



KÉSŐ RÉZKORI TEMETKEZÉSEK RÉGÉSZETI ÉS BIOARCHEOLÓGIAI ELEMZÉSE

ARCHAEOLOGICAL AND BIOARCHAEOLOGICAL STUDIES
ON LATE COPPER AGE BURIALS



késő rézkori
temetkezési rítusok
genetika, antropoló
természettudomá
archeozoológia,
C14-es korhatá
késő rézkori te

Késő rézkori temetkezések
régészeti és bioarcheológiai elemzése

Archaeological and Bioarchaeological Studies
on Late Copper Age Burials

Késő rézkori temetkezések régészeti és bioarcheológiai elemzése

Archaeological and Bioarchaeological Studies on Late Copper Age Burials

Szerkesztő:
Bondár Mária

Közreműködő szerzők:

Bondár Mária, Demény Attila, Farkas Csaba, Gál Erika, Gerber Dániel,
Gugora Ariana, Hegyi István, Horváth Anikó, Jakucs János, Köhler Kitti,
Marton Tibor, Oross Krisztián, Palcsu László, Rácz Piroska,
Somogyi Krisztina, Somogyvári-Lajtár Enikő



HUN-REN
Magyar Kutatási Hálózat



HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
MTA Kiváló Kutatóhely

Budapest 2023

A kötet megjelenését támogatta:

A Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal K-128413,
A Kárpát-medence késő rézkori temetkezéseinek komplex elemzése és a
MEC K_140620, *Késő rézkori temetkezések a Kárpát-medencében –*
Régészeti és bioarchaeológiai elemzések új eredményei című pályázata



Borító:

Fent: mintavétel a HUN-REN BTK AGI-ban; réz karperec (Balatonlelle-Rádpusztza 415. sír);
kettős temetkezés (Balatonszentgyörgy-Faluvégi-dűlő 2. lh. 774. sír)

Lent: DNS spirál (<https://www.dreamstime.com/royalty-free-stock-image-dna-molecules-beautiful-background-image34490806>); gagát gyöngy (Balatonlelle-Rádpusztza 415. sír);
a gyöngy mikroszkópos felvétele; gyöngysor (Budakalász-Luppa-csárda 128. sír);
gyermeksír részlete (Balatonlelle-Rádpusztza 415. sír).

Technikai szerkesztő: Vajda Olga
Angol fordítás: Seleanu Magdaléna

ISBN 978-615-5766-64-0

© HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet, 2023

© Archaeolingua Alapítvány, 2023

© Szerzők, 2023

© Grafikusok, fotósok, számítógépes grafika és 3D rekonstrukció készítői, 2023

© Seleanu Magdaléna, 2023

Minden jog fenntartva. Jelen könyvet, illetve annak részeit tilos reprodukálni, adatrögzítő rendszerben tárolni,
bármilyen formában vagy eszközzel – elektronikus úton vagy más módon – közölni a kiadó engedélye nélkül.

2023



ARCHAEOLINGUA

ARCHAEOLINGUA ALAPÍTVÁNY

H-1067 Budapest, Teréz krt. 13.

www.archaeolingua.hu

Felelős kiadó: Jerem Erzsébet

Borítóterv: Kaszta Móni

Tipográfia és nyomdai előkészítés: Kovács Rita

Nyomda: Prime Rate Kft. Budapest

Tartalomjegyzék / Contents

BONDÁR MÁRIA	
Előszó	7
<i>Introduction</i>	10
BONDÁR MÁRIA	
Kutatástörténet – másképp. A reformkortól a bioarcheológiáig	15
<i>Research history with a different perspective. From the Age of Reform to bioarchaeology</i>	44
BONDÁR MÁRIA	
A temetkezések katalógusa	49
<i>Catalogue of burial sites</i>	262
1. Győr-Moson-Sopron vármegye	53
2. Vas vármegye	58
3. Veszprém vármegye	62
4. Zala vármegye	71
5. Komárom-Esztergom vármegye	83
6. Fejér vármegye	99
7. Tolna vármegye	100
8. Baranya vármegye	107
9. Pest vármegye	119
10. Budapest	135
11. Bács-Kiskun vármegye	143
12. Csongrád-Csanád vármegye	148
13. Békés vármegye	156
14. Jász-Nagykun-Szolnok vármegye	157
15. Heves vármegye	158
16. Nógrád vármegye	161
17. Borsod-Abaúj-Zemplén vármegye	162
18. Szabolcs-Szatmár-Bereg vármegye	174
19. Hajdú-Bihar vármegye	179
BONDÁR MÁRIA – SOMOGYI KRISZTINA	
20. Somogy vármegye	181
BONDÁR MÁRIA	
Irodalom / References	269
BONDÁR MÁRIA	
A temetkezési kategóriák és a temetési rítusok látható elemei	303
<i>Burial categories and the archaeologically visible elements of the mortuary rites</i>	330
RÁCZ PIROSKA	
Dunántúli késő rézkori temetkezések embertani vizsgálatának főbb eredményei	339
<i>The main results of the osteoarchaeological study of the Late Copper Age burials of Transdanubia</i>	412

GÁL ERIKA

Dunántúli késő rézkori temetkezésekben talált állatcsontleletek vizsgálatának főbb eredményei	423
<i>Main results of the analyses of animal bones from Late Copper Age burials in Transdanubia</i>	452

MARTON TIBOR

Pattintott kőeszközök késő rézkori temetkezésekben	455
<i>The chipped stones from the Late Copper Age burials</i>	478

JAKUCS JÁNOS

Az alkalmazott mintavételi stratégia elméleti megfontolásai és gyakorlati kivitelezése	481
<i>Theoretical and practical considerations of the employed sampling strategy</i>	490

OROSS KRISZTIÁN – JAKUCS JÁNOS – SOMOGYI KRISZTINA –
RÁCZ PIROSKA – KÖHLER KITTI – BONDÁR MÁRIA

A Baden-komplexum síregyütteseinek abszolút kormeghatározása a Kárpát-medence nyugati területein	493
<i>The absolute chronological dating of the funerary contexts of the Baden complex in the western Carpathian Basin</i>	554

GERBER DÁNIEL

Az archeogenomikai vizsgálatok múltja, jelene és jövője Magyarországon	557
<i>Archaeogenomic studies in Hungary. Past, present and future</i>	589

DEMÉNY ATTILA – GUGORA ARIANA – SOMOGYVÁRI-LAJTÁR ENIKŐ –
FARKAS CSABA – HEGYI ISTVÁN – PALCSU LÁSZLÓ – HORVÁTH ANIKÓ

Rézkori temetők csontvázleleteinek stabilizotóp-geokémiai elemzése	591
<i>Stable isotope analyses of Late Copper Age burials</i>	610

BONDÁR MÁRIA

Epilógus. A késő rézkori temetkezések elemzésének fontosabb eredményei, tanulságai és jövője	613
<i>Epilogue. The most important insights drawn from the study of Late Copper Age burials and potential directions for future studies</i>	624

A kötet szerzői / List of Contributors	631
----------------------------------------------	-----

AZ ARCHEOGENOMIKAI VIZSGÁLATOK MÚLTJA, JELENE ÉS JÖVŐJE MAGYARORSZÁGON

GERBER DÁNIEL

Mi az archeogenomika?

Az archeogenetika az egykor élt élőlények örökítőanyagának a vizsgálatával foglalkozó tudományterület. 1984-ben két biológus, Allan C. Wilson és Svante Pääbo által jegyzett cikkek megjelenésével született meg, amelyek bizonyították a DNS fennmaradását történeti és régészeti korú leletekben (Higuchi et al., 1984; Pääbo, 1985). Az archeogenetikai módszertan és a területhez tartozó perspektívák hatalmas változáson mentek át az elmúlt csaknem négy évtizedben. Mára a genom néhány apró szegletét, ezek közül a leggyakrabban az anyától örökölt sejtsejtszervecske, a mitokondrium saját DNS-állományát célzó archeogenetika helyét átvette az archeogenomika, ami már a teljes sejtmagi genomot is vizsgálja, és elengedhetetlen eszközzé vált nem csak a régészet, hanem a biológia számára is, amelyért méltán osztották ki 2022-ben az orvosi-életteni Nobel-díjat a svéd–észti származású Svante Pääbonak.

Az archeogenomika legismertebb eredményei egyes (emberi) népcsoportok eredetéről szólnak, és bár valóban ez a terület teszi ki a nagyobbik részét a jelenleg is zajló kutatásoknak, számos egyéb vizsgálati mélység létezik a tudományterületen belül, többek között kórokozók evolúciójának nyomon követése, funkcionális gének, mint például az immunrendszerhez kötött genetikai variánsok fejlődésének térben és időben való közvetlen monitorozása, vagy akár a faunisztikai és florisztikai mérések barlangi üledékhez kötött DNS-maradványok által (Orlando et al., 2021). A lehetőségek tárháza szinte kimeríthetetlen, és ez a vizsgálható időtávlat minél messzebbre való kitolásával egyre csak bővül. Ennek ellenére a lehetőségek határait is érdemes megismerni: a DNS egy rendkívül sérülékeny molekula, így nem csoda, hogy az első archeogenetikai eredményekig azt gondolták, képtelenség ősmaradványokból használható örökítőanyagot kinyerni. A DNS három legnagyobb ellensége a nedvesség, a magas hőmérséklet és az idő, de befolyásolják a molekula bomlását egyéb tényezők is, pl. a környező mikrobák összetétele, a környezet kémhatása, mint pl. a balzsamozószerek használata. Az élőlény halálát követően számos enzimatis és mikrobiális lebontó folyamat veszi kezdetét, ez minél nedvesebb és melegebb környezetben történik meg, annál hamarabb bomlik vizsgálhatatlan részleteire a DNS-molekula. Többek között ez az egyik fő oka annak, hogy például Afrikából vagy Dél-Euráziából minimális ismeretanyaggal rendelkezünk (Brundin et al., 2013; Der Sarkissian et al., 2015; Orlando et al., 2021). Az idő azonban a legkíméletlenebb faktor: bár a jelen tanulmány megírásának időpontjában a legidősebb ismert genetikai minta kicsivel több, mint kétfélmillió éves, az elméleti felső határa a DNS-molekula megőrződésének „mindössze” ~6,8 millió év (bár egyes kutatások szerint ez a dátum még változhat [Kirkpatrick et al., 2016]). Az így is elképesztő potenciál ebben a hatalmas időtávlatban kicsit csalóka: ökológiai szabály, hogy minél idősebb a minta, annál hiányosabb, töredezetebb, sérültebb, tehát összességében kevésbé vizsgálható a genetikai anyag, emiatt még ha sikerülne is DNS-t kimutatni 6,8 millió éves mintából, az mára már jóformán minden információtartalmát elveszítené (Allentoft et al., 2012). A molekula sérülékenysége ellenére szinte bármilyen közegben képes megmaradni, így nem csak csontból, hanem egyéb szerves anyagból, például fából, tollból, hajból, bőrből, pollenből, de akár szervesetlen anyagokból, például talajból vagy extrém esetekben edénymaradványokból is kinyerhető (Orlando et al., 2021).

A régészeti korú maradványok vizsgálata ennél természetesen sokkal behatároltabb időben, így a genetikai anyag megőrződése elsősorban a minta lelőhelyének mikrokörnyezetén, illetve az élőlény



halálát követő eseményeken múlik. Erre jó példa, hogy míg ugyanarról a lelőhelyről az eltemetett személyek általában vizsgálható mennyiségű és minőségű DNS-t őriznek meg, addig ugyanott a különféle tároló vagy szemétdödrökben talált állati maradványok legtöbbször genetikailag vizsgálhatatlanok a gödörbe kerülést megelőző környezeti hatások, például főzés, szárítás, használat, stb. miatt. Ehhez hasonló hatás érheti ugyanakkor a temetés során, vagy azt megelőzően, a halottat is: a hamvasztás, mumifikáció, kannibalizmus, balzsamozási technikák, de akár a koporsó vagy akként funkcionáló tárgy anyagi összetétele is jelentős mértékben károsíthatja a szövetek DNS-megtartását.

A magyarországi archeogenomikai kutatások technológiai fejlődése

A DNS kódsorának leolvasása (szakszóval szekvenálás) már az 1980-as évek óta elérhető technológia, azonban a hiányos, kémiaiilag módosult, sérült és apró darabokra töredezett molekula vizsgálata a szokásosnál speciálisabb módszertant kíván, a kezdetekben pedig a ma már evidensnek tűnő lépések sem voltak annyira maguktól értetődőek. Magyarországon az első archeogenetikai kutatások már a kilencvenes évek közepén megkezdődtek a Szegedi Biológiai Kutatóközpontban (SzBK) Raskó István vezetésével. Az első és azóta is itthon az egyetlen, ennek a tudományterületnek dedikált, szinte kizárólag archaikus DNS-sel foglalkozó archeogenetikai laboratóriumot 2003-ban alapították Budapesten Mende Balázs antropológus vezetésével. Az Archeogenetikai Laboratórium az MTA Régészeti Intézetében Bálint Csanád igazgató kezdeményezésére, akadémiai támogatással, műemléki környezetben, az SzBK-val együttműködve jött létre.

A 2010-es éveket megelőzően az archeogenetikában nemzetközi szinten elsősorban a laboratóriumi módszerek alkalmazásán volt a hangsúly, ekkoriban még a genetikai örökítőanyag kinyerése is komoly technikai kihívás volt, illetve a teljes genomot érintő, nagy számítási kapacitást igénylő informatikai feladatokra, a kinyert DNS mai szemmel szinte elhanyagolható információtartalma miatt, nem volt szükség. Bár az akkori hazai kutatások elsősorban a népvándorlás korra koncentráltak, a rézkori badeni kultúrához tartozó budakalászi temetőből is vizsgált csontmintákat Csősz Aranka biológus. Sajnálatos tény, hogy az akkori technológiával az MTA Régészeti Intézetében (MTA RI) végzett kutatások nem vezettek értékelhető eredményre (Csősz, 2009).

A klasszikus, szinte csak a laboratóriumot igénylő módszerek nemzetközi léptékben már a 2010-es évek fordulóján háttérbe szorultak. A korábban időigényes és körülményes Sanger-típusú szekvenálás vagy egyéb kis áteresztőképességű módszereket az úgynevezett újgenerációs szekvenálás váltotta az új évtizedben. Az MTA RI Archeogenetikai Laboratórium 2015-től, a Török Tibor vezette kutatócsoport Szegeden 2016-tól alkalmazta ezt a technológiát. A forradalmian új technológia ekkoriban kezdett megfizethetővé válni a kisebb laboratóriumok számára is, új alapokra helyezve nem csupán az archeogenetika, hanem általában véve a biológiai tudományok vizsgálati mélységét. Az újgenerációs szekvenálásnak több, működési elvben egymástól radikálisan eltérő típusa létezik, ezek közül az Illumina cég által nyújtott módszer a jelen tanulmány megírásakor is a legelterjedtebb archaikus adatsorok előállítására. A technológia működésének lényege, hogy a korábbi módszerekkel ellentétben nem csak egy, hanem egyszerre akár több százmillió, kifejezetten rövid (50-300 bázispár) hosszúságú DNS-szálat olvas le. Ugyanebben az időszakban kezdett elterjedni az ún. capture technológia is (ld. alább), lehetővé téve rendkívül kis mennyiségű genetikai anyag célzott vizsgálatát, ezzel nem csak a mintaszámot, hanem a vizsgálati anyag változatosságát is nagymértékben növelve az archeogenomikában.

Ennek az adatmennyiségnek a kiértékeléséhez a korábban használt informatikai háttér és biostatistikai módszerek elégtelennek bizonyultak, így nem csak a laboratóriumban, hanem az informatikai felszereltségben is komoly előrelépésre volt szükség. Mára a vizsgálatok hangsúlyosa az adatok számítástechnikai oldalára helyeződött át. Bár maga a laboratóriumi technológia az

archeogenetikai kutatásokban az alapjait tekintve változatlan maradt, a szekvenálás áteresztőképessége, illetve a számítástechnikai módszertan a következő, csaknem egy évtizedben is hatalmas fejlődésen ment át. Az újgenerációs technológiával készült önálló hazai kutatások kezdetben elsősorban még mindig a mitokondrium – ezúttal már teljes – DNS-állományát célozták (Csáky et al., 2020a; 2020b; Neparáczki et al., 2017; 2018), ezt a 2020-as évektől a kutatócsoportok átszervezését követően – Szegeden az egyetemi laboratórium és a Magyarországi Kutató Intézet összefonódva, Török Tibor és Neparáczki Endre vezetésével, Budapesten pedig a Bölcsészettudományi Kutatóközpont önálló intézeteként (Archeogenomikai Intézet, AGI) Szécsényi-Nagy Anna vezetésével – egyre gyakrabban a már teljes sejtmagi genomot vizsgáló publikációk követték (Gerber et al., 2023; Maróti et al., 2022; Neparáczki et al., 2022; Varga et al., 2022). Mindezek mellett számos külföldi együttműködésben zajló kutatás is napirenden van, ezek között szerepelt az európai neolitikum humán populációinak genetikai vizsgálata (Lipson et al., 2017), a harangedényes kultúrához tartozó népcsoportok vizsgálata (Olalde et al., 2018), a háziasított lovak eredetének feltárása (Librado et al., 2021), illetve későbbi korból, III. Béla Árpád-házi királyunk teljes genomjának a publikációja (Wang et al., 2021). A könyvfejezet megírásának időpontjában is folyó nagyobb projektek, mint például az Európai Unió támogatásával a „HistoGenes” nevű ERC Synergy program, mely mintegy hatezer népvándorlás kori minta vizsgálatát tűzte ki célul, egyre több lehetőséget biztosítanak nem pusztán a régió történetének feltárására, hanem a további technológiai fejlődést és fejlesztést is lehetővé teszik a hazai kutatók számára. Ennek köszönhetően a badeni kultúrához tartozó egyének vizsgálata is a jelenleg már nemzetközileg elérhető legfejlettebb technológiai háttérrel történik, a következő fejezet ennek a módszertannak az alapjait, lehetőségeit és határait mutatja be.

Az archeogenetika módszertana és vizsgálati mélységei

A laboratóriumi előkészítés

Az újgenerációs módszerek a korábbi évtizedekben használt metodikát hamar és gyakorlatilag teljes mértékben felváltották, így ezeknek az ismertetésétől eltekintek ebben a fejezetben. Maga a módszertan, bár egy kívülálló számára végtelen perspektívákat és viszonylag könnyedén elérhető vizsgálatokat rejt, a gyakorlatban a könyvfejezet megírásának pillanatában is rendkívül komplex változásokon és fejlesztéseken megy át. Bár egyre inkább akadnak „rutinvizsgálatok” az archeogenetikán belül, ezek értelmezése sok esetben a legváratlanabb, szinte állandó jelleggel kivételes körülmények miatt még mindig egyedi elbírálást igényel. Ez még a látszólag végtelenül egyértelműnek tűnő esetekben, mint amilyen egy rokonságvizsgálat, problémákat vet fel, ugyanis már egy közepesen belterjes csoporton belül is (ami például az őskorban közel sem volt ritka jelenség) bőven akadhatnak fals-pozitív (valójában mégsem rokon) rokoni kapcsolatok.

Az elsődleges és egyik legneuralgikusabb pontja a genetikai vizsgálatoknak minden esetben a mintavételezés. Annak ellenére, hogy akár egyetlen egy genomról is rekonstruálni lehet a teljes populációt, vagy akár az adott faj tágabb értelemben vett evolúciós-genetikai történetét, kifejezetten régészeti kérdések megválaszolásához az ilyen jellegű vizsgálatok nem, vagy csak korlátozottan alkalmasak. Ennek nemcsak a kevés vagy rosszul összeválogatott mintasor reprezentativitást csökkentő hatása az oka, hanem például egy-egy minta DNS-megtartása miatti vizsgálati mélység és ezáltal a lehetőségek beszűkülése is. A legnagyobb problémát azonban az irányított mintavétel okozza sok esetben, ami alatt nem egy meghatározott régészeti horizont, lelőhely vagy kultúra mintázását kell érteni, hanem az ezen belül történő részleges mintavétel szubjektivitását. Erre példa, amikor egy meghatározott tárgytípus, antropológiai jelleg, temetési mód, stb. alapján történik a mintavétel, mellyel biológiai

szemszögből, különösen ha annak interdiszciplináris interpretációs mélysége van, nem lehet mit kezdeni. Azoknál a mintavételeknél, ahol a korszak vagy a földrajzi régió miatt egyébként az összehasonlító anyag sem áll megfelelő minőségben és mennyiségben rendelkezésre, ez a típusú probléma különösen nehezíti a kutatás eredményességét. Ennek az az oka, hogy bármilyen (populáció)genetikai vizsgálatot csak kontextusában, azaz összehasonlító háttéranyag, vagy ennek hiányában kiterjedt mintavétel mellett lehet elvégezni, hasonlóan egy régészeti tárgyhoz: ha valaki kiás egy leletet, legyen az bármilyen jó állapotban fennmaradt vagy jellegzetes kialakítású, ha nincs mivel összehasonlítani, akkor csak egy szép tárgy lesz információmentesen.

