatói alapján a nemzetközileg már korábban elfogadott és most meghatározásra kerülő hazai határértékek szerint a vizsgált 7–18 évesek mintájában kövérnek, illetve abdominálisan kövérnek minősülő gyermekek alcsoportjainak eloszlásmintázatának elemzése.

Vizsgált személyek és alkalmazott módszerek

Az elemzés alapjául szolgáló mintában résztvevő összesen 1750 gyermek és serdülő (7–18 évesek, 869 fiú és 881 leány, 1. táblázat) testszerkezeti vizsgálatát 2014–2015-ben végeztük el. A gyermekek testzsírosságának mutatóit (testzsírtömeg, abdominális zsírfrakció) bőrellenállás-méréseken alapuló testösszetétel-analizátorral becsültük (InBody 720 típusú műszer, Biospace, Los Angeles, USA). A testméretek vizsgálatát az antropometriai vizsgálatokban használatos standard eszközök és standard módszerek segítségével végeztük el (Weiner és Lourie 1969). A gyermekek tápláltsági állapotát a testtömeg-index életkori határértékei alapján határoztuk meg (Cole és mtsai 2000).

1. táblázat. A vizsgált gyermekek életkori és nemi megoszlása.
Table 1. The distribution of subjects by age and gender.

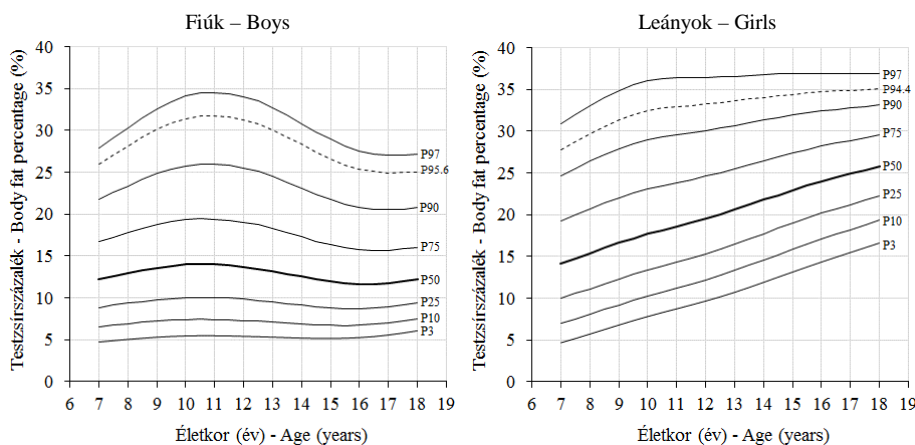
	Életkor (év) – Age (years)											Együtt – Together	
	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17		18
Fiúk – Boys	51	118	92	95	90	52	78	51	71	76	48	47	869
Leányok – Girls	45	98	78	77	89	71	89	69	70	81	60	54	881

Az elemzéshez szükséges statisztikai elemzéseket az SPSS v. 20 programcsomaggal végeztük. Hipotéziseinket 5%-os szinten teszteltük. A testzsírosság mutatóinak centilismintázatait az lmsChartMaker Pro 2.3 (Medical Research Council, UK 1997–2006) szoftverrel szerkesztettük meg. A nemzetközi ajánlások alapján a fiúk esetében a 0,90-es WHR értéken, a 25%-os testzsír százalékon és a 100 cm²-es VFA értéken, míg a leányoknál a 0,85-ös WHR értéken, a 35%-os testzsír százalékon és szintén a 100 cm²-es

VFA értéken 18 éves korban áthaladó centiliseket határoztuk meg a kövérség kritikus határértékeinek elemzésekor (Zsákai és mtsai 2007).

Vizsgálati eredmények és értékelésük

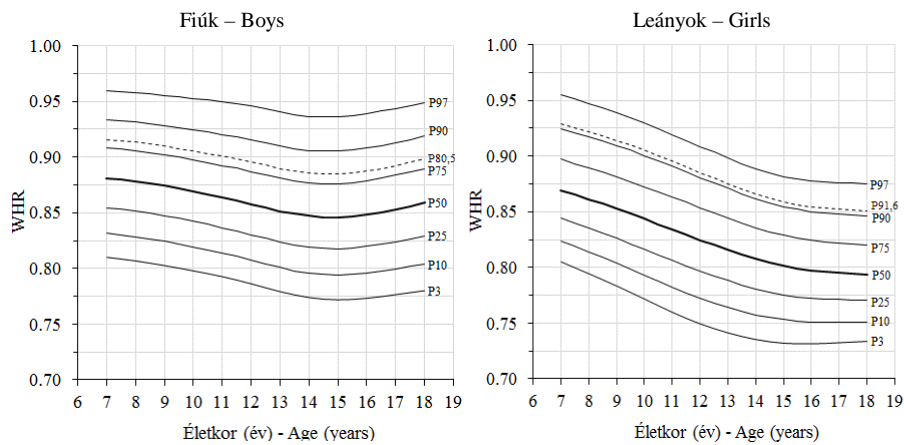
A vizsgált testzsírossági mutatók centilismintázatát elemezve megállapítható, hogy a fiúk testzsírszázaléka átlagosan 10 éves korig fokozódik, majd 10 éves kor után a testzsír relatív mennyisége csökken a fiúk testében 16 éves korig, és újból növekedésnek indul a vizsgált korintervallum végén (1. ábra). Ezzel szemben a leányok átlagos testzsírszázaléka monoton növekedést mutatott végig a vizsgált életkori intervallumban. A WHR index értéke mindkét nem esetében csökken az életkor előrehaladtával 7 éves kortól, azonban a fiúk csoportjában a csökkenés átlagosan 14 éves korig jellemző, majd a WHR-nek a vizsgált korintervallum végén újbóli növekedése figyelhető meg. A leányoknál ezzel szemben a WHR monoton csökkenése jellemzi a vizsgált korintervallumot, 15 éves kortól a leányoknál az index értékének csökkenése lelassul (2. ábra). A vizcerális zsírtartalom monoton növekedése figyelhető meg mindkét nem esetében 7 és 18 éves kor között, leányoknál a VFA értékének növekedése átlagosan 14 éves kortól lelassul (3. ábra).



1. ábra: Testzsírszázalék (%) centilismintázata 7–18 éves gyermekekben (- - -: a kövérség felnőttkori határértékein 18 éves korban áthaladó testzsírszázalék centilisek).

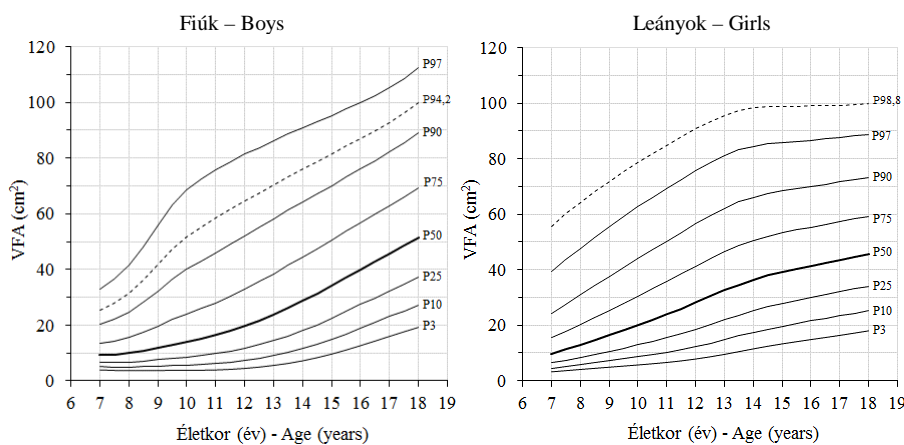
Fig. 1: Centile distribution of body fat percentage (%) in children aged between 7 and 18 (- - -: body fat percentage centiles crossing the critical cut-off values of obesity of adults at the age of 18).

A centilismintázatok alapján kijelenthetjük, hogy a fiúk esetében a VFA 100 cm²-es és a testzsírszázalék esetében a 25%-os felnőttkori határérték figyelembe vételével meghatározott kritikus centilis-görbe alapján a vizsgált mintában szereplő fiúk nagyjából 5%-a sorolható be a kövérek alcsoportjába (VFA: 94,2. centilise, testzsírszázalék 95,6. centilise). A VFA és testzsírszázalék 100 cm²-es, ill. 35%-os felnőttkori női határértéke alapján kijelölt centilisek a leányok kevesebb, mint 2%-át, illetve közel 5%-át határozta meg kövéreknek (VFA 98,8. centilise, testzsírszázalék 94,4. centilise, 1. és 3. ábra). A WHR nemzetközi kritikus határértékein (férfiak: 0,90, nők: 0,85) áthaladó centilisek (fiúk: 80,5. centilis, leányok: 91,6. centilis) alapján a fiúk 19,5%-a, a leányok 8,4%-a minősíthető abdominálishan kövéreknek (2. ábra).



2. ábra: WHR centilismintázata 7–18 éves gyermekekben (- - -: a kövérség felnőttkori határértékein 18 éves korban áthaladó WHR centilisek).

Fig. 2: Centile distribution of WHR in children aged between 7 and 18 years (- - -: WHR centiles crossing the critical cut-off values of obesity of adults at the age of 18).

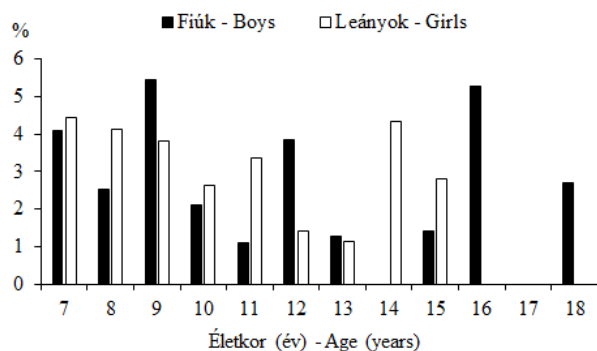


3. ábra: Zsigeri zsírtérület (VFA, cm²) centilismintázata 7–18 éves gyermekekben (- - -: a kövérség felnőttkori határértékein 18 éves korban áthaladó VFA centilisek).

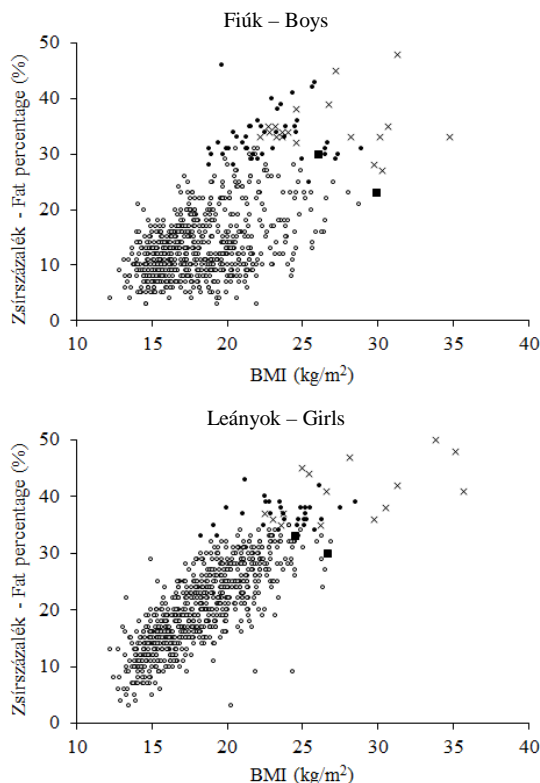
Fig. 3: Centile distribution of visceral fat area (VFA, cm²) in children aged between 7 and 18 years (- - -: VFA centiles crossing the critical cut-off values of obesity of adults at the age of 18).

A testtömeg-index alapján a fiúknak 2,5%-a és a leányoknak 2,3%-a kövér a vizsgált korintervallumban (4. ábra). Összességében a BMI alapján kövérnek minősített gyermekek aránya a két nem között nem különbözik jelentősen (χ^2 próba, $p=0,803$), azonban a tendencia megfigyelhető, hogy a leányoknál a 15 évesestől idősebbek korcsoportjaiban már nem volt kövér tápláltsági állapotú.

A BMI és az új testzsír-százalék határértékek alapján elvégzett tápláltsági állapot-besorolás a gyermekek jelentős százalékában megegyezett (fiúk: 94,3%, leányok: 95,9%), a két besorolás között a legnagyobb eltérést a BMI alapján még nem kövér, de a testzsír-százalék alapján már kövérnek minősített gyermekek alcsoportja jelentette (5. ábra).

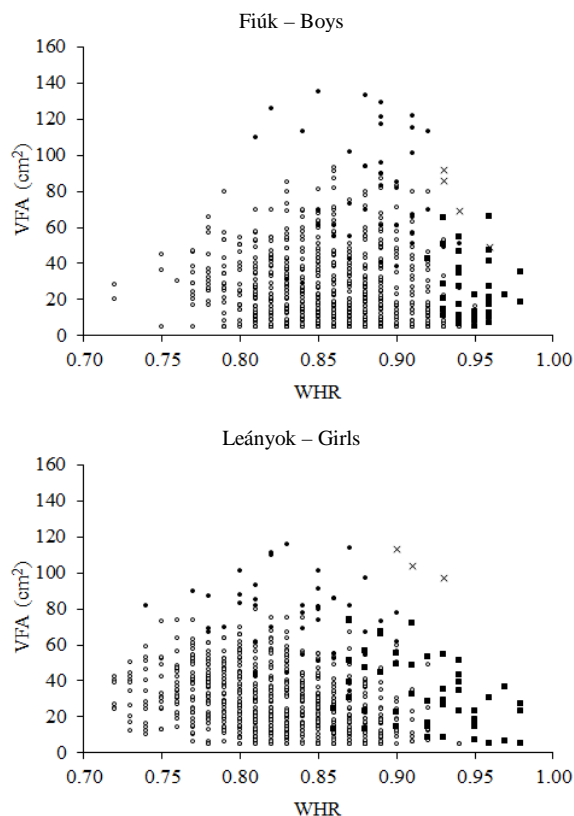


4. ábra: A testtömeg-indexük alapján elhízottnak minősített gyermekek relatív előfordulási gyakorisága.
 Fig. 4: The prevalence of children rated obese by considering their body mass index.



5. ábra. A zsírszázalék és a BMI kapcsolata gyermekekben (o: BMI és zsírszázalék határértékek alapján sem kövér gyermekek, ●: kövér gyermekek a zsírszázalék határértékek, de nem kövér gyermekek a BMI határértékek alapján; ■: kövér gyermekek a BMI határértékek, de nem kövér gyermekek a testzsírszázalék határértékek alapján; ×: a BMI és a zsírszázalék határértékek alapján is kövér gyermekek).
 Fig. 5. The relation of body fat percentage and BMI in children (o: not obese children by BMI and body fat percentage cut-off values; ●: obese children by body fat percentage but not by BMI cut-off values; ■: obese children by BMI but not by body fat percentage cut-off values; ×: obese children both by body fat percentage and BMI cut-off values).

A WHR és VFA határértékek alapján kialakított abdominálisan kövér alcsoportok a BMI-testzsírszázalék besorolás nagymértékű egyezőségével szemben nagyon csekély egyezőséget mutatott (fiúk: 87,9%, leányok: 87,5%), és a két folyamatos változó, a WHR és a VFA eloszlásmintázata sem mutatott statisztikailag igazolható kapcsolatot (6. ábra).



6. ábra. A VFA és WHR kapcsolata gyermekekben (◦: VFA és WHR határértékek alapján sem kövér gyermekek, ●: kövér gyermekek a VFA határértékek, de nem kövér gyermekek a WHR határértékek alapján; ■: kövér gyermekek a WHR határértékek, de nem kövér gyermekek a VFA határértékek alapján; ×: a VFA és a WHR határértékek alapján is kövér gyermekek).

Fig. 6. The relation of VFA and WHR in children (◦: not obese children by VFA and WHR cut-off values; ●: obese children by VFA but not by WHR cut-off values; ■: obese children by WHR but not by VFA cut-off values; ×: obese children both by VFA and WHR cut-off values).

Következtetések

A 7–18 évesek testszerkezeti adatai alapján elvégzett elemzés alapján a testzsírosság mutatóinak életkori határértékeire vonatkozóan a következő megállapításokat tehetjük:

1) A nemzetközi ajánlásokkal szemben, vizsgálati eredményeink alapján nem a nemtől független, fiúk és leányok esetében azonos felnőttkori határérték által kijelölt centilisek értékeinek használatát javasoljuk a gyermek- és serdülőkori kövérség testzsírossági mutatókra épülő határértékeinek kijelölésére. Ehelyett inkább a gyermekek és serdülők azonos arányát kijelölő 95. centilisek értékeit ajánljuk a kövérség ilyen típusú szűréséhez, ami tehát azonos arányban jelöli ki a

kövér gyermekeket a két nemben (5%-ot), azonban a kövérség mutatóinak nemi dimorfizmusa miatt így a kritikus határértékek is értelemszerűen eltérőek a két nem esetében. Javaslatunkat alapvetően arra hivatkozva tesszük meg, hogy azonos arányú testzsírosság nem feltétlenül jelez ugyanolyan tápláltsági állapotot a két nem esetében, hiszen a testösszetevők közül nemcsak a zsír, hanem a csont- és izomtömeg frakciók is jelentős nemi különbséget mutatnak.

2) A WHR felnőtteknél javasolt, nemzetközi határértékei alapján megszerkesztett kritikus centilisei a gyermekek irreálisan nagy arányát határozták meg abdominálisan kövérnek. A WHR és a VFA mutatók alapján kövérnek minősülő gyermekek besorolása nagyon gyenge kapcsolatot mutatott. Mindezek alapján a WHR-t nem javasoljuk a 7–18 éveseknél az abdominális kövérség szűrésére.

3) Elemzésünk eredményeire alapozva a két másik vizsgált testzsírossági mutatónak, az InBody 720 típusú testösszetétel-analizátorral becsült testzsírszázaléknak és a VFA indexnek az általunk elemzett mintára jellemző 95. centiliseit ajánljuk (2. táblázat) a kövérség határértékeinek gyermekek és serdülők esetében, hiszen csak a leányok abdominális zsírtartékának felnőttkori kritikus határértéket 18 éves korban érintő centilise nem haladt a 95. centilis közelében, amely 98,8. VFA centilis értékeinek használata bizonyosan alulbecsülne az abdominálisan kövér leányok gyakoriságát (1,2%).

2. táblázat. A gyermek- és serdülőkori kövérség meghatározására ajánlott testzsírossági mutatók új hazai határértékei (95. centilisek).

Table 2. The new Hungarian critical cut-off values of body fatness indices to assess obesity in children and adolescents (95th centiles).

Életkor (év) Age (ys)	VFA (cm ² , InBody 720)		Testzsírszázalék – Relative fat mass (% , InBody 720)		Testzsírszázalék – Relative fat mass (% , Siri 1956)	
	Fiúk Boys	Leányok Girls	Fiúk Boys	Leányok Girls	Fiúk Boys	Leányok Girls
	7,0	28,39	32,17	25,33	28,36	27,17
7,5	30,11	36,27	26,38	29,36	28,02	31,92
8,0	33,33	40,20	27,41	30,32	28,90	32,91
8,5	38,38	43,99	28,40	31,21	29,78	33,83
9,0	44,92	47,66	29,30	31,99	30,61	34,66
9,5	50,87	51,25	30,04	32,63	31,26	35,34
10,0	54,18	54,71	30,55	33,10	31,65	35,86
10,5	55,87	58,05	30,83	33,40	31,81	36,21
11,0	57,96	61,30	30,88	33,57	31,89	36,45
11,5	61,16	64,48	30,73	33,70	31,80	36,62
12,0	65,10	67,53	30,39	33,82	31,62	36,76
12,5	69,06	70,32	29,87	33,97	31,42	36,84
13,0	72,66	72,80	29,20	34,15	31,09	36,85
13,5	75,85	74,92	28,40	34,37	30,64	36,78
14,0	78,82	76,56	27,50	34,57	30,16	36,60
14,5	82,12	77,73	26,61	34,74	29,57	36,62
15,0	85,78	78,52	25,81	34,87	28,78	36,51
15,5	89,23	79,09	25,16	34,99	27,84	36,29
16,0	92,16	79,62	24,66	35,11	26,95	36,19
16,5	94,82	80,22	24,36	35,20	26,35	36,05
17,0	97,49	80,95	24,25	35,28	25,99	35,97
17,5	100,29	81,75	24,28	35,33	25,68	35,88
18,0	103,09	82,58	24,39	35,39	25,57	35,89

4) A gyermek- és serdülőkori kövérség meghatározására nemzetközileg leggyakrabban használt mutató a BMI. A BMI és a testzsír százalék közötti kapcsolat elemzése is megerősítette, hogy a pusztán BMI alapján történő tápláltsági állapot-besorolás nem vehető figyelembe a testzsírosság felmérésében a túlsúlyos gyermekek alcsoportjában, különösen igaz ez a fiúk esetében, akiknél a túlsúlyos gyermekek alcsoportjában a testzsír százalék a korcsoportra jellemző átlagos értéket, attól jelentősen kisebb és nagyobb értékeket is elérhet.

A vizsgálatunkkal célunk volt az InBody 720 típusú testösszetétel-analizátorral becsült testzsírossági mutatók gyermek- és serdülőkori kövérség megállapításához ajánlható határértékek meghatározása, hiszen az általunk és az országban számos más szomatometriai laboratóriumában használt testösszetétel-analizátor a testösszetevők becslésekor bizonyosan nem magyar gyermekek és serdülők mintájára kidolgozott standardokhoz viszonyít a testösszetevők mennyiségének értékelésekor, illetve ezen értékelés nem a kövér vagy nem kövér tápláltsági állapotot határozza meg, hanem csak ajánlást ad az általa becsült testösszetevők esetleges korrekciójára. Azonban nem minden testösszetétel-becsléssel foglalkozó hazai szakember, laboratórium rendelkezik InBody 720 típusú műszerrel. Az összehasonlító vizsgálatok igazolták, hogy a bőrellenállás mérésen alapuló (pl. InBody 720 műszerrel) és az antropometriai méretekre épülő testösszetétel-elemzésekkel, amely antropometriai módszerek szintén a leggyakrabban használt eljárások a testösszetevők becslésére, becsült zsír százalék értékek jelentős egyedi különbséget is mutathatnak az általunk vizsgált korcsoportban (Deurenberg és Yap 1999, Shah és Braverman 2012). Éppen ezért, az antropometriai módszer alapján gyermekeknel és serdülőknél testösszetevőket becsülő szakemberek számára az ajánlott határértékek között a 2. táblázatban feltüntettük a testsűrűség (Durnin és Womersley 1974, Bodzsár és Zsákai 2013) alapján becsült egyedi testzsír százalék (Siri 1956, Bodzsár és Zsákai 2004) értékek eloszlás-mintázata figyelembevételével, antropometriai módszerrel meghatározott testzsír százalék 95. centilis-értékeit is. A vizsgált mintában a két különböző módszerrel becsült zsír százalék szoros kapcsolatot mutatott (Pearson féle korreláció, fiúk: $r=0,786$, $p<0,05$; leányok: $r=0,805$, $p<0,05$), azonban a Siri-féle testzsír százalék becslés átlagosan 2–3%-al meghaladta a bőrellenállás-mérésen alapuló módszerrel becsült testzsír százalékot mindkét nem esetében.

A bemutatott eredményekre épülő további kutatásunkkal célunk, hogy a vizsgált korcsoportba tartozó gyermekek és serdülők egy új, kisebb létszámú mintáján a testzsírossági mutatók új határértékei alapján elkülönített alcsoportoknál a lipidanyagcsere, ill. májfunkciók becslésére az egészségügyi ellátórendszerben leggyakrabban használt mutatókat (pl. éhomi vércukorszint, éhomi lipid profil, inzulinrezisztencia index) összehasonlítsuk, valamint ezen élettani és a testzsírossági mutatók közötti kapcsolatrendszerrel a vizsgált korcsoportban elemezzük.

