

Honfoglalók teljes genomszintű vizsgálata

Schütz Oszkár

SZTE TTIK Biológia DI

schutzoszi@gmail.com

A szegedi Archeogenetikai Kutatócsoport munkája során 112 teljes genomszekvenciát nyertünk ki régészetileg jellemzett honfoglalás kori leletekből. A szakirodalomban elérhető legmodernebb matematikai és statisztikai genomelemző szoftverek segítségével sikerült azonosítanunk a honfoglalókhöz legjobban hasonlító archaikus populációkat, valamint a honfoglalók legfontosabb genetikai komponenseit is. A vizsgálatok során azonosítottuk a honfoglaló elit európai keveredéstől mentes biztosan bevándorló csoportját, akikről kimutattuk, hogy manyisi, szarmata és hun keveredésből származtak. A köznépi temetők népességének többsége helybeli, Kárpát-medencei genommal rendelkezett, más részük a bevándorlók és helybeliek keveréke volt. A bevándorló elit genetikai adatai támogatják a nyelvészeti alapon felállított őstörténeti modellt, de további fontos információkkal is kiegészítik azt, igazolva, hogy a magyar-hun kapcsolatoknak reális alapja van. Emellett a korai szarmatákkal kimutatott keveredés szintén új megvilágításba helyezi a honfoglalók származását. A genomelemzések arra is rámutattak, hogy a honfoglalás kori Kárpát-medence népessége igen heterogén volt, ugyanakkor a különböző összetételű genomok számának összehasonlításával fontos következtetések vonhatók le a bevándorlók és a helyi népesség arányáról.