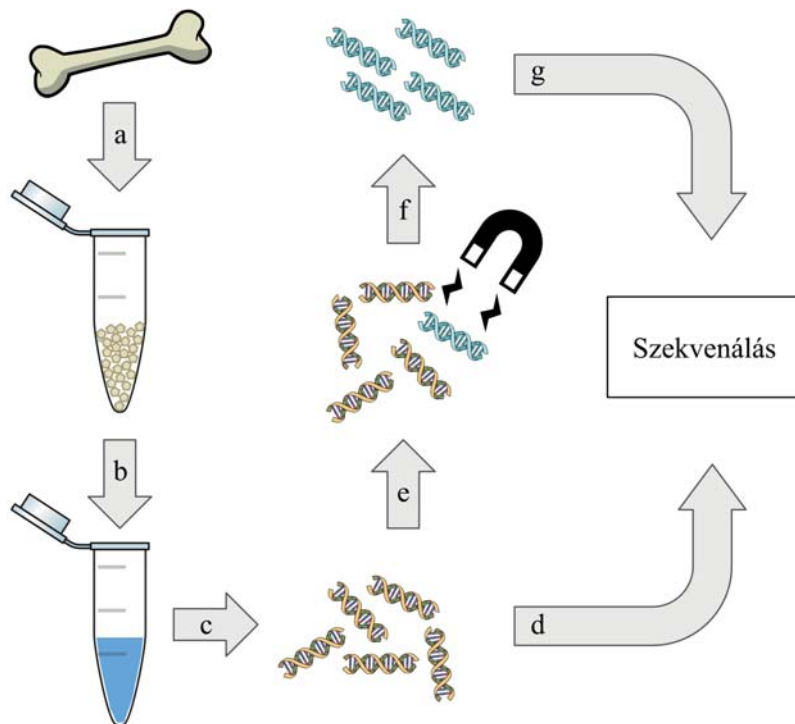
Leszűkítve a témakört a humán populációgenetikára, a mintavétel második lépcsőfoka a tényleges mintavétel: korábban nagy méretű csontdarabokat, például combcsontból vagy bordából származó mintát használtak genetikai mintavételhez, manapság általánosan fog, sziklacsont vagy egyéb tömör csontállomány a legalkalmasabb a genetikai mintavételre (Gamba et al., 2014). Abban az esetben, ha a csontváz megtartása (pl. sziklacsont hiánya) nem szűkíti be a mintavételi lehetőségeket, gyakori szempont lehet az adott személyt elpusztító kórokozó (patogén) genetikai vizsgálata, de legalábbis a kórokozó jelenlétének genetikai módszerekkel történő igazolása (Margaryan et al., 2018; Willmann et al., 2018). A sziklacsont, mint az emberi test legtömörebb csontállománya, tökéletesen alkalmas az adott személy vizsgálatára annak jó saját DNS, szakszóval ún. endogén tartalma miatt (Sirak et al., 2017). Fontos kiemelni, hogy az endogén DNS mellett a számos más forrásból származó DNS is a minta része, mint például a bomlást elősegítő mikrobák genetikai maradványai. A jó endogén DNS-tartalmat éppen ezért, különösen régészeti korú anyagban, elsősorban nem az abszolút mértékben fennmaradt DNS mennyiségeként, hanem a saját és nem saját DNS-mennyiség arányaként kell értelmezni. Értelemszerűen minél nagyobb arányban van jelen a minta saját DNS-e, annál jobban vizsgálható genetikailag az adott személy. Az endogén DNS-aránya a jobb megtartású őskori minták esetén általában 30–60% között változik, de középkori mintáknál akár a 80%-ot is elérheti. Ugyanakkor patogének vizsgálatára más logikát kell alkalmazni, ami miatt a sziklacsont erre kevésbé alkalmas: az esetenként vérbe jutó kórokozó genetikai maradványa a fogak ereiben általában véve nagyobb eséllyel fordul elő, mint a többi csontban, bár a rendelkezésre álló csontos hegszövet is kellőképpen alkalmas lehet erre a típusú vizsgálatra. Ebben az esetben az endogén tartalom a patogén szempontjából értelmezendő, ami a legjobb esetekben is – néhány extrém kivételtől eltekintve – általában jóval 1% alatti (Spyrou et al., 2019). Emiatt ezeknek a vizsgálata bár elméletileg lehetséges, komoly, sokszor áthidalhatatlan technikai akadályokba ütközik, és legtöbbször csak a kórokozó jelenlétének igazolására van lehetőség, genomjának mélyebb analizésére már nem. Érdekes módon nincs egyértelmű összefüggés a csontanyag megtartása vagy éppen az antropológiailag igazolt patológiás elváltozások megléte és az endogén tartalom között, így egy jó megtartású váz, vagy egy határozott tbc-s elváltozás egyáltalán nem garancia a sikeres genetikai vizsgálatra, mint ahogy a fizikai tünetek hiánya vagy a szinte teljesen elkorhadt csontváz sem a sikertelenre.

A kivágott csontdarabból régen golyós malommal őrölt, újabban egyre gyakrabban (az AGI-ban is) alkalmazott közvetlen csontfűréssel port állítunk elő. Ezt számos molekuláris biológiában használatos, napokig tartó kémiai reakciókkal feloldjuk és megszűrjük, hogy hozzáférjünk a csontban rejtett, egyébként sérült és töredezett DNS-molekulákhoz. Mivel egy-egy ilyen mintának az endogén tartalma még a legjobb megtartás esetén is nagyságrendekkel alacsonyabb egy modern mintához, vagy éppenséggel a mintavevő személyhez képest, a sterilításra komoly energiát kell fordítani. Ezt számos biztonsági lépéssel lehet biztosítani, ami nemzetközi sztenderdek szerint épül fel, mint például az elkülönített helyiségek, UV-fény, tisztítószer és védőruházat alkalmazása, stb. A steril helyiségben minden mintára egyedi módon összeállított jelzőmolekula-kombinációval látjuk el az archaikus DNS-t (a jelölt DNS-fragmensek összességét hívják DNS-könyvtárnak), ami alkalmas a későbbi

szennyeződésektől való megkülönböztetésre, elsősorban a későbbi számítógépes feldolgozás esetén. Szintén ehhez a munkafolyamathoz tartozik az ún. UDG vagy USER enzim kezelés, mely a bomlás és évszázados/évezredes kémiai módosulás során a kódsorban létrejövő hibákat hivatott kijavítani. A DNS-könyvtár elkészítését követően a mintát már általános laboratóriumi körülmények között lehet tovább előkészíteni a szekvenálásra. A folyamat része többek között a kinyert DNS mennyiségi meghatározása, további tisztítása, illetve bizonyos esetekben a capture technológia alkalmazása (Der Sarkissian et al., 2015; Orlando et al., 2021; Rohland and Hofreiter, 2007).

A vizsgálni kívánt minta előkészítését a szekvenálás előtt alapvetően két nagy módszerre lehet felosztani. Az egyik a shotgun szekvenálásra való előkészítés, ennek a lényege, hogy a DNS-könyvtár egészét, azaz a mintából származó DNS-t közvetlenül szekvenáljuk, mindenféle előszűrés nélkül. Ennek a módszernek számos előnye mellett a hátránya, hogy rossz megtartású minták esetén a kevés endogén tartalom miatt aránytalanul nagy mélységben kell szekvenálni a mintát, ami sokszor nem csak anyagi, hanem fizikai korlátokba is ütközhet. A másik módszer, a korábban említett capture technológia lényege, hogy molekuláris biológiai módszerrel még a szekvenálást megelőzően kiszűrjük és felszaporozzuk (szakszóval felszaporítjuk vagy amplifikáljuk) azokat a DNS-szakaszokat, amikre egyébként az adatelemzés során kíváncsiak vagyunk (Fu et al., 2013) (1. ábra).

A capture technológia célja az endogén tartalom mesterséges megnövelése, pontosabban az arányok eltolása a számunkra kedvező módon. Ennek köszönhetően a shotgun módszerrel már gyakorlatilag vizsgálhatatlan mintából is ki lehet sajtolni valamennyi információt, ugyanakkor ez számos hátulütővel is bír (Rohland et al., 2022):



1. ábra: A DNS sematikus útja a szekvenálásig. **a:** A mintavételt követő tisztítás és porítás; **b:** a DNS izolálása és a könyvtárkészítés; **c:** további laboratóriumi vizsgálatokat és előkészítést követően az oldatban található DNS-fragmenseket; **d:** véletlenszerűen, azaz shotgun technológiával szekvenálják, vagy; **e:** ezt megelőzően az előre definiált vizsgálathoz szükséges fragmenseket capture technológiával szó szerint kihalásszák; **f:** felszaporítják és csak ezt követően; **g:** szekvenálják (A képet a szerző készítette)

- csak meghatározott számú és karakterű DNS-szakaszt lehet ezzel a módszerrel vizsgálni, így a genom nagy része ismeretlen marad a kutató számára, ami bizonyos vizsgálatípusokat eleve kizár a lehetőségek közül,
- a vizsgált szakaszok szűrése és felszaporítása nem egységes, ami számos technikai problémát rejt magában, például bizonyos genetikai variánsok arányainak mesterséges eltolódását, amit bár lehet digitálisan kompenzálni, mégis számos vizsgálatípusban torzult eredményekhez vezethet,
- drága és időigényes eljárásról van szó.

Mint látható, már az adat előkészítési fázisában komoly előrelátásra van szükség ahhoz, hogy egy adatsort a természettudományos kritériumoknak megfelelően analizálni lehessen. Természetesen nem vakon történik a döntés, ugyanis egy kis léptékű és gyors előszekvenálást követően zajlik a minták elsődleges kiértékelése, megéri-e tovább vizsgálni, és ha igen, akkor melyik módszerrel.

A szekvenálást követően a nyers DNS-adat már a számítógépekre érkezik meg, és egy hosszas minőségellenőrzésen és szűrésen átesve lehet megkezdeni a tényleges vizsgálatot. Ennek része például az esetleges szennyeződés¹ kiszűrése azáltal, hogy csak a DNS-könyvtár készítésekor az egyedi azonosítóval ellátott DNS-fragmenseket (pontosabban a szekvenálást követően azok leolvasott kódsorát, szakszóval a szekvenálási readet, vagy csak röviden a readet) tartjuk meg. A szennyeződés mértéke reflektív a laborban végzett munkára. A számítógépes munkát végző bioinformatikus és a laborban dolgozó kutató között folyamatos a kommunikáció, mivel számos újraszekvenálást, vagy az előszekvenálást követően előfordulhat stratégiaváltás a minta feldolgozását illetően. A szennyeződés származhat a laboratóriumi feldolgozást megelőző fázisból is, ami így az archaikus fragmensekkel együtt a DNS-könyvtárba kerül. Ez a jelenlegi technológiákkal csak részben szűrhető ki, mértéke viszont jó közelítéssel becsülhető (Renaud et al., 2015). Ha az ilyen jellegű szennyeződés elér egy bizonyos mértéket, az adott minta sajnálatos módon megbízhatatlanná válik a későbbi vizsgálatok számára.

A szekvenálás folyamata kellőképpen bonyolult ahhoz, hogy a részletekbe ne merüljünk el, ugyanakkor azt fontos megjegyezni, hogy a kinyert adatok mennyisége (és ezáltal a további vizsgálati mélység) gyakorlatilag a szekvenálás mélységén múlik: minél több DNS-fragmenst szekvenálunk, annál több információval rendelkezünk az adott mintáról. Ebben az értelemben pénzkérdés, hogy mennyit tudunk egy adott mintából kinyerni, de itt sem lineáris az összefüggés: ha például a minta endogén tartalma még capture alkalmazása mellett is jóval 1% alatt van, a világ összes pénze sem elegendő a kellően mély vizsgálatra, ugyanis hamarabb elfogy a mintául szolgáló csont, minthogy a számunkra elegendő mennyiségű DNS-fragmenst összeszedjünk belőle.

A bioinformatikai előkészítés

Bár szinte végtelen módja létezik a szekvenciák elemzésének, humán minták esetében a readek referenciagenomhoz való illesztése a bevett lépés. Az emberi referenciagenom az 1990-ben elindított Humán Genom Projekt „végterméke”, azaz a szekvenált nukleáris (és mitokondriális) DNS (Hood and Rowen, 2013). Ez, bár teljes genomnak nevezzük, nem pontos kifejezés, ugyanis az emberi genomnak (ahogy általában véve majdnem minden organizmus genomjának) vannak nehezen hozzáférhető részei, azaz olyan kódsorokat tartalmaz, amiknek a leolvasása vagy összeszerelése, illetve a későbbiekben bármiféle vizsgálata technikai problémákba ütközik. Emiatt az általában archeogenomikában használt referencia kissé „foltos”, azaz tartalmaz olyan részeket, melyeket egyszerűbb nem vizsgálni, ez

¹ Az archaikus mintához keveredett külső szennyeződés, ez jellemzően modern forrásból származik a DNS-könyvtár készítése előttről (ásató, antropológus, mintavevő, stb.) vagy utánról (laboráns, archeogenetikus, stb.). Előfordul archaikus keresztkontamináció is jellemzően a könyvtárkészítés utáni folyamatok során, de ez könnyedén kiszűrhető a fent említett módszerrel.

ugyanakkor szerencsére nem rontja le lényegesen az elemzések mélységét vagy megbízhatóságát. Mivel a Humán Genom Projekt elérte a célját, a töredezett archaikus readeket nem kell „sablon” nélkül összeszerelni (ez egyébként is csak korlátozottan lenne lehetséges), hanem a rövid, de jellegzetes kódsoruk alapján a meglévő referenciagenom különböző szakaszaihoz hasonlítva megadhatjuk azok egykori pozícióját a genomban. Az ily módon „összeszerelt”, bár ebben az esetben szakszóval illesztett genomot aztán különböző módokon tudjuk a későbbiekben elemezni. Ezt követően még számos egyéb szűrés (szennyezettség, szekvenálás minősége, stb.) után indul meg az adott személy vagy csoport tényleges genetikai vizsgálata.

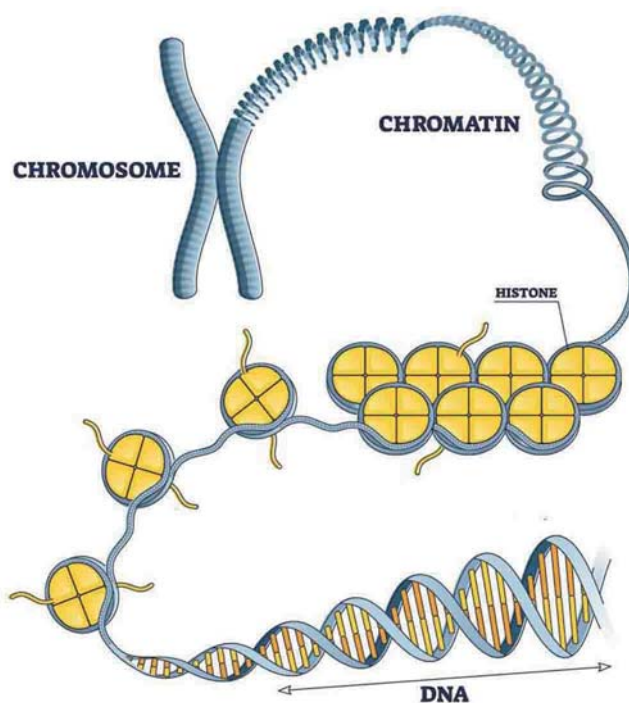
Az első, és egyik legfontosabb kérdés a vizsgált személy genetikai neme. Ezt az információt már nagyon kis DNS-mennyiség mellett is ki lehet nyerni, ugyanis az X- és Y-kromoszómákra illesztett readek egymáshoz viszonyított aránya utal a genetikai nemre. Ugyanezen logikával – megfelelő DNS-megtartás és nagyobb szekvenálási mélység mellett – a különböző kromoszóma-rendellenességek is kimutathatóak, mint a Down-kór, Klinefelter-szindróma, stb. (Gerber et al., 2023). Egyre kisebb jelentősége miatt egyre ritkábban, de mégis sok helyen a mai napig alkalmazzák előszekvenálásnál a mitokondriális DNS haplocsoportjának² meghatározását, ami nagyobb mintaszám esetén egy hozzávetőleges bepillantást ad a csoport általában vett populációgenetikai viszonyairól, esetleges mintaduplikátumok vagy anyai ági rokonok meglétéről. Mivel napjainkban egyre olcsóbbá válik a tényleges szekvenálás, és mivel teljes genomokkal dolgozunk, az apai vonal, azaz az Y-kromoszóma meghatározása is már a mitokondriális DNS-éhez hasonló rutinnal zajlik. Az apai haplocsoportokat viszont csak a mélyebb szekvenálást követően azonosítjuk az Y-kromoszóma nagy mérete, így nagyobb „readigénye” miatt.

A populációgenetikai vizsgálatok menete és lehetőségei

A populációgenetikai vizsgálatok tárgyalása előtt feltétlenül ki kell térni a genetikai vizsgálatok alapjaira. A következőkben tárgyalt alapfogalmak általánosan minden élőlényre, így például háziállatokra, termesztett növényekre, kórokozókra, stb. vonatkoztathatóak. Két organizmus (legyen az akár két baktériumsejt vagy akár két személy) közötti DNS kódsorban való eltérések adják a genetikai vizsgálatok alapját, ezeket az eltéréseket hívjuk genetikai variánsoknak vagy mutációknak, melyek egyedi összessége (kombinációja) adja az adott egyed genotípusát. Két organizmus között minél közelebbi a biológiai rokonság, ami itt tágabb értelemben véve fajok közötti rokonságtól a tényleges elsőfokú rokonságig (vagy bizonyos fajok esetén klónokig, bár utóbbi esetén már nem ivaros szaporodásról beszélünk) terjedő skála, annál jobban hasonlít egymásra a genetikai kódjuk. Bizonyos evolúciós távolságokban már nem csak a DNS kódsora, hanem annak különböző egységekre (kromoszómákra, 2. ábra) való felosztása, vagy a kódsor kromoszómán belüli struktúrája is változik.

Ezek jellemzően magasabb rendszertani kategóriák között előforduló különbségek, illetve archeogenetikai kutatásban való felhasználásuk még gyerekcipőben jár, ezért ezeknek a tárgyalása kívül esik ennek a tanulmánynak a keretein.

² Azok a genetikai elemek, melyek nem rekombinálódnak, azaz a két szülőtől származó genetikai anyag nem „összekeverve” öröklődik tovább, sajátos, fordított családfához hasonló leszármazási mintázattal rendelkeznek. Ilyen elemek a kizárólag anyáról gyermekekre öröklődő mitokondrium saját DNS-állománya és az apáról fiúra öröklődő Y-kromoszóma (nagy része) is. A leszármazási fa végpontjait hívjuk haplotípusnak, az ezeket tömörítő nagyobb ágakat haplocsoportnak, melyek földrajzi és kronológiai mintázatot is mutatnak. Két egyed között az azonos haplotípus közeli vagy közvetlen rokonságra, azonos vagy hasonló haplocsoport-összetétel két vizsgált populáció közötti szorosabb kapcsolatra utal(hat).



2. ábra: A kromoszóma felépítése. A DNS ún. hisztonfehérjékre felcsavarodva gyöngysorszerű struktúrát alkot. Ez a gyöngysor tovább tekeredve hozza létre a kromatinszálat, illetve végső soron a teljes kromoszómát. A kromoszóma alapvetően egy „hurka” alakú, összesen egy hosszú DNS-szálat tartalmazó szerkezet, az ismert „X”-alakot csak a sejtosztódás egyik ún. metafázisos állapotában veszi fel a kromoszómapár (azaz ugyanazon kromoszómának az anyai és az apai oldalról örökölt változatának) összetapadásával. Forrás (2023.09.28.): <https://www.pasteur.fr/sites/default/files/styles/media-wide/public/illustration-zimmer-chromatin-eng.jpg?itok=I2FBtvKt>

A variánsoknak számos fajtáját különítjük el többféle szempont alapján (3. ábra). Molekuláris biológiai szempontból a variáns fizikai formája lesz a mérvadó: léteznek SNP-k,³ STR-ek,⁴ inszerciók,⁵ deléciók,⁶ stb. Funkció szempontjából megkülönböztetünk neutrális és nem-neutrális variánsokat: előbbi variáns általában nem okoz fenotípusos⁷ változást, így öröklődési mintázata elméletileg véletlenszerű, míg utóbbi általában olyan fenotípushoz kötődik, mely szelekciós nyomás alatt van, ezért az öröklődés nem követi a véletlenszerű mintázatot. Ezen a ponton fontos megjegyezni, hogy a továbbiakban az ivaros úton szaporodó élőlények vizsgálatának alaplogikáját követi az alfejezet. A véletlenszerű mintázat, azaz a neutrális mutációk monitorozása a kulcsa a populációgenetikai kutatásoknak, ugyanis az öröklődés logikája ebben az esetben „egyszerű” statisztikai alapokra helyezhető. Ebből az okból például a capture panel kifejlesztése, ha populációgenetikai szempontok alapján történik, és a mintákat ezzel a technológiával vizsgálják, a kapott adatsor fenotípus-genotípus összefüggéseinek vizsgálata korlátozott. Archeogenetikai adatsorok populációgenetikai vizsgálatához szinte kizárólag SNP-eket használunk, mivel ezeknek a detektálása a legegyszerűbb töredékes DNS fragmenseken. Általában véve elmondható, minél több adat (variáns per minta) áll rendelkezésünkre, annál részletesebb vizsgálatokat tudunk elvégezni, és annál nagyobb statisztikai valószínűséggel tudjuk az eredményeket megvédeni.