* * *

A tanulmánnyal köszöntik Bodzsár Éva professzor asszonyt 70. születésnapja alkalmából tanítványai.

Köszönetnyilvánítás: A tanulmány a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatásával (ZsA, 2014–2017) készült.

Irodalom

- Berker, D., Koparal, S., Isik, S., Pasaoglu, L., Aydin, Y., Erol, K., Güler, S. (2010): Compatibility of different methods for the measurement of visceral fat in different body mass index strata. *Interventional Radiology*, 16(2): 99–105. DOI: [10.4261/1305-3825.DIR.2749-09.1](https://doi.org/10.4261/1305-3825.DIR.2749-09.1)
- Björntorp, P. (1991): Metabolic implications of body fat distribution. *Diabetes Care*, 14(12): 1132–1143. DOI: [10.2337/diacare.14.12.1132](https://doi.org/10.2337/diacare.14.12.1132)
- Bodzsár, É., Zsákai, A. (2004): *Humánbiológia. Gyakorlati kézikönyv*. Eötvös Kiadó, Budapest. p. 300.
- Bodzsár, É., Zsákai, A. (2012): *Magyar gyermekek és serdülők testfejlétségi állapota – Országos Növekedésvizsgálat 2003–2006*. Plantin Kiadó, Budapest. p. 240.
- Bodzsár, É., Zsákai, A. (2013) *Antropológiai/Humánbiológiai gyakorlatok*. Elektronikus tananyag (TÁMOP-4.1.2.A/1-11/1-2011-0073).
- Bosy-Westphal, A., Geisler, C., Onur, Korth, S.O., Selberg, O., Schrezenmeir, J., Müller, M.J. (2006): Value of body fat mass vs anthropometric obesity indices in the assessment of metabolic risk factors. *International Journal of Obesity*, 30: 475–483. DOI: [10.1038/sj.ijo.0803144](https://doi.org/10.1038/sj.ijo.0803144)
- Cole, T.J., Bellizzi, M.C., Flegal, K.M., Dietz, W.H. (2000): Establishing a standard definition for child overweight and obesity worldwide: international survey. *British Medical Journal*, 320(7244): 1240–1247. DOI: [10.1136/bmj.320.7244.1240](https://doi.org/10.1136/bmj.320.7244.1240)
- Deurenberg, P., Andreoli, A., Borg, P., Kukkonen-Harjula, K., de Lorenzo, A., van Marken Lichtenbelt, W., Testolin, G., Vigano, R., Vollaard, N. (2001): The validity of predicted body fat percentage from body mass index and from impedance in samples of five European populations. *European Journal of Clinical Nutrition*, 55: 973–979. DOI: [10.1038/sj.ejcn.1601254](https://doi.org/10.1038/sj.ejcn.1601254)
- Deurenberg, P., Yap, M. (1999): The assessment of obesity: methods for measuring body fat and global prevalence of obesity. *Best Practice & Research Clinical Endocrinology & Metabolism*, 13(1): 1–11. DOI: [10.1053/beem.1999.0003](https://doi.org/10.1053/beem.1999.0003)
- Durnin, J.V., Womersley, J. (1974): Body fat assessed from total body density and its estimation from skinfold thickness measurements. *British Journal of Nutrition*, 32: 77–97.
- El-Masry, S.A., El-Dayem, S., Elghawaby, H., Amin, F.G., Ibrahim, I.A. (2011): Evaluation of intra-abdominal fat in obese adolescents using computerized tomography. *Medical Research Journal*, 10(2): 89–96. DOI: [10.1097/01.MJX.0000407252.77908.72](https://doi.org/10.1097/01.MJX.0000407252.77908.72)
- Examination Committee of Criteria for ‘Obesity Disease’ in Japan. Japan Society for Study of Obesity (2002): New criteria for ‘obesity disease’ in Japan. *Circulation Journal*, 66(11): 987–992. DOI: [10.1253/circj.66.987](https://doi.org/10.1253/circj.66.987)
- Fredriks, A.M., van Buuren, S., Fekkes, M., Verloove-Vanhorick, S.P., Wit, J.M. (2005): Are age references for waist circumference, hip circumference and waist-hip ratio in Dutch children useful in clinical practice? *European Journal of Pediatrics*, 164(4): 216–222. DOI: [10.1007/s00431-004-1586-7](https://doi.org/10.1007/s00431-004-1586-7)
- Fujita, Y., Kouda, K., Nakamura, H., Iki, M. (2011): Cut-off values of body mass index, waist circumference, and waist-to-height ratio to identify excess abdominal fat. *Journal of Epidemiology*, 21: 191–196. DOI: [10.2188/jea.JE20100116](https://doi.org/10.2188/jea.JE20100116)
- Garg, A. (2011): Lipodystrophies: genetic and acquired body fat disorders. *Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 96(11): 3313–3325. DOI: [10.1210/jc.2011-1159](https://doi.org/10.1210/jc.2011-1159)
- Hsieh, S.D., Yoshinaga, H. (1995): Abdominal fat distribution and coronary heart disease risk factors in men-waist/height ratio as a simple and useful predictor. *International Journal of Obesity and Related Metabolic Disorders*, 19(8): 585–589.
- Jensen, M.D. (2008): Role of body fat distribution and the metabolic complications of obesity. *Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 93(11): s57–s63. DOI: [10.1210/jc.2008-1585](https://doi.org/10.1210/jc.2008-1585)

- Jeukendrup, A., Gleeson, M. (2010): *Sport nutrition: an introduction to energy production and performance* (2nd Edition). Human Kinetics, Champaign, IL, USA.
- Kim, S.M., Kim, S.S., Yoon, S.J., Shim, K.W., Choi, H.J., Kim, K.M., Lee, D.J. (1998): What is the best simple anthropometric indexes of abdominal visceral fat in obese patients? *Korean Journal of Obesity*, 7: 157–168.
- Lohman, T.G., Going, S.B. (2006): Body composition assessment for development of an international growth standard for preadolescent and adolescent children. *Food and Nutrition Bulletin*, 27: S314–S325.
- Lobman, T.G., Houtkooper, L., Going, S.B. (1997): Body fat measurement goes high-tech: Not all are created equal. *ACSM's Health & Fitness Journal*, 1(1): 30–35.
- Ma, G.S., Li, Y.P., Wu, Y.F., Zhai, F.Y., Cui, Z.H., Hu, X.Q., Luan, D.C., Hu, Y.H., Yang, X.G. (2005): The prevalence of body overweight and obesity and its changes among Chinese people during 1992 to 2002. *Zhonghua Yu Fang Yi Xue Za Zhi*, 39: 311–315.
- Magalhaes, E., Sant'Ana, L., Priore, S.E., Franceschini, S. (2014) Waist circumference, waist/height ratio, and neck circumference as parameters of central obesity assessment in children. *Revista Paulista de Pediatria*, 32(3): 273–281. DOI: [10.1590/0103-0582201432320](https://doi.org/10.1590/0103-0582201432320)
- Okorodudu, D.O., Jumean, M.F., Montori, V.M., Romero-Corral, A., Somers, V.K., Erwin, P.J., Lopez-Jimenez, F. (2010): Diagnostic performance of body mass index to identify obesity as defined by body adiposity: a systematic review and meta-analysis. *International Journal of Obesity*, 34(5): 791–795. DOI: [10.1038/ijo.2010.5](https://doi.org/10.1038/ijo.2010.5)
- Phillips, C.M., Tierney, A.C., Perez-Martinez, P., Defoort, C., Blaak, E.E., Gjelstad, I.M., Hall, W. (2013) Obesity and body fat classification in the metabolic syndrome: impact on cardiometabolic risk metabotype. *Obesity*, 21(1): 154–161. DOI: [10.1002/oby.20263](https://doi.org/10.1002/oby.20263)
- Reilly, J.J. (2005): Descriptive epidemiology and health consequences of childhood obesity. *Best Practice & Research Clinical Endocrinology & Metabolism*, 19(3): 327–341. DOI: [10.1016/j.beem.2005.04.002](https://doi.org/10.1016/j.beem.2005.04.002)
- Shah, N.R., Braverman, E.R. (2012): Measuring adiposity in patients: the utility of body mass index (BMI), percent body fat, and leptin. *PLoS one*, 7(4): e33308. DOI: [10.1371/journal.pone.0033308](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033308)
- Shen, W., Punyanitya, M., Silva, A.M., Chen, J., Gallagher, D., Sardinha, L.B., Allison, D.B., Heymsfield, S.B. (2009): Sexual dimorphism of adipose tissue distribution across the lifespan: a cross-sectional whole-body magnetic resonance imaging study. *Nutrition & Metabolism*, 6(1): 17. DOI: [10.1186/1743-7075-6-17](https://doi.org/10.1186/1743-7075-6-17)
- Siri, W.E. (1956): *Body composition from fluid spaces and density*. MS UCRL 3349. Donner Laboratory, University of California, Berkeley, CA, USA.
- Smith, S.R., Lovejoy, J.C., Greenway, F., Ryan, D., de la Bretonne, J., Volafava, J., Bray, G.A. (2001): Contributions of total body fat, abdominal subcutaneous adipose tissue compartments, and visceral adipose tissue to the metabolic complications of obesity. *Metabolism*, 50(4): 425–435. DOI: [10.1053/meta.2001.21693](https://doi.org/10.1053/meta.2001.21693)
- Taylor, R., Jones, I., Williams, S., Goulding, A. (2000): Evaluation of waist circumference, waist-to-hip ratio, and the conicity index as screening tools for high trunk fat mass, as measured by dual-energy X-ray absorptiometry. *American Journal of Clinical Nutrition*, 72(2): 490–495.
- Weiner, J.S., Lourie, J.A. (1969): *Human Biology, A Guide to Field Methods*.
- Wells, J.C. (2007): Sexual dimorphism of body composition. *Best Practice & Research Clinical Endocrinology & Metabolism*, 21(3): 415–430. DOI: [10.1016/j.beem.2007.04.007](https://doi.org/10.1016/j.beem.2007.04.007)
- Weng, X., Liu, Y., Ma, J., Wang, W., Yang, G., Caballero, B. (2006): Use of body mass index to identify obesity-related metabolic disorders in the Chinese population. *European Journal of Clinical Nutrition*, 60: 931–937. DOI: [10.1038/sj.ejcn.1602396](https://doi.org/10.1038/sj.ejcn.1602396)
- World Health Organisation (1995): *Physical Status: The use and interpretation of anthropometry. Technical Report Series 854*. WHO, Geneva.
- World Health Organization (2000): *Obesity: preventing and managing the global epidemic*. No. 894. World Health Organization. WHO, Geneva.

- World Health Organization (2011): *Waist circumference and waist-hip ratio*. Report of a WHO expert consultation. WHO, Geneva.
- Zhou, B. (2002): Predictive values of body mass index and waist circumference to risk factors of related diseases in Chinese adult population. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi*, 23: 5–10.
- Zsákai, A., Jakab, K., Karkus, Z., Tóth, K., Kern, B., Vitályos, Á.G., Lichthammer, A., Balázs, Sz., Gábor, Zs. (2007): New Hungarian national cut-off points of BMI for screening childhood underweight, overweight and obesity. *Anthropologiai Közlemények*, 48: 21–30.

Levelezési cím: Zsákai Annamária
Mailing address: Embertani Tanszék
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Pázmány P. s. 1/c.
H-1117 Budapest
Hungary
zsakaia@elte.hu

ANTROPOLÓGIAI-RÉGÉSZETI EGYÜTTMŰKÖDÉS A BIOLÓGIAI ANTROPOLÓGIAI MARADVÁNYOK RONCSOLÁSOS MINTAVÉTELÉNEK SZABÁLYOZÁSÁRA

Pap Ildikó¹, Hajdu Tamás², Anders Alexandra³, Dani János⁴, Kulcsár Gabriella⁵, Révész László⁶, Mende Balázs⁵, Molnár Erika⁷ és Pálfi György⁷

¹Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár, Budapest; ²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Embertani Tanszék, Budapest; ³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Régészettudományi Intézet, Budapest; ⁴Déri Múzeum, Debrecen; ⁵MTA Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet, Budapest; ⁶Szegedi Tudományegyetem, BTK, Történeti Intézet, Régészeti Tanszék, Szeged; ⁷Szegedi Tudományegyetem, TTIK, Embertani Tanszék, Szeged

Pap I., Hajdu T., Anders A., Dani J., Kulcsár G., Révész L., Mende B., Molnár E., Pálfi Gy.: *Anthropological-archaeological cooperation for policy to handle requests for destructive/invasive sampling of biological anthropological remains. With the development of the new investigative techniques based on destructive or invasive sampling in biology and chemistry, a necessity to elaborate a sampling policy has emerged. As it is important to conduct research and at the same time to preserve specimens, our recommendation intends to help in deciding whether or not to grant permission for destructive sampling, bearing in mind the importance of the conservation of archaeological heritage and cultural goods (collectively “the elements of our cultural heritage”). In 2015 the Anthropological Interdisciplinary Scientific Committee (AISC), Section of Biological Sciences, Hungarian Academy of Sciences (SBS, HAS) appointed a working group to give recommendation for a Destructive Sampling Protocol for Biological Anthropological Remains. The Recommendation was drawn up by this working group, named “Committee for Preparation Destructive Sampling Protocol of Biological Anthropological Remains” of the AISC, SBS, HAS, with the contributions of physical anthropologists and archaeologists of several institutes and museums, and the members of the Archaeological Scientific Committee, HAS. The Recommendation was read and approved by the Committee of Anthropology, SBS, HAS and Archaeological Scientific Committee, HAS, in 2017.*

Keywords: Destructive sampling policy; Recommendation; Biological anthropological remains.

Bevezetés

Az MTA Antropológiai Osztályközi Tudományos Bizottság (AOTB) a 2015-ös év folyamán tárgyalta először az interdiszciplináris kutatások alapját biztosító mintavételek egységes protokolljának szükségességéről. A szakmai követelmények összeállítására elindult az együttműködés a régészeti és biológiai antropológiai területek között. Az AOTB megbízta a Bizottság elnökét, hogy írásban forduljon az MTA Régészeti Tudományos Bizottság elnökéhez, kérve az MTA Régészeti Tudományos Bizottság (RTB) együttműködését a protokoll kidolgozásában. 2016 első hónapjaiban megalakult a Biológiai Antropológiai Mintavételi Protokoll-Előkészítő Bizottság (BAMPEB), amelynek tagjai a két legnagyobb hazai gyűjteményt is képviselő négy AOTB tag: Molnár Erika, Pap Ildikó, Hajdu Tamás, Pálfi György; az MTA BTK Régészeti Intézet

képviselője, külső szakértő: Mende Balázs; az MTA RTB képviselői: Anders Alexandra, Dani János, Kulcsár Gabriella és Révész László; a vidéki múzeumok képviselője: Dani János. A bizottság tagjainak munkája és a folyamatos egyeztetés eredményeként állt össze a konszenzuson alapuló javaslat a biológiai antropológiai maradványok roncsolásos mintavételi szabályzatára.¹

Az alábbiakban mutatjuk be az MTA AOTB és az MTA RTB által 2017-ben elfogadott Protokoll-javaslatot, amely arra szolgál, hogy ezeknek az irányelveknek alapján a gyűjteményeket kezelő intézmények kidolgozhassák saját hivatalos szabályzataikat.

JAVASLAT – BIOLÓGIAI ANTROPOLÓGIAI MARADVÁNYOK RONCSOLÁSOS MINTAVÉTELI SZABÁLYZATA

Általános elvek

1) A gyűjteményekben őrzött emberi maradványok kulturális és biológiai örökségünkhöz tartoznak. Megőrzésük fontosságának tudatában, és azt kiemelten szem előtt tartva fontos, hogy minél sokrétűbb, tudományos és állampolgári célú hasznosításuk is megtörténjen.

2) A gyűjteményekben őrzött emberi maradványok vizsgálatánál a tudományos és a muzeológiai/gyűjteményi érdekek együttes teljesülésére kell törekedni.

3) Az embertani leletek túlnyomó többsége régészeti feltárásokon kerül elő, és azok többségét múzeumokban, szakmúzeumokban, illetve szakgyűjteményekben őrzik, kezelik és kutatják, így ezek a maradványok egyidejűleg régészeti leletnek és múzeumi, szakmúzeumi, szakgyűjteményi objektumnak minősülnek.

4) Az új molekuláris biológiai és egyéb műszeres vizsgálati technikák fejlődésével ugrásszerűen nőtt a gyűjteményekben őrzött embertani leletekből nyerhető tudományos információk mennyisége és azok jelentősége. Ezzel párhuzamosan az utóbbi években a gyűjteményekbe érkezett hazai és külföldi mintavételi kérések száma is jelentősen megszorodott.

5) A roncsolásos mintavétellel járó technikák – a nem megfelelő mintavétel vagy nem kellőképpen kidolgozott tudományos háttér esetén – visszafordíthatatlan károkat okozhatnak. Ezért a mintavételt minden esetben előzetes kontrollhoz és különböző szintű engedélyekhez kell kötni.

6) Az embertani leletek megóvása elsődleges szempont, ezért a mintavétel során minden esetben törekedni kell a roncsolás mértékének minimalizálására.

Javasolt eljárás

I) Engedélyeztetési eljárás/protokoll

A roncsolásos mintavételekhez előzetes Engedély kérése kötelező. Az egyedi nyilvántartásra kötelezett gyűjtemények esetében az engedély iránti kérelmet (lásd a III.

¹ Az MTA VIII. Biológiai Tudományok Osztálya Antropológiai Osztályközi Tudományos Bizottságának (AOTB) jelenlegi elnöke Pálfi György (SZTE TTIK Embertani Tanszék), társelnöke Gyenis Gyula (ELTE Embertani Tanszék), titkára Molnár Erika (SZTE TTIK Embertani Tanszék). A MTA BTO AOTB Biológiai Antropológiai Mintavételi Protokoll-Előkészítő Bizottság vezetője Pap Ildikó (MTM Embertani Tár) volt.

sz. pontot) a gyűjteményt kezelő szakember, kurátor véleményezi, és az engedélyezésről az illetékes vezető (főigazgató, igazgató, intézetvezető, tanszékvezető stb.) dönt. Fellebbezni az érintett gyűjtemény főhatóságánál lehet. A régészeti leletként és gyűjteményi objektumként egyaránt értelmezendő embertani maradványokból (lásd Általános elvek 3. pont) történő roncsolásos mintavételek szükségességéről és annak módjáról a feltárást követő 5 éven belül a gyűjtemény felelőse csak a feltáró és/vagy feldolgozásért felelős régész (Régészeti partner) véleményét figyelembe véve, és a Régészeti partnerrel közösen kialakított és írásban is rögzített konszenzus alapján dönthet. Ilyen jellegű leletek vonatkozásában a gyűjtemény felelőse a feltárást követő öt éven túl is törekszik arra, hogy roncsolásos mintavétel esetén a régészeti partnerrel egyetértésben döntsön a mintavételi kérelemről. A roncsolásos mintavételt igénylő kutatást kezdeményező és koordináló partner (továbbiakban: Kutató partner) a szóban forgó emberi maradványokat őrző és kezelő intézményhez (továbbiakban: Gyűjteményi partnerhez) írásos mintavételi kérelmet nyújt be, amelyet Gyűjteményi partner a vonatkozó adminisztrációs előírások szerint archivál.

A kérelem kötelező mellékletét képezi a Munkaterv, amely részletezi a tervezett kutatás céljait, előzményeit, technikai, pénzügyi, humán erőforrás feltételeit, tervezett időrendjét, várható eredményeit, ill. azok közlésének/diffúziójának terveit. Régészeti leletnek minősülő emberi maradvány esetében a feltárást követő 5 éven belül a Kutató partner a Munkatervet a Régészeti partnerrel közösen készíti és azt közös aláírással látja el. 5 évnél régebbi feltárást is célszerű és fontos a Régészeti partnerrel egyeztetett Munkaterv kialakítása. A csatolt régészeti véleményt Gyűjteményi partner ebben az esetben is figyelembe veszi a döntés meghozatalánál. Amennyiben Kutató partner nem rendelkezik a Munkatervben szereplő technikai, pénzügyi, humán erőforrás feltételek valamelyikével és a Munkaterv megvalósításához további külső intézmény(ek), laboratórium(ok) szolgáltatásait tervezi felhasználni, a benyújtott kérelemhez csatolnia kell az érintett külső partnerrel/partnerekkel kötött megállapodás vonatkozó részének másolatát.

Fontos, hogy az illetékes vezető (Gyűjteményi partner) az intézményi szakmai testület javaslatának figyelembe vételével döntsön. Speciális tudást igénylő szakember, illetve vitás esetekben külső szakember is bevonható a testületbe. Az engedélyezési eljárás időtartama általában 30 nap. Kivételes esetben (pl. több külső szakértő bevonásának szükségessége) az eljárási idő meghosszabbítható, amiről a kérelmezőt időben értesíteni kell. Amennyiben a mintát nem az adott intézményben elemzik, szükséges és fontos, hogy az intézmény az engedélyezési eljáráshoz a kutatásért felelős Kutató partnerrel szerződést kössön (lásd a II. pontot). A szerződésben egyebek mellett pontosan rögzítendő a mintavétel módja, a minták kezelése, továbbadása, valamint az eredmények közlésének feltételei és a vizsgálat időbeli korlátai.

II) Szerződéstervezet

Javasoljuk, hogy a szerződéstervezet az alábbi, egyenrangúan lényeges szempontokat tartalmazza, a Munkatervvel összhangban.

- 1) Tudományos program rövid összefoglalása.
- 2) A várható új tudományos eredmények rövid felsorolása (hangsúlyozva azok biológiai és régészeti/történeti jelentőségét).
- 3) A tervezett mintavétel specifikációja (módszer, minta típusa, mennyisége).
- 4) A mintavétel tervezett ideje és helye.

5) A minta elemzésének módja és helyszíne – külső partner-labor esetén annak pontos adatait, felelőseit és a vonatkozó szerződések iktatószámait is feltüntetve.

6) A mintavételre szánt emberi maradványok lehető legpontosabb megnevezése, egyedi nyilvántartási szakanyag esetében a maradvány nyilvántartási száma.

7) A vizsgálat pénzügyi fedezete.

8) A kutatás tervezett befejezésének ideje.

9) Az eredmények közlésének tervezett helye, ideje.

10) Régészeti lelet kategóriába tartozó biológiai antropológiai maradványoknál a régészeti feltárást követő 5 éven belül a Régészeti partner hozzájárulása. A hatályos törvényi előírásokkal összhangban a régészeti feltárást követő öt éven belül a mintavételhez meg kell kérni a Régészeti partner és az elsődleges vizsgálatokat végző antropológus hozzájárulását. Őket – amennyiben arra lehetőség van – a mintavételről, és az azzal kapcsolatos kutatásról a későbbiek során is tájékoztatni kell. Ha azt a körülmények lehetővé teszik, a hatékonyabb szakmai együttműködések érdekében javasolható bevonásuk az újabb kutatásokba is.

11) A szerződésben rögzíteni kell a mintavétel során keletkezett termékek (PCR termék, extraktum, maradék csontpor stb.) sorsát. Rögzíteni szükséges továbbá, hogy a maradék minta és bármilyen, az elemzés során keletkezett információ továbbadása más intézmény számára kizárólag a Gyűjteményi partner előzetes írásos hozzájárulása alapján lehetséges. Ugyanez vonatkozik a termékből vagy a fel nem használt mintából további, más jellegű vizsgálat elvégzésére abban az esetben is, ha azt az eredeti szerződés szerinti Kutató partner végzi.

12) A Kutató partner nem zárhatja el Gyűjteményi partner elől a vizsgálatok során keletkező eredményeket, azokról és a publikációs tervekről, valamint a vizsgálatok és a publikációs tevékenységek során felmerült problémákról tájékoztatni köteles. Amennyiben a szerződésben meghatározott idő alatt meghiúsul a mintából kinyert tudományos információ széleskörű elérhetőségének biztosítása (publikálás, nyilvános adatbázisba történő feltöltés), az eredmények sorsáról a Felek együttesen, közös konszenzus mentén döntenek.