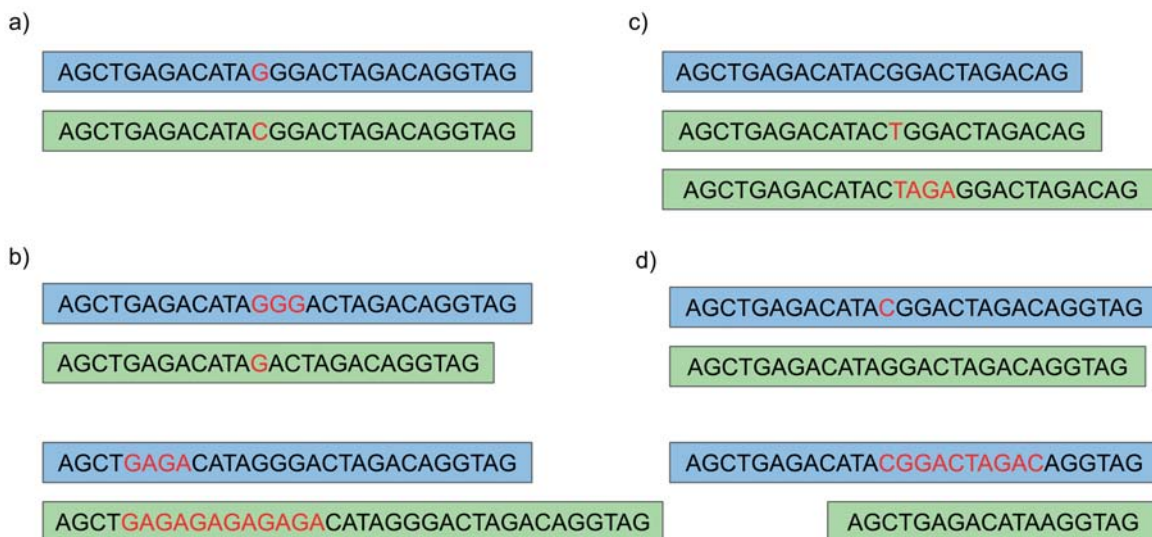
³ Egyponos nukleotid polimorfizmus, angolul single nucleotide polymorphism, mozaikszóval SNP.

⁴ Rövid tandem ismétlődések, angolul short tandem repeat, mozaikszóval STR.

⁵ Egy (egytől akár több millió nukleotid hosszú) szekvencia beékelődése egy genomi régióba.

⁶ Egy (egytől akár több millió nukleotid hosszú) szekvencia törlődése egy genomi régióból.

⁷ A genotípusban kódolt tulajdonság biológiai kifejeződése, pl.: genotípus a laktáz génben található egyéni mutációk, fenotípus a laktóz intolerancia/tolerancia.



3. ábra: A genetikai mutációk néhány gyakoribb típusa. A kék szakasz az eredeti, a zöld a mutációt hordozó szálakat mutatja, míg a pirossal jelölt bázisok (betűk) a szálon belül érintett szakaszt jelölik. **a:** SNP; **b:** STR-ek néhány típusa; **c:** inszerciók néhány típusa; **d:** deléciók néhány típusa (A képet a szerző készítette)

Példaként néhány nagyságrendi összehasonlítás: az emberi genomban ~67,3 millió SNP-t azonosítottak, mely a modern *Homo sapiens* változatosságát reprezentálja, ebből egy reprezentatívan összeválogatott ~1,24 milliós panelt használunk sztenderdként populációgenetikai vizsgálatokhoz (Mathieson et al., 2015).

1. Az ~1,24 millió SNP-ből legalább ~7000 SNP-nek fenn kell maradnia egy archaikus mintában ahhoz, hogy (kellő méretű és diverzitású háttéradatbázis mellett) legalább nagyságrendileg be tudjuk az adott személyt sorolni például európai populációkon belül. Ez a nagyságrend ilyen kevés információmennyiség mellett legfeljebb korai földművesként, vadászó-gyűjtögetőként, esetleg modern közegben kelet- vagy dél-európaiként való besorolásra alkalmas.
2. ~10 000 SNP mellett két személy között elsőfokú rokonság (szülő-gyerek, édestestvér) már viszonylag nagy statisztikai valószínűséggel, másodfokú rokonság (nagyszülő-unoka, féltestvér, nagybáty/néni-unokaöcs/húg) még viszonylag bizonytalanul, de becsülhető.
3. ~100 000 SNP mellett már komplexebb populációgenetikai események feltárhatóak, különböző eredetkomponensek felbonthatóak és visszavezethetőek forrásokra, illetve egyénre vetítve még korlátozottan, de egységes csoport esetén már viszonylag jó megközelítéssel fenotípusos jellemzők becsülhetőek, bár utóbbi esetén a korábban tárgyalt shotgun-capture különbségek komolyan befolyásolják ennek a vizsgálati típusnak a lehetőségeit.
4. ~400 000 SNP mellett összetett rokonsági hálók feltárhatóak, harmad- és negyedfokú rokonság viszonylag nagy statisztikai biztonsággal kimutatható, a populációgenetikai elemzések mélyülnek, kellően nagy mintaszám mellett már genetikai diverzitás, belterjesség és populációméret is becsülhető.
5. ~600 000 SNP felett már elméletileg „bármilyen” lehetséges, ugyanakkor közel sem annyira egyértelmű és szilárdan lefektetett a módszertan, hogy ez ténylegesen megvalósuljon.

Bár eddig kevés szó esett róla, a fenotípusos vizsgálatok mélysége, illetve azok megbízhatósága archaikus minták esetén legtöbbször nem éri el a modern adatsorokét. Ennek számos oka közül a legkézenfekvőbb az, hogy míg a populációgenetikához használt variánsok közül néhány ezer elég egy

hozzvetőleges kép kialakításához, addig egy fenotípus mögött bonyolult molekuláris mechanizmusok komplex összessége áll, melynek vizsgálatához az esetek nagy részében több sokkal szűkebb genomi régió átfogóbb elemzése szükséges.

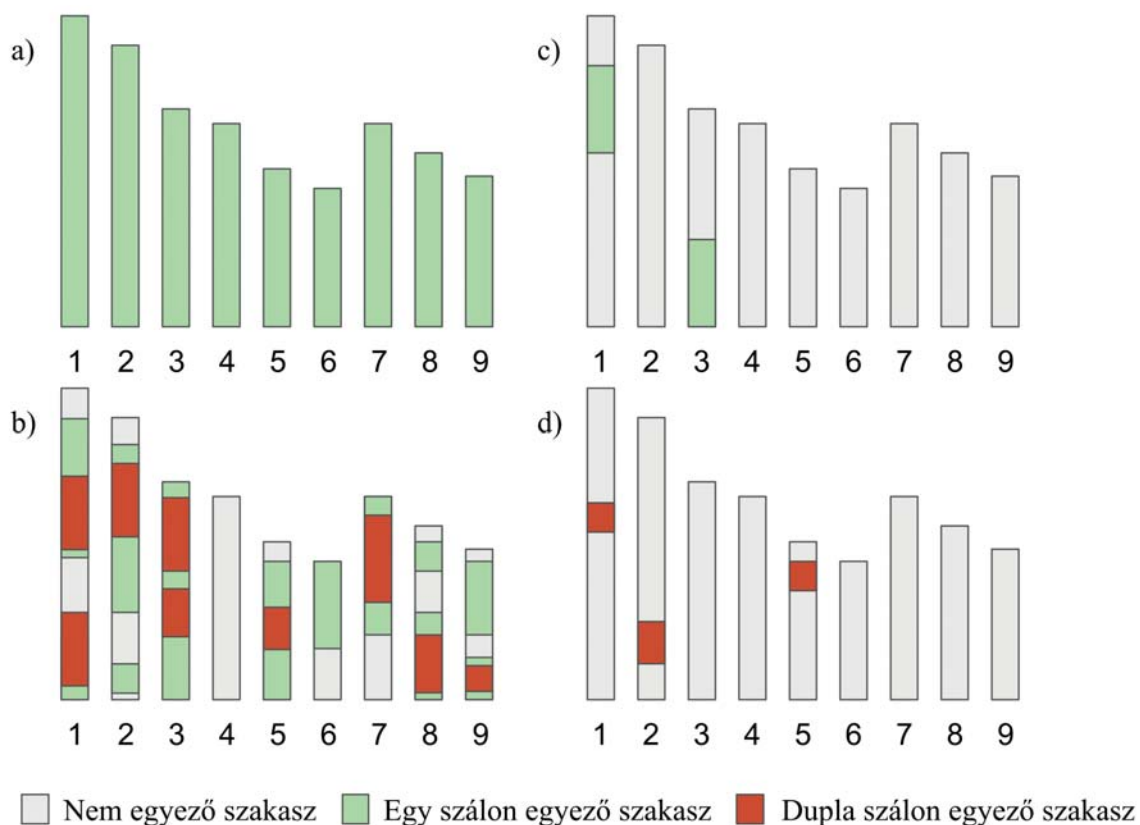
Sok esetben egy második előszűrés előzi meg a későbbi mélyebb vizsgálatokat, ide tartozik az anyai és apai vonalak vizsgálata, vagy a közvetlen rokonok megtalálása, ez azonban már nagyban függ a minta megtartásától (endogén DNS-tartalomtól), illetve a szekvenált readok mennyiségétől. A közvetlen biológiai rokonság mértéke a két egyed (személy) között teljesen megegyező kódsorú DNS-szalak, a vizsgált adatsorban praktikusán az egymás mellett sorban elhelyezkedő variánsok hosszából és eloszlásából megállapítható.

Egy, az archeogenetikában újonnan bevezetett módszer, az ún. IBD (identity by descent, azaz leszármazás alapú azonosság) vizsgálat az egyre olcsóbb és nagyobb áteresztőképességű szekvenálással vált lehetővé. Ennek a lényege, hogy akár hatod- vagy hetedfokú rokonság, közvetett és közvetlen csoportkapcsolatok, teljes rokoni hálózatok feltárhatóvá válnak (Ringbauer et al., 2023) (4. ábra). Mivel archaikus minták esetén az ehhez szükséges adatmennyiség sok esetben nem elérhető (akár technikai, akár finanszírozási akadályok miatt), léteznek gyors és könnyen használható, archaikus adatsorokra optimalizált módszerek, melyek lényege, hogy a két egyén között megegyező, általunk vizsgált variánsok arányából következtetnek a rokonság mértékére (Monroy Kuhn et al., 2018). Ez a vizsgálat azonban, bár egyszerűnek tűnik, komoly körütekintést igényel, ugyanis a két egyén között megegyező variánsok száma rokonsági kérdésben a populáció genetikai variabilitásának a függvénye, azaz míg az általunk vizsgált variánsok 50%-ának egyezése egy nagy genetikai diverzitású populációban elsőfokú rokonságra utal, addig ugyanez az érték egy alacsony diverzitásúban (és/vagy belterjesség mellett) szimplán az azonos populációhoz való tartozást mutatja. Emiatt alacsony lefedettségű (azaz kis SNP számú) minták esetén egy ilyen vizsgálatához mindig szükség van összehasonlító anyagra, ami újfent a mintavételi struktúra fontosságára hívja fel a figyelmet. Alacsony genomi lefedettségek mellett jellemzően a rokonság iránya sem mindig egyértelmű (bár néha nagy lefedettségeknél is okozhat ez gondot, különösen belterjes populációkban), ebben nagy segítségre van a mitokondriális DNS és – ha rendelkezésre áll – az Y-kromoszóma is, ugyanis ezek kizárólag anyáról gyermekekre vagy apáról fiúra öröklődő genetikai elemek. Az X-kromoszóma, amelynek öröklési logikája kissé eltér az autoszómákétól (azaz a többi testi kromoszómától), bizonyos kapcsolattípusok esetén szintén segítségünkre lehet, például egy férfi és egy nő másodfokú rokonsága esetén ha a mitokondriális DNS nem egyezik, akkor:

1. ha csak az X-kromoszómán nem mutatható ki két személy között rokonság, akkor apai ágon (pl.: lány apai nagyapja, fiú apai nagyanyja, stb.),
2. ha az X-kromoszómán is kimutatható a rokonság, akkor anyai ágon rokonai egymásnak (pl. lány anyai nagyapja, lány anyai nagybátyja, stb.).

Természetesen az elhunyt biológiai életkora vagy a radiokarbon adatok szintén nagymértékben hozzájárulnak a rokonság irányának a meghatározásához.

A populáció méretének becslését egy alapvetően egyszerű összefüggésre lehet visszavezetni: minél nagyobb egyedszámú egy populáció, annál nagyobb a genetikai diverzitása. Ez természetesen komoly matematikai modellezéseken keresztül vezet csak az ún. effektív populációméretnek, azaz a térben és időben egyszerre létező, egymással ténylegesen szaporodó egyedek számának becsléséhez, melyből a tényleges csoportméretet egyéb adatok (pl. korfa) bevonásával lehet modellezni. Ezen felül az ún. ROH (runs of homozygosity – szabad fordításban a homozigóta variánsok egymást szorosan követő láncolata) is nagy segítségünkre lehet: kis létszámú populációk esetén gyakran tapasztalható, hogy az egyedek között széleskörű rokonság áll fenn, vagyis az egyedek genetikai kapcsolata messze terjedhet egészen a populáció különböző végpontjai között, ami nemcsak egyszerűen a genetikai diverzitás csökkenését váltja ki, hanem a csökkent genetikai diverzitású DNS-szakaszok meghatározott



4. ábra: Két egyed között megegyező genomi szakaszok mértékének és eloszlásának néhány típusa egy hipotetikus kilenc kromoszómás diploid (összesen két, egy anyai és egy apai kromoszómakészlettel rendelkező) élőlény esetén. **a:** Szülő-gyermek kapcsolat esetén a két egyén genomjának ~50%-a egyezik meg, azonban ez a teljes kromoszómakészleten megfigyelhető, belterjesség hiányában végig a kromoszópapár ugyanazon tagján, azaz „egy szálon”; **b:** édestestvérek között a genomnak szintén összesen ~50%-a egyezik meg, de ebben az esetben az egyezés nem egyenletes a kromoszópapárok között; **c:** minél távolabbi a rokonság, annál kevesebb szakasz egyezik meg a két vizsgált egyén között, a képen látható esetben az egyezések mértéke körülbelül ötöd- vagy hatodfokú rokonságnak feleltethető meg, belterjesség hiányában; **d:** belterjesség esetén, még ha nincs is közvetlen rokonság a két vizsgált egyén között, úgynevezett homozigóta blokkok figyelhetők meg, ami gyakorlatilag a kis populációméret okozta „rokonságra” vezethető vissza a populáció minden vagy majdnem minden tagja között (A képet a szerző készítette)

kromoszómaszakaszokon való felgyülemelést okozza egy populáción belül. Ezeknek a szakaszoknak a hossza és száma összefüggésben áll a populáció méretével, így indikátora lehet a belterjességnek, illetve segítségével annak mértéke is meghatározható (4. ábra) (Dicső et al., 2023; Renaud et al., 2019; Ringbauer et al., 2021; Tournebize et al., 2022).

A populációgenetikai vizsgálatoknak számos célja lehet, mint például a mintázott csoport diverzitásának és más csoportokkal való genetikai kapcsolatrendszerének, ezáltal származásának és/vagy örökségének a feltárása. A kapott eredmények – összevetve régészeti, esetleg történeti vagy nyelvészeti megfigyelésekkel – interdiszciplinárisan értelmezhetőek, de biológiai perspektívákat is figyelembe véve különböző evolúciobiológiai események (fenotípus elterjedése, szelekciója) vagy ökológiai események modellezésére szintén alkalmasak. A vonatkozó módszertan rendkívül bonyolult és jelenleg is fejlesztés alatt áll mind hazai, mind nemzetközi léptékben, így ebben a fejezetben célszerű az értelmezési mélység és a lehetőségek tárgyalása.

Egy adott természetes csoport genetikai diverzitása számos környezeti és társadalmi esemény együttes hatásaként alakul ki, így az erre vonatkozó vizsgálatokkal – megfelelő körültekintéssel – vissza lehet fejteni ezeket a hatásokat. A statisztikai értelemben vett csoportképzés a mintavétel során jön létre, és éppen ezért a mintavételen múlik, hogy például egy vizsgált közösséget miként értelmezzük, és ehhez mérten a következtetéseket milyen méretű és kiterjedésű populációra akarjuk visszavezetni. Ugyanakkor külső szemmel nem feltétlenül intuitív a korlátok logikája: ha egy adott lelőhelyen egyetlen régészeti kultúrához tartozó egyetlen kis lélekszámú (tegyük fel 20 embert számláló) temetőt vizsgálunk, akkor nem csak az adott szűk közösségre érvényes megállapításokat tehetünk. Egy lelőhelyről származó, kronológiailag-régészetiileg összetartozó mintákból alkotott kisebb csoport genetikai vizsgálata során, különösen ha a közvetlen rokoni kapcsolatok száma kevés – tehát nem egy meghatározott vérvonal egyedi jellemzőit látva – megjelenik egy olyan „külső” genetikai komponens mindegyik (vagy majdnem mindegyik) személynél, ami az adott régióban vagy korszakban más populációkban nem fordul elő, akkor az számos feltételezést és lehetőséget hordoz magában,

1. hiszen ennek a behatásnak valahol léteznie kell vagy kellett, ahonnan az általunk vizsgált csoporthoz érkezett, tehát
2. önálló populációgenetikai története kell legyen, továbbá
3. kellően nagy lélekszámot érintő eseménynek kellett ahhoz lennie, hogy az általunk megfigyelt mértékben jelenjen meg az általunk vizsgált csoportban, ezen felül
4. ha ebben a csoportban ilyen nagy mértékben jelent meg, akkor feltételezhetően egy kiterjedtebb jelenségről lehet szó.

Erre jó példa a bronzkori kisapostagi kultúrához tartozó, egy lelőhelyen feltárt kis lélekszámú temető genetikai vizsgálata, amelyben az elhunytak egy olyan, vadászó-gyűjtögetőkhöz köthető genetikai komponens hordoztak magukban, mely korábban a tudomány számára ismeretlen volt. Ennek a komponensnek a visszakövetése aztán számos régészeti kapcsolatot, korábban megfigyelt genetikai anomáliát oldott fel, és nem csak az adott kultúra, hanem a velük egyaránt szoros és távoli régészeti kapcsolatban lévő csoportok esetén is kimutatható volt a hatásuk (Gerber et al., 2023). Ugyanakkor fordítva sem mindig egyértelmű a helyzet: hiába vizsgálunk akár száz mintát, ha „műkedvelő jelleggel” szemezgetünk díszes sírok között, vagy random mintavétel címén a „mindent, vagy semmit” elven sikerül összeválogatni a mintasort. Ekkor a vizsgálni kívánt népcsoport vagy régió/korszak népességeinek felépítését és eredetét nem, vagy csak részben tárhatjuk fel. Erre példa két olyan tanulmány (Damgaard et al., 2018a; 2018b), melyben hiába szerepelt több száz minta, régészetiileg hanyag, földrajzi és kronológiai megoszlásában aránytalan és naív válogatás csak elnagyolt interpretációkra, ezzel együtt csak limitált felhasználásra alkalmas (5. ábra).