13) Amennyiben a szerződésben meghatározott idő alatt a Kutató Partner hibájából nem valósul meg a kivett minta vizsgálata, azt maradéktalanul vissza kell szolgáltatnia a Gyűjteményi partner részére. Fontos, hogy Felek a mintákat szakszerűen kezeljék és tárolják, azok későbbi felhasználhatósága érdekében.

III) Javaslatok a „Kérelem elbírálásának szempontjai”-ra

A kérelmek elbírálása során a következő szempontokat kell mérlegelni és ellenőrizni.

1) A tervezett kutatás tudományos értéke.

2) Tudományos program kidolgozottsága.

3) A program kivitelezhetősége.

4) Alkalmas-e a módszer a kérdés megválaszolására.

5) Mintavétel szükségessége, módja, kivitelezése.

6) A választott mintavételi eljárás valóban a legkevésbé roncsoló hatású-e.

7) A mintát vevő személy rendelkezik-e a mintavételhez megfelelő tapasztalattal, tudással, ill. eszközzel.

8) Amennyiben releváns, a vizsgálat összhangban van-e a Gyűjteményi partner, ill. a feldolgozásért felelős régész, valamint az elsődleges biológiai vizsgálatokat végző antropológus hosszú távú érdekeivel és kutatási stratégiájával.

9) Amennyiben releváns és szükséges, rendelkezik-e a mintavétel a megfelelő régészeti támogatással, és az írásban az engedélyező Gyűjteményi partnerhez eljutott-e.

10) Régészeti leletnek minősülő emberi maradványoknál a régészeti feltáráshoz viszonyított 5 éven belül tervezett mintavétel esetében a Kutató partner a csatolt Munkatervet a Régészeti partnerrel közösen készítette-e (amennyiben Kutató partner nem azonos a Régészeti partnerrel).

11) A vizsgálatra tervezett idő racionális-e, és összhangban van-e a szakterület dinamikájával (azaz, hogy a kutatás megvalósulása esetén esély lehet-e az eredmények színvonalas közlésére a kutatásra tervezett idő alatt).

12) A vizsgálat eredményeinek megfelelő szintű közlését a Kutató partner tervezi-e, és ezek a tervek reálisnak, arányosnak tűnnek-e a mintavétel anyagához viszonyítva.

13) A tudományos program összeegyeztethető-e már folyamatban levő vizsgálatokkal, nem merül-e fel érdekütközés.

14) Nem merül-e fel a Gyűjteményi partner és a hazai tudományosság érdekeinek sérelme.

15) Biztosított-e a vizsgálat pénzügyi fedezete, pályázatok esetében van-e szándéknyilatkozat?

16) Amennyiben a kérelmező korábban az adott vagy más hazai gyűjteményekből vett mintát, betartotta-e a megállapodást.

17) Megfelelően feltüntette-e Kutató partner a Gyűjteményi partnert, ill. a Régészeti partnert, valamint az elsődleges biológiai vizsgálatokat végző antropológust (és amennyiben ismert, az előbbieken említett régész és antropológus intézményeit) korábbi, a szóban forgó vizsgálattal kapcsolatos publikációinál? Előnyt jelent, ha a kutatásban (főleg nagy projektek esetében) a Gyűjteményi partner intézménye társintézményként vesz részt.

IV) A mintavétel lebonyolítása

1) Az engedély megszerzése után a mintavétel ellenőrzése is kötelező. A mintavétel a kérelmezővel kapcsolatot tartó szakalkalmazott jelenlétében és ellenőrzésével kell, hogy megtörténjen.

2) A mintavétel során lényeges, hogy fényképekkel illusztrált dokumentáció készüljön, amely tartalmazza a mintavétel előtti és utáni állapotot, valamint a kivett mintát. A fényképeken szerepelnie kell a nyilvántartási, és sír (objektum/strat.) számnak is.

3) A fényképes dokumentációban szerepeljenek a mintavétellel érintett területen mutatkozó esetleges patológiai elváltozások (pl. fogak állapota stb.).

4) Javasoljuk, hogy a pars petrosa területét érintő, vagy más, nagymértékű roncsolással járó mintavétel esetén a mintavételt megelőzően készüljön az archiválás és rekonstrukció szempontjából releváns technológiájú adatrögzítés. CT-felvétel és más, sugárterheléssel járó adatrögzítés esetén ki kell választani az emberi maradvány endogén DNS-ében legkisebb károsításhoz vezető beállításokat.

5) A dokumentációkat papíralapú és elektronikus formában is el kell készíteni, és a gyűjtemény digitális nyilvántartási rendszereiben kell őrizni.

6) Az engedélyben leírt kérelem tartalma, a projekt programja (beleértve a kivett minták listáját is) az eredmények közlését megelőzően csak a szerződésben részt vevő partnerek hozzájárulásával válhat hozzáférhetővé.

V) Javaslat az „Eredmények közzétételének feltételei”-re

1) Az intézményi érdekek érvényesülésének egyik megjelenése a mintavételben érintett szakanyag feldolgozásában, a mintavevő kutatási programjában szereplő és/vagy a mintavétel szakmai előkészítésében közreműködő szakalkalmazott(ak) társszerzősége az eredmények közzétételekor a nemzetközi gyakorlat szerint.

2) A publikálást követően a tanulmány(ok) egy-egy példányát el kell juttatni a Gyűjteményi partnernek, a Régészeti partnernek és az elsődleges biológiai vizsgálatokat végző antropológusnak.

3) Az intézmény, gyűjtemény megnevezése a közleményben kötelező.

4) Amennyiben az új tudományos eredmény közlésénél a szerző az elsődleges régészeti és/vagy biológiai antropológiai kutatás eredményeit felhasználja, annak hivatkozása a tanulmányban kötelező.

VI) Javaslat a „Szerződés be nem tartása esetén életbe lépő szankciók”-ra

A javaslat szerint megkövetendő szerződésnek tartalmaznia kell, hogy a mintavételezést kérő tudomásul veszi, hogy amennyiben a szerződést megszegi, a későbbi mintavételi lehetőségekből kizárható. Súlyos szerződésszegés esetén a korábban engedélyezett mintavétel során kivett minták tudományos vizsgálatát és az abból nyert tudományos eredmények közlésének jogát az adott intézmény, múzeum, szakgyűjtemény visszavonhatja.

VII) A későbbiekben elkészítendő melléklet

Engedélykérő lap az egyedi nyilvántartású biológiai antropológiai maradványokból történő roncsolásos mintavétel engedélyezéséhez.

A roncsolásos mintavételek engedélyezési eljárásához kapcsolódó dokumentumok mindegyikét javasoljuk az intézmények honlapján magyar és angol nyelven is közzétenni.

Budapest, 2017. MTA AOTB – MTA RTB

Levelezési cím: Pap Ildikó
Mailing address: Embertani tár
Magyar Természettudományi Múzeum
Ludovika tér 2–6.
H-1082 Budapest
Hungary
pap.ildiko@nhmus.hu

Levelezési cím: Pálfi György
Mailing address: Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar
Embertani Tanszék
Közép fasor 52.
H-6726 Szeged
Hungary
gypalfi@hotmail.com

KOMPLEMENTER MORFOLÓGIAI ÉS KÉMIAI ANTROPOLÓGIAI VIZSGÁLATOK RÉGI EMBERI MARADVÁNYOKON

Balázs János

Szegedi Tudományegyetem, Embertani Tanszék, Szeged
Témavezetők: Dr. Pálfi György és Dr. Galbács Gábor

Balázs J.: *Investigations of ancient human remains using complementary methods in morphology and chemical anthropology.* Chemical anthropology lays in the intersection of chemistry and biological anthropology. Our related investigations targeted the remains of 698 individuals from 5 archaeological sites. The samples also included the partially mummified remains of a neonate. During our investigations we applied many macromorphological, paleoradiological, paleohistological, paleomicrobial techniques, and several methodologies of chemical anthropology. Using μ XRF and ICP-AES techniques, it was confirmed that copper played a definitive role in the partial mummification observed on the remains of Nyárlőrinc-Hangár utca inv. no. 14426 neonate. By doing so, we have described a new type of mummification process. We published a lot of new data concerning metrical and non-metrical characteristics, paleostomatology and paleopathology of the biarchaeological remains of the Orosháza microregion. The Orosháza-Bónum, Faluhely excavation site is the first (and currently the only) Árpáadian Age Muslim burial complex studied in Hungary. ICP-MS results have proved that the Ca/P concentration ratio increased with the age at death of the individual, and this phenomenon is not only present in modern samples. Analytical measurements of Ba, Sr and Zn trace elements provided information about the diet of this population. On the basis of trace elemental analysis, we also defined a relative chronology of inhumations in the Orosháza-Bónum, Faluhely cemetery, where direct archaeological dating of many graves that missed any artifact was not possible. Preliminary measurements of the $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ isotopic ratio in the bioarchaeological remains of Orosháza-Bónum, Faluhely show that at least a part of this population may have originated from a different geographical environment. We also pioneered the practice of LA-ICP-MS studies on mummies in Hungary by performing the determination of trace element distributions in hair samples.

Keywords: Chemical anthropology; Mummies; XRF; ICP-MS; Árpáadian Age Muslim cemetery.

Bevezetés

A bioantropológiai leletek elemzése összetett feladat: az egykori népesség biológiai rekonstrukciója, életmódjának, betegségeinek vagy vándorlásának vizsgálata általában meghaladja a klasszikus embertani kutatások kereteit (Martin és Saller 1957, Nemeskéri és mtsai 1960, Éry és mtsai 1963, Stloukal és Hanáková 1978, Finnegan és Marcsik 1979, Alekszejev és Debec 1964, Ortner és Putschar 1981, Işcan 1989, Sjøvold 1990, Aufderheide és Rodríguez-Martin 1998, Pálfi és mtsai 1999, Ortner 2003). A társtudományok technikai fejlődése az antropológiai kutatásokat interdiszciplinárisá tette, új megközelítési módokat adott a régi kérdések pontosabb megválaszolására. A modern természettudományos, illetve orvosi vizsgálati eljárások (köztük például radiológiai, genetikai, mikrobiológiai és kémiai módszerek) az utóbbi fél évszázadban

fokozatosan követeltek helyet maguknak az embertani kutatások világában (például Lengyel és Nemeskéri 1963, 1964, Nemeskéri és Lengyel 1963, Lengyel 1975, Pääbo 1985, Klys és mtsai 1999, Carvalho és mtsai 2000, Haas és mtsai 2000, Gernaey és mtsai 2001, Degryse és mtsai 2004, Donoghue és mtsai 2005, Wilson 2005, Chan és mtsai 2013, Allentoft és mtsai 2015, Pálfi és mtsai 2015). Interdiszciplináris együttműködések keretében olyan komplex antropológiai elemzések váltak elérhetővé, amelyek nem csak hasznosan egészítik ki a klasszikus történeti embertani kutatásokat a paleopatológia, a korabeli táplálkozás, a népességvándorlások vagy a régészeti antropológia területein, de esetenként teljesen új perspektívákat is nyithatnak a kutatások számára.

Az elemzéseink középpontjában álló bioantropológiai leletekre jellemző, hogy a régészeti oldalról velük kapcsolatban felmerült kérdésekre olykor csak a történeti embertan, sok esetben pedig csak az antropológia valamely határtudománya tud választ adni. Ezek közül kiemelten foglalkozunk a kémiai antropológiával, amely napjainkban nem csupán a kémia és az embertan határtudománya, hanem egy olyan interdiszciplináris terület (Márk 2006, Boros-Major és mtsai 2011, Madgwick és Broderick 2016), amely csak különböző tudományterületek szakembereiből szerveződő kutatócsoportokban teljesebben ki. Tágra értelmezve magába foglalhat minden technikát, amely során kémiai, fizikai, geológiai, biotechnológia, orvosi vagy genetikai kutatásokhoz kifejlesztett műszerekkel és módszerekkel vizsgálunk biológiai antropológiai leleteket, és az eredményeket embertani szempontból elemezzük más tudományterületek kompetenciáit is felhasználva.

Célkitűzések

Doktori értekezésemhez vezető kutatásaim célkitűzései a következők voltak:

1. Nyárlőrinc-Hangár u. 14426. leltári számú részlegesen mumifikálódott újszülött maradványának kémiai antropológiai vizsgálata.
2. Az orosházi mikrorégió, ezen belül Orosháza-Bónum, Faluhely komplex kutatása antropológiai, paleopatológiai és paleosztomatológiai szempontból, továbbá paleodiéta, betelepülés és datálás vizsgálata komplementer morfológiai, biostatistikai, orvosi képalkotói és nyomelem-analitikai módszerekkel.
3. Specifikus fertőző megbetegedések (tuberkulózis, szifilisz és lepra) kutatása komplementer morfológiai, orvosi képalkotó technikai, paleomikrobiológiai, paleohisztológiai és nyomelem-analitikai módszerekkel.
4. Nyomelem-analitikai mérések történeti korú emberi hajszálakon a váci múmia-együttesből.

Vizsgálati anyag és módszerek

Embertani és paleopatológiai kutatásainkban 5 lelőhelyről származó 698 embertani lelet és összesen 4331 db, hozzájuk tartozó fog szerepelt (Balázs és mtsai 2005, Rózsa és Balázs 2011, Rózsa és mtsai 2012, 2014). A biológiai antropológiai leletek közül az egyik egy részlegesen mumifikálódott újszülött maradványa. A kémiai antropológiai vizsgálatokhoz összehasonlítási céllal, további 172 csontváz adatait (Lipták és Farkas 1962) elemezve választottunk mintákat, illetve a hajszálak kiválasztása során az összes váci múmiát (Pap és mtsai 1997) szemrevételeztük.

Vizsgálatainkhoz makromorfológiai (például Martin és Saller 1957, Finnegan és Marcsik 1979, Cockburn és mtsai 1998, Ortner 2003), paleoradiológiai (Chhem és

Brothwell 2008), paleohisztológiai (Schultz 2003), paleomikrobiológiai (Zink és mtsai 2003, Donoghue és mtsai 2005) technikákat és számos, kémiai antropológiai vizsgálatoknál is alkalmazott (Klys és mtsai 1999, Carvalho és mtsai 2000, Zlateva és mtsai 2003, Degryse és mtsai 2004, Giblin 2011, Wilson 2005, Svingor 2012) analitikai kémiai módszert használtunk fel.

Kémiai antropológiai vizsgálatainkat 4 ásatásból (Orosháza-Bónum, Faluhely, Orosháza-Rákócziutca, Gádos-templomhely és Nagyszénás-Vaskapu) származó csontmintákon, valamint Nyárlőrincen és Vácott feltárt mumifikálódott emberi maradványokon végeztük el az SZTE TTIK Szervetlen és Analitikai Kémiai, az SZTE TTIK Ásványtani, Geokémiai és Kőzettani, valamint az SZTE TTIK Természeti Földrajzi és Geoinformatikai Tanszékén. Az ATOMKI-ban (Debrecen), a Quinnipiac University-n (USA) és a Yale University-n (USA) is történtek mintaelőkészítések és mérések azon esetekben, amikor az SZTE nem rendelkezett a kutatási célok kivitelezéséhez szükséges analitikai eszközparkkal. A biológiai antropológiai leletek az Orosházi Nagy Gyula Területi Múzeum és a Szegedi Tudományegyetem TTIK Embertani Tanszékének embertani gyűjteményéből (Szeged Anthropological Collection, SAC), valamint a Magyar Természettudományi Múzeum Embertani Tárának Múmiagyűjteményéből származnak.

Vizsgálati eredmények és értékelésük

Leírtam és részletes nyomanalitikai vizsgálatoknak vettem alá a Nyárlőrinc-Hangár u. 14426. leltári számú, részlegesen mumifikálódott újszülött maradványait, amelyet keletkezési körülményei hazai és nemzetközi viszonylatban is egyedülállóvá tesznek. A zöldre színeződött maradványokon elvégzett ICP-AES (induktív csatolású plazma atomemissziós spektrometria) és XRF (röntgen fluoreszcencia spektroszkópia) mérésekkel igazoltam, hogy a mumifikálódást emelkedett rézkoncentráció okozta, amely a mellékletként a cserépedényben talált réz pénzérme korróziójából származott. A normál értéknél mintegy három nagyságrenddel magasabb rézkoncentráció nem csak a maradványok külső felületén, hanem azok belsejében is kimutatható volt. A megfigyelt koncentráció eloszlás alapján jól rekonstruálható volt a pénzérme temetési elhelyezkedése. Megjelöltem többféle lehetséges anaerob kémiai folyamatot is, amely a rézérme korrózióját lehetővé tehetette a jelen speciális körülmények között (Balázs és mtsai 2005, Balázs és Bölkei 2006, Balázs és mtsai 2016).

Elvégeztem az Orosházi mikrorégió 4 embertani szériájának általános embertani és paleopatológiai feldolgozását (Rózsa és Balázs 2011, Rózsa és mtsai 2012, 2014, Balázs és mtsai 2015), biológiai távolságméréssel bizonyítottuk Orosháza-Bónum, Faluhely lelőhely elkülönülését a környékbeli korszakazonos temetők embertani anyagától (Balázs és Lovász 2016).

ICP-MS (induktív csatolású plazma tömegspektrometria) nyomelemanalitikai vizsgálatokkal igazoltam, hogy tafonómiai folyamatok által érintett történeti csontanyagban is megfigyelhető a recens csontszövetekre jellemző, a Ca/P koncentráció arány életkorral korreláló emelkedése. Ráműtöttem, hogy ilyen elemalitikai adatok alapján becslés adható az elhalálási életkorcsoportra egy azonos talajból feltárt populáción belül (Balogh és mtsai 2015).

ICP-MS (induktív csatolású plazma tömegspektrometria) nyomelemanalitikai vizsgálatokkal igazoltam, hogy Orosháza-Bónum, Faluhely egykori népessége a korra és mikrorégióra jellemző átlagnál több állati eredetű táplálékot fogyasztott, ugyanakkor

nyomon követhető, ahogy egy évszázad alatt fokozatosan megnőtt a növényi eredetű táplálék aránya (Balogh és mtsai 2015). A folyamatban lévő, ICP-MS technikán alapuló ^{87}Sr és ^{86}Sr izotópok mérésére és $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ izotóparány megállapítására szolgáló vizsgálataink a betelepülők első generációja tagjainak megtalálására irányul, az előzetes eredmények kezdik kirajzolni az orosházi mikrorégióra jellemző átlagot, és az ettől való egyedi eltéréseket.

A folyadékszcintillációs radiokarbon méréseink során sem a konvencionális, sem a kalibrált kor esetében sem kaptunk olyan eredményt, amely alapján a régészetileg Árpád-korinak datált Orosháza-Bónum, Faluhely temetőjét szűkebb időintervallumhoz köthetnénk. A nyomelemanalitikai vizsgálatok naptári években kifejezett datálásra nem alkalmasak, de tafonómiai vizsgálatokhoz felhasználhatók, ez alapján Orosháza-Bónum, Faluhely temetőjét három korszakra bontottam és megállapítottam, hogy délről észak felé történtek a betemetések (Balázs és mtsai 2015a).

A Nyárlőrinc-Hangár utcai szériában a specifikus fertőző megbetegedések közül a tuberkulózis és a szifilisz (Balázs és mtsai 2005, 2015b), Orosháza-Bónum, Faluhely szériában pedig a lepra csonttani tünetei figyelhetők meg (Balázs és mtsai 2015a). A morfológiai alapon felállított diagnózist orvosi képalkotó technikai, paleomikrobiológiai és paleohisztológiai módszerekkel is alátámasztottuk, a leprában szenvedett egyén maradványainak kémiai antropológiai vizsgálatával igazoltam az eset 13. századi eredetét (Balázs és mtsai 2015a).

Elsőként vizsgáltam a váci Fehérek templomában feltárt, nemzetközi viszonylatban is egyedülálló, a 18–19. századból származó múmiákból álló leletegyüttes hajszálmintáiban a nyomelemtartalmat LA-ICP-MS (lézer ablációs mintabeviteli rendszerű induktív csatolású plazma tömegspektrometria) módszerrel. 6 múmia hajszálmintáiban összesen 10 nyomelem (Cu, Zn, Sr, Hg, Pb, Al, S, Fe, As, Ag) koncentrációjának átlagos értékét, valamint az elemek hajszálak hossza és keresztmetszete mentén való eloszlását vizsgáltam. Részletesen tárgyaltam a megfigyelt nyomelem dúsulások lehetséges okait, valamint az azok között nemek, életkorok, foglalkozások szerint kimutatható összefüggéseket. Megállapítottam, hogy az ólom és alumínium átlagos koncentrációja a mintákban jelentősen nagyobb érték, mint a recens mintákban található, de egyetlen elem koncentrációja nem volt olyan magas, hogy a mérgezés gyanúja felmerülhetne. A hajszálak keresztmetszeti elemeloszlás vizsgálatai alapján azt is megállapítottam, hogy csak a réz dúsult fel a hajszálak felszíni rétegében. Több esetben is kimutattam, hogy egyes elemek egyes mintákban együttes lokális feldúsulást mutattak a hosszúság vagy a keresztmetszet mentén.

Az eredmények értékelése, perspektívák

μXRF és ICP-AES vizsgálatokkal bizonyítottuk a réz meghatározó szerepét a Nyárlőrinc-Hangár utca 14426. leltári számú részlegesen mumifikálódott újszülött maradványai esetében, ezáltal egy új mumifikálódási kategóriát írtunk le. Egyértelműen igazoltuk, hogy a mumifikálódást a keresztelés nélkül meghalt gyermekek jellegzetes 19. századi temetési mellékletéből, egy kézbe helyezett pénzérméből (Dömötör 1990, Selmeczi 1992) felszabadult réz okozta, amely az újszülött eltemetéséhez használt cserépfazék belsejében lokálisan lassította a bomlási folyamatokat.

Számos új adatot közöltünk metrikus és non-metrikus történeti embertani, paleosztomatológiai és paleopatológiai témában az orosházi mikrorégió biológiai antropológiai leleteiről. Magyarországon Orosháza-Bónum, Faluhelyen tárták fel az első

és jelenleg egyetlen bizonyítottan Árpád-kori muszlim temetőt, ezért minden publikált adata unikálisnak tekinthető. Paleopatológiai kutatásaink elsősorban a specifikus fertőző megbetegedések (lepra, szifilisz és tuberkulózis) interdiszciplináris kutatása kapcsán szolgáltattak új adatokat.

Kémiai antropológiai vizsgálataink keretében sikerrel adaptáltunk tisztítási, feltérési és mérési módszereket ásatag csontok elemi összetételének megállapítására ICP-MS technikával. Eredményeinkkel igazoltuk, hogy a recens csontokra jellemző, az életkor előrehaladtával emelkedő Ca/P koncentráció arány ásatag csontanyagon is megfigyelhető, és nagyszámú mérés alapján életkorbecslés adható egy populáción belül. A Ba, Sr és Zn nyomelem-analitikai vizsgálatával az egykori népesség táplálkozására vonatkozóan jutottunk adatokhoz. Orosháza-Bónum, Faluhely esetében, ahol a temetési melléklet nélkülinek tekinthető sírok miatt közvetlen régészeti datálás nem lehetséges, relatív betemetési sorrendet állapítottunk meg nyomelem-analitikai vizsgálatokkal, és folyamatban van a temető tényleges korának megállapítása radiokarbon mérésekkel. Orosháza-Bónum, Faluhely bioantropológiai leletei esetében az előzetes $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ izotóparányok arra utalnak, hogy az egykori népesség egy része más földrajzi környezetből érkezett arra a helyre, ahol eltemették.

A hazai múmiakutatásban elsőként alkalmaztunk LA-ICP-MS technikát hajszálak nyomelem-analitikai vizsgálatára. Előzetes tanulmány keretében méréseket valósítottunk meg a váci múmia-együttes néhány tagjának hajszálain, az adatokat a fennmaradt írásos emlékek és az interdiszciplináris múmiakutatás eredményeinek szempontjából is elemeztük.

Kutatásaink egy része jelenleg is folyamatban van, illetve tervezzük az egyes vizsgálatokba bevont minták számának növelését, hogy minél árnyaltabb képet kaphassunk a mintákról, illetve a folyadék-szcintillációs technikával nyert radiokarbon adatok pontosítására új mintavételt és párhuzamos laborban történő méréseket is tervezünk. Orosháza-Bónum, Faluhely melléklet nélkülinek tekinthető sírjai esetében fontos lenne a radiokarbon kormeghatározás által megadott időintervallum szűkítése és közelítése a falu elpusztulásának (tatárjárás alatti) időpontjához. Nyomelem-analitikai eredményeink jól illeszkednek a falu területén megfigyelt régészeti jelenségekhez.

A $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ és ^{14}C izotópmérések révén bekapcsolódhattunk azokba a nemzetközi trendekbe, amelyek forradalmasították a népességek vándorlásának kutatását és a biológiai antropológiai leletek kormeghatározását, és napjainkban is élénken foglalkoztatják a régésztársadalmat és a történeti embertannal foglalkozókat. Az elmúlt évtizedekben kevés magyar nyomelem-analitikai tanulmány született ásatag csontok vizsgálatából, jóllehet kutatásaink is igazolják, a kémiai antropológiai kutatások nem csak komplementerek, hanem sok esetben elengedhetetlenek egy-egy lelet vagy temetkezés komplex értékeléséhez.

Új kutatási irányként egyrészt fogzománcból származó minták ICP-MS nyomelem-analitikai vizsgálatát tervezzük az SZTE TTIK Szervetlen és Analitikai Kémiai Tanszékén, másrészt a Quinnipiac University-vel (USA) közösen C, N és O stabil izotópok mérésével szeretnénk új adatokat szolgáltatni az Árpád-kori muszlim éntrend témaköréhez.

Felhasznált irodalom

Alekszejev, V.P., Debec, G.F. (1964): *Kraniometria. Metodika antropologicseskij isszledovanii*. Izd. Nauka, Moszkva.

- Allentoft, M.E., Sikora, M., Sjögren, K.G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Hajdu, T., Paja, L., Pálfi, Gy., Nielsen, R., Kristiansen, K., Willerslev, E. (2015): Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522(7555): 167–172. DOI: [10.1038/nature14507](https://doi.org/10.1038/nature14507)
- Aufderheide, A.C., Rodríguez-Martin, C. (1998): *The Cambridge Encyclopedia of Human Pathology*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Balázs, J., Bereczki, Zs., Bencsik, A., V. Székely, Gy., Paja, L., Molnár, E., Fogl, Á., Galbács, G., Pálfi, Gy. (2016): Partial mummification and extraordinary context observed in perinate burials: a complex osteoarcheological study applying ICP-AES, μ XRF, and macromorphological methods. *Archaeological and Anthropological Sciences, megjelenés alatt*. DOI: [10.1007/s12520-016-0391-3](https://doi.org/10.1007/s12520-016-0391-3)
- Balázs, J., Bölkei, Z. (2006): Cserépedénybe temetett, réz által konzervált, részlegesen mumifikálódott magzat. *Ethnographia*, 117(3): 283–286.
- Balázs, J., Bölkei, Z., V. Székely, Gy. (2005): A Nyárlőrinc Hangár utcai széria embertani feldolgozásának eredményei. *Cumania*, 21: 57–82.
- Balázs, J., Lovász, G. (2016): Orosháza 10. lelőhely a biológiai távolságszámítások tükrében. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 15: 27–35.
- Balázs, J., Marcsik, A., Rózsa, Z. (2015a): Adatok az Árpád-kori Orosháza paleopatológiájához: a lepra. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 13: 49–57.
- Balázs, J., Zádori, P.G., Vandulek, Cs., Molnár, E., Ósz, B., Bereczki, Zs., Paja, L., Palkó, A., Fogas, O., Zink, A., Nerlich, A., Pálfi, Gy. (2015b): Morphological and paleoradiological studies of Pott's disease cases. *Acta Biologica Szegediensis*, 59(2): 211–216.
- Balogh, Cs., Balázs, J., Kálomista, I., Galbács, G. (2015): Előzetes nyomelemmérési eredmények Orosháza, Bónum, Faluhely régészeti lelőhelyről. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 13: 58–63.
- Boros-Major, A., Bona, A., Lovász, G., Molnár, E., Marcsik, A., Pálfi, Gy., Márk, L. (2011): New perspectives in biomolecular paleopathology of ancient tuberculosis: a proteomic approach. *Journal of Archeological Science*, 38: 197–201. DOI: [10.1016/j.jas.2010.09.008](https://doi.org/10.1016/j.jas.2010.09.008)
- Carvalho, M.L., Casaca, C., Pinheiro, T., Marques, J.P., Chevallier, P., Cunha, A.S. (2000): Analysis of human teeth and bones from the chalcolithic period by X-ray spectrometry. *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research Section B*, 168: 559–565. DOI: [10.1016/S0168-583X\(00\)00049-5](https://doi.org/10.1016/S0168-583X(00)00049-5)
- Chan, J.Z., Sergeant, M.J., Lee, O.Y., Minnikin, D.E., Besra, G.S., Pap, I., Spigelman, M., Donoghue, H.D., Pallen, M.J. (2013): Metagenomic analysis of tuberculosis in a mummy. *The New England Journal of Medicine*, 369(16): 1572. DOI: [10.1056/NEJMc1302295](https://doi.org/10.1056/NEJMc1302295)
- Chhem, R.K., Brothwell, D.R. (2008): *Paleoradiology. Imaging Mummies and Fossils*. Springer – Verlag, Berlin – Heidelberg.
- Cockburn, A., Cockburn, E., Reyman, T.A. (1998): *Mummies, Disease & Ancient Cultures*. Second editon. Cambridge University Press, Cambridge.
- Degryse, P., Muchez, P., De Cupere, B., Van Neer, W., Waelkens, M. (2004): Statistical treatment of trace element data from modern and ancient animal bone: evaluation of roman and byzantine environmental pollution. *Analytical Letters*, 37(13): 2819–2834. DOI: [10.1081/AL-200032082](https://doi.org/10.1081/AL-200032082)
- Donoghue, H.D., Marcsik, A., Matheson, C., Vernon, K., Nuorala, E., Molto, J.E., Greenblatt, C.L., Spigelman, M. (2005): Co-infection of Mycobacterium tuberculosis and Mycobacterium leprae in human archaeological samples: a possible explanation for the historical decline of leprosy. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 272: 389–394. DOI: [10.1098/rspb.2004.2966](https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2966)
- Dömötör, T. (1990): Temetkezési szokások. In: Hoppál, M. (szerk.) *Magyar Néprajz VII: népszokás, néphit, népi vallásosság*. Akadémiai Kiadó, Budapest.
- Éry, K., Kralovszky, A., Nemeskéri, J. (1963): Történeti népségek rekonstrukciójának reprezentációja. *Anthropologiai Közlemények*, 7: 41–90.
- Finnegan, M., Marcsik, A. (1979): A non-metric examination of relationship between osteological remains from Hungary representing populations of Avar period. *Acta Biologica Szegediensis*, 25: 97–118.

- Gernaey, A.M., Minnikin, D.E., Copley, M.S., Power, J.J., Dixon, R.A., Middleton, J.C., Roberts, C.A. (2001): Mycolic acids and ancient DNA confirm an osteological diagnosis of tuberculosis. *Tuberculosis*, 81: 259–265. DOI: [10.1054/tube.2001.0295](https://doi.org/10.1054/tube.2001.0295)
- Giblin, J.I. (2011): *Isotope Analysis on the Great Hungarian Plain: an Exploration of Mobility and Subsistence Strategies from the Neolithic to the Copper Age. Doctoral dissertation.* The Ohio State University, Columbus.
- Haas, C.J., Zink, A., Molnár, E., Szeimiesz, U., Reischl, U., Marcsik, A., Ardagna, Y., Dutour, O., Pálfi, G., Nerlich, A.G. (2000): Molecular evidence for different stages of tuberculosis in ancient bone samples from Hungary. *American Journal of Physical Anthropology*, 113: 293–304. DOI: [10.1002/1096-8644\(200011\)113:3<293::AID-AJPA2>3.0.CO;2-6](https://doi.org/10.1002/1096-8644(200011)113:3<293::AID-AJPA2>3.0.CO;2-6)
- Işcan, M.Y. (1989, Ed.): *Age markers in the human skeleton.* C. C. Thomas Publisher, Springfield.
- Kłys, M., Lech, T., Zieba-Palus, J., Białka, J. (1999): A chemical and physicochemical study of an Egyptian mummy 'Iset Iri Hetes' from the Ptolemaic period III-I BC. *Forensic Science International*, 99(3): 217–228. DOI: [10.1016/S0379-0738\(98\)00192-3](https://doi.org/10.1016/S0379-0738(98)00192-3)
- Lengyel, I. (1975): *Palaeoserology. Blood Typing with the Fluorescent Antibody Method.* Akadémiai kiadó, Budapest.
- Lengyel, I., Nemeskéri, J. (1963): Application of biochemical methods to biological reconstruction. *Zeitschrift für Morphologie und Anthropologie*, 54: 1–56.
- Lengyel, I., Nemeskéri, J. (1964): A csontvázletek dekompozíciójáról. *Anthropologiai Közlemények*, 8(3–4): 69–82.
- Lipták, P., Farkas, Gy. (1962): Anthropological analysis of the Arpadian Age population of Orosháza-Rákóczi-telep. *Acta Universitatis Szegediensis Acta Biologica*, VIII(1–4): 221–236.
- Martin, R., Saller, K. (1957): *Lehrbuch der Anthropologie I-II.* Fischer Verlag, Stuttgart.
- Madgwick, R., Broderick, L.G. (2016): Special Issue on Taphonomies of Trajectory: Studies on the Movement of Bones. *Archaeological and Anthropological Sciences*, 8(2): 223–358. DOI: [10.1007/s12520-015-0287-7](https://doi.org/10.1007/s12520-015-0287-7)
- Márk, L. (2006): *A csontkémiai vizsgálatok jelentősége és alkalmazása a történeti és igazságügyi antropológiában. PhD disszertáció.* Pécsi Tudományegyetem, Általános Orvostudományi Kar, Pécs.
- Nemeskéri, J., Harsányi, L., Acsádi, Gy. (1960): Methoden zur Diagnose des Lebensalters von Skelettfunden. *Anthropologischer Anzeiger*, 24: 70–95.
- Nemeskéri, J., Lengyel, I. (1963): Újabb biológiai módszerek a történeti népeiségek rekonstrukciójában. *Magyar Tudományos Akadémia Biológiai Tudományok Osztályának Közleményei*, 6(3–4): 334–357.
- Ortner, D.J. (2003): Infectious disease: Tuberculosis and Leprosy. In: Donald, J.O. (Ed.) *Identification of pathological conditions in Human Skeletal Remains*, Second edition. Academic Press, San Diego.
- Ortner, D.J., Putschar, W.G.J. (1981): *Identification of Pathological Conditions in Human Skeletal Remains.* Smithsonian Contributions to Anthropology 28. Smithsonian Institution Press, Washington.
- Pääbo, S. (1985): Molecular Cloning of Ancient Egyptian Mummy DNA. *Nature*, 314: 644–645.
- Pap, I., Susa, É., Józsa, L. (1997): Mummies from the 18th–19th century Dominican Church of Vác, Hungary. *Acta Biologica Szegediensis*, 42: 107–112.
- Pálfi, Gy., Dutour, O., Deák, J., Hutás, I. (1999, Szerk.): *Tuberculosis: Past and Present.* TB Foundation – Golden Book Publisher, Szeged – Budapest.
- Pálfi, Gy., Dutour, O., Perrin, P., Sola, C., Zink, A. (2015): Tuberculosis in Evolution. *Tuberculosis*, 95: S1–S3. DOI: [10.1016/j.tube.2015.04.007](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.04.007)
- Rózsa, Z., Balázs, J. (2011): Az ősi Gádoros titkai. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 2: 5–19.
- Rózsa, Z., Balázs, J., Csányi, V., Tugya, B. (2014): Árpád-kori muszlim telep és temetője Orosházán. *Magyar Régészet Online Magazin 2014 Ősz*, http://www.magyarregeszt.hu/wp-content/uploads/2014/10/rozsa_H14O.pdf

- Rózsa, Z., Lichtenstein, L., Marcsik, A. (2012): A „temetőárok” tanúságai. Árpád-kori temető Nagyszénás Vaskapu lelőhelyen. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 5: 3–13.
- Selmecei, L. (1992): Régészeti-néprajzi tanulmányok a jászokról és a kunokról. *Folklór és Etnográfia*, 64: 227–239.
- Schultz, M. (2003): Light Microscopic Analysis in Skeletal Paleopathology. In: Ortner, D.J. (Ed.) *Identification of Pathological Conditions in Human Skeletal Remains*. Academic Press, San Diego.
- Sjøvold, T. (1990): Estimation of stature from long bones utilizing the line of organic correlation. *Human Evolution*, 5: 431–447.
- Stloukal, M., Hanáková, H. (1978): Die Lange der Langsknochen altslawischer Bevölkerungen unter besonderer Berücksichtigung von Wachstumsfragen. *Homo*, 29: 53–69.
- Svingor, É. (2012): A C-14 kormeghatározás alapjai és problémái. *Archeometriai Műhely*, 2012(3): 135–146.
- Wilson, A.S. (2005): Hair as a Biosurence in Archaeological Study. In: Tobin D.J. (Ed.) *Hair in Toxicology. An Important Bio-monitor*. The Royal Society of Chemistry, Cambridge.
- Zink, A.R., Sola, C., Reischl, U., Grabner, W., Rastogi, N., Wolf, H., Nerlich, A.G. (2003): Characterization of Mycobacterium tuberculosis complex DNAs from Egyptian mummies by spoligotyping. *Journal of Clinical Microbiology*, 41(1): 359–367. DOI: [10.1128/JCM.41.1.359-367.2003](https://doi.org/10.1128/JCM.41.1.359-367.2003)
- Zlateva, B., Djingova, R., Kuleff, I. (2003): On the possibilities of ICP-AES for analysis of archaeological bones. *Central European Journal of Chemistry*, 1(3): 201–221. DOI: [10.2478/BF02476224](https://doi.org/10.2478/BF02476224)

A doktori értekezéshez kapcsolódó, referált, impakt faktoralal rendelkező folyóiratokban megjelent szakkikkek

- Balázs, J., Bereczki, Zs., Bencsik, A., V. Székely, Gy., Paja, L., Molnár, E., Fogl, Á., Galbács, G., Pálfi, Gy. (2016): Partial mummification and extraordinary context observed in perinate burials: a complex osteoarcheological study applying ICP-AES, μ XRF, and macromorphological methods. *Archaeological and Anthropological Sciences, megjelenés alatt*. DOI: [10.1007/s12520-016-0391-3](https://doi.org/10.1007/s12520-016-0391-3)
- Pálfi, Gy., Maixner, F., Maczel, M., Molnár, E., Pósa, A., Kristóf, L.A., Balázs, J., Masson, M., Paja, L., Palkó, A., Szentgyörgyi, R., Nerlich, A., Zink, A., Dutour, O. (2015): Unusual spinal tuberculosis in an Avar Age skeleton (Csongrád-Felgyő, Ürmös-tanya, Hungary): a morphological and biomolecular study. *Tuberculosis*, 95(1): S29–S34. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.033](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.033)

A doktori értekezéshez kapcsolódó további publikációk

- Balázs, J. (2008): Data to the analysis of paleopathology of the Medieval Age in the regions between the Danube and Tisza rivers (preliminary report). *Acta Biologica Szegediensis*, 52(2): 333–334.
- Balázs, J., Bölkei, Z. (2006): Cserépedénybe temetett, réz által konzervált, részlegesen mumifikálódott magzat. *Ethnographia*, 117(3): 283–286.
- Balázs, J., Bölkei, Z., V. Székely, Gy. (2005): A Nyárlőrinc Hangár utcai széria embertani feldolgozásának eredményei. *Cumania*, 21: 57–82.
- Balázs, J., Lovász, G. (2016): Orosháza 10. lelőhely a biológiai távolságszámítások tükrében. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 15: 27–35.
- Balázs, J., Marcsik, A., Rózsa, Z. (2015): Adatok az Árpád-kori Orosháza paleopatológiájához: a lepra. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 13: 49–57.
- Balázs, J., Zádori, P.G., Vandulek, Cs., Molnár, E., Ósz, B., Bereczki, Zs., Paja, L., Palkó, A., Fogas, O., Zink, A., Nerlich, A., Pálfi, Gy. (2015): Morphological and paleoradiological studies of Pott's disease cases. *Acta Biologica Szegediensis*, 59(2): 211–216.

- Balogh, Cs., Balázs, J., Kálomista, I., Galbács, G. (2015): Előzetes nyomelemmérési eredmények Orosháza, Bónum, Faluhely régészeti lelőhelyről. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 13: 58–63.
- Bölkei, Z., Balázs, J. (2005): Mumifikálódott magzat cserépben. *Élet és Tudomány*, 60(28): 878–879.
- Langó, P., Balázs, J., Lichtenstein, L., Rózsa, Z., Marcsik, A. (2017): 10. századi sírok Nagyszénás-Szabó Ferenc tanyája lelőhelyről – megjegyzések a Honfoglalás kori harci sérülésekről. *Hadak útján*, XXIV: 351–376.
- Pálfi, Gy., Spekker, O., Marcsik, A., Paja, L., Balázs, J., Maixner, F., Zink, A., Palkó, A., Dutour, O., Donoghue, H.D., Y-C. Lee, O., Wu, H.H.T., Besra, G.S., Minnikin, D.E., Bull, I.D., Llewellyne, G., Williams, C.M., Nerlich, A., Molnár, E. (2016): Tuberculosis paleopathology research in the Szeged Anthropological Collection: New data from the Avar Age. In: Gál, S.S. (Ed.) *The Talking Dead - New results from Central- and Eastern European Osteoarchaeology: Proceedings of the First International Conference of the Török Aurél Anthropological Association from Târgu Mureş*. Mega Publishing House, Cluj-Napoca. pp. 79–105.
- Rózsa, Z., Balázs, J. (2011): Az ősi Gádoros titkai. *Mozaikok Orosháza és Vidéke Múltjából*, 2: 5–19.
- Rózsa, Z., Balázs, J., Csányi, V., Tugya, B. (2014): Árpád-kori muszlim telep és temetője Orosházán. *Magyar Régészet Online Magazin 2014 Ősz*, http://www.magyarregeszet.hu/wp-content/uploads/2014/10/rozsa_H14O.pdf

Levelezési cím: Balázs János
Mailing address: Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar
Embortani Tanszék
Közép fasor 52.
H-6726 Szeged
Hungary
janos.balazs@gmail.com

HONFOGLALÓK SZÁRMAZÁSÁNAK ÉS ROKONSÁGI VISZONYAINAK VIZSGÁLATA ARCHAEOGENETIKAI MÓDSZEREKKEL

Neparáczi Endre

Szegedi Tudományegyetem, Genetikai Tanszék, Szeged
Témavezetők: Dr. Török Tibor és Dr. Pálfi György

Neparaczi E.: Archeogenetic analysis of the origin and genetic relations of the Hungarian conquerors. *In the last few decades genetic analysis has been playing an increasing role in tracing the origin and relation of human populations. DNA sequences isolated from ancient human remains can be used, to unravel ancestor-descendant relationships between populations and reconstruct population history.*

In our research we successfully optimized ancient DNA extraction methods and adapted the latest haplotyping methods. We complemented the traditional PCR based HVR sequencing method with the SNaPshot assay, which is used to determine 22 haplotype defining SNP-s in the mtDNA coding region. In the case of bone samples with best DNA preservation the same method could also be used to determine the paternal (Y chromosome) haplogroup.

In the last few years the next generation sequencing method (NGS) has revolutionized the aDNA field, by providing reliable high quality sequence reads, and enabling to sequence even whole ancient genomes. Recently we have adapted the NGS method in our lab (Archoegenetic Laboratory, University of Szeged) and sequenced whole mtDNA genomes from a large number of Hungarian conqueror samples. Some 40% of the conquerors had East-Central Asian origin, other 60% of the samples had best matches with modern people from Europe.

Keywords: Ancient DNA; Hungarian Conquerors; Next Generation Sequencing; DNA Sequence Analysis.

Kutatási előzmények

A népcsoportok rokonsági és leszármazási viszonyainak vizsgálatában az utóbbi évtizedekben egyre nagyobb szerepet játszanak a genetikai vizsgálatok, amelyek kezdetben ma élő emberekre korlátozódtak. A mai adatokból azonban csak közvetett módon következtethetünk az egykori őseinkre. Ezzel szemben a közelmúltban megjelent új tudományág, a régészeti genetika vagy archeogenetika közvetlen adatokkal szolgál, vagy bármely ősi népesség, például a honfoglalók származásáról, rokonsági viszonyairól.

A hazai régészeti genetikai kutatások 2000-ben kezdődtek a Szegedi Biológiai Központban, Raskó István kutatócsoportjában. Itthon nekik sikerült először ásatag DNS-t izolálniuk, és mtDNS haplotipizálási módszert kidolgozniuk (Tömöry és mtsai 2007). Vizsgálták a kunok eredetét, a magyar nyelvű populációk és a honfoglalók lehetséges genetikai kapcsolatait és néhány honfoglaló mintán Y-kromoszómás vizsgálatot (Tat) is végeztek (Csányi és mtsai 2008).

Munkánk során sikerrel optimalizáltuk az ásatag DNS izolálásának módszerét, és adaptáltuk a legújabb haplotipizálási módszereket. Rutinra tettünk szert az ásatag csontokból izolált mitokondriális DNS haplotípusának meghatározásában, amelynek

során a szokásos HVR szakaszok szekvenálását kiegészítettük a kódoló szakaszok SNP haplotípus meghatározásával a SNaPshot technika alkalmazásával (Salas és mtsai 2005). Ugyanezen módszerrel a jobb megtartású csontokból, meg tudtuk határozni az apai ág (Y kromoszóma) haplocsoportját is (Neparáczi és mtsai 2016).

Az archeogenetikai kutatások területét az utóbbi néhány évben forradalmasította az újgenerációs szekvenálás (NGS) módszer alkalmazása (Templeton és mtsai 2013). A laborunkban az elmúlt években elsajátítottuk az NGS könyvtár készítés módszerét (Neparáczi és mtsai 2017). A beállított módszerekkel célul tűztük ki a honfoglaláskori minták nagyfelbontású genetikai vizsgálatának elvégzését egy kellően reprezentatív mintaszámon. Célunk volt néhány temető teljes anyagának vizsgálata, amely összehasonlítás alapul szolgálhat a további temetőkből és korszakokból később elvégzendő vizsgálatok számára, továbbá felderíthetők a temetőn belüli és temetők közötti rokonsági viszonyok is.

Alkalmazott módszerek

Az archeogenetikai vizsgálatokhoz kiválasztott leletekből a tömör csontokból, foggyökérből és sziklacsonokból vettünk mintát. Ezekből csontport kellett készíteni; munkánk kezdeti szakaszában adaptáltunk egy kéziszerszámmal működő speciális csontporítási eljárást (Benoit és mtsai 2013), majd újabban áttértünk a malmos csontporításra.

Az ásatag DNS extrakció során több módszert is kidolgoztunk és összehasonlítottunk, ezzel az ásatag DNS kivonás metodikáját optimalizálva (Rohland és Hofreiter 2007). A munkánk első felében PCR amplifikálás után Sanger szekvenálással határoztuk meg a mitokondrium genom hipervariábilis régiójának szekvencia sorrendjét. Ezt a SNaPshot assay alkalmazásával egészítettük ki, amivel a kódoló régióban található, fontosabb SNP-eket is meghatároztuk. Ezt a módszert Y kromoszómás markerek meghatározására is sikeresen adaptáltuk. A rokonsági kapcsolatok eldöntésére STR analízist végeztünk.