Fenotípus és genotípus összefüggéseinek vizsgálatai

Számos tévhit övezi a genetikai, azon belül is különösen az archeogenetikai vizsgálatokat, és ez talán leginkább a fenotípus rekonstrukciójához köthető elemzéseket érinti. Egy korábbi fejezetben szó volt arról, hogy ehhez az analízishez egy meghatározott módszerrel történő adatelőállítás és jó megtartású minta szükséges, ami csupán alapfeltétele a fenotípus jellemzésének. Egyrészt nem pusztán genetikai, hanem környezeti hatások is befolyásolják a fenotípust, ami miatt legjobb esetben is csak valószínűséget adhatunk egy-egy tulajdonság megjelenésének, másrészt legtöbbször a tényleges rekonstrukció alapjául szolgáló ismereteink rendkívül hiányosak. Továbbá a legtöbb fenotípus nem monogénes jelleg, azaz több gén együttes hatása biztosítja az adott tulajdonság megjelenését vagy megjelenésének mértékét (vagy éppen annak hiányát). Bizonyos tulajdonságok (pl. pigmentáció vagy tejcukor-érzékenység) monitorozásának módszertana bár valóban rutinszerűen alkalmazható, alapvetően az ezek mögött álló komplex molekuláris-



5. ábra. A mintázástól a publikációig eljutó maradványok hasznosulásának sematikus ábrája

életteni folyamatoknak csak egy-egy apró szeletét ismerve adhatunk becslést az adott tulajdonság meglétére. Még az olyan egyértelműnek tűnő esetekben, mint az orvosi gyakorlatban is egy pontos genetikai szűrőként alkalmazott laktózintolerancia teszt sem jelent biztos következtetést az életmódra nézve, hiszen laktózérzékenyek is fogyasztanak tejtermékeket, kisebb-súlyosabb tünetekkel. Ez persze nem jelenti azt, hogy a teszt ne lenne alkalmas a laktózérzékenység kimutatására az esetek túlnyomó többségében, vagy a leírt molekuláris mechanizmus és az azt okozó SNP között ne lenne egyértelmű az összefüggés, de szépen rámutat számos más tényező befolyásoló hatására: ebben az esetben ismertek más, de nem vagy ritkán monitorozott mutációk, melyek befolyásolhatják ezt a tulajdonságot. Emellett akár nem ismert mutációk is kiválthatják ugyanazt a génkifejeződést, de még a bélflóra összetétele is tompíthatja az érzékenységet, ráadásul ezek a lehetőségek nem is zárják ki egymást.

A legtöbbször viszont nem, vagy csak sejtés szintjén ismert az összefüggés a genotípus és a fenotípus között, illetve mivel számos esetben például nem is a tényleges fenotípust okozó genetikai variánst, hanem egy ahhoz fizikailag közel eső (tehát szinte mindig együtt öröklődő, ún. kapcsolt), de hatását tekintve neutrális mutációt monitorozunk, a statisztikai esélyeknek sokkal nagyobb jelentősége van. Utóbbi eset egyébként akkor fordul elő, amikor vagy nem ismert a molekuláris mechanizmus, de egy, az okozó génben vagy annak fizikai környezetében előforduló SNP szignifikáns eséllyel jelzi előre a fenotípust, vagy ismert a molekuláris mechanizmus, de archaikus (vagy akár modern) minták esetén az okozó variáns típusa/mérete miatt annak monitorozása technikai korlátokba ütközik.

Ennek ellenére meglehetősen gyakori és hasznos különböző genotípus-fenotípus összefüggések monitorozása archaikus populációkban, nem csak ismeretterjesztés vagy különböző rekonstrukciók elkészítése miatt, hanem a csoportszinten megjelenő biológiai tulajdonságok evolúciobiológiai vagy klinikai szempontból releváns információtartalma miatt. Erre jó példa a történelmi járványok során, mint a pestis vagy a spanyolnátha, az európai populációk immunválaszában szerepet játszó különböző génvariánsok feldúsulása, melyek bár a kórokozók elleni harcban a túlélést segítették, modern társadalmakban az autoimmun betegségekkel küzdők számának emelkedését váltották ki (Klunk et al., 2022).

Eddigi ismeretanyagunk az európai őskor populációgenetikai történetéről

A mai Magyarország területén élt rézkori csoportok genetikai kutatásához és az eddigi eredmények ismertetéséhez elengedhetetlen legalább betekintés jelleggel megismerni az európai népességtörténetet. Európa őstörténete, különösen a jégkorszak előtti populációk megtelepedése és egymással való viszonya a tanulmány megírásának idején, de feltehetően még azt követően is sokáig, aktívan kutatott terület marad, ezért most csak a legszükségesebb, jelenlegi tudásunk szerint stabilan alátámasztott eseményeket mutatom be vázlatosan.

A *Homo sapiens*, vagy legalábbis annak egy korai képviselője már a paleolitikumban megjelent Európában legalább 220 000, de felső becslés szerint majdnem 460 000 évvel ezelőtt (Posth et al., 2017). Ezt neandervölgyi genomok vizsgálatából tudjuk, ugyanis az akkor érkezők keveredtek ezekkel az archaikus emberekkel, bár ekkor még kis mértékű beolvadásról, nem pedig a későbbi beolvasztásról beszélhetünk. A valaha szekvenált legkorábbi *Homo sapiens* genomot egy 45 000 évnél idősebb (pontos kora ismeretlen, keltezése genetikai eszközökkel 45-60 000 év közé tehető) női koponyából ismerjük, amit a mai Csehország területén (Zlatý kůň) egy barlangban találtak (Prüfer et al., 2021). Ez a nő, illetve az általa képviselt populáció volt az (egyik?) legkorábbi hírnöke annak a későbbi migrációnak, ami végül elfoglalta az Afrikán kívüli világot. Ugyanakkor ez a populáció jelenlegi ismereteink szerint teljesen feloldódott vagy eltörlődött az utána érkező csoportok által. Az első olyan hullám, mely már a mai eurázsiaiak egyik őseinek tekinthető, legkésőbb nagyjából 45 000 éve hagyta el az afrikai (vagy valószínűbb módon inkább a közel-keleti) térséget. Ennek a csoportnak a legkorábbi képviselője az Irtysh menti Ust’Ishimben (Oroszország) került elő. Ezt követően Európából 40-35 000 éves maradványok jelzik a *Homo sapiens* elterjedését, bár az ismert minták egymástól való szétválásának datálása molekuláris óra segítségével az Ust’Ishimben talált férfival hozzávetőlegesen egy idősíkra helyezi ezt a kivándorlást (Fu et al., 2015; Hajdinjak et al., 2021; Vallini et al., 2022).

A molekuláris óra rendkívül fontos populációgenetikai és evolúciobiológiai eszközök összessége, mintsem egy adott számolási mód, amellyel meg lehet határozni, hogy minták vagy csoportok egymástól mikor váltak szét időben. Az alapelv rendkívül egyszerű: minél több mutáció van két minta vagy csoport között, annál több generáció távolságra vannak a kettejük közös ősétől, és mivel a neutrális mutációk felhalmozódása generációnként (tehát időben) elvileg állandó, statisztikai becslés adható a szétválás idejére. A gyakorlatban természetesen ennél sokkal bonyolultabb ennek a kiszámolása, számos faktort figyelembe kell venni és súlyozni kell, például a lehetséges keveredéseket, akár ismeretlen csoportokkal vagy egymással, hogy csak egyet említsek. Minél közelebbi rokonságban van egymással két csoport, annál nehezebb becsülni a szétválási időt, illetve egy bizonyos (nem egzakt módon meghúzható) határ után ez már lehetetlenné vagy értelmetlenné válik. Az itt vázlatosan sorolt, több tízezer éves távlatokban azonban ez egy előszeretettel alkalmazott módszer, de pl. a neolitikumtól már több értelme lehet a keveredések időzítését datálni (Van Der Wal and Ho, 2019).

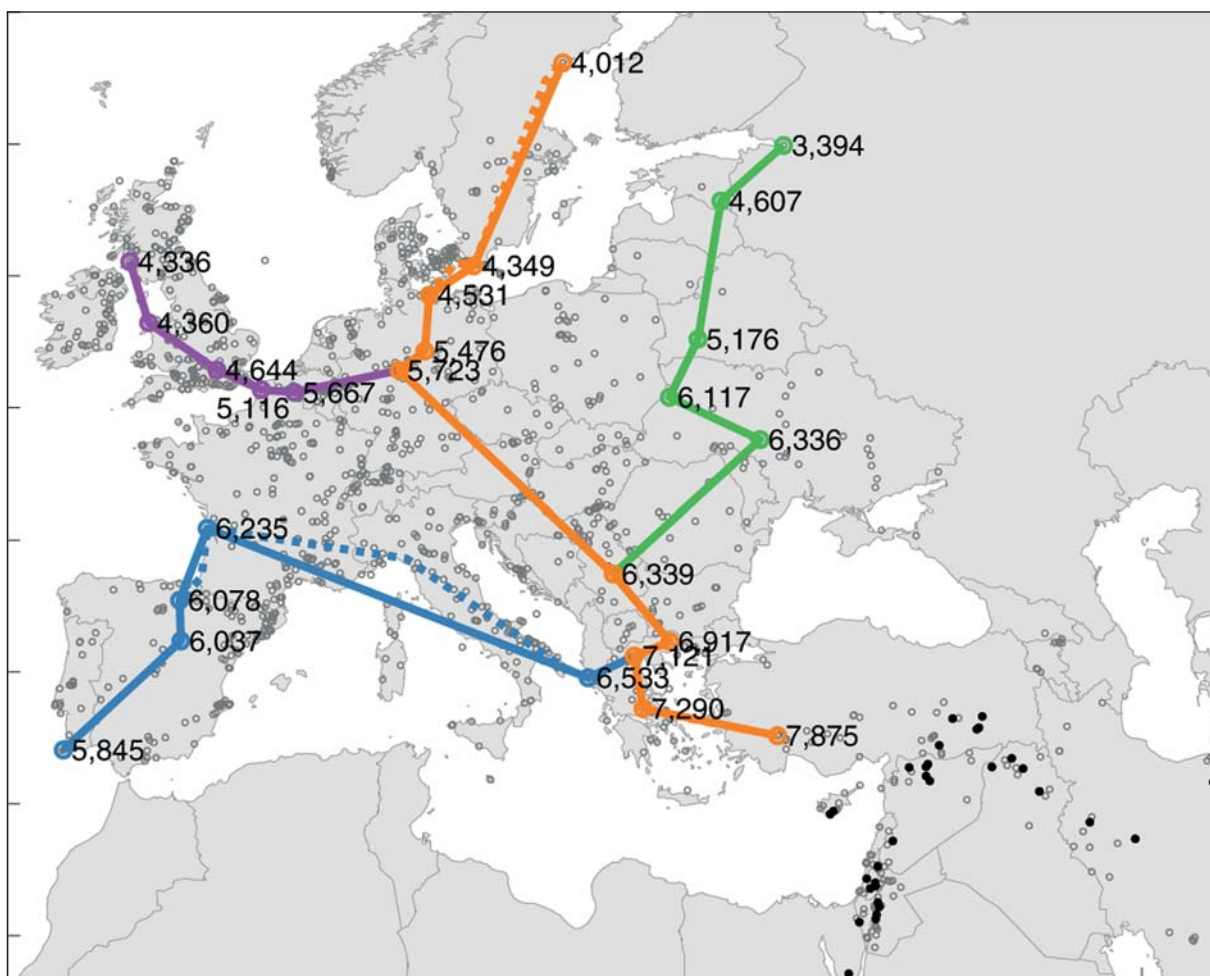
Európa első olyan lakói, akik már legalább részben hozzájárultak a mai populációk létrejöttéhez, meglepő módon, az ősei, vagy legalábbis közeli rokonai a mai kelet-ázsiaiaknak (és az Ust’Ishimben talált férfinak) (Vallini et al., 2022). Az ide sorolható maradványok között még találhatunk olyan egyedeket balkáni lelőhelyekről (Bacho Kiro, Oase), akiknek nagy- vagy dédszüelője még neandervölgyi volt (Fu et al., 2015; Hajdinjak et al., 2021). Ezeket a csoportokat aztán részben kiszorították, részben magukba olvasztották a modern nyugat-eurázsiaiak alapját képező populációk hozzávetőlegesen 38 000 évvel ezelőttől kezdődő időszakban. Az első nyugat-eurázsiaiakat az oroszországi Sungir és Kostenki lelőhelyeken talált maradványok képviselik (Posth et al., 2023), ugyanakkor közvetve ismerünk egy harmadik komponenst is, amit először őskori, közel-keleti mintákból mutattak ki. Ezt az archeogenetikaiak „bazális eurázsiai” névre keresztelték el, és bár közvetlen maradvány vagy régészeti

kultúra jelenleg nem kapcsolható hozzájuk (szakszóval ezt „ghost population” vagy „ghost lineage” névvel illetik, melynek durva magyar fordítása „fantompopuláció”), jelentős mértékben járult hozzá később például az európaiak genetikai felépítéséhez. Ennek a csoportnak jellegzetessége, hogy már nem keveredtek neandervölgyiekkel, így feltételezhető, hogy már csak azok kihalását követően érkeztek Euráziába (Lazaridis et al., 2016; 2014).

A jégkorszak alatt és azt követően ez a három nagy vonal (nyugat-eurázsiai, kelet-eurázsiai, bazális eurázsiai) elsősorban földrajzi határok mentén különböző mértékben egymással keveredve, vagy éppen egymástól elhatárolódva hozta létre Nyugat-Eurázsia emberi populációinak főbb forrásait. Európában a nyugat- és kelet-eurázsiai elemek alakították a helyi vadászó-gyűjtögető népeket, melyek a neolitikum idejére alapvetően két nagy csoportra (nyugati és keleti vadászó-gyűjtögetők) váltak szét (Fu et al., 2016; Posth et al., 2023). Ez a szétválás egy rendkívül bonyolult és több tízezer éves népességtörténeti folyamat végállomása a jégkorszak végén, melynek részleteit még csak részben ismerjük, így ebben a könyvfejezetben már csak a neolitikumra kialakult állapotokról írunk. A nyugati vadászó-gyűjtögetők alapvetően a nyugat-eurázsiai vonal leszármazottai, bár kis mértékben kelet-eurázsiai vonalat is tartalmaztak, elterjedési területük zömében a Dunától nyugatra eső európai területek voltak. A keleti vadászó-gyűjtögetők ezzel szemben, bár feltételezhető közelebbi rokonság a nyugatiakkal, alapvetően nagyobb mértékben tartalmazták a kelet-eurázsiai vonalat, elterjedési területük a Baltikumtól hozzátéve egészen az Urál vonaláig ért. A két terület között egy ún. átfolyózóna jött létre, ahol ennek a két nagy csoportnak a kevert populációi éltek, ezek prominens képviselői a Vaskapu környékén élt vadászó-gyűjtögetők, illetve Skandinávia őslakosai (Jensen et al., 2019; Lazaridis and Alpaslan-Roodenberg, 2022; Mathieson et al., 2018; Mittnik et al., 2018).

A Közel-Keletről, tekintve többek között a DNS-megtartás szempontjából zordabb körülményeket, szintén limitált ismeretanyagunk van, különösen ebből a korszakból. Az itt található népcsoportok alapvetően a nagy nyugati és a bazális eurázsiai vonal keverékei voltak, akiket négy, egymástól genetikai értelemben jól elhatárolható populációra lehet felosztani: az anatóliai, a levantei (Natúfok), iráni (Zagrosz-hegység környékén élt) és a kaukázusi vadászó-gyűjtögetők (Lazaridis et al., 2022; 2016). Ezeknél a csoportoknál alakult ki a földművelés, melyet a neolit forradalmat követően Európában is meghonosítottak, ez genetikai adatok alapján népességmozgással is járt. Bár genetikai adatokból tudjuk, hogy már jóval a neolitizáció, azaz a Kr. e. előtti 8. évezredet megelőzően is voltak Anatóliából „átszivárgások” Európába, ezeket a kis csoportokat a helyi vadászó-gyűjtögetők még magukba olvasztották. A Közel-Keleten a jégkorszak alatt, illetve azt követően a négy nagy csoport egymással is keveredett különböző mértékben, bár ezeknek pontos részleteit még nem, vagy csak részben ismerjük, így a korai földművesek népmozgása Európába már nem csak az anatóliai komponenst (bár továbbra is legnagyobb részben azt) hozta magával (Feldman et al., 2019; Lazaridis et al., 2022; 2016; Lazaridis and Alpaslan-Roodenberg, 2022).

Tágabb értelemben véve a korai földművesek és az európai vadászó-gyűjtögetők régióként és korszakokként eltérő eredetű és arányú keveredése hozta létre a neolitikum Európájának alappopulációját (Lipson et al., 2017). Az európai vadászó-gyűjtögetők genetikai diverzitása, populációstruktúrája jól nyomon követhető tagoltságot mutat Európa-szerte, köszönhetően a sok évezreden keresztül tartó lokális elszigetelődésnek. Természetesen Európán belül is ismertek kifejezetten nagy területeket átívelő népmozgások vadászó-gyűjtögetők között, ennek ellenére a genetikai diverzitás elsősorban földrajzi határok mentén változik. Ezzel szemben a földművesek egy akkoriban viszonylag frissen létrejött homogén populáció leszármazottai, ami miatt genetikai értelemben igen kevés különbség mutatható ki egymástól akár egy kontinens távolságában található populációk között, ami jelentősen megnehezíti a populációgenetikai vizsgálatokat. A földművesek Európában való elterjedése három fő útvonalon zajlott le: egy délin, ami néhány száz év alatt elérte az Ibériai-félszigetet, egy északon zömében a Dunántúlon



6. ábra: A földműves csoportok terjedése Európában dátumokkal BCE (Betti et al., 2020)

keresztül Nyugat- és Észak-Európába, illetve egy keletin a mai Románia keleti részén át a Baltikumba és Kelet-Európába (6. ábra).

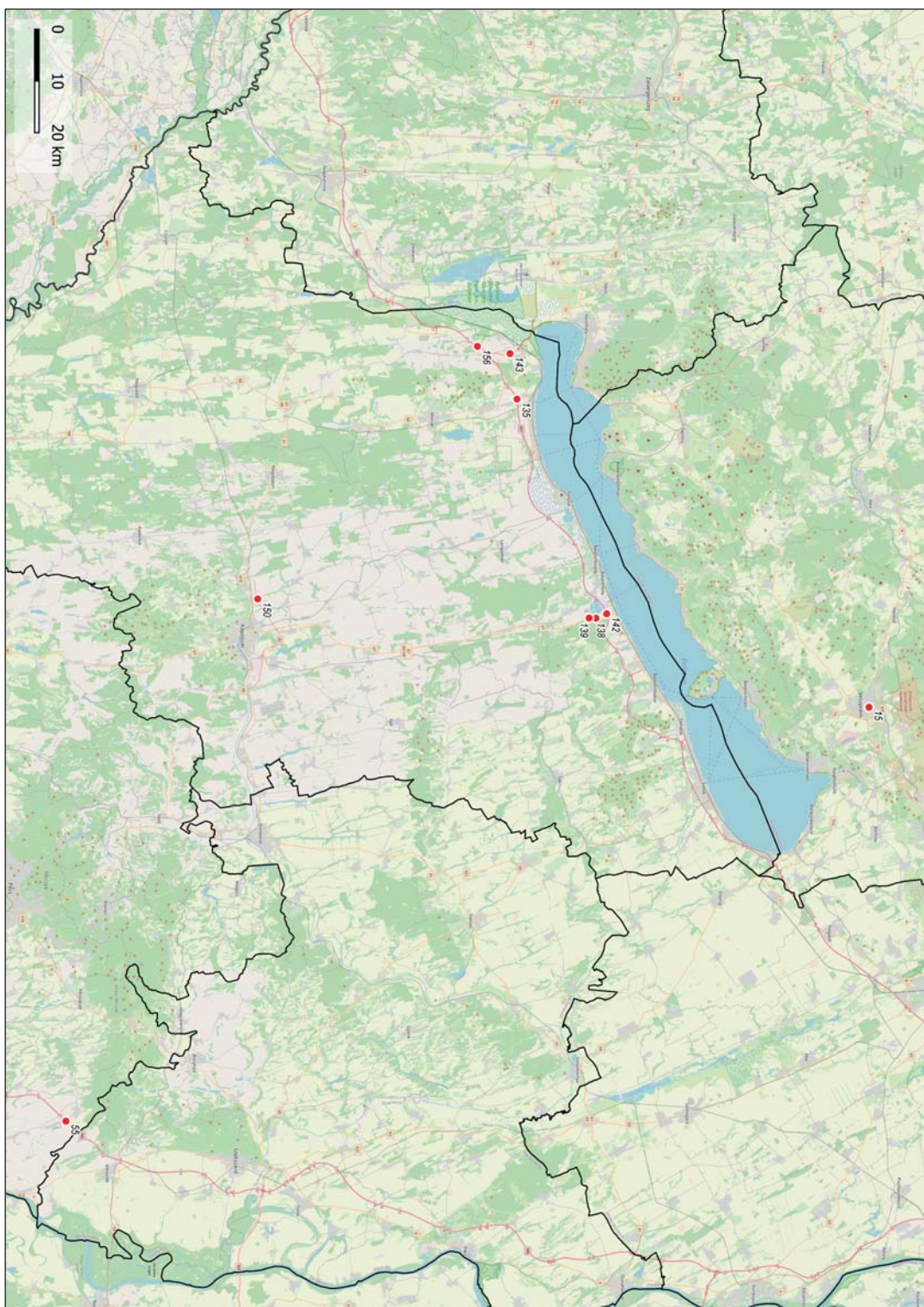
A földműves csoportok terjedésének sebessége azonban nem a földrajzi távolságokkal, hanem az éghajlati-ökológiai kategóriákkal áll összefüggésben. Ennek oka, hogy földműves életmód alapját képező haszonállatok és -növények sokkal nehezebben tudtak alkalmazkodni a megváltozott környezethez, mint ahogy az emberek haladtak volna, így ezen ökológiai határok mentén a földművesek terjeszkedése lelassult vagy megtorpan. Érdekes módon a vadászó-gyűjtögetőkkel való biológiai keveredés mértéke ezeken a megtorpanásokon sokkal intenzívebb volt, ennek okait jelenleg feltételezhetjük, valószínűleg az élelmiszerhiány és/vagy földműves csoportok közötti konfliktusok miatt lecsökkent népsűrűség komoly szerepet játszott ezeken az új területeken (Betti et al., 2020). A földművesek által elfoglalt területeken az adott térségben élő vadászó-gyűjtögetőkkel való keveredés az egyébként viszonylag homogén földműves genetikai összetételt diverzifikálta, ami komoly segítség a származást kutató populációgenetikai vizsgálatok számára. Emellett más hasonló trendek is megfigyelhetők, melyek megkönnyítik az ilyen irányú kutatásokat, mint például a vadászó-gyűjtögető komponens átlagos emelkedése minél messzebb kerülünk az anatóliai kiindulóponttól, ami feltehetően a terjeszkedés során a földművesek egyre csökkenő népsűrűségével áll összefüggésben. Mindezekre példaként lehet felhozni

a már vizsgált balkáni és az ibériai újkőkori csoportokat, előbbiek ugyanis kifejezetten alacsony (5-10%) mértékben tartalmaznak vadászó-gyűjtőgető komponenst, illetve az is a Vaskapunál feltárt csoportokra hasonlít a legjobban, míg utóbbiaknál akár 30-40% is lehet ennek a mértéke, ez nagyrészt az ottani populációkkal áll rokonságban (Lipson et al., 2017). A földműves és vadászó-gyűjtőgető népcsoportok egymással való viszonya rendkívül érdekes és sokrétű. A találkozaskori azonnali békés keveredés, több száz éven át egymás mellett élés bármiféle kontaktus nélkül és a brutális, egymás kiirtására törekvő összetűzések egyaránt szerepelnek a kapcsolattípusok között (Alt et al., 2020; González-Forbes et al., 2017; Mathieson et al., 2018; Rivollat et al., 2020).