A disszertáció második felében az új generációs szekvenálás módszertanára tértünk át. Ehhez az ásatag DNS kivonatokból könyvtárakat készítettünk, amelyekből a minket érdeklő genom részeket dúsítás után szekvenáltuk meg. Az így kapott mitokondrium genomok (anyai vonalak) földrajzi származási helyét filogenetikával határoztuk meg.

Vizsgálati eredmények és következtetések

Első kísérleteinkben a Karos-III. temető 19 sírjának 17 leletéből tudtunk sikeresen mtDNS-t kivonni, és meghatározni az egyének anyai haplotípusát, a teljes HVR-I és a részleges HVR-II szakasz szekvenálásával, illetve a kódoló régió 22 SNP pontjának a meghatározásával (Neparáczi és mtsai 2016). A 17 minta 7 fő haplocsoportba és 13 haplotípusba volt sorolható.

Haplocsoport megoszlása alapján ezen karosi populáció ősi európai és ősi ázsiai eredetű populációk keveredéséből származhatott. A populációgenetikai eredmények arra utaltak, hogy ez a keveredés valószínűleg i.e. 2000–700 táján, a bronzkor végén történhetett az Andronovo kultúra területén (mai Kazahsztán), mert a vizsgált populáció az innen származó ősi populációkkal és ma itt található modern populációkkal mutatta a leghasonlóbb haplocsoport megoszlást. A haplotípusok egy része arra utalt, hogy a karosi honfoglalók ősei innen nyugat felé vándorolva további európai genetikai elemekkel keveredtek. Fontos hangsúlyozni, hogy a karosi populáció egy része biztosan nem

származhatott Ázsiából, mivel a bennük kimutatott X2f és a H5 mitokondriális haplocsoportok valamint az I2a és R1b1b Y haplocsoportok szinte teljesen hiányoznak erről a területről. Adataink alapján a karosiak végső összetétele valahol a kelet-európai sztyeppén alakulhatott ki, és az X2f, H5 haplocsoportok elterjedtsége, valamint a T1a és J haplocsoportok gyakorisági adatai alapján arra következtettünk, hogy az ázsiai eredetű populációkkal keveredő népségek egy része a Kaukázus vidékéről származhatott.

Kísérleteink második felében már dúsítással kombinált újgenerációs szekvenálással dolgoztunk, és ennek eredményeképp a Karos-I temetőből 11, a Karos-II temetőből 44, a Karos-III temetőből 18, a Sárrétudvari-Hízóföld temetőből 6, a Kenézlő-Fazekaszug-II temetőből 4, a Szegvár-Oromdülő temetőből 2 és a Magyarhomoróg, Orosháza-Görbiczstanya, Szabadkígyós-Pálliiget, Harta-Freifelt temetőkből 1–1 minta mtDNS genom szekvenciáját határoztuk meg. Ez a 89 minta tehát 3 temető csaknem teljes anyagát tartalmazza, ami nagyon reprezentatív mintaszámot jelent, a többi temetőből származó néhány minta eredményéből pedig arra tudunk következtetni, hogy azok mennyiben hasonlítanak, vagy térnek el a karosi eredményektől. Ezen nagy mintaszámú nagyfelbontású adatok alapján már nagy biztonsággal körvonalazható a honfoglalók származása.

Azonos mitokondrium genommal rendelkeznek, vagyis anyai ágon testvérek vagy unokatestvérek lehetnek a következő egyének: Karos-I/1-Karos-I/2, a Karos-I/3-Karos-I/5, a Karos-I/10-Karos-I/38, a Karos-II/9-Karos-II/60-Kenézlő-Fazekaszug-II/1027-Kenézlő-Fazekaszug-II/1045, a Karos-II/16-Karos-II/54, a Karos-II/21-Karos-II/22, a Karos-II/31-Szabadkígyós-Pálliiget/7/anc4, a Karos-II/52-Karos-III/11 (vezérek), a Karos-III/5-Karos-III/6, a Karos-III/7-Karos-III/8-Karos-III/9, a Karos-III/18-Karos-III/19. Ezek a rokonsági viszonyok arra utalnak, hogy a 3 karosi temető népessége egymástól markánsan elkülönül, az egyes temetőkön belül vannak rokonok, de temetők között csak a vezérek testvérek. Meglepő módon azonban a többi temetőkből vett kis mintaszám ellenére is több valószínű közvetlen rokont találtunk az egyes karosi egyének és egyéb temetőkből származó egyének között. A temetők közötti rokonok hiánya, valamint a markánsan eltérő haplocsoport összetétel arra utal, hogy Karoson 3 hasonló összetételű, de eltérő azonosságtudatú törzs telepedett le. Ha ehhez hozzávesszük, hogy a távoli temetők között viszont az azonos mtDNS genomok alapján közvetlen rokonok valószínűsíthetők, az a következtetés adódik, hogy a Kárpát-medence elfoglalását követően az egyes törzsek megosztották, tagjaikat széttelepítették, és az egyes területekre különböző törzsek töredékeit telepíthették egymás mellé.

Összegzés

Kísérleteinket a nemzetközi követelménynek megfelelő ásatag DNS laborban végeztük az archaikus DNS izolálás és szekvencia analízis legmodernebb módszereivel. Ez kezdetben az mtDNS HVR régió szekvenálásával, és 22 mtDNS kódoló régióban elhelyezkedő SNP vizsgálatával (GenoCoRe22) történt, amely munkánk kezdetekor a legjobb módszernek számított. A PCR alapú módszerrel az Y kromoszóma esetében kizárólag azt a 25 SNP-t vizsgáltunk (GenoY25), amelyek a főcsoport besorolásához szükségesek. Ezt a metodikát Magyarországon először nekünk sikerült alkalmazni, ez a ún. klasszikus módszer legfejlettebb változata az archeogenetika területén.

A továbbiakban is igyekeztünk lépést tartani a szakterület élvonalával, ezért áttértünk a dúsítással kombinált újgenerációs szekvenálásra. Első NGS munkáinkban újvizsgáltunk korábbi mintákat, és demonstráltuk a klasszikus és NGS módszer

minősége közti különbséget. Kimutattuk, hogy az új generációs szekvenálással kapott eredmények tökéletesen megbízhatók, míg a PCR alapú haplotípus eredmények meglehetősen megbízhatatlanok.

További NGS szekvenálásokkal kibővítettük a honfoglaló leletekből készített teljes mitokondrium genom gyűjteményünket reprezentatív mennyiségűre (n=89). Ezt követően minden egyes lelet filogenetikai leszármazását meghatároztuk, amiből azt kaptuk, hogy a honfoglalók anyai ágon nagyrészt két különböző, jól körvonalazható földrajzi területről származtak: Kelet-Ázsiából és Észak-Nyugat-Európából, továbbá egy kis részük a Kaukázus régióból és Közel-Keletről.

Felhasznált irodalom

- Benoit, J.-N., Quatrehomme, G., Carle, G., Pognonec, P. (2013): An alternative procedure for extraction of DNA from ancient and weathered bone fragments. *Medicine, Science and the Law*, 53: 100–106. DOI: [10.1258/msl.2012.012026](https://doi.org/10.1258/msl.2012.012026)
- Csányi, B., Bogácsi-Szabo, E., Tömöry, G., Czibula, Á., Priskin, K., Csósz, A., Mende, B., Langó, P., Csete, K., Zsolnai, A., Conant, E.K., Downes, C.S., Raskó, I. (2008): Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *Annals of Human Genetics*, 72: 519–534. DOI: [10.1111/j.1469-1809.2008.00440.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2008.00440.x)
- Neparáczi, E., Juhász, Z., Pamjav, H., Fehér, T., Csányi, B., Zink, A., Maixner, F., Pálfi, Gy., Molnár, E., Pap, I., Kustár, Á., Révész, L., Raskó, I., Török, T. (2016): Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. *Molecular Genetics and Genomics*, 292(1): 201–214. DOI: [10.1007/s00438-016-1267-z](https://doi.org/10.1007/s00438-016-1267-z)
- Neparáczi, E., Kocsy, K., Tóth, G.E., Maróti, Z., Kalmár, T., Bihari, P., Nagy, I., Pálfi, Gy., Molnár, E., Raskó, I., Török, T. (2017): Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *PLoS One*, 12: e0174886. DOI: [10.1371/journal.pone.0174886](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886)
- Rohland, N., Hofreiter, M. (2007): Ancient DNA extraction from bones and teeth. *Nature Protocols*, 2: 1756–1762. DOI: [10.1038/nprot.2007.247](https://doi.org/10.1038/nprot.2007.247)
- Salas, A., Quintáns, B., Álvarez-Iglesias, V. (2005): SNaPshot Typing of Mitochondrial DNA Coding Region Variants. In: Goodwin, W. (Ed.) *Forensic DNA Typing Protocols*. Springer, Jena. pp. 197–208.
- Templeton, J.E.L., Brotherton, P.M., Llamas, B., Soubrier, J., Haak, W., Cooper, A., Austin, J.J. (2013): DNA capture and next-generation sequencing can recover whole mitochondrial genomes from highly degraded samples for human identification. *Investigative Genetics*, 4: 26–29. DOI: [10.1186/2041-2223-4-26](https://doi.org/10.1186/2041-2223-4-26)
- Tömöry, G., Csányi, B., Bogácsi-Szabó, E., Kalmár, T., Czibula, Á., Csósz, A., Priskin, K., Mende, B., Langó, P., Downes, C.S., Raskó, I. (2007): Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134: 354–368. DOI: [10.1002/ajpa.20677](https://doi.org/10.1002/ajpa.20677)

A doktori értekezéshez kapcsolódó, referált, impakt faktoral rendelkező folyóiratokban megjelent szócikkek

- Neparáczi, E., Kocsy, K., Tóth, G.E., Maróti, Z., Kalmár, T., Bihari, P., Nagy, I., Pálfi, Gy., Molnár, E., Raskó, I., Török, T. (2017): Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *PLoS One*, 12(4): e0174886. DOI: [10.1371/journal.pone.0174886](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886). 2017

Neparácski, E., Juhász, Z., Pamjav, H., Fehér, T., Csányi, B., Zink, A., Maixner, F., Pálfi, Gy., Molnár, E., Pap, I., Kustár, Á., Révész, L., Raskó, I., Török, T. (2017): Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. *Molecular Genetics and Genomics*, 292(1): 201–214. DOI: [10.1007/s00438-016-1267-z](https://doi.org/10.1007/s00438-016-1267-z)

Levelezési cím: Neparácski Endre
Mailing address: Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar
Genetikai Tanszék
Közép fasor 52.
H-6726 Szeged
Hungary
endre.neparaczki@gmail.com

A MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS KOMPLEX ARCHAIKUS DNS KIMUTATÁSA HUMÁN CSONTVÁZMARADVÁNYOKON

Pósa Annamária

Szegedi Tudományegyetem, Embertani Tanszék, Szeged
Témavezetők: Dr. Pálfi György és Dr. Mende Balázs Gusztáv

Pósa A.: *Mycobacterium tuberculosis complex ancient DNA demonstration from human bone remains.* Tuberculosis (TB) is one of the oldest diseases and still has a high prevalence nowadays. The disease is pandemic, according to the estimation of the WHO 30% of total population of the world may be infected latently by *Mycobacterium tuberculosis*.

Since the 1990s the identification of *Mycobacterium tuberculosis* infection has used molecular methods, too. Paleomicrobial research is also able to identify mycobacterial DNA from ancient human remains.

In my examination I researched six historical periods for TB infection, the earliest period is Neolithic, a few samples from Tápé-Széntégláégető archaeological site, which is a late Bronze Age (BC 14th–13rd century) cemetery, Avar Age samples (Szeged-Kiskundorozsma Kettőshatár II. (Grave No. 263 and Csárdaszállás-Hanzélytanya) are from the age of the Árpáadian Dynasty. The skeletal material came from the Bácsalmás-Óalmás archeological site (AD 16th–17th centuries, southern Hungary) and the remains of Sándor Terézia from the Dominican church of Vác (AD 18th–19th centuries).

During our research program we successfully adopted long standing paleomicrobiological techniques on the indigenous samples, and the TB infection was confirmed in four different ages. Our studies prove that this disease has accompanied the human population during its history – for 7000 years at least. The presence of tuberculosis has been proved in Hungary since the Neolithic, that is why it would be an interesting research topic if we could analyse more earlier periods in the near future. My research has revealed that the preservation of mycobacterial DNA is much more extensive in the case of long bones and teeth, than in the case of vertebrae or ribs. At the same time, data gained indicate the importance of the selection of the sample, as well as parallel sampling individually from long bones and teeth.

Keywords: aDNA; *Mycobacterium tuberculosis*; Paleomicrobiology.

Bevezetés

A tuberkulózis (TBC) az egyik legrégebbi fertőző betegség, a megbetegedések száma napjainkban is nagy méreteket ölt (Ortner 2003, Gutierrez és mtsai 2005, Hershkovitz és mtsai 2008, Donoghue 2009, Baker és mtsai 2015, Donoghue és mtsai 2015, Pálfi és mtsai 2015). A tuberkulózis pandémiás megjelenésű, a Föld lakosságának egyharmada látens *Mycobacterium tuberculosis* hordozó lehet, ami tovább növeli a TBC kutatás jelentőségét.

Sokáig úgy tartották, hogy a *M. tuberculosis* a *Mycobacterium bovis*-ből alakult ki, a szarvasmarhafélék domesztikációja révén, s fertőzte meg az emberi populációkat (pl.: Cockburn 1963, Ortner 1999). Ez a hipotézis egészen a kétezres évek elejéig tartotta magát, ekkor a molekuláris genetikai kutatások több tanulmányban is rávilágítottak arra,

hogy a *Mycobacterium tuberculosis* ősbibb változat, mint a *M. bovis* (pl.: Brosch 2002, Filliol és mtsai 2006, Hershberg és mtsai 2008). Az is valószínűsíthető, hogy a *Mycobacterium tuberculosis* komplex (MTBC) tagjai egy közös őstől, a *Mycobacterium prototuberculosis*-tól származnak (Brosch és mtsai 2002), amely együtt evolválódhatott az emberiséggel (Camus és mtsai 2002, Gutierrez és mtsai 2005, Brisse és mtsai 2006, Wirth és mtsai 2008, Comas és mtsai 2013, Weber 2013, Boritsch és mtsai 2014, Bos és mtsai 2014, Donoghue 2017).

A humán tuberkulózis paleopatológiai kutatása gazdag előzményekre támaszkodik: a múlt században nagy számban írták le a betegség tipikus megnyilvánulásait régen élt népeiségek emberi csontmaradványain (pl.: Bartels 1907, Steinbock 1976, Ortner 1999, 2003, Pálfi és mtsai 1999). Az első tanulmányt, amely DNS-alapú molekuláris (paleomikrobiológiai) alapon, archaikus csontmaradványokból mutatta ki a *M. tuberculosis*-t, 1993-ban publikálták (Spiegelman és Lemma 1993), amelyet nagyszámú további publikáció követett (pl.: Nerlich és mtsai 1997, Zink és mtsai 2001, Donoghue 2009, Donoghue és mtsai 2017). Az utóbbi évtizedekben morfológiai alapon több „korai” vagy „atípusos” TBC fertőzései formát azonosítottak, az archaikus DNS-vizsgálatok pozitív eredményei pedig bizonyították, hogy a paleomikrobiológiai diagnosztika az ilyen esetek azonosítására is megbízhatóan használható (Haas és mtsai 2000).

Az elmúlt két évtizedben különböző emberi maradványokat használtak mintaként a MTB archaikus DNS kutatása során. Az újabb kutatások azt igazolták, hogy a hosszú csontok kompakt szövete mellett a fogak is alkalmasak lehetnek a paleomikrobiológiai vizsgálathoz, mivel – intakt fog esetében – a fogbélben található DNS maradványt jól védik a fog külső rétegei (Nguyen Hieu és mtsai 2011).

Célkitűzések

Az archeogenetikai kutatások Magyarországon jelentős múlttal rendelkeznek, azonban a bakterialis DNS detektálása humán maradványokból eddig nem volt jelen a magyarországi vizsgálatok palettáján. Erre eddig csak külföldi laboratóriumok és kizárólag külföldi szakértők bevonásával volt lehetőség.

Mivel Magyarországon nem csekély a morfológiaileg azonosított gümőkórral fertőzött régi esetek száma (pl.: Pálfi és mtsai 1999, Pálfi 2002, Pálfi és Ardagna 2002), fontossá vált, hogy újabb molekuláris vizsgálatokkal is alátámasszuk ezen adatokat.

Doktori kutatásaimban célul tűztem ki:

- a *Mycobacterium tuberculosis* komplex aDNS kinyerési és elemzési technikák elsajátítását külföldi partnerlaboratóriumban, és azok gyakorlati alkalmazását hazai embertani maradványok esetében;

- a baktérium aDNS kinyerése szempontjából optimális anatómiai lokalizációk meghatározását az archaikus csontmaradványokban, elsősorban hosszúcsontok és fogak alkalmazásával;

- a Kárpát-medence több történeti-régészeti korszakában – különösen a TBC paleoepidemiológiája és demográfiai hatása szempontjából kiemelt korszakok esetén – igazolni kívántam a mycobacterialis fertőzések jelenlétét molekuláris biológiai eredményekkel, hogy komplementer vizsgálatként alátámasszam a korábbi morfológiai vizsgálatok eredményeit, és elősegítsem a régen élt népeiségeink komplex biológiai-történelmi rekonstrukcióját;

- az archaikus mycobacterialis fertőzések molekuláris hátterű azonosításának előkészítését Magyarországon, annak érdekében, hogy a későbbiekben hazai

körülmények között is validálni lehessen a külföldön elsajátított korszerű vizsgálati módszereket, és hogy később azokat rutinszerűen alkalmazni lehessen magyarországi minták esetében.

Vizsgálati anyag és módszerek

Paleomikrobiológiai kutatásaimba a tuberkulózis evolúciója, ill. hazai járványtörténete szempontjából fontos, különböző régészeti korszakokból származó emberi maradványokat vontam be. Az összesen hat korszak és az érintett lelőhelyek áttekintése nélkül az eredményeink nem értelmezhetőek, így előbbieket röviden itt ismertetem:

– Alsónyék-Bátaszék 2006–2009 között feltárt prehisztorikus temetőjének jelentőségét az adja, hogy az egyik legrégebbi és legnagyobb közép-európai neolitikori településhez tartozik. A 2359 temetkezés a Késő Neolit/Korai Rézkorból származik (Kr. e. 5000). Az Alsónyék-Bátaszék lelőhelykomplexum része a Lengyel kultúrából származó Alsónyék-Kanizsa dűlő, ahol 862 sírt tártak fel (Zalai-Gaál 2008, Zalai-Gaál és Osztás 2009). Paleomikrobiológiai vizsgálataimba ez utóbbi széria csontmintáit vontam be. A másik tanulmányozott neolitikori temető – Vésztő-Mágori domb – a Tiszai kultúrából származik, ugyanazon kronológiai időszakból. Az előzetes morfológiai vizsgálatok mindkét lelőhelyről valószínűsíthető TBC-előfordulást jeleztek (Spekker és mtsai 2012, Köhler és mtsai 2013).

– Tápé-Széntglaégető lelőhely egy 1960–1966 között feltárt, 686 síros késő bronzkori temető, az innen előkerült emberi maradványok a Kr. e. 14–13. századból származnak. Az antropológiai vizsgálatok eredményeit 1971-ben Farkas L. Gyula és Lipták Pál közzölték, az embertani vizsgálatokba összesen 579 leletet vontak be (Farkas és Lipták 1971). Az SZTE Embertani Tanszékén a közelmúltban megkezdett paleopatológiai vizsgálatok során hét egyén esetében bukkantak TBC-vel összefüggésbe hozható atípusos tünetekre. Molekuláris vizsgálataim számára ez a hét eset szolgáltatott mintát.

– A Szeged-Kiskundorozsma Kettőshatár II. avar kori széria paleopatológiai vizsgálata során a 263-as sírból származó csontmaradványokon atípusos TBC-re utaló elváltozásokat észleltek az SZTE Embertani Tanszék munkatársai. Paleomikrobiológiai kutatásaim lehetőséget teremtettek ennek az esetnek az elemzésére is, hasonlóan egy másik, szintén avar kori, szintén atípusos TBC-s vázmaradvány mintájához, Csárdaszállás-Hanzélytanya lelőhelyről.

– Az 1970 és 1973 között Győr-Pósdomb lelőhelyen feltárt Árpád-kori temető 187-es sírszámú Pott-gibbus-os esetét vizsgáltuk molekuláris biológiai módszerekkel, a csontvázon megfigyelt súlyos morfológiai elváltozások igazolására.

– Kutatásaim fontos anyagát jelentette a Bácsalmás-Óalmás régészeti lelőhelyről származó (16–17. század), 1993–2003 között három fázisban feltárt embertani anyag (Wicker 2006). A késő-középkori népcsoport balkáni eredetű, vallási okból viszonylag endogám közösséget alkottak (Wicker 1999). A feltárások során összesen 481 egyén jó megtartási állapotú, csontvázmaradványai kerültek elő (Lovász és mtsai 2005, 2009, 2013). A szériában megfigyelt nagyszámú TBC-re utaló morfológiai elváltozás orientálta a paleomikrobiológiai mintavételt.

– Kutatásaim egyetlen újkori alanya mumifikálódott emberi maradvány volt. A váci Fehérek temploma 1994-es restaurálásakor bukkantak az Európában is egyedülálló természetesen mumifikálódott emberi maradványokra: a domonkos rendi altemplomban

265 díszes koporsókban eltemetett, részben vagy teljesen mumifikálódott holttestet fedeztek fel (Pap és mtsai 1997). A széria korábbi vizsgálatai magas fokú TBC-fertőzöttséget jeleztek (Fletcher és mtsai 2003). Munkánk során Sándor Terézia mumifikálódott holttestén végeztünk molekuláris biológiai vizsgálatokat *Mycobacterium tuberculosis* aDNS kimutatása érdekében.

Célkitűzéseim között szerepelt, hogy régi csontmintákból minél nagyobb hatékonysággal mutassam ki a tuberkulózis ágensének jelenlétét, ezért olyan módszereket alkalmaztam, a vonatkozó szakirodalmi adatok figyelembevételével, ahol a DNS megőrződése a legnagyobb mértékű és a detektálás sikeressége maximalizálható. Kezdetben fenol-kloroformos DNS-izolálással (Hochmeister és mtsai 1991) igyekeztünk elérni a kívánt hatékonyságot, de ez csekélyebb DNS-hozammal bírt, így később a hatékonyabb, szilika-alapú DNS-kinyerési módszerre (Rohland és mtsai 2009) tértünk át.

A korábban elterjedtebben használt szivacsos csontok mellett hosszúcsontokat, továbbá fogakat is bevontunk a vizsgálatainkba, annak bizonyítására, hogy az aDNS kinyerés nagyobb mértékű ezekről a helyekről. Ez utóbbi két mintatípus felhasználása csökkenti a kontamináció esélyét is.

A DNS extrakciót követően ellenőriztük, hogy sikeresen végbement-e a kivonás és rendelkezésünkre áll-e az ősi DNS. Ezt PCR analízissel végeztük el, IS6110R, IS6110F és IS6110intR, IS6110intF primereket alkalmaztuk, amelyek a legáltalánosabban alkalmazott primerek a *Mycobacterium* aDNS vizsgálata során (Eisenach és mtsai 1990, Taylor és mtsai 1996). A paleomikrobiológia eszköztárából több esetben használtuk még a spoligotyping eljárást (Kamerbeek és mtsai 1997, Zink és mtsai 2003).

Vizsgálati eredmények és értékelésük

A célkitűzéseknek megfelelően kutatásaim során hazai embertani szériákból potenciális TBC-fertőzött maradványokból mintákat vételeztem, és azok felhasználásával az EURAC Institute for Mummies and Iceman (Bolzano, Olaszország) aDNS laboratóriumában MTBC aDNS kimutatást végeztem. Kutatásaim első felében valamennyi fázisra az olaszországi kutatóhelyen került sor, míg a doktori munkáim második felében, a paleomikrobiológiai kutatások hazai meghonosítása érdekében, már bizonyos részfeladatokat magyarországi laboratóriumban, az MTA BTK Régészeti Intézet Archeogenetikai Laboratóriumában végeztem el.

A kutatásaim metodikai jellegű eredményei közül ki kell emelnem annak igazolását, hogy az archaikus tuberkulózis DNS kimutatásához szükséges mintavételre a szokásos, csigolyából vagy bordákból történő mintavétel mellett, a fogak is alkalmasak. Eredményeink igazolták, hogy a fogpulpa belső, zárt üregében valóban jelentős az aDNS prezerváció valószínűsége (Pósa és mtsai 2012), MTBC esetén is. A hosszúcsontokból történő mintavételekből származó vizsgálataim szintén eredményesnek bizonyultak.

Az alsónyéki neolit széria esetében a molekuláris vizsgálatokba egy közepes méretű sírcsoport szinte összes csontvázát bevontuk. A vizsgálatok alapján öt egyénnél kaptunk a fogakból és/vagy hosszúcsontokból pozitív eredményt baktérium DNS vizsgálatára (Pósa és mtsai 2015a, 2016a). Az eredmények, a molekuláris biológiai kutatásokkal párhuzamosan végzett morfológiai vizsgálati eredményekkel (Köhler 2012, Köhler és mtsai 2013) összhangban jelzik, hogy a *Mycobacterium tuberculosis* jelen volt az alsónyéki prehisztorikus populáció általunk tanulmányozott sírcsoportjának maradványaiban. Eredményeim alátámasztják Masson és munkatársai által közölt magyarországi neolit kori tuberkulózis-előfordulással kapcsolatos, közelmúltban közölt

adatokat (Masson és mtsai 2013, 2015), és számos új esettel kiegészítve megerősítik a MTBC jelenlétét és humánpatogén mivoltát, a mintegy 7000 évvel ezelőtti Kárpát-medencében. A Tiszai kultúrából származó Vésztő Mágori-domb lelőhelyről származó maradványok esetében egy esetben igazoltuk a TBC baktérium jelenlétét, ezzel bizonyítva a lelet mycobacteriális fertőzését.

Tápé-Széntglaégető lelőhely, késő bronzkori temető esetében az antropológiai vizsgálatok során hét egyén esetében bukkantak TBC-vel összefüggésbe hozható atipikus tünetekre, azonban molekuláris biológiai módszerekkel nem sikerült megerősíteni a kórokozó jelenlétét.

A két avar kori lelőhely (Kiskundorozsma Kettőshatár és Csárdaszállás Hanzély tanya) esetében a csontokon korai TBC elváltozással összefüggésbe hozható tüneteket figyeltek meg az antropológusok, azonban az általam használt molekuláris módszerekkel nem volt bizonyítható a TBC-fertőzés. Ez rámutat arra, hogy miért lenne szükséges a jövőben újabb technológiák – köztük az újgenerációs szekvenálási eljárások – bevonása a vizsgálatokba.

Az Árpád-kori temető esetében a fertőzés a csontokon tipikus elváltozásokkal járt (bordák, combcsontok, csigolyák érintettsége, jellegzetes Pott-gibbus jelenléte), emellett a mycobacteriális DNS jelenléte is igazolható volt a hosszúcsontokból vett minták esetében (Pósa és mtsai 2016b).

A makromorfológiai adatok alapján a Bácsalmás-Óalmási temető egyedeinél a vizsgált 481 csontvázból 283 lehetséges TBC-fertőzött esetet jegyeztek fel az antropológusok, melyek magukba foglalják a tipikus és az atipikus elváltozásokat is, ezek részletes közlése Kajdócsi Lovász Gabriella disszertációjában található (Lovász 2015). A molekuláris biológiai vizsgálatba bevont 18 egyénből hét egyénnél volt igazolható a *M. tuberculosis* jelenléte IS6110 régiójára (Pósa és mtsai 2013, 2015b). A teljes széria molekuláris vizsgálatát, annak rendkívüli költség-, és időigénye miatt nem végezhettük el, de a populáció magas TBC-fertőzöttségi rátája így is igazolást nyert. Új eredményeink alátámasztják több korábbi tanulmány adatait, amelyek már a bácsalmási széria magas TBC prevalenciáját sejtették (Pálfi és Ardagna 2002, Zink és mtsai 2007). A spoligotyping különböző típusú MTBC fertőzéseket jelzett a szériában, de a fokozott degradáltság miatt pontos *Mycobacterium* fajmeghatározást (*M. bovis*, *M. tuberculosis*) nem tett lehetővé, így azt csak megerősítő vizsgálatként kezelhettük.

A váci múmia vizsgálata szintén pozitív eredményt adott, amivel tovább gazdagítottuk a korábban publikált eredményeket (Fletcher és mtsai 2003): Sándor Terézia maradványaiból sikerrel izoláltunk *Mycobacterium tuberculosis* DNS-t.

Következtetések

Kutatási programunk során eredményesen alkalmaztuk hazai mintákon a nemzetközi gyakorlatban bevált paleomikrobiológiai technikákat, négy különböző korszakban is bizonyítottuk a tuberkulózis fertőzöttséget.

Vizsgálataink rávilágítottak arra is, hogy a mycobacteriális DNS megőrződése valamivel jobb a hosszúcsontok és a fogak esetében, mint a csigolyákban vagy a bordákban. Eredményeink jelzik, hogy fontos a megfelelő minták kiválasztása, ugyanazon egyén esetében a hosszúcsontok és fogak párhuzamos alkalmazása a molekuláris vizsgálatok során.

Az Alsónyék-Kanizsa dűlő lelőhely jelentősége abban áll, hogy a radiokarbon adatok szerint a lelőhelyen relatív rövid ideig jelentős népesség élt. A temetkezések és települési

jelenségek megszűnésének háttérben demográfiai kollapszus is feltételezhető, amiben a TBC, még ha nem is elsődleges okként, de jelentős szerepet játszhatott.

A bácsalmás-óalmási lelőhely esetében a bakteriális DNS jelenlétének megerősítése az oszteológiai széria nagyszámú, tuberkulózisra utaló morfológiai elváltozását igazolta vissza. A populáció korábbi régészeti és paleopatológiai vizsgálatok által vélelmezett endogám volta (Wicker és mtsai 1999, Lovász 2015) a betegség népességen belüli magas incidenciájával is összefüggthetett.

A jövőben további vizsgálatokra, az alkalmazott módszerek bővítésére – köztük új generációs szekvenálási technikák bevonására – lesz szükség, hogy pontosabb képet kaphassunk az eddig vizsgált szériák és a későbbiekben tanulmányozni kívánt lelet-együttesek TBC-érintettségéről. Az újabb módszerekkel tovább csökkenthető lesz a kontamináció veszélye, megvalósulhat a talajban lévő mycobacteriumok és a humánpatogén *Mycobacterium* fajok pontosabb elkülönítése, valamint, az egykori tuberkulózis DNS jelenlétének megerősítésén túl, lehetőség nyílik az ősi törzsek karakterizálására és evolúciós kérdéseik tisztázására is.

Felhasznált irodalom

- Baker, O., Lee, O.Y., Wu, H.H., Besra, G.S., Minnikin, D.E., Llewellyn, G., Williams, C.M., Maixner, F., O'Sullivan, N., Zink, A., Chamel, B., Khawam, R., Coqueugniot, E., Helmer, D., Le Mort, F., Perrin, P., Gourichon, L., Dutailly, B., Pálfi, Gy., Coqueugniot, H., Dutour, O. (2015): Human tuberculosis predates domestication in ancient Syria. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S4–S12. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.001](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.001)
- Bartels, P. (1907): Tuberculose in der Jungeren Steinzeit. *Archiv für Anthropologie*, 6: 243–255.
- Boritsch, E.C., Supply, P., Honoré, N., Seeman, T., Stinear, T.P., Brosch, R. (2014): A glimpse into the past and predictions for the future: the molecular evolution of the tuberculosis agent. *Molecular Microbiology*, 93(5): 835–852. DOI: [10.1111/mmi.12720](https://doi.org/10.1111/mmi.12720)
- Bos, K.I., Harkins, K.M., Herbig, A., Coscolla, M., Weber, N., Comas, I., Forrest, S.A., Bryant, J.M., Harris, S.R., Schuenemann, V.J., Campbell, T.J., Majander, K., Wilbur, A.K., Guichon, R.A., Steadman, D.L.W., Cook, D.C., Niemann, S., Behr, M.A., Zumarraga, M., Bastida, R., Huson, D., Nieselt, K., Young, D., Parkhill, J., Buikstra, J.E., Gagneux, S., Stone, A.C., Krause, J. (2014): Pre-Columbian mycobacterial genomes reveal seals as a source of New World human tuberculosis. *Nature*, 514: 494–497. DOI: [10.1038/nature13591](https://doi.org/10.1038/nature13591)
- Brisse, S., Supply, P., Brosch, R., Vincent, V., Gutierrez, M.C. (2006): A reevaluation of *M. prototuberculosis*: Continuing the debate. *PLoS Pathogens*, 2(9): e95. DOI: [10.1371/journal.ppat.0020095](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.0020095)
- Brosch, R., Gordon, S.V., Marmiesse, M., Brodin, P., Buchrieser, C., Eiglmeier, K., Garnier, T., Gutierrez, C., Hewinson, G., Kremer, K., Parsons, L.M., Pym, A.S., Samper, S., Soolingen, D., Cole, S.T. (2002): A new evolutionary scenario for the *Mycobacterium tuberculosis* complex. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 99(6): 1–12. DOI: [10.1073/pnas.052548299](https://doi.org/10.1073/pnas.052548299)
- Camus, J.C., Pryor, M.J., Médigue, C., Cole, S.T. (2002): Re-annotation of the genome sequence of *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv. *Microbiology*, 148: 2967–2973. DOI: [10.1099/00221287-148-10-2967](https://doi.org/10.1099/00221287-148-10-2967)
- Cockburn, A. (1963): *The evolution and eradication of infectious disease*. Johns Hopkins Press, Baltimore.
- Comas, I., Coscolla, M., Luo, T., Borrell, S., Holt, K.E., Kato-Maeda, M., Parkhill, J., Malla, B., Berg, S., Thwaites, G., Yeboah-Manu, D., Bothamley, G., Wei, J.M.L., Bentley, S., Harris, S.R., Niemann, S., Diel, R., Aseffa, A., Gao, Q., Young, D., Gagneux, S. (2013): Out-of-Africa migration and Neolithic co-expansion of *Mycobacterium tuberculosis* with modern humans. *Nature Genetics*, 45(10): 1176–1182. DOI: [10.1038/ng.2744](https://doi.org/10.1038/ng.2744)

- Donoghue, H.D. (2009): Human tuberculosis – an ancient disease, as elucidated by ancient microbial biomolecules. *Microbes and Infection*, 11: 1156–1162. DOI: [10.1016/j.micinf.2009.08.008](https://doi.org/10.1016/j.micinf.2009.08.008)
- Donoghue, H.D. (2017): Insights gained from ancient biomolecules into past and present tuberculosis—a personal perspective. *International Journal of Infectious Diseases*, 56: 176–180. DOI: [10.1016/j.ijid.2016.11.413](https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.11.413)
- Donoghue, H.D., Spigelman, M., O’Grady, J., Szikossy, I., Pap, I., Lee, O.Y.C., Wu, H.H.T., Besra, G.S., Minnikin, D.E. (2015): Ancient DNA analysis – An established technique in charting the evolution of tuberculosis and leprosy. *Tuberculosis*, 95(S1): S140–S144. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.020](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.020)
- Eisenach, K.D., Cave, M.D., Bates, J.H., Crawford, J.T. (1990): Polymerase chain reaction amplification of a repetitive DNA sequence specific for *Mycobacterium tuberculosis*. *Journal of Infectious Diseases*, 161: 977–981. DOI: [10.1093/infdis/161.5.977](https://doi.org/10.1093/infdis/161.5.977)
- Farkas, L.Gy, Lipták, P. (1971): A Tápé melletti feltárt késő bronzkori temető antropológiai értékelése. *Anthropologiai Közlemények*, 15(1): 3–18.
- Filliol, I., Motiwala, A.S., Cavatore, M., Qi, W., Hazbo, M.H., Bobadilla del Valle, M., Fyfe, J., García-García, L., Rastogi, N., Sola, C., Zozia, T., Guerrero, M.I., León, C.I., Crabtree, J., Angiuoli, S., Eisenach, K.D., Durmaz, R., Joloba, M.L., Rendón, A., Sifuentes-Osornio, J., Ponce de León, A., Cave, D.M., Fleischmann, R., Whittam, T.S., Alland, D. (2006): Global phylogeny of *Mycobacterium tuberculosis* based on single nucleotide polymorphism (SNP) analysis: insights into tuberculosis evolution, phylogenetic accuracy of other DNA fingerprinting systems, and recommendations for a minimal standard SNP set. *Journal of Bacteriology*, 188: 759–772. DOI: [10.1128/JB.188.2.759-772.2006](https://doi.org/10.1128/JB.188.2.759-772.2006)
- Fletcher, H.A., Donoghue, H.D., Holton, J., Pap, I., Spigelman, M. (2003): Widespread occurrence of *Mycobacterium tuberculosis* DNA 18-19th Century Hungarians. *American Journal of Physical Anthropology*, 120: 144–152. DOI: [10.1002/ajpa.10114](https://doi.org/10.1002/ajpa.10114)
- Gutierrez, M.C., Brisse, S., Brosch, R., Fabre, M., Omais, B., Marmiesse, M., Supply, P., Vincent, V. (2005): Ancient origin and gene mosaicism of the progenitor of *Mycobacterium tuberculosis*. *PLoS Pathogens*, 1(1): e5. DOI: [10.1371/journal.ppat.0010005](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.0010005)
- Haas, C.J., Zink, A., Molnár, E., Szeimes, U., Reischl, U., Marcsik, A., Ardagna, Y., Dutour, O., Pálfi, Gy., Nerlich, A.G. (2000): Molecular evidence for different stages of tuberculosis in ancient bone samples from Hungary. *American Journal of Physical Anthropology*, 113: 293–304. DOI: [10.1002/1096-8644\(200011\)113:3<293::AID-AJPA2>3.0.CO;2-6](https://doi.org/10.1002/1096-8644(200011)113:3<293::AID-AJPA2>3.0.CO;2-6)
- Hershberg, R., Lipatov, M., Small, P.M., Sheffer, H., Niemann, S., Homolka, S., Roach, J.C., Kremer, K., Petrov, D.A., Feldman, M.W., Gagneux, S. (2008): High functional diversity in *Mycobacterium tuberculosis* driven by genetic drift and human demography. *PLoS Biology*, 6: e311. DOI: [10.1371/journal.pbio.0060311](https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0060311)
- Hershkovitz, I., Donoghue, H.D., Minnikin, D.E., Besra, G.S., Lee, O.Y.C., Gernaey, A.M., Galili, E., Eshed, V., Greenblatt, C.L., Lemma, E., Bar-Gal, G.K., Spigelman, M. (2008): Detection and molecular characterization of 9000-year-old *Mycobacterium tuberculosis* from a Neolithic settlement in the Eastern Mediterranean. *PLoS One*, 3(10): e3426. DOI: [10.1371/journal.pone.0003426](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0003426)
- Hochmeister, M., Budowle, B. (1991): Typing of DNA extracted from compact bone tissue from human remains. *Journal of Forensic Science*, 36: 1649–1661. DOI: [10.1520/JFS13189J](https://doi.org/10.1520/JFS13189J)
- Kamerbeek, J., Schouls, L., Kolk, A., van Agterveld, M., Soolingen, D., Kuijper, S., Bunschoten, A., Molhuizen, H., Shaw, R., Goyal, M., van Embden, J. (1997): Simultaneous detection and strain differentiation of *Mycobacterium tuberculosis* for diagnosis and epidemiology. *Journal of Clinical Microbiology*, 35: 907–914.
- Köhler, K. (2012): *A késő neolitikus lengyeli kultúra népességének biológiai rekonstrukciója*. PhD disszertáció. Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Biológiai Intézet, Biológia Doktori Iskola, Budapest.

- Köhler, K., Mende, B.G., Pósa, A. (2013): The emergence of tuberculosis in Late Neolithic Transdanubia. *Hungarian Archaeology*, http://www.hungarianarchaeology.hu/wpcontent/uploads/2013/08/eng_Kohler_13ny1.pdf
- Lovász, G. (2015): *A török hódoltság kori idegen etnikumok összehasonlító embertani vizsgálata*. Doktori disszertáció. Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biológia Doktori Iskola, Szeged.
- Lovász, G., Bereczki, Zs., Pálfi, Gy., Molnár, E. (2009): A possible case of echinococcosis from a late medieval series in Hungary. In: Pálfi, Gy., Molnár, E., Bereczki, Zs., Pap, I. (Eds) *Des lésions du passé aux diagnostics modernes*. Szeged University Press, Szeged. pp. 70–71.
- Lovász, G., Molnár, E., Marcsik, A. (2005): Bácsalmás-Óalmás 16–17. századi temető paleopatológiai vizsgálatának eredményei (2001–2003-as feltárás). In: *IV. Kárpátmedencei Biológiai Szimpózium. Előadások összefoglalói*, 153–158.
- Lovász, G., Schultz, M., Gödde, J., Bereczki, Zs., Pálfi, Gy., Marcsik, A., Molnár, E. (2013): Skeletal manifestations of infantile scurvy in a late medieval anthropological series from Hungary. *Anthropological Science*, 121(3): 173–185. DOI: [10.1537/ase.130905](https://doi.org/10.1537/ase.130905)
- Masson, M., Molnár, E., Donoghue, H.D., Besra, G.S., Minnikin, D.E., Wu H.H.T., Lee O.Y.C., Bull. I.D., Pálfi, Gy. (2013): Osteological and biomolecular evidence of a 7000-year-old case of hypertrophic pulmonary osteopathy secondary to tuberculosis from Neolithic Hungary. *PLoS ONE*, 8(10): e78252. DOI: [10.1371/journal.pone.0078252](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078252)
- Nerlich, A.G., Haas, C.J., Zink, A., Szeimes, U., Hagedorn, H.G. (1997): Molecular evidence for tuberculosis in an ancient Egyptian mummy. *Lancet*, 350: 1404–1410.
- Nguyen-Hieu, T., Aboudharam, G., Drancourt, M. (2011): Mini review: dental pulp as a source for paleomicrobiology. *Bulletin of the International Association for Paleodontology*, 5(1): 48–54.
- Ortner, D.J. (1999): Paleopathology: Implications for the history and evolution of tuberculosis. In: Pálfi, Gy., Dutour, O., Deák, J., Hutás, I. (Eds) *Tuberculosis: Past and Present*. Golden Book Publisher – Tuberculosis Foundation, Budapest – Szeged. pp. 253–261.
- Ortner, D.J. (2003): *Identification of pathological conditions in human skeletal remains*. Academic Press, New York. p. 662.
- Pálfi, Gy. (2002): Paleoepidemiological reconstruction of tuberculosis, with particular attention to Europe. In: Bennike, P., Bodzsár, É., Susanne, C. (Eds) *Biennial Books of EAA*, 2: 193–210.
- Pálfi, Gy., Ardagna, Y. (2002): Gerincbetegségek és tuberkulózis a török hódoltság korából. A Bácsalmás-Óalmás (Bácsalmás-Homokbánya) 16–17. századi antropológiai leletgyűjtés fontosabb paleopatológiai adatai. In: Gerelyes, I., Kovács, Gy. (Szerk.) *A hódoltság régészeti kutatása*. Opuscula Hungarica III., Magyar Nemzeti Múzeum, Budapest. pp. 237–244.
- Pálfi, Gy., Dutour, O., Deák, J., Hutás, I. (1999, Eds): *Tuberculosis: Past and Present*. Golden Book Publisher – Tuberculosis Foundation, Budapest – Szeged. pp. 608.
- Pálfi, Gy., Maixner, F., Maczel, M., Molnár, E., Pósa, A., Kristóf, L. A., Balázs, J., Masson, M., Paja, L., Palkó, A., Szentgyörgy, R., Nerlich, A., Zink, A., Dutour, O. (2015): Unusual spinal tuberculosis in an Avar Age skeleton (Csongrád-Felgyő, Ürmös-tanya, Hungary): A morphological and biomolecular study. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S29–S34. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.033](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.033)
- Pap, I., Susa, É., Józsa, L. (1997): Mummies from the 18th–19th century Dominican Church of Vác, Hungary. *Acta Biologica Szegediensis*, 42: 107–112.
- Pósa, A., Köhler, K., Maixner, F., Zink, A., Sola, Ch., Mende, B.G. (2016b): A népvándorlaskor fiatal kutatóinak XXIV. konferenciája Esztergom 2014. november 4–6. II. In: Balogh, Cs., Major, B. (Szerk.) *Magyar Őstörténeti Témacsoport Kiadványok 3.2*. Budapest – Esztergom. 533–540.
- Pósa, A., Maixner, F., Lovász, G., Molnár, E., Bereczki, Zs., Zink, A., Pálfi, Gy. (2013): Revision of tuberculous lesions in the Bácsalmás-Óalmás series – preliminary morphological and biomolecular studies. *Anthropologischer Anzeiger*, 70(1): 83–100. DOI: [10.1127/0003-5548/2012/0260](https://doi.org/10.1127/0003-5548/2012/0260)