Időben évezredekkel előrehaladva persze a vadászó-gyűjtőgető keveredéstől függetlenül is markáns genetikai különbségeket lehet megfigyelni a földműves csoportok között, nagyobb népességmozgások hiányában. Emiatt a rézkorban a látszólagos homogenitás ellenére is már legalább makrorégiós léptékben könnyedén meg lehet különböztetni egymástól csoportokat – ezt a gyakorlatban segítik a vadászó-gyűjtőgető komponensek is – ugyanakkor a fentebb említett módszertani nehézségek továbbra is jelen vannak.

A modern európai populációk genetikai összetétele a rézkor végén/bronzkor elején kezdett kialakulni egy harmadik forrás, a sztyeppékről érkező kurgánsíros népcsoportok, azaz az ún. Jamnaja-kultúrával azonosított, illetve azok közvetlen leszármazottaival, például a zsinégdíszes kerámiát készítő népcsoportok bejövetelével. Az eddig vizsgált Jamnaja-csoportok genetikailag a keleti és kaukázusi vadászó-gyűjtőgetők hozzávetőlegesen 1:1 arányú keverékei, bár kismértékű (összesen ~6%) anatóliai és levantei hatás is kimutatható bennük (Haak et al., 2015; Lazaridis and Alpaslan-Roodenberg, 2022; Wang et al., 2019). A Jamnaja-hatás szinte teljesen átalakította az addigi európai genetikai és kulturális látképet a beérkezést követő néhány évszázadban. Mind régészeti, mind genetikai bizonyítékok alapján a kőkori eredetű népcsoportok sok esetben valamiféle előkelő népként kezelhették a sztyeppéről érkezőket, erre utalnak a nagy arányban előforduló Jamnaja származású elit sírok, illetve a nagyarányú és viszonylag gyors keveredési ráta (Booth et al., 2021; Cassidy et al., 2020; Haak et al., 2015; Olalde et al., 2018; Papac et al., 2021; Villalba-Mouco et al., 2022). Ennek ellenére, hasonlóan a vadászó-gyűjtőgető és földműves csoportok egymással való viszonyához, ebben az esetben is ismertek komoly konfliktusok a két kultúrkör képviselői között. Jamnaja (eredetű) áldozatokkal járó mészárlást ismerünk a németországi Eulau lelőhelyről, ahol egy egész falut kiirtottak feltehetően kőkori eredetű csoportok (Meyer et al., 2009), míg a lengyelországi Koszycze lelőhelyen hasonlóan véres, de ebben az esetben a kőkori eredetű, régészeti terminológiával gömbamfóras (Globular Amphora) kultúrához tartozó áldozatok tömegsírját tárták fel (Schroeder et al., 2019).

A Jamnaja-terjeszkedés genetikai hatása érzékelhető a mai Kelet-Németország, Lengyelország, Fehéroroszország, Nyugat-Ukrajna és a Baltikum területén Kr. e. 2900-tól induló zsinégdíszes kerámia (angolul Corded Ware) kultúrában, mely a nyugatról induló harangedényes (angolul Bell Beaker) kultúrával párhuzamosan alakította át a kontinens arculatát. Mindezek mellett viszont ismertek olyan Jamnaja-csoportok, melyek ettől a zsinégdíszes populációtól genetikai értelemben (is) némiképp eltértek, tovább tarkítva a régió arculatát (Haak et al., 2015; Olalde et al., 2018). Az Európa középső tömbjében megtelepült badeni vagy németesen Baden-kultúra 5-700 évet felölelő életének egy szakaszában ezen eseménysorozatok határán helyezkedik el mind térben, mind időben, így vizsgálatuk rendkívül érdekes bepillantást enged az utolsó nagy kőkori eredetű kultúrák biológiai, szociális és kulturális felépítésébe, illetve ezek eltűnésébe. A továbbiakban mindezen háttéranyag ismeretében már könnyebben kontextusba lehet helyezni az ebben a könyvfejezetben taglalt genetikai vizsgálatok eredményeit.

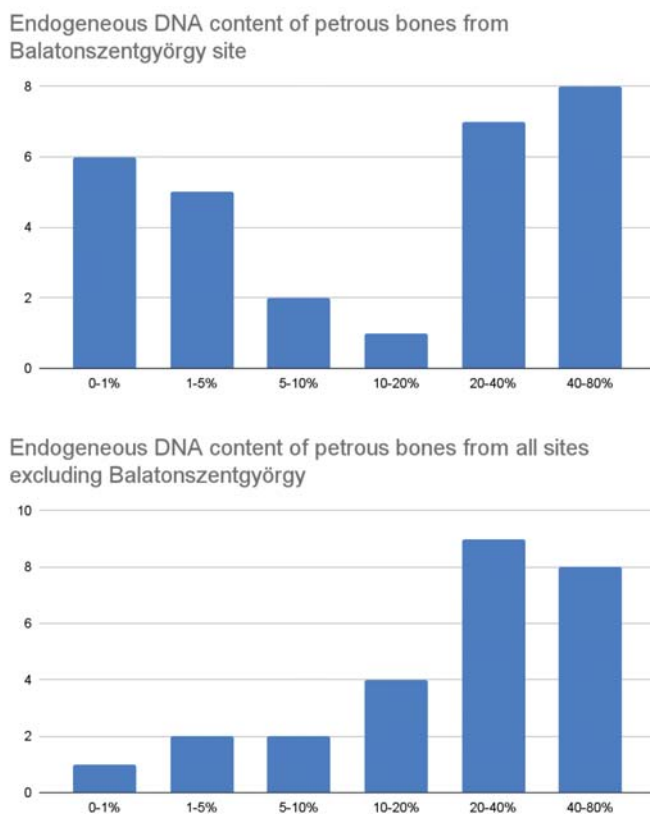


7. ábra: A mintázott területek: 15. Veszprém-Jutasi út; 55. Palatobozsok-Szarvas-hegy II.; 135. Balatonkeresztúr-Réti-dűlő (M7 S-35. lh.); 138. Balatonlelle-Rádpusztia, Temetőújja-dűlő (67/4. lh.); 142. Balatonszemes-Szemesi-berek (M7 S-13. lh.); 143. Balatonszentgyörgy-Falunégyi-dűlő, 2. lh.; 150. Kaposújlak-Várdomb-dűlő (61/29. lh.); 156. Tikos-Homokgödörök

A badeni kultúrához tartozó mintasor és annak elsődleges genetikai eredményei

A badeni kultúra egy regionális egységesülési folyamat végeredményeként jött létre, mind kulturális, mind genetikai, mind klimatológiai szempontból változó időszakban. Egy korábbi genetikai publikáció alapján (Lipson et al., 2017) kiemelkedő populációtörténeti események nem jellemezték a régiót, ugyanakkor a felhasznált mintasor földrajzi és kronológiai összetétele kevésbé volt alkalmas ezen kérdések megválaszolására. Az idézett tanulmány elsősorban a vadászó-gyűjtögetők és földművesek keveredési dinamikáját igyekezett feltárni, az így vizsgált badeni korú maradványok elsősorban Magyarország különböző területeiről, Balatonlelléről, Vörsről, Alsónémediből, Budakalászlóról, Vámosgyörkről és Aprórol lettek összeválogatva. E lelőhelyek egy-egy sírjának vizsgálata alapján annyi biztosan elmondható volt, hogy a Jamnaja-hatás, bár régészetileg már kimutatható, genetikailag nem figyelhető meg a térségben. Ennél azonban sokkal részletesebb képet kaphatunk célzott kronológiai és földrajzi válogatásból: kutatásunkban elsősorban a mikroregionális folyamatok feltárására koncentrálna, zömében a Dél-Dunántúlról gyűjtöttünk összesen 73 mintát (7. ábra).

A genetikai előszűrések (melyek elsősorban a DNS-megtartásának mértékét és minőségét hivatottak feltárni) során megállapítottuk, hogy a badeni kultúrához tartozó temetkezések csontanyaga más hasonló korú leletekhez képest kiemelkedően rossz örökítőanyag-megtartással rendelkezik. Érdekes módon Balatonszentgyörgy-Faluvégi-dűlő 2. lelőhely DNS-megtartásának mintázata erős kettéosztottságot mutat (8. ábra a), ami különösen a többi lelőhely megtartásának mintázatával összevetve (8. ábra b) felveti a lehetőségét a temetés során alkalmazott mesterséges hatásoknak.



8. ábra: Balatonszentgyörgy-Faluvégi-dűlő 2. lelőhelyről származó minták DNS-megoszlása teljesen más képet mutat a többi badeni korú minta endogéntartalom megoszlásához képest. Az összehasonlíthatóság miatt kizárólag a petrosából származó mintavételeket vettük alapul (A képet a szerző készítette)

Emiatt csak összesen 27 mintát tudtunk teljes genom analízisnek alávetni, a többiből legfeljebb genetikai nemet és mitokondriális haplocsoportot tudtunk meghatározni. A teljes genomok a már adatbázisban (Reich, 2021) található badeni mintákkal együtt közel negyven mintás teljes genomi adatszettet alkotnak, ezzel korábban nem látott részletességgel kaphatunk betekintést a korszak és régió népességtörténetébe.

Mivel a könyvfejezet megírásának idején a járványhelyzet miatt elhúzódó genetikai vizsgálatok még folyamatban vannak, zömében újonnan megfigyelt trendeket és előzetes megfigyeléseket tudunk az olvasó rendelkezésére bocsátani, melyek a kutatás előrehaladtával a későbbiekben módosulhatnak. Rokonokat a rossz DNS-megtartás és a szórványos mintavétel miatt csak kevés esetben sikerült feltárnunk, ezeket a szövegben lentebb részletezzük. A lelőhelyeket nem minden esetben érdemes egyesével tárgyalni, ennek oka a sok helyen meglepően homogén genetikai összkép. A badeni kultúra népességéről a korábbi eredményekkel egyetértésben alapvetően az mondható el, hogy Jamnaja genetikai hatást zömében nélkülöző, neolitikus eredetű európai összetételt mutat. Ugyanakkor az új mintasorban elszórtan már akadnak korábban nem mintázott, feltehetően a legkorábbi hullámokkal érkező, Jamnaja eredetű egyének, rájuk lentebb részletesen kitérünk. Ami részben várható, részben meglepő eredmény, hogy a badeni kultúrához tartozó népesség újkőkori alapjai után egységes összetétele valójában több nagyobb csoportra felosztható, ez azonban inkább időben, mintsem térben oszlik meg, ami összetett és kiterjedt népességtörténeti eseményekre utal az egész Kárpát-medencében.

A legkorábbra keltezhető lelőhely, Tikos-Homokgödörök embertani anyaga genetikai szempontból közepes megtartású. Az innen származó mintasor régészeti szempontból érdekes, ugyanis egy felnőtt nőt (B-1476/S-1) temettek el négy újszülött vagy kiskorú gyermekkel. Genetikai összetételük az eddigi eredmények alapján nélkülöz különleges külső hatásokat (mint a sztyeppei vagy megemelkedett vadászó-gyűjtögető komponens), és a tágabb értelemben vett közép-európai neolitikus populációkhoz hasonlít. Ezen egyének esetleges rokoni kapcsolatait a genetikai vizsgálat sajnos csak részben tárta fel: mindössze két gyermekből (B-1476/S-3, B-1476/S-4) sikerült megfelelő minőségű örökítőanyagot kinyerni, ez alapján ők apai ágon egymásnak másodfokú rokonai voltak, ami féltestvéri, esetleg nagybáty-unokaöcs kapcsolatot feltételez közöttük.

Egyértelműen külön figyelmet érdemel a Balatonlelle-Rádpusztá 67/5. lelőhelyen feltárt két sír (367 és 415) mindkettőben további egyének koponyadarabjaival, ami kronológiailag a második legkorábbi a vizsgált lelőhelyek közül. Az AGI-ba összesen 8 minta érkezett erről a lelőhelyről, egy különálló, középkorú vagy idősebb nő és alatta fekvő gyermek maradványai (367. sír), illetve egy 7-9 éves kisgyermek és mellette más személyektől származó maradványok, elsősorban koponyadarabok (415. sír). Az előzetes régészeti (Bondár, 2020; Bondár et al., 2021; Bondár and Szécsényi-Nagy, 2020) kiértékelés alapján a gyermek (415. sír) nyugat-európai leletanyaggal párhuzamba hozható ékszert (gagát gyöngy) és réz karperecet is viselt, a mellette található maradványok pedig egy szintén nyugati hagyományokat követő koponyakultusz bizonyítékai lehetnek. A genetikai vizsgálat során a 367-es nő alatt nyugvó gyermek kivételével mindegyik egyénből sikerült DNS-t kinyerni, bár ezeknek a megtartása erősen változott mintánként. A 415-ös központi gyermekváza mellé temetett egyénekből csak a mitokondriális DNS áll rendelkezésre, ez alapján legalább három, legfeljebb hat személyről beszélhetünk. Ebből két minta (BAD04, BAD08) mitokondriális haplocsoportja megegyezett BAD02-vel (K1a4a1), így feltételezhető közöttük anyai ágú rokonság. A 367-es nő másodfokig nem volt rokona a 415-ös gyermeknek, ugyanakkor (feltehetően a többi mintával együtt azok haplocsoportjainak akkori elterjedési területe alapján) egy populációba tartoztak. Ez a populáció azonban nem helyi, még csak nem is kelet-közép-európai, hanem – a régészeti anyagból sejtethető módon – nyugati genetikai kapcsolatrendszerrel mutat. A csak közepesen jó megtartású genetikai anyag miatt a részletes és pontosított kapcsolatrendszerrel csak a kutatás későbbi fázisaiban van esélyünk feltárni, ugyanakkor sikerült a lehetséges származási régiót a mai Franciaország

területére leszűkíteni (Gerber et al., 2023). Ez a felfedezés korábbi régészeti és genetikai anomáliákat is megmagyarázhat, mint pl. nyugati szokások megjelenése Kelet-Közép-Európában, mint a dolmenek állítása (itt érdemes megemlíteni a keveremesi sztélét, amelynek közvetlen párhuzama ismert Bretagne-ból [Bóka et al., 2021]), illetve a vadászó-gyűjtögető genetikai örökség növekedése a térségben, ismert vadászó-gyűjtögető populáció hiányában. Utóbbi igazán a többi badeni korú minta vizsgálatával válik kézzelfoghatóvá: a Balatonlelle-Rádpusztá lelőhelyet kronológiailag követő egyének lelőhelytől függetlenül (Balatonszemes, Palotabozsok, Kaposújlak, Balatonszentgyörgy, Balatonkeresztúr) hordozhatták ezt a nyugati komponenst, bár ez a megállapítás még statisztikai megerősítést igényel. A korábban taglalt vadászó-gyűjtögető örökség növekedése beleilleszkedik ezen csoportok beolvadási trendjébe (Lipson et al., 2017), de a kapott eredmények függvényében ez a térségben feltehetően csak látszólagos, ugyanis nem közvetlen keveredésről, hanem egy Európát átívelő, egyfajta homogenizációs folyamatról lehet szó. Közelebről nézve a jelenséget emellett mindez arra enged következtetni, hogy nem néhány egyén vagy kisebb család, hanem egy kompakt csoport érkezett be a Kárpát-medencébe a Kr. e. 4. évezred közepén/második felében, mely mind kulturálisan, mind genetikailag jól követhető nyomot hagyott a térségben. A nyugati vándorok populációméretének becslése a következő kutatási időszak feladata lesz, bár a rossz DNS-megtartás miatt a siker nem garantált.

Külön említésre méltó Kaposújlak-Várdomb-dűlő 61/29. lelőhely, ahonnan a település egy-egy gödréből egy nyolc fős tömegsír (745/1–8) és egy kettős sír (439/1–2) került mintázásra. Az itt eltemetett egyének helyi és nyugati genetikai örökséggel is rendelkeztek, ugyanakkor az egyének közötti változatosság miatt is feltételezhető egy strukturált vagy igen korai megjelenése a nyugati komponensnek a térségben. A sírok érdekességét leginkább a régészeti kontextus határozza meg. A tömegsírban fekvő nyolc személy mind nő, egy anya (745/8) két gyermekével (745/3, 745/4), illetve két másik egyén (745/2, 745/7) első- vagy másodfokú rokonok anyai oldalról. Bár a badeni kultúrához kapcsolható tömegsírok száma elég jelentős, ezek egyedszáma, felépítése, tárgyakkal való telítettsége, kor- és nemi eloszlása nagy szórást mutat. A kaposújlaki tömegsír azért egyedülálló régészeti szempontból, mert a nyolc holttestet majdnem 150 kg patic és vastag falú edények nagyobb töredékei borították, ugyanakkor antropológiailag nem mutatható ki sérülés a csontokon, így a gyilkossággal elkövetett emberáldozat, amely nem ritka az őskorban sem, ebben az esetben kevésbé valószínű. A szokatlan temetési szertartásra számos elmélet született, többek között a járványos betegség lehetősége is felmerült, melyet a könyvfejezet megírásának idején Lipcsében (Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Department of Archaeogenetics, MPI EVA DAG) vizsgálnak.

A projekt másik kiemelkedő eredménye a késő rézkor harmadik nagy sírszámú temetőjének vizsgálata volt Balatonszentgyörgyön, ahonnan összesen 73 (vegyesen korhasztásos és hamvasztásos temetkezésű) elhunyt került elő. A temetőből összesen 36 egyént sikerült genetikailag megvizsgálni, bár általánosságban elmondható, hogy rendkívül rossz DNS-megtartású lelőhelyről van szó, így mindössze öt egyénen tudtunk teljes genom analízist elvégezni. Ezen öt egymással nem rokon egyén (1171, 1201, 1211, 1217, 1221) meglepő módon reprezentatív a Kárpát-medencei régió populációgenetikai összetételére: van nyugati és helyi felmenőkkel rendelkező egyén (1211), van csak helyi felmenőkkel (1171, 1221), illetve két keleti kapcsolatokkal rendelkező minta. Utóbbiak közül az egyik (1201) Jamnaja-csoportokkal áll kapcsolatban genetikailag, így az egyik legkorábbi megjelenése a sztyeppei eredetű komponensnek a régióban. A másik minta (1217) ennél rejtélyesebb, ugyanis bár az első vizsgálatokon szintén a sztyeppei kapcsolat tűnt valószínűnek, igaz itt feltehetően csak az egyik nagy- vagy dédszülőn keresztül. A jelenlegi elképzelés szerint a keleti vadászó-gyűjtögetők egy korábban nem vizsgált csoportja lehet a furcsa keleti komponens forrása, ezt azonban további vizsgálatokkal kell megerősíteni vagy cáfolni. Amennyiben sikerül megerősíteni ezt az elképzelést, úgy a régióban mégis feltételezhető

valamiféle vadászó-gyűjtögető maradványcsoport, ami további igen izgalmas perspektívákkal kecsegtet a jövőbeli kutatás számára.