- Pósa, A., Maixner, F., Mende, B.G., Köhler, K., Sola, C., Dutour, O., Masson, M., Molnár, E., Pálfi, Gy., Zink, A. (2015a): Tuberculosis in Late Neolithic-Early Copper Age human skeletal remains from Hungary. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S18–22. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.011](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.011)
- Pósa, A., Mende, B.G., Köhler, K., Oszás, A., Maixner, F., Zink, A., Sola, Ch., Dutour, O., Molnár, E., Pálfi, Gy. (2016a): Tuberkulózis nyomai késő neolitikum – kora rézkori emberi maradványokon (Alsónyék-Bátaszék, Dél-Magyarország). *Anthropologiai Közlemények*, 57: 29–39. DOI: [10.20330/AnthropKozl.2016.57.29](https://doi.org/10.20330/AnthropKozl.2016.57.29)
- Pósa, A., Maixner, F., Sola, Ch., Bereczki, Zs., Molnár, E., Masson, M., Lovász, G., Spekter, O., Wicker, E., Perrin, P., Dutour, O., Zink, A., Pálfi, Gy. (2015b): Tuberculosis infection in a late-medieval Hungarian population. *Tuberculosis*, 95: S60–64. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.010](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.010)
- Pósa, A., Maixner, F., Zink, A., Lovász, G., Molnár, E., Bereczki, Zs., Perrin, P., Dutour, O., Sola, O., Pálfi, Gy. (2012): Ancient human tooth samples used for TB paleomicrobial research. *Acta Biologica Szegediensis*, 56(2): 125–131.
- Rohland, N., Siedel, H., Hofreiter, M. (2009): A rapid column-based ancient DNA extraction method for increased sample throughput. *Molecular Ecology Resources*, 10(4): 677–683. DOI: [1755-0998.2009.02824.x](https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02824.x)
- Spekter, O., Pálfi, Gy., Kozocsay, G., Pósa, A., Bereczki, Zs., Molnár, E. (2012): New cases of probable skeletal tuberculosis from the Neolithic period of Hungary – A morphological study. *Acta Biologica Szegediensis*, 56(2): 115–123.
- Spigelman, M., Lemma, E. (1993): The use of the polymerase chain reaction (PCR) to detect *Mycobacterium tuberculosis* in ancient skeletons. *International Journal of Osteoarchaeology*, 3: 137–143. DOI: [10.1002/oa.1390030211](https://doi.org/10.1002/oa.1390030211)
- Steinbock, R.T. (1976): *Paleopathological diagnosis and interpretation: Bone disease in ancient human populations*. Charles Thomas, Springfield, Illinois.
- Taylor, G.M., Crossey, M., Saldanha, J., Waldron, T. (1996): DNA from *Mycobacterium tuberculosis* identified in mediaeval human skeletal remains using polymerase chain reaction. *Journal of Archaeological Science*, 23: 789–798. DOI: [0.1006/jasc.1996.0073](https://doi.org/10.1006/jasc.1996.0073)
- Weber, N. (2013): *Computational Approaches for Analyzing Ancient Genomes and Modern Metagenomes*. PhD dissertation. Tübingen.
- Wicker, E. (1999): Bácsalmás-Óalmás későközépkori rác temetője. *Cumania*, 15: 25–30.
- Wicker, E. (2006): *Rácok és vlahok a török hódoltság kori Észak-Bácskában*. PhD disszertáció. ELTE BTK Történelemtudományi Doktori Iskola, Régészeti Doktori Program, Budapest.
- Wirth, T., Hildebrand, F., Allix-Béguec, C., Wölbeling, F., Kubica, T., Kremer, K., Soolingen, D., Rüscho-Gerdes, S., Locht, C., Brisse, S., Meyer, A., Supply, P., Niemann, S. (2008): Origin, spread and demography of the *Mycobacterium tuberculosis* complex. *PLoS Pathogens*, 4(9): e1000160. DOI: [10.1371/journal.ppat.1000160](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000160)
- Zalai-Gaál, I. (2008): An der Wende vom Neolithikum zur Kupferzeit in Transdanubien: Die “Häuptlingsgräber” der Lengyel-Kultur in Alsónyék-Kanizsa-dűlő. *Das Altertum*, 53: 241–280.
- Zalai-Gaál, I., Oszás, A. (2009): Neue Aspekte zur Erforschung des Neolithikums in Ungarn. Ein Fragenkatalog zu Siedlung und Gräberfeld der Lengyel-Kultur von Alsónyék, Südtransdanubien. In: Becker, V., Thomas, M., Wolf-Schuler, A. (Eds) *Zeiten – Kulturen – Systeme*. Gedenkschrift für Jan Lichardus, ZAKS Bd. 17: Langenweißbach. pp. 111–139.
- Zink, A., Haas, C.J., Reischl, U., Szeimies, U., Nerlich, A.G. (2001): Molecular analysis of skeletal tuberculosis in an ancient Egyptian population. *Journal of Medical Microbiology*, 50: 355–366. DOI: [10.1099/0022-1317-50-4-355](https://doi.org/10.1099/0022-1317-50-4-355)
- Zink, A., Molnár, E., Motamedi, N., Pálfi, Gy., Marcsik, A., Nerlich, A.G. (2007): A molecular history of tuberculosis from ancient mummies and skeletons. *International Journal of Osteoarchaeology*, 17: 380–391. DOI: [10.1002/oa.909](https://doi.org/10.1002/oa.909)
- Zink, A., Sola, C., Reischl, U., Grabner, W., Rastogi, N., Wolf, H., Nerlich, A.G. (2003): Characterization of *Mycobacterium tuberculosis* complex DNAs from Egyptian mummies by spoligotyping. *Journal of Clinical Microbiology*, 41: 359–367. DOI: [10.1128/JCM.41.1.359-367.2003](https://doi.org/10.1128/JCM.41.1.359-367.2003)

A doktori értekezéshez kapcsolódó, referált, impakt faktoral rendelkező folyóiratokban megjelent szakkikkek

- Pálfi, Gy., Maixner, F., Maczel, M., Molnár, E., Pósa, A., Kristóf, L.A., Balázs, J., Masson, M., Paja, L., Palkó, A., Szentgyörgy, R., Nerlich, A., Zink, A., Dutour, O. (2015): Unusual spinal tuberculosis in an Avar Age skeleton (Csongrád-Felgyő, Ürmös-tanya, Hungary): A morphological and biomolecular study. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S29–S34. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.033](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.033)
- Pósa, A., Maixner, F., Lovász, G., Molnár, E., Bereczki, Zs., Zink, A., Pálfi, Gy. (2013): Revision of tuberculous lesions in the Bácsalmás-Óalmás series – preliminary morphological and biomolecular studies. *Anthropologischer Anzeiger*, 70(1): 83–100. DOI: [10.1127/0003-5548/2012/0260](https://doi.org/10.1127/0003-5548/2012/0260)
- Pósa, A., Maixner, F., Mende, B.G., Köhler, K., Oszás, A., Sola, Ch., Dutour, O., Masson, M., Molnár, E., Pálfi, Gy., Zink, A. (2015a): Tuberculosis in Late Neolithic-Early Copper Age human skeletal remains from Hungary. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S18–22. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.011](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.011)
- Pósa, A., Maixner, F., Sola, Ch., Bereczki, Zs., Molnár, E., Masson, M., Lovász, G., Spekker, O., Wicker, E., Perrin, P., Dutour, O., Zink, A., Pálfi, Gy. (2015b): Tuberculosis infection in a late-medieval Hungarian population. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S60–64. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.010](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.010)

A doktori értekezéshez kapcsolódó további publikációk

- Köhler, K., Mende, B.G., Pósa, A. (2013): A tuberkulózis megjelenése a Dunántúl kései neolitikumában. *Magyar Régészet*, 2: 1–5.
- Lovász, G., Molnár, E., Pálfi, Gy., Pósa, A., Wicker, E. (2012): „Sátorlakó vándorok” a török kori Észak-Bácskában. *Bácsország*, 60: 68–73.
- Lovász, G., Pálfi, Gy., Marcsik, A., Pósa, A., Neparáczki, E., Molnár, E. (2010): Skeletal manifestation of tuberculosis in a late medieval anthropological series from Serbia. *Acta Biologica Szegediensis*, 54(2): 83–91.
- Neparáczki, E., Török, T., Pósa, A., Molnár, E., Lovász, G., Maixner, F., Zink, A., Dutour, O., Pálfi, Gy. (2011): Preliminary results from the paleomicrobiological studies of *Mycobacterium tuberculosis* infection in the Bácsalmás-Óalmás anthropological series. *Acta Biologica Szegediensis*, 55(1): 41–45.
- Pálfi, Gy., Maixner, F., Maczel, M., Molnár, E., Pósa, A., Kristóf, L. A., Balázs, J., Masson, M., Paja, L., Palkó, A., Szentgyörgy, R., Nerlich, A., Zink, A., Dutour, O. (2015): Unusual spinal tuberculosis in an Avar Age skeleton (Csongrád-Felgyő, Ürmös-tanya, Hungary): A morphological and biomolecular study. *Tuberculosis*, 95(Suppl 1): S29–S34. DOI: [10.1016/j.tube.2015.02.033](https://doi.org/10.1016/j.tube.2015.02.033)
- Pálfi, Gy., Zink, A., Maixner, F., Pósa, A., Lovász, G., Wicker, E., Bereczki, Zs., Molnár, E. (2012): Egy késő-középkori embertani széria tuberkulózis fertőzöttségének vizsgálata morfológiai és molekuláris biológiai módszerekkel. *Anthropologiai Közlemények*, 53: 35–50.
- Pósa, A., Maixner, F., Zink, A., Lovász, G., Molnár, E., Bereczki, Zs., Perrin, P., Dutour, O., Sola, Ch., Pálfi, Gy. (2012): Ancient human tooth samples used for TB paleomicrobial research. *Acta Biologica Szegediensis*, 56(2): 125–131.
- Pósa, A., Mende, B.G., Köhler, K., Oszás, A., Maixner, F., Zink, A., Sola, Ch., Dutour, O., Molnár, E., Pálfi, Gy. (2016): Tuberkulózis nyomai késő neolitikum – kora rézkori emberi maradványokon (Alsónyék-Bátaszék, Dél-Magyarország). *Anthropologiai Közlemények*, 57: 29–39. DOI: [10.20330/AnthropKozl.2016.57.29](https://doi.org/10.20330/AnthropKozl.2016.57.29)
- Spekker, O., Pálfi, Gy., Kozocsay, G., Pósa, A., Bereczki, Zs., Molnár, E. (2012): New cases of probable skeletal tuberculosis from the Neolithic period in Hungary – A morphological study. *Acta Biologica Szegediensis*, 56(2): 115–123.

Spekker, O., Pósa, A., Pálfi, Gy., Zink, A., Maixner, F., Bereczki, Zs., Molnár, E. (2013):
Specifikus fertőző megbetegedés diagnózisa Vésztő Mágori-halom újkőkori leletein.
Anthropologiai Közlemények, 54: 77–92.

Levelezési cím: Pósa Annamária
Mailing address: Magyar Tudományos Akadémia, Bölcsészettudományi Kutatóközpont
Régészeti Intézet, Archeogenetikai Laboratórium
Tóth Kálmán utca 4.
H-1097 Budapest
Hungary
Posa.Annamaria@btk.mta.hu

Birthday salutation to Prof. Éva Bodzsár

Professor Éva Bodzsár (Department of Biological Anthropology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary) was elected an Honorary Member of the European Anthropological Association (EAA) in 2012. The nomination for the honorary lifelong membership of the EAA was fully supported by the EAA Council and the Board. Let us briefly summarise the main EAA activities that justified her Honorary Membership:

Professor Éva Bodzsár has been a member of the EAA since 1984, she was elected a member of the EAA Council as well as the EAA Board in 1998 (she served as a member of the EAA Council until 2012). As the Vice-President of the EAA she undertook the editorial work of the EAA Newsletter between 1998 and 2010. All of the EAA members remember the very

high quality and the richness of the information contained in the Newsletters she edited. She co-edited the EAA Biennial Books series, with the introductory volume of the series (Secular Growth Changes in Europe), and altogether 7 volumes were published between 1998 and 2010. Members of the EAA and other invited authors from Europe and elsewhere, with well-known expertise in Biological Anthropology contributed to the volumes covering a very wide scope in anthropology. We all have these EAA books on our shelves, since the EAA members received them with the regular Newsletter as part of their EAA membership.

Professor Éva Bodzsár organised the 15th international congress of our Association in Budapest in 2006. More than 250 participants came to the Budapest congress both from Europe and other 4 continents and many students participated in the congress owing to her ability to raise funds for them. She always helped the EAA congresses with her active participation by giving lectures on her new research results in the plenary sections and also in the auxological sections, by serving as chairperson in the auxological sections, by jurying student poster and oral presentations in the student award competitions, by recruiting participants to the proposed sections as section organizer or as the member of the organizing committees, and last but not least by supporting and helping her numerous students to get financial support to enable them to participate in the EAA congresses and give presentations on their own research findings.

Beside her EAA activities, her teaching and research activities were also outstanding in Europe. Her students' work in anthropology and her publications tell everything about her enormous work in the field of biological anthropology.

In the name of the EAA membership, the EAA Board would like to raise a toast for our dear friend and colleague, Professor Éva Bodzsár on her 70th birthday. Congratulations and we wish her all good health!

Board of the European Anthropological Association

Bodzsár Éva köszöntése

Legutóbb 2007-ben, születésének 60. évfordulóján köszöntötte az Embertani Szakosztály Bodzsár Éva professzor asszonyt. Az *Anthropologiai Közlemények* 2007. évi 48. kötetében ismertetés jelent meg életének 6 évtizedéről.

Azóta az ünnepelt tíz termékeny éve telt el.

Az ELTE Embertani Tanszékén 1971 óta folyamatosan, így az elmúlt 10 évben is az embertani/humánbiológiai főtárgyai mellett a humán genetika, humán ökológia, humán morfológia, fejlődéstan és biometria témaköreiből tartott előadásokat biológus, biológia tanári szakos és PhD hallgatók számára. Oktatási tevékenységét erejét meghaladva végezte az elmúlt tíz évben, amely munkáját 2017. évi nyugdíjazása után is folytatja. 2007 óta összesen több mint 30 szakdolgozó munkáját irányította, valamint 7 PhD hallgatója védte meg doktori disszertációját az ELTE TTK Biológia Doktori Iskolájában.

Humánbiológiai, auxológiai, geriátriai, epidemiológiai, illetve kinantropometriai témakörökben végzett kutatói munkássága kiemelkedő a hazai és a nemzetközi antropológusok körében. Rendkívül gazdag volt Bodzsár Éva tudományos tevékenysége az elmúlt 10 évben, amit a 2007 óta megjelent közleményei, könyvei, tudományos munkáira érkezett hivatkozások nagy száma is mutat.

Oktatói és kutatói munkásságát elismerendő 2007 óta a következő szakmai díjakkal, tagságokkal tüntették ki Bodzsár Évát: a Magyar Biológiai Társaság Gelei József emlékérmé és oklevele, (2009), az Eötvös Loránd Tudományegyetem Pro Universitate Arany fokozata (2012), az Európai Antropológiai Társaság Tiszteletbeli Tagjává választották (2012), az oktatási miniszter által adományozott Apáczai Csere János díj (2014).

Bodzsár Éva professzor asszony 1997 és 2014 között szerkesztője volt az *Anthropologiai Közleményeknek*, 2015-től pedig a Szerkesztőbizottság tagja. 1998 és 2012 között az Európai Antropológiai Társaság alelnöke és vezetőségének tagja volt. Az elmúlt 10 év alatt tagja volt az MTA Antropológiai Bizottságának, illetve jogutódjának az Antropológiai Osztályközi Tudományos Bizottságnak. 2005 és 2013 között az ELTE Embertani Tanszékének, 1997-től pedig a Biológiai Szakmódszertani Csoport vezetője volt. 2017 decemberében köszöntötte Bodzsár Évát az ELTE Biológiai Intézetének munkacsoportja 70. születésnapja alkalmából.

Az ELTE-n biológia tudományból 2000-ben habilitált, majd 2001-ben az MTA doktora lett.

Ez a felsorolás más kutató akár egész élete alatt végzett munkáját is jelentené. Ehhez a jelentős tevékenységhez gratulálunk Bodzsár Éva professzor asszonynak, és egyúttal kívánunk neki további töretlen munkakedvet, erőt és egészséget!

Farkas L. Gyula

Irodalom

- Farkas, L.Gy., Dezső, Gy. (1994): *A magyar antropológia története a kezdettől napjainkig*. JatePress, Szeged. p. 75.
Szakmai életrajz (2007) Bodzsár Éva. *Anthropologiai Közlemények*, 48: 5–6.

Dezső Gyula köszöntése



A magyar antropológia legidősebb élő tagját, dr. Dezső Gyulát – kissé megkésve, de nem elfelejtve – szeretnénk ma köszönteni, aki 1931. november 18-án Budapesten született.

Dezső Gyula a budapesti Fáy András Gimnáziumban érettségizett 1950-ben, és még ugyanabban az évben folytatta tanulmányait a szegedi József Attila Tudományegyetem biológia-kémia szakán. 1952-ben az említett egyetem Embertani Tanszékén externista. 1954 és 1957 között a Magyar Tudományos Akadémia Agrártudományi Osztályának botanikai és zoológiai referense. 1957-ben áthelyezték az ELTE Embertani Tanszékére, ahol tudományos segédmunkatársként dolgozott. 1960-tól a Természettudományi Múzeum tudományos munkatársa lett. 1970-ben a Magyar Tudományos Akadémia Biológiai Osztályának tudományos titkárának nevezték ki. Ebből a

beosztásból 1989-ben, mint főtanácsos vonult nyugdíjba.

Három cikluson át (1958 és 1967 között) titkár, majd 1970-ig tagja volt az MTA Antropológiai Bizottságának, és a későbbiekben több évig tanácskozási tagként vett részt a Bizottság munkájában. 1969 és 1973, majd 1985 és 1989 között a Magyar Biológiai Társaság Embertani Szakosztályának titkára, illetve vezetőségi tagja volt. 1990-ben tagja, szervező titkára az ún. „barguzini Petőfi kutatás” vizsgálatára az MTA Elnöksége által létrehozott természettudományi szakértő bizottságának.

1966-ban a Szegedi Tudományegyetemen „Egy szkitakori populáció a Duna-Tisza közén” című értekezésének megvédésével egyetemi doktori címet szerzett.

1991-ben megkapta a Szegedi Tudományegyetem Bartucz Lajos emléklapettjét.

Kutatási területe a történeti embertan, gyermekek növekedése és érése, időskorúak antropológiai jellegeinek tanulmányozása, tudománytörténet. Az említett tárgykörökből több hazai antropológussal közös publikációi jelentek meg.

1959-ben nemzetközi részvétellel, Nemeskéri János vezetésével megszervezték az első magyar antropológiai szimpóziumot.

1990 és 1993 között a szombathelyi Bessenyei György Tanárképző Főiskolán az Embertan és emberszármazástan című kurzus meghívott előadója volt, amivel megalapozta a már egyetemmé alakult főiskolán a biológiai antropológiai oktatását.

Az említetteken kívül jelentős volt Dezső Gyula tudományos szervezési és tudáspolitikai tevékenysége, amelyet 1970 és 1989 között, mint az MTA Biológiai Osztályának tudományos titkára végzett. A külföldi utak, a kongresszusokon való részvételek MTA általi támogatásában, az egyetemi tanszékek fennmaradásában

Dezső Gyula segítőkészségét, a Tudományos Minősítő Bizottságban az antropológia elismertségének a támogatását olykor az érdekeltek közvetlenül nem is érzékelték. Ez a tevékenysége sem impakt faktorra, sem a publikációk számával nem értékelhető, viszont szakterületünk fennmaradásához nélkülözhetetlen volt. Mindenki nevében köszönet érte!

Az Embertani Szakosztály és személyemben, mint volt évfolyamtársa, további jó egészséget, békés családi életet, sok örömet és jó egészségben eltöltendő éveket kívánok Dezső Gyulának!

Farkas L. Gyula

Irodalom

Farkas, L.Gy., Dezső, Gy. (1994): *A magyar antropológia története a kezdettől napjainkig*. JatePress, Szeged. p. 75.

Köszöntések (2001) Dezső Gyula. *Anthropologiai Közlemények*, 42: 7–8.

Éry Kinga köszöntése



Nem illik a hölgyek életkorát emlegetni, most mégis el kell térni ettől a szokástól, mert a magyar biológiai antropológia mai legidősebb női képviselőjét, dr. Kralovánszky Alánné dr. Éry Kingát kell köszöntenünk, aki 2017. május 19-én töltötte be 85. életévét. Szerencsére több jubiláló hazai antropológusunk van, és többek között ez az oka annak, hogy – elkerülve az egy ülésen történő több köszöntést – az Embertani szakosztály szeptemberi együttlétét használjuk fel arra, hogy az aktuális megemlékezést megejtsük.

Éry Kinga gazdag életutat járt be. 1932. május 19-én Budapesten született. Középiskolai tanulmányait a Szilágyi Erzsébet, a Zrínyi Ilona Sophianum Leánygimnáziumokban, a Klára Ipari Leányközépiskolában és a Váci úti Ipari Leányközépiskolában végezte. 1950-ben

Budapesten érettségizett. 1953-ban feleségül ment Kralovánszky Alán régészhez.

1955-ben a budapesti Eötvös Loránd Tudományegyetem Bölcsészettudományi Karának muzeológia szakán szerzett középkori régész, muzeológus oklevelet. Egyetemi tanulmányait követően 1955-1956-ban a hajdúböszörményi Hajdúsági Múzeum igazgatója, majd 1957–1962 között a Természettudományi Múzeum Embertani Tárában adminisztrátor-preparátor, 1963-tól 1969-ig muzeológus volt. Ez az időszak alapozta meg antropológusi pályafutását. 1970–1973 között a székesfehérvári István király Múzeum tudományos főmunkatársa volt, míg 1974–1982 között a veszprémi Bakony Múzeumban ugyancsak ilyen beosztásban dolgozott. 1983–1990 között ismét a Természettudományi Múzeum Embertani Tárában tevékenykedett 1984-ig muzeológusi, 1985-től főmuzeológusi beosztásban. 1991-től a Magyar Nemzeti Múzeum tudományos főmunkatársa volt. 1995-ben nyugdíjba vonult.

1965-ben az Eötvös Loránd Tudományegyetemen védte meg „A sárbogárdi 10. századi temető régészeti és embertani vizsgálata” című egyetemi doktori értekezését. 1996-ban kandidátusi fokozatot szerzett az 1994-ben benyújtott „Embertani tanulmányok a Kárpát-medence IV-XVII. Századi népességeiről” című disszertációjával.

1977 és 1988 között az Anthropologiai Közlemények szerkesztőbizottságának, 1973 és 1996 között az MTA Antropológiai Bizottságának volt a tagja.

Munkásságát Kuzsinszky Bálint (1992), Rómer Flóris (2005) és „A magyar nemzetért” (1990), a székesfehérvári ún. királýsírokért) emlékérmekkel ismerték el.

Éry Kinga azon kevés magyar antropológusok egyike, aki régészeti képzettséggel rendelkezik, és emellett sajtátította el a biológiai ismereteket. Fő kutatási területe a középkori régészet, paleoszociográfia (1959-ig), a Kárpát-medence népességeinek

történeti embertana, paleodemográfiája a római kortól a 17. századig, különös tekintettel a 6–12. századra (1960-tól). Aktívan részt vett az 1950-es évektől kezdődő időszak politikai áldozatainak személyazonosítási vizsgálataiban, valamint vezetője volt a székesfehérvári bazilika területén feltárt sírok értékelési munkálatainak. Szerkesztője volt „A székesfehérvári királyi bazilika embertani leletei 1848–2002” című, 2008-ban megjelent könyvnek, amelyben végre a leletek teljes feldolgozásának eredményeit ismertették a szerzők.

1983-ig nagy volumenű összehasonlító vizsgálatokat végzett a Kárpát-medence 6–12. századi népességeinek leletein. 1992-től kezdve a neolitikumtól a késő középkorig élt lakosság csontvázaiban a testmagasság és testarány változásokat vizsgálta.

Éry Kinga biológiai antropológiai munkásságának eredményeit feltétlenül figyelembe kell vennie azoknak, akik a Kárpát-medence embertani múltjának megismerésével foglalkoznak.

Éry Kinga azonban nemcsak kutatott, hanem oktatott is. A régészeknek tartott egyetemi előadásokat, részt vett a fiatal antropológus generációk, a régész technikusok és tárgyrestaurátorok képzésében is. Ezen túl a kollégák mindig számíthattak véleményére és segítőkészségére.

További életéhez sok boldogságot, jó egészségben eltöltött hosszú életet kívánunk!

Farkas L. Gyula

Irodalom

- Farkas, L.Gy., Dezső, Gy. (1994): *A magyar antropológia története a kezdettől napjainkig*. JatePress, Szeged, p.
- Tóth, G. (2012): Köszöntjük dr. Éry Kingát születésnapján! *Folia Anthropologica*, 11: 5.

Farkas L. Gyula köszöntése



Farkas Gyula 1932. április 11-én született Szabadszálláson – szülei Kolozsvárról menekültek Magyarországra. Középiskolai tanulmányait a kecskeméti Gróf Tisza István Református Gimnáziumban folytatta. A második világháború miatt magántanuló lett, majd 1950-ben érettségizett az akkor már Katona József Gimnáziumban.

Ugyan eredetileg vízépítő mérnöknek készült, ám a Szegedi Tudományegyetem biológia-kémia szakára irányították, ahol 1954-ben szerzett okleveles középiskolai tanári képesítést. Néhány hónapnyi kecskeméti tanítás után, több mint hat évtizeddel ezelőtt kezdte el – mindmáig aktív – antropológus szakmai tevékenységét. 1955.

február 1-től 70 esztendőskoráig, nyugdíjazásáig a Szegedi Tudományegyetem Embertani Tanszékén dolgozott. 1980 és 1997 között a tanszék vezetője volt. 1960-ban summa cum laude minősítéssel testnövekedési témakörből egyetemi doktori, 1976-ban a dél-alföldi őskori leletekből írt dolgozatával kandidátusi, 1987-ben országos menarche kutatásával akadémiai doktori minősítést szerzett.