A Jamnaja-kultúra Európába való beérkezésének és elterjedésének interdiszciplináris vizsgálata jelenleg az YMPACT (Yamnaya Impact on Prehistoric Europe; ford.: Jamnaja hatás az őskori Európában) ERC (European Research Council) projekt keretei között zajlik. Mind a korábbi, mind az ehhez tartozó előzetes eredményekből sejthető a Jamnaja-kultúrába tartozó népesség diverzitása, ugyanakkor ennek részletei még feltárássra várnak. Balatonlelle-Rádpusztá, Temetőalja-dűlő 67/4. lelőhelynél előkerült magányos női, 70. sír genetikai összetétele nagymértékű sztyeppei hatást mutat, ennek természete azonban az eddigi eredmények alapján eltér az eddig megfigyelt, Jamnaja-népességhez köthető komponensektől. A kutatás célja ezzel a mintával kapcsolatban a továbbiakban a forrás pontos beazonosítása és/vagy leírása, illetve annak feltárása, hogy más korabeli vagy későbbi csoportokban hagyott-e ő valamilyen nyomot.

Összegzés

A könyvfejezet megírásakor még számos más populációgenetikai és fenotípusos vizsgálat vár az adatsorra, így az itt leírt megfigyelések részben módosulhatnak, vagy pontosabbak lehetnek. Tekintettel néhány minta kivételesen jó DNS-megtartására (pl.: Balatonszentgyörgy és Balatonszemes lelőhelyek teljes genomanalízisre alkalmas mintái), számos korábban nem, vagy csak ritkán alkalmazott módszert vehetünk be az adatsor elemzéséhez, ilyenek például a populáció méretének becslésére szolgáló módszerek, vagy a néhány minta esetén már elérhető IBD vizsgálat. Az eddigi legteljesebb badeni kultúrához tartozó archeogenomikai adatsor minden ízében hiánypótló a kelet-közép-európai késő rézkori és kora bronzkori népcsoportok vizsgálatához, nem csak populációgenetikai szempontokat figyelembe véve: az egyéni történetek feltárása, a kórokozók evolúciójának nyomon követése és az örökölt tulajdonságok (legyen az betegség vagy éppen valamilyen pozitív szelekció alatt lévő fenotípus) monitorozása a tudományterület új, korábbinál is elképesztőbb perspektíváinak kezdő lépéseit jelentheti.

Irodalom

- Allentoft, M.E., Collins, M., Harker, D., Haile, J., Oskam, C.L., Hale, M.L., Campos, P.F., Samaniego, J.A., Gilbert, M.T.P., Willerslev, E., Zhang, G., Scofield, R.P., Holdaway, R.N., Bunce, M. (2012). The half-life of DNA in bone. Measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proceedings of the Royal Society B. Biological Sciences*, 279, 4724–4733.
<https://doi.org/10.1098/rspb.2012.1745>
- Alt, K.W., Tejedor Rodríguez, C., Nicklisch, N., Roth, D., Szécsényi Nagy, A., Knipper, C., Lindauer, S., Held, P., de Lagrán, Í.G.M., Schulz, G., Schuerch, T., Thieringer, F., Brantner, P., Brandt, G., Israel, N., Arcusa Magallón, H., Meyer, C., Mende, B.G., Enzmann, F., Dresely, V., Ramsthaler, F., Guillén, J.I.R., Scheurer, E., López Montalvo, E., Garrido Pena, R., Pichler, S.L., Guerra, M.A.R. (2020). A massacre of early Neolithic farmers in the high Pyrenees at Els Trocs, Spain. *Scientific Reports*, 10, 2131.
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-58483-9>
- Betti, L., Beyer, R.M., Jones, E.R., Eriksson, A., Tassi, F., Siska, V., Leonardi, M., Maisano Delser, P., Bentley, L.K., Nigst, P.R., Stock, J.T., Pinhasi, R., Manica, A. (2020). Climate shaped how Neolithic farmers and European hunter-gatherers interacted after a major slowdown from 6,100 BCE to 4,500 BCE. *Nature Human Behaviour*, 4, 1004–1010.
<https://doi.org/10.1038/s41562-020-0897-7>

- Bóka G., Gyucha A., Oláh I., Stibrányi M., Pethe M., Kasztovszky Z., Kreiter A., Galaty M.L., Ward T.J., Szemerey-Kiss B., Riebe D.J., Medgyesi P. (2021). Egy különleges megalitikus lelet az Alföldről. A keveremesi sztélé kutatásának előzetes eredményei. *Magyar Régészet*, 10, 9–17.
<https://doi.org/10.36245/mr.2021.4.4>
- Bondár M. (2020). Késő rézkori különleges temetkezések Balatonlelléről (Somogy megye). *A Kaposvári Rippl-Rónai Múzeum Közleményei*, 7, 89–108.
<https://doi.org/10.26080/krrmkozl.2020.7.89>
- Bondár M., Demény A., Németh P., Karlik M., Fintor K., Tóth M. (2021). Különleges „gagát” gyöngy egy különleges késő rézkori sírból. *Archeometriai Műhely*, 18, 143–156.
<https://doi.org/10.55023/issn.1786-271X.2021-012>
- Bondár, M., Szécsényi-Nagy, A. (2020). Skull cult in the Late Copper Age. *Ziridava*, 34, 91–104.
- Booth, T.J., Brück, J., Brace, S., Barnes, I. (2021). Tales from the supplementary information. Ancestry change in Chalcolithic–Early Bronze Age Britain was gradual with varied kinship organization. *Cambridge Archaeological Journal*, 31, 379–400.
<https://doi.org/10.1017/S0959774321000019>
- Brundin, M., Figdor, D., Sundqvist, G., Sjögren, U. (2013). DNA binding to hydroxyapatite. A potential mechanism for preservation of microbial DNA. *Journal of Endodontics*, 39, 211–216.
<https://doi.org/10.1016/j.joen.2012.09.013>
- Cassidy, L.M., Maoldúin, R.Ó., Kador, T., Lynch, A., Jones, C., Woodman, P.C., Murphy, E., Ramsey, G., Dowd, M., Noonan, A., Campbell, C., Jones, E.R., Mattiangeli, V., Bradley, D.G. (2020). A dynastic elite in monumental Neolithic society. *Nature*, 582, 384–388.
<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2378-6>
- Csáky, V., Gerber, D., Koncz, I., Csiky, G., Mende, B.G., Szeifert, B., Egyed, B., Pamjav, H., Marcsik, A., Molnár, E., Pálfi, G., Gulyás, A., Kovacsóczy, B., Lezsák, G.M., Lőrinczy, G., Szécsényi-Nagy, A., Vida, T. (2020a). Genetic insights into the social organisation of the Avar period elite in the 7th century AD Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 10, 948.
<https://doi.org/10.1038/s41598-019-57378-8>
- Csáky, V., Gerber, D., Szeifert, B., Egyed, B., Stégmár, B., Botalov, S.G., Grudochko, I.V., Matveeva, N.P., Zelenkov, A.S., Sleptsova, A.V., Goldina, R.D., Danich, A.V., Mende, B.G., Türk, A., Szécsényi-Nagy, A. (2020b). Early Medieval genetic data from Ural region evaluated in the light of archaeological evidence of ancient Hungarians. *Scientific Reports*, 10, 19137.
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-75910-z>
- Csösz, A. (2009). Archaeogenetic analysis of human skeletal samples from the Budakalász cemetery. In: *The Copper Age cemetery of Budakalász*. Eds.: Bondár, M., Raczky, P. Budapest: Pytheas, 2009, 365–370.
- Damgaard, P.D.B., Marchi, N., Rasmussen, S., Peyrot, M., Renaud, G., Korneliussen, T., Moreno-Mayar, J.V., Pedersen, M.W., Goldberg, A., Usmanova, E., Baimukhanov, N., Loman, V., Hedeager, L., Pedersen, A.G., Nielsen, K., Afanasiev, G., Akmatov, K., Aldashev, A., Alpaslan, A., Baimbetov, G., Bazaliiskii, V.I., Beisenov, A., Boldbaatar, B., Boldgiv, B., Dorzhu, C., Ellingvag, S., Erdenebaatar, D., Dajani, R., Dmitriev, E., Evdokimov, V., Frei, K.M., Gromov, A., Goryachev, A., Hakonarson, H., Hegay, T., Khachatryan, Z., Khaskhanov, R., Kitov, E., Kolbina, A., Kubatbek, T., Kukushkin, A., Kukushkin, I., Lau, N., Margaryan, A., Merkyte, I., Mertz, I.V., Mertz, V.K., Mijiddorj, E., Moiyesev, V., Mukhtarova, G., Nurmukhanbetov, B., Orozbekova,

- Z., Panyushkina, I., Pieta, K., Smrčka, V., Shevnina, I., Logvin, A., Sjögren, K.-G., Štolcová, T., Taravella, A.M., Tashbaeva, K., Tkachev, A., Tulegenov, T., Voyakin, D., Yepiskoposyan, L., Undrakhbold, S., Varfolomeev, V., Weber, A., Wilson Sayres, M.A., Kradin, N., Allentoft, M.E., Orlando, L., Nielsen, R., Sikora, M., Heyer, E., Kristiansen, K., Willerslev, E. (2018a). 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature*, 557, 369–374.
<https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2>
- Damgaard, P.D.B., Martiniano, R., Kamm, J., Moreno-Mayar, J.V., Kroonen, G., Peyrot, M., Barjamovic, G., Rasmussen, S., Zacho, C., Baimukhanov, N., Zaibert, V., Merz, V., Biddanda, A., Merz, I., Loman, V., Evdokimov, V., Usmanova, E., Hemphill, B., Seguin-Orlando, A., Yediay, F.E., Ullah, I., Sjögren, K.-G., Iversen, K.H., Choin, J., de la Fuente, C., Ilardo, M., Schroeder, H., Moiseyev, V., Gromov, A., Polyakov, A., Omura, S., Senyurt, S.Y., Ahmad, H., McKenzie, C., Margaryan, A., Hameed, A., Samad, A., Gul, N., Khokhar, M.H., Goriunova, O.I., Bazaliiskii, V.I., Novembre, J., Weber, A.W., Orlando, L., Allentoft, M.E., Nielsen, R., Kristiansen, K., Sikora, M., Outram, A.K., Durbin, R., Willerslev, E. (2018b). The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia. *Science*, 360, eaar7711.
<https://doi.org/10.1126/science.aar7711>
- Der Sarkissian, C., Allentoft, M.E., Ávila-Arcos, M.C., Barnett, R., Campos, P.F., Cappellini, E., Ermini, L., Fernández, R., da Fonseca, R., Ginolhac, A., Hansen, A.J., Jónsson, H., Korneliusson, T., Margaryan, A., Martin, M.D., Moreno-Mayar, J.V., Raghavan, M., Rasmussen, M., Velasco, M.S., Schroeder, H., Schubert, M., Seguin-Orlando, A., Wales, N., Gilbert, M.T.P., Willerslev, E., Orlando, L. (2015). Ancient genomics. *Philosophical Transactions of the Royal Society B. Biological Sciences*, 370, 20130387.
<https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0387>
- Dicső, Z., Szabó, G., Bozi, R., Borbély, N., Heltai, B., Kulcsár, G., Mende, B.G., Kiss, V., Szécsényi-Nagy, A., Gerber, D. (2023). Genomic refugium of pre-domestication lineages in the Bronze Age Carpathian Basin. *bioRxiv* preprint.
<https://doi.org/10.1101/2023.06.29.547029>
- Feldman, M., Fernández-Domínguez, E., Reynolds, L., Baird, D., Pearson, J., Hershkovitz, I., May, H., Goring-Morris, N., Benz, M., Gresky, J., Bianco, R.A., Fairbairn, A., Mustafaoğlu, G., Stockhammer, P.W., Posth, C., Haak, W., Jeong, C., Krause, J. (2019). Late Pleistocene human genome suggests a local origin for the first farmers of Central Anatolia. *Nature Communications*, 10, 1218.
<https://doi.org/10.1038/s41467-019-09209-7>
- Fu, Q., Hajdinjak, M., Moldovan, O.T., Constantin, S., Mallick, S., Skoglund, P., Patterson, N., Rohland, N., Lazaridis, I., Nickel, B., Viola, B., Prüfer, K., Meyer, M., Kelso, J., Reich, D., Pääbo, S. (2015). An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor. *Nature*, 524, 216–219.
<https://doi.org/10.1038/nature14558>
- Fu, Q., Meyer, M., Gao, X., Stenzel, U., Burbano, H.A., Kelso, J., Paabo, S. (2013). DNA analysis of an early modern human from Tianyuan Cave, China. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110, 2223–2227.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1221359110>
- Fu, Q., Posth, C., Hajdinjak, M., Petr, M., Mallick, S., Fernandes, D., Furtwängler, A., Haak, W., Meyer, M., Mittnik, A., Nickel, B., Peltzer, A., Rohland, N., Slon, V., Talamo, S., Lazaridis, I.,

- Lipson, M., Mathieson, I., Schiffels, S., Skoglund, P., Derevianko, A.P., Drozdov, N., Slavinsky, V., Tsybankov, A., Cremonesi, R.G., Mallegni, F., Gély, B., Vacca, E., Morales, M.R.G., Straus, L.G., Neugebauer-Maresch, C., Teschler-Nicola, M., Constantin, S., Moldovan, O.T., Benazzi, S., Peresani, M., Coppola, D., Lari, M., Ricci, S., Ronchitelli, A., Valentin, F., Thevenet, C., Wehrberger, K., Grigorescu, D., Rougier, H., Crevecoeur, I., Flas, D., Semal, P., Mannino, M.A., Cupillard, C., Bocherens, H., Conard, N.J., Harvati, K., Moiseyev, V., Drucker, D.G., Svoboda, J., Richards, M.P., Caramelli, D., Pinhasi, R., Kelso, J., Patterson, N., Krause, J., Pääbo, S., Reich, D. (2016). The genetic history of Ice Age Europe. *Nature*, 534, 200–205.
<https://doi.org/10.1038/nature17993>
- Gamba, C., Jones, E.R., Teasdale, M.D., McLaughlin, R.L., Gonzalez-Fortes, G., Mattiangeli, V., Domboróczki, L., Kővári, I., Pap, I., Anders, A., Whittle, A., Dani, J., Raczky, P., Higham, T.F.G., Hofreiter, M., Bradley, D.G., Pinhasi, R. (2014). Genome flux and stasis in a five millennium transect of European Prehistory. *Nature Communications*, 5, 5257.
<https://doi.org/10.1038/ncomms6257>
- Gerber, D., Szeifert, B., Székely, O., Egyed, B., Gyuris, B., Giblin, J.I., Horváth, A., Köhler, K., Kulcsár, G., Kustár, Á., Major, I., Molnár, M., Palcsu, L., Szeverényi, V., Fábrián, S., Mende, B.G., Bondár, M., Ari, E., Kiss, V., Szécsényi-Nagy, A. (2023). Interdisciplinary analyses of Bronze Age communities from Western Hungary reveal complex population histories. *bioRxiv*, preprint.
<https://doi.org/10.1101/2022.02.03.478968>
- González-Fortes, G., Jones, E.R., Lightfoot, E., Bonsall, C., Lazar, C., Grandal-d'Anglade, A., Garralda, M.D., Drak, L., Siska, V., Simalcsik, A., Boroneanț, A., Vidal Romaní, J.R., Vaqueiro Rodríguez, M., Arias, P., Pinhasi, R., Manica, A., Hofreiter, M. (2017). Paleogenomic evidence for multi-generational mixing between Neolithic farmers and Mesolithic hunter-gatherers in the Lower Danube Basin. *Current Biology*, 27(12), 1801–1810.E10.
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.05.023>
- Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., Nordenfelt, S., Harney, E., Stewardson, K., Fu, Q., Mittnik, A., Bánffy, E., Economou, C., Francken, M., Friederich, S., Pena, R.G., Hallgren, F., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kunst, M., Kuznetsov, P., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Nicklisch, N., Pichler, S.L., Risch, R., Rojo Guerra, M.A., Roth, C., Szécsényi-Nagy, A., Wahl, J., Meyer, M., Krause, J., Brown, D., Anthony, D., Cooper, A., Alt, K.W., Reich, D. (2015). Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522, 207–211.
<https://doi.org/10.1038/nature14317>
- Hajdinjak, M., Mafessoni, F., Skov, L., Vernot, B., Hübner, A., Fu, Q., Essel, E., Nagel, S., Nickel, B., Richter, J., Moldovan, O.T., Constantin, S., Endarova, E., Zahariev, N., Spasov, R., Welker, F., Smith, G.M., Sinet-Mathiot, V., Paskulin, L., Fewlass, H., Talamo, S., Rezek, Z., Sirakova, S., Sirakov, N., McPherron, S.P., Tsanova, T., Hublin, J.-J., Peter, B.M., Meyer, M., Skoglund, P., Kelso, J., Pääbo, S. (2021). Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. *Nature*, 592, 253–257.
<https://doi.org/10.1038/s41586-021-03335-3>
- Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M., Ryder, O.A., Wilson, A.C. (1984). DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*, 312, 15–21.
<https://doi.org/10.1038/312282a0>

- Hood, L., Rowen, L. (2013). The human genome project: big science transforms biology and medicine. *Genome Medicine*, 5, 79.
<https://doi.org/10.1186/gm483>
- Jensen, T.Z.T., Niemann, J., Iversen, K.H., Fotakis, A.K., Gopalakrishnan, S., Vågane, Å.J., Pedersen, M.W., Sinding, M.-H.S., Ellegaard, M.R., Allentoft, M.E., Lanigan, L.T., Taurozzi, A.J., Nielsen, S.H., Dee, M.W., Mortensen, M.N., Christensen, M.C., Sørensen, S.A., Collins, M.J., Gilbert, M.T.P., Sikora, M., Rasmussen, S., Schroeder, H. (2019). A 5700 year-old human genome and oral microbiome from chewed birch pitch. *Nature Communications*, 10, 5520.
<https://doi.org/10.1038/s41467-019-13549-9>
- Kirkpatrick, J.B., Walsh, E.A., D'Hondt, S. (2016). Fossil DNA persistence and decay in marine sediment over hundred-thousand-year to million-year time scales. *Geology*, 44(8), 615–618.
<https://doi.org/10.1130/G37933.1>
- Klunk, J., Vilgalys, T.P., Demeure, C.E., Cheng, X., Shiratori, M., Madej, J., Beau, R., Elli, D., Patino, M.I., Redfern, R., DeWitte, S.N., Gamble, J.A., Boldsen, J.L., Carmichael, A., Varlik, N., Eaton, K., Grenier, J.-C., Golding, G.B., Devault, A., Rouillard, J.-M., Yotova, V., Sindeaux, R., Ye, C.J., Bikaran, M., Dumaine, A., Brinkworth, J.F., Missiakas, D., Rouleau, G.A., Steinrücken, M., Pizarro-Cerdá, J., Poinar, H.N., Barreiro, L.B. (2022). Evolution of immune genes is associated with the Black Death. *Nature*, 611, 312–319.
<https://doi.org/10.1038/s41586-022-05349-x>
- Lazaridis, I., Alpaslan-Roodenberg, S. (2022). The genetic history of the Southern Arc. A bridge between West Asia and Europe. *Science*, 377(6609), eabm4247.
<https://doi.org/10.1126/science.abm4247>
- Lazaridis, I., Alpaslan-Roodenberg, S., Andreeva, D., Andrija, G., Badalyan, R., Bakardzhiev, S., Balen, J., Bejko, L., Bernardos, R., Bertsatos, A., Biber, H., Bilir, A., Bodru, M., Callan, K., Candilio, F., Cari, M., Ciobanu, I., Demcenco, T.I., Dergachev, V., Derin, Z., Deskaj, S., Devejyan, S., Djordjevi, V., Eccles, L.R., Elenski, N., Engin, A., Erdo, N., Frinculeasa, A., Galaty, M.L., Gamarra, B., Gasparyan, B., Gaydarska, B., Genç, E., Gültekin, T., Gündüz, S., Hajdu, T., Heyd, V., Hobosyan, S., Hovhannisyanyan, N., Iliev, I., Iliev, L., Iliev, S., Jovanova, L., Karkanias, P., Kavaz-K, B., Khudaverdyan, A., Kiss, K., Krenz-Niedba, M., Levy, T.E., Liritzis, I., Lorentz, K.O., Martirosyan-Olshansky, K., Matthews, R., Matthews, W., McSweeney, K., Melikyan, V., Micco, A., Michel, M., Mila, L., Olalde, I., Oppenheimer, J., Osterholtz, A., Özdemir, C., Özdo, K.T., Papakonstantinou, N., Papatianasiou, A., Paraman, L., Paskary, E.G., Patterson, N., Petrakiev, I., Petrosyan, L., Petrova, V., Philippa-Touchais, A., Piliposyan, A., Kuzman, N.P., Potrebica, H., Preda-B, B., Price, T.D., Qiu, L., Richardson, A., Roodenberg, J., Ruka, R., Russeva, V., Schepartz, L., Selçuk, T., Sevim-Erol, A., Shamoonyan, M., Shephard, H.M., Sideris, A., Simalcsik, A., Simonyan, H., Sinika, V., Sirak, K., Sirbu, G., Sönmez-Sözer, Ç., Stathi, M., Steskal, M., Stewardson, K., Stocker, S., Suata-Alpaslan, F., Suvorov, A., Szécsényi-Nagy, A., Szeniczey, T., Telnov, N., Temov, S., Todorova, N., Tota, U., Touchais, G., Triantaphyllou, S., Türker, A., Ugarkovi, M., Walsh, S., Zalzalá, F., Zettl, A., Zhang, Z., Çavuş, R. (2022). Ancient DNA from Mesopotamia suggests distinct Pre-Pottery and Pottery Neolithic migrations into Anatolia. *Science*, 377(6609), 982–987.
<https://doi.org/10.1126/science.abq0762>
- Lazaridis, I., Nadel, D., Rollefson, G., Merrett, D.C., Rohland, N., Mallick, S., Fernandes, D., Novak, M., Gamarra, B., Sirak, K., Connell, S., Stewardson, K., Harney, E., Fu, Q., Gonzalez-Fortes,

G., Jones, E.R., Roodenberg, S.A., Lengyel, G., Bocquentin, F., Gasparian, B., Monge, J.M., Gregg, M., Eshed, V., Mizrahi, A.-S., Meiklejohn, C., Gerritsen, F., Bejenaru, L., Blüher, M., Campbell, A., Cavalleri, G., Comas, D., Froguel, P., Gilbert, E., Kerr, S.M., Kovacs, P., Krause, J., McGettigan, D., Merrigan, M., Merriwether, D.A., O'Reilly, S., Richards, M.B., Semino, O., Shamoony-Pour, M., Stefanescu, G., Stumvoll, M., Tönjes, A., Torroni, A., Wilson, J.F., Yengo, L., Hovhannisyann, N.A., Patterson, N., Pinhasi, R., Reich, D. (2016). Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature*, 536, 419–424.

<https://doi.org/10.1038/nature19310>

Lazaridis, I., Patterson, N., Mittnik, A., Renaud, G., Mallick, S., Kirsanow, K., Sudmant, P.H., Schraiber, J.G., Castellano, S., Lipson, M., Berger, B., Economou, C., Bollongino, R., Fu, Q., Bos, K.I., Nordenfelt, S., Li, H., de Filippo, C., Prüfer, K., Sawyer, S., Posth, C., Haak, W., Hallgren, F., Fornander, E., Rohland, N., Delsate, D., Francken, M., Guinet, J.-M., Wahl, J., Ayodo, G., Babiker, H.A., Bailliet, G., Balanovska, E., Balanovsky, O., Barrantes, R., Bedoya, G., Ben-Ami, H., Bene, J., Berrada, F., Bravi, C.M., Brisighelli, F., Busby, G.B.J., Cali, F., Churnosov, M., Cole, D.E.C., Corach, D., Damba, L., van Driem, G., Dryomov, S., Dugoujon, J.-M., Fedorova, S.A., Gallego Romero, I., Gubina, M., Hammer, M., Henn, B.M., Hervig, T., Hodoglugil, U., Jha, A.R., Karachanak-Yankova, S., Khusainova, R., Khusnutdinova, E., Kittles, R., Kivisild, T., Klitz, W., Kučinskas, V., Kushniarevich, A., Laredj, L., Litvinov, S., Loukidis, T., Mahley, R.W., Melegh, B., Metspalu, E., Molina, J., Mountain, J., Näkkäläjärvi, K., Nesheva, D., Nyambo, T., Osipova, L., Parik, J., Platonov, F., Posukh, O., Romano, V., Rothhammer, F., Rudan, I., Ruizbakiev, R., Sahakyan, H., Sajantila, A., Salas, A., Starikovskaya, E.B., Tarekegn, A., Toncheva, D., Turdikulova, S., Uktveryte, I., Utevska, O., Vasquez, R., Villena, M., Voevoda, M., Winkler, C.A., Yepiskoposyan, L., Zalloua, P., Zemunik, T., Cooper, A., Capelli, C., Thomas, M.G., Ruiz-Linares, A., Tishkoff, S.A., Singh, L., Thangaraj, K., VILLEMS, R., Comas, D., Sukernik, R., Metspalu, M., Meyer, M., Eichler, E.E., Burger, J., Slatkin, M., Pääbo, S., Kelso, J., Reich, D., Krause, J. (2014). Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 513, 409–413.

<https://doi.org/10.1038/nature13673>

Librado, P., Khan, N., Fages, A., Kusliy, M.A., Suchan, T., Tonasso-Calvière, L., Schiavinato, S., Alioglu, D., Fromentier, A., Perdereau, A., Aury, J.-M., Gaunitz, C., Chauvey, L., Seguin-Orlando, A., Der Sarkissian, C., Southon, J., Shapiro, B., Tishkin, A.A., Kovalev, A.A., Alquraishi, S., Alfarhan, A.H., Al-Rasheid, K.A.S., Seregély, T., Klassen, L., Iversen, R., Bignon-Lau, O., Bodu, P., Olive, M., Castel, J.-C., Boudadi-Maligne, M., Alvarez, N., Germonpré, M., Moskal-del Hoyo, M., Wilczyński, J., Pospuła, S., Lasota-Kuś, A., Tunia, K., Nowak, M., Rannamäe, E., Saarma, U., Boeskorov, G., Lõugas, L., Kyselý, R., Peške, L., Bălăşescu, A., Dumitraşcu, V., Dobrescu, R., Gerber, D., Kiss, V., Szécsényi-Nagy, A., Mende, B.G., Gallina, Z., Somogyi, K., Kulcsár, G., Gál, E., Bendrey, R., Allentoft, M.E., Sirbu, G., Dergachev, V., Shephard, H., Tomadini, N., Grouard, S., Kasparov, A., Basilyan, A.E., Anisimov, M.A., Nikolskiy, P.A., Pavlova, E.Y., Pitulko, V., Brem, G., Wallner, B., Schwall, C., Keller, M., Kitagawa, K., Bessudnov, A.N., Bessudnov, A., Taylor, W., Magail, J., Gantulga, J.-O., Bayarsaikhan, J., Erdenebaatar, D., Tabaldiev, K., Mijiddorj, E., Boldgiv, B., Tsagaan, T., Pruvost, M., Olsen, S., Makarewicz, C.A., Valenzuela Lamas, S., Albizuri Canadell, S., Nieto Espinet, A., Iborra, M.P., Lira Garrido, J., Rodríguez González, E., Celestino, S., Olària, C., Arsuaga, J.L., Kotova, N., Pryor, A., Crabtree, P., Zhumatayev, R., Toleubaev, A., Morgunova, N.L., Kuznetsova, T., Lordkipanize, D., Marzullo, M., Prato, O., Bagnasco Gianni, G., Tecchiati, U., Clavel, B., Lepetz, S., Davoudi, H., Mashkour, M., Berezina, N.Ya., Stockhammer, P.W., Krause, J., Haak, W., Morales-Muñiz, A., Benecke, N., Hofreiter, M.,

- Ludwig, A., Graphodatsky, A.S., Peters, J., Kiryushin, K.Yu., Iderkhangai, T.-O., Bokovenko, N.A., Vasiliev, S.K., Seregin, N.N., Chugunov, K.V., Plasteeva, N.A., Baryshnikov, G.F., Petrova, E., Sablin, M., Ananyevskaya, E., Logvin, A., Shevnina, I., Logvin, V., Kalieva, S., Loman, V., Kukushkin, I., Merz, I., Merz, V., Sakenov, S., Varfolomeyev, V., Usmanova, E., Zaibert, V., Arbuckle, B., Belinskiy, A.B., Kalmykov, A., Reinhold, S., Hansen, S., Yudin, A.I., Vybornov, A.A., Epimakhov, A., Berezina, N.S., Roslyakova, N., Kosintsev, P.A., Kuznetsov, P.F., Anthony, D., Kroonen, G.J., Kristiansen, K., Wincker, P., Outram, A., Orlando, L. (2021). The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes. *Nature*, 598, 634–640.
<https://doi.org/10.1038/s41586-021-04018-9>
- Lipson, M., Szécsényi-Nagy, A., Mallick, S., Pósa, A., Stégmár, B., Keerl, V., Rohland, N., Stewardson, K., Ferry, M., Michel, M., Oppenheimer, J., Broomandkoshbacht, N., Harney, E., Nordenfelt, S., Llamas, B., Gusztáv Mende, B., Köhler, K., Oross, K., Bondár, M., Marton, T., Osztás, A., Jakucs, J., Paluch, T., Horváth, F., Csengeri, P., Koós, J., Sebők, K., Anders, A., Raczky, P., Regenye, J., Barna, J.P., Fábíán, S., Serlegi, G., Toldi, Z., Gyöngyvér Nagy, E., Dani, J., Molnár, E., Pálfi, G., Márk, L., Melegh, B., Bánfai, Z., Domboróczki, L., Fernández-Eraso, J., Antonio Mujika-Alustiza, J., Alonso Fernández, C., Jiménez Echevarría, J., Bollongino, R., Orschiedt, J., Schierhold, K., Meller, H., Cooper, A., Burger, J., Bánffy, E., Alt, K.W., Lalueza-Fox, C., Haak, W., Reich, D. (2017). Parallel palaeogenomic transects reveal complex genetic history of early European farmers. *Nature*, 551, 368–372.
<https://doi.org/10.1038/nature24476>
- Margaryan, A., Hansen, H.B., Rasmussen, S., Sikora, M., Moiseyev, V., Khoklov, A., Epimakhov, A., Yepiskoposyan, L., Kriiska, A., Varul, L., Saag, L., Lynnerup, N., Willerslev, E., Allentoft, M.E. (2018). Ancient pathogen DNA in human teeth and petrous bones. *Ecology and Evolution*, 8, 3534–3542.
<https://doi.org/10.1002/ece3.3924>
- Maróti, Z., Neparáczi, E., Schütz, O., Maár, K., Varga, G.I.B., Kovács, B., Kalmár, T., Nyerki, E., Nagy, I., Latinovics, D., Tihanyi, B., Marcsik, A., Pálfi, G., Bernert, Z., Gallina, Z., Horváth, C., Varga, S., Költő, L., Raskó, I., Nagy, P.L., Balogh, C., Zink, A., Maixner, F., Götherström, A., George, R., Szalontai, C., Szenthe, G., Gáll, E., Kiss, A.P., Gulyás, B., Kovacsóczy, B.Ny., Gál, S.S., Tomka, P., Török, T. (2022). The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 32, 2858–2870.E7.
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093>
- Mathieson, I., Alpaslan-Roodenberg, S., Posth, C., Szécsényi-Nagy, A., Rohland, N., Mallick, S., Olalde, I., Broomandkoshbacht, N., Candilio, F., Cheronet, O., Fernandes, D., Ferry, M., Gamarra, B., Fortes, G.G., Haak, W., Harney, E., Jones, E., Keating, D., Krause-Kyora, B., Kucukkalipci, I., Michel, M., Mittnik, A., Nägele, K., Novak, M., Oppenheimer, J., Patterson, N., Pfrengle, S., Sirak, K., Stewardson, K., Vai, S., Alexandrov, S., Alt, K.W., Andreescu, R., Antonović, D., Ash, A., Atanassova, N., Bacvarov, K., Gusztáv, M.B., Bocherens, H., Bolus, M., Boroneanț, A., Boyadzhiev, Y., Budnik, A., Burmaz, J., Chohadzhiev, S., Conard, N.J., Cottiaux, R., Čuka, M., Cupillard, C., Drucker, D.G., Elenski, N., Francken, M., Galabova, B., Ganetsovski, G., Gély, B., Hajdu, T., Handzhyska, V., Harvati, K., Higham, T., Iliev, S., Janković, I., Karavanić, I., Kennett, D.J., Komšo, D., Kozak, A., Labuda, D., Lari, M., Lazar, C., Leppek, M., Leshtakov, K., Vetro, D.L., Los, D., Lozanov, I., Malina, M., Martini, F., McSweeney, K., Meller, H., Mendišić, M., Mirea, P., Moiseyev, V., Petrova, V., Price, T.D., Simalcsik, A., Sineo, L., Šlaus, M., Slavchev, V., Stanev, P., Starović, A., Szeniczey, T., Talamo, S., Teschler-Nicola, M., Thevenet, C., Valchev,

- I., Valentin, F., Vasilyev, S., Veljanovska, F., Venelinova, S., Veselovskaya, E., Viola, B., Virag, C., Zaninović, J., Zäuner, S., Stockhammer, P.W., Catalano, G., Krauß, R., Caramelli, D., Zariņa, G., Gaydarska, B., Lillie, M., Nikitin, A.G., Potekhina, I., Papathanasiou, A., Borić, D., Bonsall, C., Krause, J., Pinhasi, R., Reich, D. (2018). The genomic history of Southeastern Europe. *Nature*, 555, 197–203.
<https://doi.org/10.1038/nature25778>
- Mathieson, I., Lazaridis, I., Rohland, N., Mallick, S., Patterson, N., Roodenberg, S.A., Harney, E., Stewardson, K., Fernandes, D., Novak, M., Sirak, K., Gamba, C., Jones, E.R., Llamas, B., Dryomov, S., Pickrell, J., Arsuaga, J.L., de Castro, J.M.B., Carbonell, E., Gerritsen, F., Khokhlov, A., Kuznetsov, P., Lozano, M., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Guerra, M.A.R., Roodenberg, J., Vergès, J.M., Krause, J., Cooper, A., Alt, K.W., Brown, D., Anthony, D., Lalueza-Fox, C., Haak, W., Pinhasi, R., Reich, D. (2015). Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature*, 528, 499–503.
<https://doi.org/10.1038/nature16152>
- Meyer, C., Brandt, G., Haak, W., Ganslmeier, R.A., Meller, H., Alt, K.W. (2009). The Eulau eulogy. Bioarchaeological interpretation of lethal violence in Corded Ware multiple burials from Saxony-Anhalt, Germany. *Journal of Anthropological Archaeology*, 28, 412–423.
<https://doi.org/10.1016/j.jaa.2009.07.002>
- Mittnik, A., Wang, C.-C., Pfrenge, S., Daubaras, M., Zariņa, G., Hallgren, F., Allmäe, R., Khartanovich, V., Moiseyev, V., Törv, M., Furtwängler, A., Andrades Valtueña, A., Feldman, M., Economou, C., Oinonen, M., Vasks, A., Balanovska, E., Reich, D., Jankauskas, R., Haak, W., Schiffels, S., Krause, J. (2018). The genetic Prehistory of the Baltic Sea region. *Nature Communications*, 9, 442.
<https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>
- Monroy Kuhn, J.M., Jakobsson, M., Günther, T. (2018). Estimating genetic kin relationships in prehistoric populations. *Plos One*, 13, e0195491.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195491>
- Neparáczi, E., Kis, L., Maróti, Z., Kovács, B., Varga, G.I.B., Makoldi, M., Horolma, P., Éva Teiszler, Tihanyi, B., Nagy, P.L., Maár, K., Gyenesei, A., Schütz, O., Dudás, E., Török, T., Pascuttini-Juraga, V., Peharda, I., Vizi, L.T., Horváth-Lugossy, G., Kásler, M. (2022). The genetic legacy of the Hunyadi descendants. *Heliyon*, 8, e11731.
<https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11731>
- Neparáczi, E., Kocsy, K., Tóth, G.E., Maróti, Z., Kalmár, T., Bihari, P., Nagy, I., Pálfi, G., Molnár, E., Raskó, I., Török, T. (2017). Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *Plos One*, 12, e0174886.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886>
- Neparáczi, E., Maróti, Z., Kalmár, T., Kocsy, K., Maár, K., Bihari, P., Nagy, I., Fóthi, E., Pap, I., Kustár, Á., Pálfi, G., Raskó, I., Zink, A., Török, T. (2018). Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *Plos One*, 13, e0205920.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>
- Olalde, I., Brace, S., Allentoft, M.E., Armit, I., Kristiansen, K., Booth, T., Rohland, N., Mallick, S., Szécsényi-Nagy, A., Mittnik, A., Altena, E., Lipson, M., Lazaridis, I., Harper, T.K., Patterson, N., Broomandkoshbacht, N., Diekmann, Y., Faltyskova, Z., Fernandes, D., Ferry, M., Harney,

- E., de Knijff, P., Michel, M., Oppenheimer, J., Stewardson, K., Barclay, A., Alt, K.W., Liesau, C., Ríos, P., Blasco, C., Miguel, J.V., García, R.M., Fernández, A.A., Bánffy, E., Bernabò-Brea, M., Billoin, D., Bonsall, C., Bonsall, L., Allen, T., Büster, L., Carver, S., Navarro, L.C., Craig, O.E., Cook, G.T., Cunliffe, B., Denaire, A., Dinwiddy, K.E., Dodwell, N., Ernée, M., Evans, C., Kuchařík, M., Farré, J.F., Fowler, C., Gazenbeek, M., Pena, R.G., Haber-Uriarte, M., Haduch, E., Hey, G., Jowett, N., Knowles, T., Massy, K., Pfrengle, S., Lefranc, P., Lemercier, O., Lefebvre, A., Martínez, C.H., Olmo, V.G., Ramírez, A.B., Maurandi, J.L., Majó, T., McKinley, J.I., McSweeney, K., Mende, B.G., Modi, A., Kulcsár, G., Kiss, V., Czene, A., Patay, R., Endródi, A., Köhler, K., Hajdu, T., Szeniczey, T., Dani, J., Bernert, Z., Hoole, M., Cheronet, O., Keating, D., Velemínský, P., Dobeš, M., Candilio, F., Brown, F., Fernández, R.F., Herrero-Corral, A.-M., Tusa, S., Carnieri, E., Lentini, L., Valenti, A., Zanini, A., Waddington, C., Delibes, G., Guerra-Doce, E., Neil, B., Brittain, M., Luke, M., Mortimer, R., Desideri, J., Besse, M., Brücken, G., Furmanek, M., Hałuszko, A., Mackiewicz, M., Rapiński, A., Leach, S., Soriano, I., Lillios, K.T., Cardoso, J.L., Pearson, M.P., Włodarczak, P., Price, T.D., Prieto, P., Rey, P.-J., Risch, R., Rojo Guerra, M.A., Schmitt, A., Serralongue, J., Silva, A.M., Smrčka, V., Vergnaud, L., Zilhão, J., Caramelli, D., Higham, T., Thomas, M.G., Kennett, D.J., Fokkens, H., Heyd, V., Sheridan, A., Sjögren, K.-G., Stockhammer, P.W., Krause, J., Pinhasi, R., Haak, W., Barnes, I., Lalueza-Fox, C., Reich, D. (2018). The Beaker phenomenon and the genomic transformation of Northwest Europe. *Nature*, 555, 190–196.
<https://doi.org/10.1038/nature25738>
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P.W., Ávila-Arcos, M.C., Fu, Q., Krause, J., Willerslev, E., Stone, A.C., Warinner, C. (2021). Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers*, 1, 14.
<https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- Pääbo, S. (1985). Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA. *Nature*, 644–645.
<https://doi.org/10.1038/314644a0>
- Papac, L., Ernée, M., Dobeš, M., Langová, M., Rohrlach, A.B., Aron, F., Neumann, G.U., Spyrou, M.A., Rohland, N., Velemínský, P., Kuna, M., Brzobohatá, H., Culleton, B., Daněček, D., Danielisová, A., Dobisíková, M., Hložek, J., Kennett, D.J., Klementová, J., Kostka, M., Krištuf, P., Kuchařík, M., Hlavová, J.K., Limburský, P., Malyková, D., Mattiello, L., Pecinovská, M., Petrišćáková, K., Průchová, E., Stránská, P., Smejtek, L., Špaček, J., Šumberová, R., Švejcar, O., Trefný, M., Vávra, M., Kolář, J., Heyd, V., Krause, J., Pinhasi, R., Reich, D., Schiffels, S., Haak, W. (2021). Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe. *Science Advances*, 7, eabi6941.
<https://doi.org/10.1126/sciadv.abi6941>
- Posth, C., Wißing, C., Kitagawa, K., Pagani, L., van Holstein, L., Racimo, F., Wehrberger, K., Conard, N.J., Kind, C.J., Bocherens, H., Krause, J. (2017). Deeply divergent archaic mitochondrial genome provides lower time boundary for African gene flow into Neanderthals. *Nature Communications*, 8, 16046.
<https://doi.org/10.1038/ncomms16046>
- Posth, C., Yu, H., Ghalichi, A., Rougier, H., Crevecoeur, I., Huang, Y., Ringbauer, H., Rohrlach, A.B., Nägele, K., Villalba-Mouco, V., Radzeviciute, R., Ferraz, T., Stoessel, A., Tikhbatova, R., Drucker, D.G., Lari, M., Modi, A., Vai, S., Saupe, T., Scheib, C.L., Catalano, G., Pagani, L., Talamo, S., Fewlass, H., Klaric, L., Morala, A., Rué, M., Madelaine, S., Crépin, L., Caverne, J.-B., Bocaege, E., Ricci, S., Boschini, F., Bayle, P., Maureille, B., Le Brun-Ricalens, F., Bordes,