A biológiai antropológia alapjait tanszékünk alapítója – és a 85. születésnap konferenciánknak is helyszínt biztosító tantermünk névadója, Bartucz Lajos professzor tanítványaként sajátította el.

Farkas Gyula kutatói tevékenységében kiemelkedő helyet foglalt el az újkőkortól a magyar középkorig terjedő régészeti korokból származó mintegy 7000 emberi csontvázlelet tanulmányozása. Közel százezer gyermek testi fejlettségének vizsgálata során a serdülést befolyásoló tényezőket elemezte.

1973 óta tagja az MTA Antropológiai Bizottságának. 1980–1985 között a testület elnöke. 5 éve – jelenleg is – aktív tagja az MTA Antropológiai Tudományos Osztályközi Bizottságának. 1990-től 2002-ig a Magyar Biológiai Társaság Szegedi Csoportjának munkáját irányította. 1980-tól 1999-ig az Acta Biologica Szegediensis főszerkesztője volt. Farkas professzor úr jelenleg is elnöke a Magyar Biológiai Társaság Embertani Szakosztályának – ennek is köszönhetjük, hogy 2017. május 5-én együtt ünnepelhettünk a Szakosztály különleges, ünnepi, kihelyezett ülésen.

Farkas professzor úrnak több mint 440 publikációja jelent meg különböző hazai és nemzetközi folyóiratokban. Több önálló kiadvány, többek között az „Ópusztaszer–Monostor lelőhely antropológiai leletei”, „A magyar antropológia története”, valamint „A Biblia biológus szemmel” című könyv szerzője, a „Honfoglaló magyarság – Árpád kori magyarság” című kötet társszerkesztője. Egyetemi jegyzetei rendkívül népszerűek a hallgatók körében, és ma is fontos segédanyagot jelentenek a biológusképzés számára a

Szegedi Tudományegyetemen. Oktatói munkája során közel 80 hallgató szakdolgozati, doktori munkáját irányította. Farkas professzor úr komoly figyelmet szentelt a hazai antropológia jövőjének biztosítására, a szakmai utánpótlás-nevelésre: ezt az is fémjelzi, hogy az SZTE Embertani Tanszék valamennyi jelenlegi oktatójának tanára, többünknek PhD témavezetője is volt. 1991/92-ben tanítványával közösen magyar-francia doktori együttműködést kezdeményezett, amelyből az ő társ-témavezetésével született meg 1993-ban az első magyar-francia „co-tutelle” PhD értekezés.

Szakmai munkáját többek között József Attila és Bartucz Lajos emléklappal, illetve a Magyar Biológiai Társaság Gelei József Emlékérmével ismerték el.

A születésnap konferencia valamennyi résztvevője nevében, az MBT Embertani Szakosztály tagjai nevében, az SZTE Embertani Tanszék nevében, az MTA Antropológiai Tudományos Osztályközi Bizottság nevében tisztelettel köszönjük Farkas Gyula professzor úr az embertani szakma érdekében kifejtett, több mint 6 évtizede aktív tevékenységét, gazdag életművét, iskolateremtő munkáját.

Tisztelettel és szeretettel kívánunk jó egészséget, erőt, hosszú, aktív életet – és továbbra is várjuk, visszavárjuk szakmai testületeinkbe, rendezvényeinkre, doktori védéseinkre, tanácskozásainkra – vagy egy pohár borra, pár kedves szóra, amikor erre jár

...

Kedves Professzor Úr, a következő szakmai előadásokkal kívánunk Nagyon Boldog Születésnapot! *(A köszöntő a Magyar Biológiai Társaság Embertani Szakosztályának 389. szakülésén hangzott el.)*

Molnár Erika, Pálfi György és Pap Ildikó

**A MAGYAR BIOLÓGIAI TÁRSASÁG
EMBERTANI SZAKOSZTÁLYÁNAK MŰKÖDÉSE
A 2017. ÉVBEN**

387. szakülés, 2016. december 12.

Farkas L. Gyula (professor emeritus, Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged): *Megemlékezés dr. Wenger Sándor antropológusról születésének 100. évfordulóján.*

Bodzsár Éva, Fehér Virág Piroska, Zsákai Annamária (Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Embertani Tanszék, Budapest): *A női nemi hormonok szintje és a testzsírosság kapcsolata pubertáskorú leányoknál.*

Pintér Zoltán¹, Pósa Anikó², Varga Csaba², Horváth István³, Palkó András⁴, Pálfi György¹ (¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged, ²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Élettani, Szervezettani és Idegtudományi Tanszék, Szeged, ³Diagnoscan Magyarország Kft. – Szeged, Szeged, ⁴Szegedi Tudományegyetem, Általános Orvostudományi Kar, Radiológiai Klinika, Szeged): *Abdominális zsírrakumuláció az antropometria tükrében – az SZTE Embertani Tanszékén végzett obezitás vizsgálatok újabb eredményei.*

Váradai Orsolya Anna^{1,2}, Kecskeméti Anita², Spekker Olga¹, Molnár Erika¹, Bereczki Zsolt¹, Szekeres András², Vágvölgyi Csaba², Pálfi György¹ (¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged, ²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged): *Mycobacterium tuberculosis complex fertőzés lipid biomarker alapú kimutatása.*

Szikossy Ildikó (Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár, Budapest): *Trend vagy kivétel? Gondolatok az emberi maradványok bemutatásáról a Museum of Man (San Diego) kiállítása kapcsán.*

388. szakülés, 2017. március 20.

Bodzsár Éva köszöntése.

Fehér Virág Piroska, Zsákai Annamária, Bodzsár Éva (Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Embertani Tanszék, Budapest): *A pszicho-szomatikus tünetek gyakorisága és az életmód tényezői közötti kapcsolatrendszer vizsgálata 7–18 éveseknél.*

Szeniczey Tamás¹, Rácz Zsófia², Mácsai Viktor², Schmid M. E Magdalena³, Marcsik Antónia⁴, Hajdu Tamás¹ (¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Embertani Tanszék, Budapest, ²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Régészettudományi Intézet, Ós- és Koratörténeti Régészeti Tanszék, Budapest, ³Centre for Research in the Humanities, University of Iceland, Reykjavík, Izland, ⁴Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék): *Egy Közép-Tisza vidéki avar kori népesség kraniometriai és taxonómiai vizsgálati eredményei.*

László Orsolya¹, Schmidt Mayer Richárd² (¹Magyar Nemzeti Múzeum, Régészeti Leletfeltárási és Feldolgozási Osztály, Budapest, ²Kuny Domonkos Múzeum, Tata): *Tata 17–18. századi népessége a Kossuth téren feltárt temetőrészlet embertani feldolgozásának tükrében.*

„Hat évtized a magyar antropológiáért” – Farkas L. Gyula szakmai életútjának bemutatása, és köszöntő az SZTE Embertani Tanszék, ill. az MTA AOTB nevében (Pálfi György, Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged)

Berkó Péter¹, Joubert Kálmán², Zsákai Annamária³ (¹Miskolci Egyetem, Egészségügyi Kar, ²KSH Népszélettudományi Kutató Intézet, ³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Embertani Tanszék): **Az egyes- és az ikerszülettek veszélyeztettségének összehasonlítása az ÉFT-percentilis-mátrix alapján, a 2000–2012. évi születésekben Magyarországon.**

Olivier Dutour (Laboratoire d'Anthropologie biologique Paul Broca, École Pratique des Hautes Études – PSL Research University, Párizs; UMR 5199 PACEA, CNRS – Université de Bordeaux, Pessac, Franciaország; Department of Anthropology, University of Western Ontario, London, ON, Kanada): **The past of plague as a novel: Twenty years after.**

Gál Szilárd Sándor (Maros Megyei Múzeum, Marosvásárhely/Targu Mures, Románia): **Az antropológiai/paleopatológiai kutatás fontosabb eredményei Marosvásárhelyen.**

Pap Ildikó¹, Pálfi György², Molnár Erika², Karlinger Kinga³, Kovács K. Balázs³, Korom Csaba³, Michael Schultz⁴, Tyede H. Schmidt-Schultz⁵, Mark Spigelman^{6,7}, Helen D. Donoghue⁶, Hélène Coqueugniot^{8,9}, Olivier Dutour^{8,10,11}, Kustár Ágnes¹, Szikossy Ildikó¹ (¹Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani tár, Budapest, ²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged, ³Semmelweis Egyetem, Radiológiai és Onkoterápiás Klinika, Budapest, ⁴Department of Anatomy, University Medical School Göttingen, Göttingen, Németország, ⁵Department of Biochemistry, University Medical School Göttingen, Göttingen, Németország, ⁶Centre for Clinical Microbiology, Division of Infection & Immunity, University College London, London, Egyesült Királyság, ⁷Department of Anatomy and Anthropology Sackler Medical School, Tel Aviv University, Izrael, ⁸UMR 5199 PACEA, CNRS – Université de Bordeaux, Pessac, Franciaország, ⁹Dept of Human Evolution, Max Planck Institute Leipzig, ¹⁰Department of Anthropology, University of Western Ontario, London, ON, Kanada, ¹¹Laboratoire d'Anthropologie biologique Paul Broca, École Pratique des Hautes Études – PSL Research University, Párizs, Franciaország): **A tuberkulózis előfordulása egy 18. századi váci családban.**

Gerber Dániel¹, Csáky Veronika¹, Stégmár Balázs^{1,2}, Pósa Annamária¹, Szécsényi-Nagy Anna¹ (¹Magyar Tudományos Akadémia, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet, Archeogenetikai Laboratórium, ²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Embertani Tanszék): **Új módszerek az archeogenetikában: NGS és bioinformatika.**

Márk László (Pécsi Tudományegyetem, Általános Orvosi Kar, Biokémiai és Orvosi Kémiai Intézet, Pécs): **Molekuláris kalandozások a történeti antropológiában.**

Just Zsuzsanna (Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged és Térsége Eötvös József Gimnázium, Általános Iskola, Szeged): **Fejezetek a lateralitásról.**

Spekker Olga¹, Paja László¹, David R. Hunt², Donald J. Ortner^{2†}, Olivier Dutour^{3,4,5}, Molnár Erika¹, Pálfi György¹ (¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged, ²Department of Anthropology, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington DC, USA, ³Department of Anthropology, University of Western Ontario, London, ON, Kanada, ⁴UMR 5199 PACEA, CNRS – Université de Bordeaux, Pessac, Franciaország, ⁵Laboratoire d'Anthropologie biologique Paul Broca, École Pratique des Hautes Études – PSL Research University, Párizs, Franciaország.): **A tuberkulózissal összefüggésbe hozható endocranialis elváltozások makromorfológiai jellegzetességeinek, előfordulásának és együttes megjelenésének vizsgálata a washingtoni Terry Collection-ben.**

Köszöntés a kihelyezett Szakosztályülés Szervezői részéről (Molnár Erika, Pap Ildikó, Bereczki Zsolt, Pálfi György, Pintér Zoltán)

390. szakülés, 2017. szeptember 25.

Éry Kinga és Dezső Gyula köszöntése.

Évinger Sándor, Bíró András Zsolt, Kustár Ágnes (Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár, Budapest): *Egy 20. századi kazak szabadságharcos, Nurmagambet Kökembajuli (Kejki batır) csontmaradványainak általános embertani vizsgálata.*

Kustár Ágnes¹, Balikó András² (¹Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár, Budapest, ²képzőművész): *Nurmagambet Kökembajuli (Kejki batır), 20. századi kazak szabadságharcos szobrászi anatómiai arcreekonstrukciója.*

Hajdu Tamás¹, Rácz Zsófia², Szeniczey Tamás¹, Marcsik Antónia³ (¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Embertani Tanszék, Budapest, ²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Bölcsészettudományi Kar, Régészettudományi Intézet, Ős- és Koratörténeti Régészeti tanszék, Budapest, ³Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged): *Gepidák az Alföldön – a történeti embertani adatok alapján.*

391. szakülés, 2017. november 27.

Zsáka Annamária, Fehér Virág Piroska, Annár Dorina, Bodzsár Éva (Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Embertani Tanszék, Budapest): *A gyermek- és serdülőkorú kövérég meghatározásának testzsírosság mutatóira épülő, új hazai határértékei.*

Buzár Ágota, Bernert Zsolt (Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár, Budapest): *Embertani eredmények a hódoltság kori Pest muszlim temetőjének vizsgálatából.*

Balázs János (Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Embertani Tanszék, Szeged): *Komplementer morfológiai és kémiai antropológiai vizsgálatok régi emberi maradványokon.*

2017. február 17–18-án került sor a Magyar Biológiai Társaság XXX. Vándorgyűlésére, amelynek antropológiai szekciójában a következő előadások hangzottak el:

Molnár Erika, Marcsik Antónia, Pálfi György, Zádori Péter, Buczkó Krisztina, Vellainé Takács Krisztina, Hajdu Tamás: Nem csak a modern ember betegsége a rák

Rácz István, Holger Schutkowski: A fizikai aktivitás nyomon követése történeti korokban: a Hawkey és Merbs, a Mariotti és mtsai, a Villotte és a Coimbra entesis vizsgálatok módszerei összehasonlítása

Szeniczey Tamás, Rácz Zsófia, Mácsai Viktor, Schmid M. E Magdalena, Donoghue D Helen, Mosaku Olatoun, Jamil Siarah, Sirak Kendra, Pinhasi Ron, Marcsik Antónia, Hajdu Tamás: Egy Közép-Tisza vidéki avar kori népesség multidiszciplináris vizsgálata

Szvák Enikő, Pap Ildikó, Pálfi György, Győry Hedvig, Szikossy Ildikó: A mumifikálás vallási célzatai az Ókori Egyiptomban a gamhudi leletanyag tükrében

Bakos Bettina: Újabb adatok az állatkerti látogatók magatartáskutatásához

A szekcióhoz kapcsolódóan a következő poszterek voltak megtekinthetők:

Hajdu Tamás, Schultz Michael, Schmidt-Schultz Tyede H., Marcsik Antónia, Buczkó Krisztina, Zádori Péter, Bíró Gergely, Bernert Zsolt, Baumhoer Daniel, Molnár Erika: Craniofacialis osteosarcoma és jelképes koponyalékelés együttes előfordulása az Árpád-kori Magyarországról

Király Kitty, Zádori Péter, Paja László, Pálfi György, Molnár Erika, Bereczki Zsolt: Egy
10–11. századi koponyatrauma diagnózisa CT-felvételek segítségével

Évinger Sándor

GYENIS GYULA, HAJDU TAMÁS: *Emberré válás. Az ember biológiai és kulturális evolúciója. Régészet és természettudományok 1.*

(Archaeolingua, Budapest, 2017. ISBN: 978-963-9911-93-2, 270 oldal)

Az emberré válás vagy humán evolúció az a hosszú folyamat, amely során a mai ember, a *Homo sapiens* kialakult az emberfélék, a Hominidák őseiből. Az emberré válás folyamatának kutatása számos tudomány vizsgálati eredményeit ötvözve, multidiszciplináris megközelítésben lehetséges. A fizikai/biológiai antropológia, a primatológia, az embriológia, a régészet, a paleontológia, a pszichológia, az etológia, a nyelvészet és legújabban az archaeogenetika művelőinek kutatásai teszik lehetővé a hosszú, bonyolult, sok kihívást jelentő, és sokszor ködbe vesző folyamatnak a megértését.

Az emberré válás folyamatáról Lipták Pál 1991-ben kiadott „Embertan és ember származásán” című tankönyvéből és Gyenis Gyula 2001-ben megjelent „Humánbiológia – A Hominidák evolúciója” című munkájából nyerhetek ismereteket a hallgatók és a szakemberek.

Az elmúlt 30 évben napvilágra került nagy mennyiségű új leletanyag, az új kutatási módszerek alkalmazása adta lehetőségek és a paleogenetika tudományának megszületése új távlatokat nyitott az ember és közvetlen rokonainak, elődeinek megjelenése, elterjedése és evolúciója megértésében. Az örökítőanyag vizsgálatával lehetőség nyílt az emberfélék származási kapcsolatainak felderítésére, a modern ember elterjedésének megismerésére. A leletek új módszerekkel való elemzése forradalmasította az ember evolúciójának kutatását. Új leletek kerültek elő, új eredmények születtek, a régi elméletek helyett újak fogalmazódtak meg. Mindezek lehetővé és szükségessé tették egy új összefoglaló magyar nyelvű monográfia elkészítését.

A kötet első része a recens és fosszilis főemlősökkel (primátákkal) foglalkozó fejezet, amely bemutatja az emberfélék evolúciójának kutatási lehetőségeit, a hominidák evolúciójának szakaszait, a primáták sajátos jellegét, élőhelyeit, elterjedésüket, mozgásformáikat. Kitér eszközhasználatukra és kommunikációjukra. Ezt követően leírja a primátákkal kapcsolatos korai ismereteket, rendszerezésük történetét, mai hagyományos, morfológiai alapú és molekuláris biológiai osztályozását is. Ez a szakasz taglalja a fosszilizáció jelenségét, a kormeghatározó módszereket, a molekuláris órát és a földtörténeti időket. A fejezet részletesen bemutatja a primáták evolúcióját. A következő részben megismerhetjük a Hominidae családot. A *Preanthropus*, az *Archanthropus* és a *Palaeanthropus* fázis képviselőit a *Neanthropus* fázis leleteinek ismertetése, csoportosítása követi.

A biológiai és a kulturális evolúció összefüggéseit taglaló fejezet többek között a nemi dimorfizmust, a növekedés és fejlődést, a két lábon járást, a táplálékszerzést és a táplálékforrásokat, a kőszközközetet, az agy evolúcióját, a lakóhelyet, a tűz szerepét, a lakóhelyet, a ruházatot ismerteti. Kitér a nyelv és a hitvilág (kannibalizmus, a temetkezés és a művészet) kérdéseire.

A kötet utolsó előtti fejezete a *Homo sapiens* biodiverzitásával (benne az emberi rasszokkal kapcsolatos vitákkal és a mai ember földrajzi változataival) foglalkozik. Ezt követi a neolitikizáció, a mezőgazdasági termelés kezdeteinek, kialakulásának kérdésköre.

A Zárzó ismerteti az *American Journal of Physical Anthropology* folyóirat 1996-ban megjelentetett állásfoglalását a rasszok biológiai aspektusairól.

A könyvet gazdag irodalomjegyzék zárja le, az egyszerűbb használat érdekében fejezetenként megadva a felhasznált nyomtatott és elektronikus forrásokat.

A kötet gazdagon és szépen illusztrált, 113 képet és 28 ábrát tartalmaz. A könnyebb tanulást segítő nem csak a lelőhelyekről, leletekről, vagy leletmátsolatokról készült ábrákat, képeket, hanem az emberelődök koponyamaradványai alapján készített számos arcreekonstrukciót is bemutat. A szerzők alaposágát jellemzi a felhasznált képek és ábrák forrásainak felsorolása. A borító igényes és figyelemfelkeltő.

A kötetet Mester Zsolt, az ELTE Ős- és Koratörténeti Régészeti Tanszékének munkatársa lektorálta. A mű megjelenését a Nemzeti Kulturális Alap, az Eötvös Loránd Tudományegyetem Oktatási és Képzési Tanácsa, valamint a Magyar Természettudományi Múzeum támogatta.

Az új tudományos eredményeket szakszerűen összefoglaló mű az egyetemi képzésben kiváló tankönyvként, a különböző szakterületek kutatói számára kézikönyvként szolgál. A fajunk kialakulása iránt érdeklődő olvasót magas színvonalú tudományos ismeretterjesztő munkaként vezeti be az emberré válás kutatásába, annak módszereibe, a különféle tudományos elméletekbe és vitákba.

A szerzők, Gyenis Gyula professzor és Hajdu Tamás adjunktus az Eötvös Loránd Tudományegyetem Embertani Tanszékének tanárai és kutatói. Oktatói tapasztalataikat gyümölcsöztetve jöhetett létre a szép megjelenésű, igényes, minden szempontból értékes monográfia.

Az Archaeolingua Kiadó „Régészet és természettudományok” címmel indult új könyvsorozata első köteteként megjelent munka számos tudományterület eredményeit mutatja be. Az embertan, a régészet, a humángenetika, a geológia, a különböző természettudományos kormeghatározási módszerek alkalmazásával követhetjük az evolúciós utazást, és megismerhetjük a legújabb elképzeléseket arról, hogy mikor, hol és hogyan alakult ki a mai ember.

Pap Ildikó és Szikossy Ildikó

TARTALOM – CONTENTS

Eredeti közlemények – Original papers

NÉMETH E., CSÁKY V., SZÉKELY G., BERNERT ZS., FEHÉR T.: Új filogenetikai mértékek és alkalmazásuk – Új nézőpontok a magyarok korai története kapcsán – *New phylogenetical measures for characterizing different demographic interactions – A new insight into the early Hungarian history* 3

PAP I., PÁLFI GY., MOLNÁR E., KARLINGER K., K. KOVÁCS B., KOROM CS., SCHULTZ, M., SCHMIDT-SCHULTZ, H. T., SPIGELMAN, M., DONOGHUE, H. D., KUSTÁR Á., SZIKOSSY I.: A tuberkulózis előfordulása egy XVIII. századi váci családban – *Tuberculosis cases in a Hungarian family, 18th century, Vác, Hungary* 37

PÁPAI J., TRÓZNAI ZS., NÉGELE Z.: Szomatotípus dominancia és szexuális érés – *Somatotype dominance and sexual maturation* 49

ZSÁKAI A., FEHÉR V. P., ANNÁR D., BODZSÁR É.: A gyermek- és serdülőkori kövérség meghatározásának testzsírosság mutatóira épülő, új hazai határértékei – *New Hungarian cut-off values of childhood obesity based on body fatness indicators* 63

Módszertani irányelvek – Methodology

PAP I., HAJDU T., ANDERS A., DANI J., KULCSÁR G., RÉVÉSZ L., MENDE B., MOLNÁR E., PÁLFI GY.: Antropológiai-régészeti együttműködés a biológiai antropológiai maradványok roncsolásos mintavételének szabályozására – *Anthropological-archaeological cooperation for policy to handle requests for destructive/invasive sampling of biological anthropological remains* 75

PhD tézisek – PhD theses

BALÁZS J.: Komplementer morfológiai és kémiai antropológiai vizsgálatok régi emberi maradványokon – *Investigations of ancient human remains using complementary methods in morphology and chemical anthropology* 81

NEPARÁCZKI E.: Honfoglalók származásának és rokonsági viszonyainak vizsgálata archaeogenetikai módszerekkel – *Archeogenetic analysis of the origin and genetic relations of the Hungarian conquerors* 91

PÓSA A.: A *Mycobacterium tuberculosis* komplex archaikus DNS kimutatása humán csontvázmaradványokon – *Mycobacterium tuberculosis complex ancient DNA demonstration from human bone remains* 97

Köszöntések – Salutations

BOARD OF THE EUROPEAN ANTHROPOLOGICAL ASSOCIATION: <i>Birthday salutation to Prof. Éva Bodzsár</i>	109
FARKAS L.GY.: Bodzsár Éva köszöntése – <i>Salutation to Prof. Éva Bodzsár</i>	110
FARKAS L.GY.: Dezső Gyula köszöntése – <i>Salutation to Dr. Gyula Dezső</i>	111
FARKAS L.GY.: Éry Kinga köszöntése – <i>Salutation to Dr. Kinga Éry</i>	113
MOLNÁR E., PÁLFI GY., PAP I.: Farkas L. Gyula köszöntése – <i>Salutation to Prof. Gyula L. Farkas</i>	115
Hírek – News	117
Könyvismertetés – Book review	121