- J.-G., Oxilia, G., Bortolini, E., Bignon-Lau, O., Debout, G., Orliac, M., Zazzo, A., Sparacello, V., Starnini, E., Sineo, L., van der Plicht, J., Pecqueur, L., Merceron, G., Garcia, G., Leuvrey, J.-M., Garcia, C.B., Gómez-Olivencia, A., Połtowicz-Bobak, M., Bobak, D., Le Luyer, M., Storm, P., Hoffmann, C., Kabaciński, J., Filimonova, T., Shnaider, S., Berezina, N., González-Rabanal, B., González Morales, M.R., Marín-Arroyo, A.B., López, B., Alonso-Llamazares, C., Ronchitelli, A., Polet, C., Jadin, I., Cauwe, N., Soler, J., Coromina, N., Rufí, I., Cottiaux, R., Clark, G., Straus, L.G., Julien, M.-A., Renhart, S., Talaa, D., Benazzi, S., Romandini, M., Amkreutz, L., Bocherens, H., Wißing, C., Villotte, S., de Pablo, J.F.-L., Gómez-Puche, M., Esquembre-Bebia, M.A., Bodu, P., Smits, L., Souffi, B., Jankauskas, R., Kozakaitė, J., Cupillard, C., Benthien, H., Wehrberger, K., Schmitz, R.W., Feine, S.C., Schüler, T., Thevenet, C., Grigorescu, D., Lüth, F., Kotula, A., Piezonka, H., Schopper, F., Svoboda, J., Sázelová, S., Chizhevsky, A., Khokhlov, A., Conard, N.J., Valentin, F., Harvati, K., Semal, P., Jungklaus, B., Suvorov, A., Schulting, R., Moiseyev, V., Mannermaa, K., Buzhilova, A., Terberger, T., Caramelli, D., Altena, E., Haak, W., Krause, J. (2023). Palaeogenomics of Upper Palaeolithic to Neolithic European hunter-gatherers. *Nature*, 615, 117–126.
<https://doi.org/10.1038/s41586-023-05726-0>
- Prüfer, K., Posth, C., Yu, H., Stoessel, A., Spyrou, M.A., Deviese, T., Mattonai, M., Ribechini, E., Higham, T., Velemínský, P., Brůžek, J., Krause, J. (2021). A genome sequence from a modern human skull over 45,000 years old from Zlatý kůň in Czechia. *Nature Ecology & Evolution*, 5, 820–825.
<https://doi.org/10.1038/s41559-021-01443-x>
- Reich, D. (2021). *Allen Ancient DNA Resource (AADR): Downloadable genotypes of present-day and ancient DNA data*. [WWW Document]. <https://reich.hms.harvard.edu/allen-ancient-dna-resource-aadr-downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data> (utolsó megtekintés: 2023.10.05.)
- Renaud, G., Hanghøj, K., Korneliussen, T.S., Willerslev, E., Orlando, L. (2019). Joint estimates of heterozygosity and runs of homozygosity for modern and ancient samples. *Genetics*, 212(3), 587–614.
<https://doi.org/10.1534/genetics.119.302057>
- Renaud, G., Slon, V., Duggan, A.T., Kelso, J. (2015). Schmutzi. Estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biology*, 16, 224.
<https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0>
- Ringbauer, H., Huang, Y., Akbari, A., Mallick, S., Patterson, N., Reich, D. (2023). ancIBD. Screening for identity by descent segments in human ancient DNA. *bioRxiv* preprint. Genetics.
<https://doi.org/10.1101/2023.03.08.531671>
- Ringbauer, H., Novembre, J., Steinrücken, M. (2021). Parental relatedness through time revealed by runs of homozygosity in ancient DNA. *Nature Communications*, 12, 5425.
<https://doi.org/10.1038/s41467-021-25289-w>
- Rivollat, M., Jeong, C., Schiffels, S., Küçükkalıpcı, İ., Pemonge, M.-H., Rohrlach, A.B., Alt, K.W., Binder, D., Friederich, S., Ghesquière, E., Gronenborn, D., Laporte, L., Lefranc, P., Meller, H., Réveillas, H., Rosenstock, E., Rottier, S., Scarre, C., Soler, L., Wahl, J., Krause, J., Deguilloux, M.-F., Haak, W. (2020). Ancient genome-wide DNA from France highlights

- the complexity of interactions between Mesolithic hunter-gatherers and Neolithic farmers. *Science Advances*, 6(22), eaaz5344.
<https://doi.org/10.1126/sciadv.aaz5344>
- Rohland, N., Hofreiter, M. (2007). Ancient DNA extraction from bones and teeth. *Nature Protocols*, 2, 1756–1762.
<https://doi.org/10.1038/nprot.2007.247>
- Rohland, N., Mallick, S., Mah, M., Maier, R., Patterson, N., Reich, D. (2022). Three assays for in-solution enrichment of ancient human DNA at more than a million SNPs. *Genome Research*, 32, 2068–2078.
<https://doi.org/10.1101/gr.276728.122>
- Schroeder, H., Margaryan, A., Szmyt, M., Theulot, B., Włodarczak, P., Rasmussen, S., Gopalakrishnan, S., Szczepanek, A., Konopka, T., Jensen, T.Z.T., Witkowska, B., Wilk, S., Przybyła, M.M., Pospieszny, Ł., Sjögren, K.-G., Belka, Z., Olsen, J., Kristiansen, K., Willerslev, E., Frei, K.M., Sikora, M., Johannsen, N.N., Allentoft, M.E. (2019). Unraveling ancestry, kinship, and violence in a Late Neolithic mass grave. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(22), 10705–10710.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1820210116>
- Sirak, K.A., Fernandes, D.M., Cheronet, O., Novak, M., Gamarra, B., Balassa, T., Bernert, Z., Cséki, A., Dani, J., Gallina, J.Z., Kocsis-Buruzs, G., Kóvári, I., László, O., Pap, I., Patay, R., Petkes, Z., Szenthe, G., Szeniczey, T., Hajdu, T., Pinhasi, R. (2017). A minimally-invasive method for sampling human petrous bones from the cranial base for ancient DNA analysis. *BioTechniques*, 62(6), 283–289.
<https://doi.org/10.2144/000114558>
- Spyrou, M.A., Bos, K.I., Herbig, A., Krause, J. (2019). Ancient pathogen genomics as an emerging tool for infectious disease research. *Nature Reviews Genetics*, 20, 323–340.
<https://doi.org/10.1038/s41576-019-0119-1>
- Tournebize, R., Chu, G., Moorjani, P. (2022). Reconstructing the history of founder events using genome-wide patterns of allele sharing across individuals. *Plos Genetics*, 18, e1010243.
<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010243>
- Vallini, L., Marciani, G., Aneli, S., Bortolini, E., Benazzi, S., Pievani, T., Pagani, L. (2022). Genetics and material culture support repeated expansions into Paleolithic Eurasia from a population hub out of Africa. *Genome Biology and Evolution*, 14, evac045.
<https://doi.org/10.1093/gbe/evac045>
- Van Der Wal, C., Ho, S.Y.W. (2019). Molecular clock. In: *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology*. Eds.: Ranganathan, S., Gribskov, M., Nakai, K., Schönbach, C. Vol. 2. Amsterdam: Elsevir, 719–726.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20257-4>
- Varga, G.I.B., Kristóf, L.A., Maár, K., Kis, L., Schütz, O., Váradi, O.A., Kovács, B., Gînguță, A., Tihanyi, B., Nagy, P.L., Maróti, Z., Nyerki, E., Török, T., Neparáczki, E. (2022). The archaeogenomic validation of Saint Ladislaus' relic provides insights into the Árpád dynasty's genealogy. *Journal of Genetics and Genomics*, 50(1), 58–61.
<https://doi.org/10.1016/j.jgg.2022.06.008>

- Villalba-Mouco, V., Oliart, C., Rihuete-Herrada, C., Rohrlach, A.B., Fregeiro, M.I., Childebayeva, A., Ringbauer, H., Olalde, I., Celdrán Beltrán, E., Puello-Mora, C., Valério, M., Krause, J., Lull, V., Micó, R., Risch, R., Haak, W. (2022). Kinship practices in the early state El Argar society from Bronze Age Iberia. *Scientific Reports*, 12, 22415.
<https://doi.org/10.1038/s41598-022-25975-9>
- Wang, C.-C., Posth, C., Furtwängler, A., Sümegi, K., Bánfai, Z., Kásler, M., Krause, J., Melegh, B. (2021). Genome-wide autosomal, mtDNA, and Y chromosome analysis of King Bela III of the Hungarian Arpad dynasty. *Scientific Reports*, 11, 19210.
<https://doi.org/10.1038/s41598-021-98796-x>
- Wang, C.-C., Reinhold, S., Kalmykov, A., Wissgott, A., Brandt, G., Jeong, C., Cheronet, O., Ferry, M., Harney, E., Keating, D., Mallick, S., Rohland, N., Stewardson, K., Kantorovich, A.R., Maslov, V.E., Petrenko, V.G., Erlikh, V.R., Atabiev, B.Ch., Magomedov, R.G., Kohl, P.L., Alt, K.W., Pichler, S.L., Gerling, C., Meller, H., Vardanyan, B., Yeganyan, L., Rezepkin, A.D., Mariaschk, D., Berezina, N., Gresky, J., Fuchs, K., Knipper, C., Schiffels, S., Balanovska, E., Balanovsky, O., Mathieson, I., Higham, T., Berezin, Y.B., Buzhilova, A., Trifonov, V., Pinhasi, R., Belinskij, A.B., Reich, D., Hansen, S., Krause, J., Haak, W. (2019). Ancient human genome-wide data from a 3000-year interval in the Caucasus corresponds with eco-geographic regions. *Nature Communications*, 10, 590.
<https://doi.org/10.1038/s41467-018-08220-8>
- Willmann, C., Mata, X., Hanghøj, K., Tonasso, L., Tisseyre, L., Jeziorski, C., Cabot, E., Chevet, P., Crubézy, E., Orlando, L., Esclassan, R., Thèves, C. (2018). Oral health status in historic population. Macroscopic and metagenomic evidence. *Plos One*, 13, e0196482.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196482>

Archaeogenomic studies in Hungary. Past, present and future

DÁNIEL GERBER

We obtained 73 samples across southern Transdanubia (western Hungary) for DNA testing. The generally mediocre or poor preservation of the genetic material allowed only 27 samples to be used for whole genome analyses that were performed in the Institute of Archaeogenomics (Budapest). Given that the archaeogenomic analyses are still in progress, the preliminary results presented in this study could be modified or amended in the light of future analyses and their results. Owing to the well-preserved remains analysed as part of this project, previously unused methods could be applied, such as estimations of population size and identity-by-descent (IBD) analyses that (can) reveal distant genetic connections between samples. The current results suggest three main population events in the region: the presence of an autochthonous population, the arrival of a group from Western Europe, most probably from modern France, at the onset of the study period (Gerber et al., 2023), and the appearance of eastern genetic elements connected to the expansion of the Yamna/Corded Ware culture and yet unknown population movements. This archaeogenomic dataset represents the most complete series hitherto analysed in relation to the Baden culture and it is therefore fundamental to the better understanding of the history of the Central and Eastern European region, not only in terms of population events, but also for individual

life-histories as well as clinically relevant processes such as pathogen evolution and the epidemiology of hereditary diseases. These possibilities open new perspectives in bioarchaeological sciences for unravelling the complex history of this previously understudied region and chronological period.

List of illustrations

- Fig. 1. Schematic diagram of DNA preparation until sequencing. **a:** Sampling is followed by cleaning and drilling; **b:** DNA isolation and library preparation; **c:** following further wet laboratory measurements and preparation, in-solution DNA fragments are either; **d:** sequenced randomly, using the so-called shotgun method, or **e:** prior to sequencing, certain fragments for predefined analyses are baited out (using the so-called hybridisation capture technology) and **f:** amplified and finally; **g:** sequenced (The figure was made by the author)
- Fig. 2. General structure of a chromosome. The DNA wraps around the so-called histone proteins, forming a bead-string-like structure. This string wraps itself further into chromatin strings, ultimately forming the chromosome. The chromosome is basically a “sausage”-like structure, that contains a long, single double-stranded DNA molecule, the well-known “X” structure only forms during a certain stage (the so-called metaphase) of cell division by the pairs, i. e. the maternally and paternally inherited, of chromosomes. Reference (28.09.2023): <https://www.pasteur.fr/sites/default/files/styles/media-wide/public/illustration-zimmer-chromatin-eng.jpg.jpg?itok=I2FBtvKt>
- Fig. 3. Most frequent types of genetic mutations. The blue segments denote the original, whereas the green segments the derived sequences, where red letters show the affected sites by mutations. **a:** SNP; **b:** STR; **c:** some forms of insertions and **d:** deletions (The figure was made by the author)
- Fig. 4. Some forms of identity-by-descent segment distributions in a hypothetical nine chromosomal diploid organism (having two, one maternal and one paternal, set of chromosomes). **a:** In the case of parent-offspring relationship, the segments sharing between two individuals is ~50%, however, the distribution is even across the whole genome in the absence of inbreeding; **b:** similarly, ~50% of sharing can be observed between siblings but in this case the distribution is uneven across the genome; **c:** the more distant the relationship, the less segments are shared between a pair of individuals. In this figure, the magnitude of segment-sharing signifies fifth- or sixth-degree relationship, in the absence of inbreeding; **d:** in the presence of inbreeding, even if there is no direct relatedness between a pair of individuals, some blocks of the so-called runs of homozygosity (ROH) can be observed. These ROH blocks are resulted by the “relatedness” that is caused by a small population size (The figure was made by the author)
- Fig. 5. Schematic figure of the path of the remains from sampling to publication
- Fig. 6. Expansion of farming groups in Europe with dates (after Betti et al., 2020)
- Fig. 7. The sampled sites
- Fig. 8. Samples from the Balatonszentgyörgy site show a radically different distribution in the levels of DNA preservation (endogeneous content) compared to other, Baden period samples. For the sake of meaningful comparison, I used only data obtained from petrous bones (The figure was made by the author)

A kötet szerzői / List of Contributors

BONDÁR Mária

HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
HUN-REN Institute of Archaeology, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
bondar.maria@abtk.hu

DEMÉNY Attila

HUN-REN Csillagászati és Földtudományi Kutatóközpont, Földtani és Geokémiai Intézet
HUN-REN Institute for Geological and Geochemical Research,
Research Centre for Astronomy and Earth Sciences
1112 Budapest, Budaörsi út 45.
attila.demeny@csfk.hu

FARKAS Csaba

HUN-REN Csillagászati és Földtudományi Kutatóközpont, Földtani és Geokémiai Intézet
HUN-REN Institute for Geological and Geochemical Research,
Research Centre for Astronomy and Earth Sciences
1112 Budapest, Budaörsi út 45.
farkas.csaba@csfk.org

GÁL Erika

HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
HUN-REN Institute of Archaeology, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
gal.erika@abtk.hu

GERBER Dániel

HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Archeogenomikai Intézet
HUN-REN Institute of Archaeogenomics, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
gerber.daniel@abtk.hu

GUGORA Ariana

HUN-REN Csillagászati és Földtudományi Kutatóközpont, Földtani és Geokémiai Intézet
HUN-REN Institute for Geological and Geochemical Research,
Research Centre for Astronomy and Earth Sciences
1112 Budapest, Budaörsi út 45.
ariana.gugora@csfk.org

HEGYI István

HUN-REN Csillagászati és Földtudományi Kutatóközpont, Földtani és Geokémiai Intézet
HUN-REN Institute for Geological and Geochemical Research,
Research Centre for Astronomy and Earth Sciences
1112 Budapest, Budaörsi út 45.
hegyi.istvan@csfk.org

HORVÁTH Anikó

HUN-REN Izotópklimatológiai Laboratórium (IKER), Atommagkutató Intézet
HUN-REN Isotope Climatology and Environmental Research Centre, Institute for Nuclear Research
4026 Debrecen, Bem tér 18/C.
horvatha@atomki.hu

JAKUCS János

HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
HUN-REN Institute of Archaeology, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
jakucs.janos@abtk.hu

KÖHLER Kitti

Magyar Természettudományi Múzeum, Embertani Tár
Department of Anthropology, Hungarian Natural History Museum
1083 Budapest, Ludovika tér 2–6.
kohler.kitti@hnmus.hu

MARTON Tibor

HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
HUN-REN Institute of Archaeology, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
marton.tibor@abtk.hu

OROSS Krisztián

HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
HUN-REN Institute of Archaeology, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
oross.krisztian@abtk.hu

PALCSU László

HUN-REN Izotópklimatológiai Laboratórium (IKER), Atommagkutató Intézet
HUN-REN Isotope Climatology and Environmental Research Centre, Institute for Nuclear Research
4026 Debrecen, Bem tér 18/C.
palcsu.laszlo@atomki.hu

RÁCZ Piroska

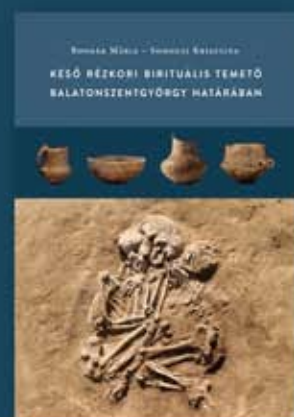
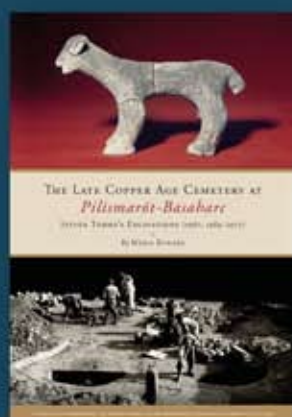
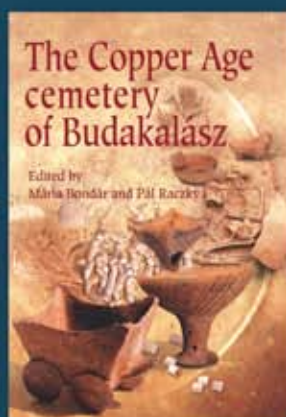
HUN-REN Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Régészeti Intézet
HUN-REN Institute of Archaeology, Research Centre for the Humanities
1097 Budapest, Tóth Kálmán utca 4.
racz.piroska@abtk.hu

SOMOGYI Krisztina

Rippl-Rónai Vármegyei Hatókörű Városi Múzeum
Rippl-Rónai Museum
7400 Kaposvár, Fő u. 101.
lasinja.somogyi@gmail.com

SOMOGYVÁRI-LAJTÁR Enikő

HUN-REN Csillagászati és Földtudományi Kutatóközpont, Földtani és Geokémiai Intézet
HUN-REN Institute for Geological and Geochemical Research,
Research Centre for Astronomy and Earth Sciences
1112 Budapest, Budaörsi út 45.
lajtar.eniko@csfk.org



A Kr. e. 4. évezred temetkezéseinek sokrétű halottkultusza különböző hagyományok, eltérő gyökerű és fejlettségű közösségek széleskörű kapcsolatainak lenyomatát őrzi. Az önálló nagy temetők közlése után a szerzők azt vizsgálták, mit tudhatunk meg a korszak többi temetkezéséről régészeti, antropológiai, archeozoológiai elemzések látható adatain kívül a csontokból vizsgálható láthatatlan információ forrásból, a bioarcheológia különböző módszereinek segítségével. A nagy mintaszámú radiokarbon kormeghatározás, valamint az archeogenetikai és izotóp-geokémiai elemzések rávilágítanak a késő rézkori emberek egészségi állapotára, fertőzéseire, táplálkozására és kisgyermekkoruk helyszínére is. A látható és láthatatlan információk együtt jóval gazdagabb képet adnak az egyéni sorsokról és a kisebb közösségek mindennapjairól.

The burials of the fourth millennium BC attest to a rich diversity of elaborate mortuary practices, the imprints of a colourful world of beliefs and of communities with differing traditions and ancestries.

Following up previous work on the period's large cemeteries, this volume explores the period's other burials, looking at both the visible elements of the archaeological record that can be examined using traditional archaeological, osteoarchaeological and zooarchaeological methods, and the invisible information that can be extracted from skeletal remains using the different analytical techniques of bioarchaeology. The large series of radiocarbon dates allow for a more precise dating of the burials, while the archaeogenetic and stable isotope analyses shed light on the health, the diet and the ancestry of Late Copper Age communities. Taken together, the visible and invisible information provide a more detailed picture of individual biographies and the daily lives of smaller communities.

