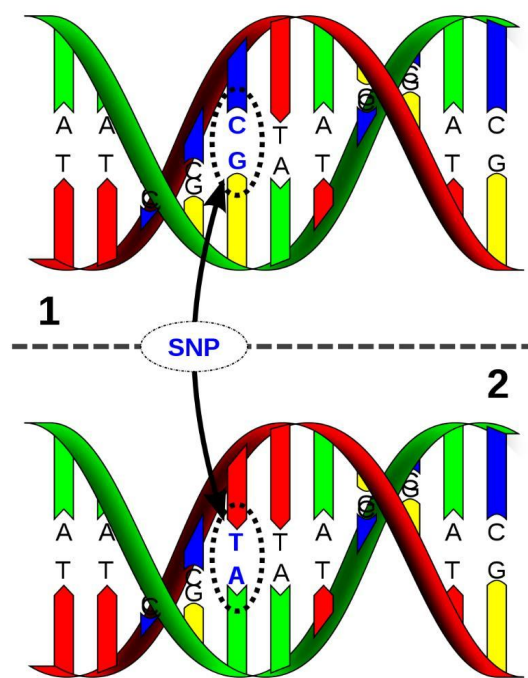


Kristóf Zoltán

Honalapító őseink genetikai öröksége

A magyarság őseinek a szkítákat és a hunokat tartják középkori krónikáink, a magyar irodalom nagy alakjai (Zrínyi Miklós, Arany János, Jókai Mór, Ady Endre) és kiváló történészeink (Nagy Géza, László Gyula, Bakay Kornél). A molekuláris biológia robbanásszerű fejlődését látva, a magyarság származásának kiderítéséhez a különböző tudományok képviselői és a magyar őstörténet iránt érdeklődők a genetikusok állásfoglalására is kíváncsiak. Az elmúlt évtizedben a ma élő és az ezer éve élt magyarokkal is számos genetikai kutatás során foglalkoztak, de eddig senki nem vizsgálta meg, alátámasztják-e genetikai jellemzőink az előbb említett eredetünket. A téma azért időszerű, mert az utóbbi években francia és kínai genetikusok közreadták a kelet-ázsiai többezer éves csontleletek vizsgálatának adatait.

Hazánkban a népeggenetikai kutatások a 80-as években kezdődtek, a klasszikus genetikai markerek (vércsoport, szérumfehérje és enzimvariánsok) vizsgálatával. A genetikusok ma már inkább a mitokondriális DNS-t (mtDNS) és az Y-kromoszómális DNS-t vizsgálják. A mtDNS-szekvenciák anyai ágon, az Y-kromoszómák pedig apai ágon, változatlan formában öröklődnek. A DNS két dupla spirális szálában a négy nukleinsav bázis párban helyezkedik el – az adenin (A) mindig timinnel (T), míg a citozin (C) mindig guaninnal (G) áll párba. A populációgenetika egyik alapfogalma a mutáció, a DNS-szakasz véletlenszerű megváltozása, amely a sejtosztódás során másolási hibából keletkezik (1. ábra). A genetikusok az egyedi bázissorrendek (szekvenciák) egymástól eltérő pozíciói (mutációi) alapján haplotípusokat határoztak meg. A haplotípusokat nagyobb csoportokba, ún. haplocsoportokba sorolták az azonos mutációik alapján. Azok a mutációk (markerek), amelyek egy haplocsoportot jellemeznek, több tízezer évvel ezelőtt, csak egyszer alakultak ki, és többségükben jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak. A mtDNS és az Y-kromoszóma DNS haplocsoportokat nagybetűkkel, a haplotípusokat a nagybetű után írt számokkal és kisbetűkkel jelölik.



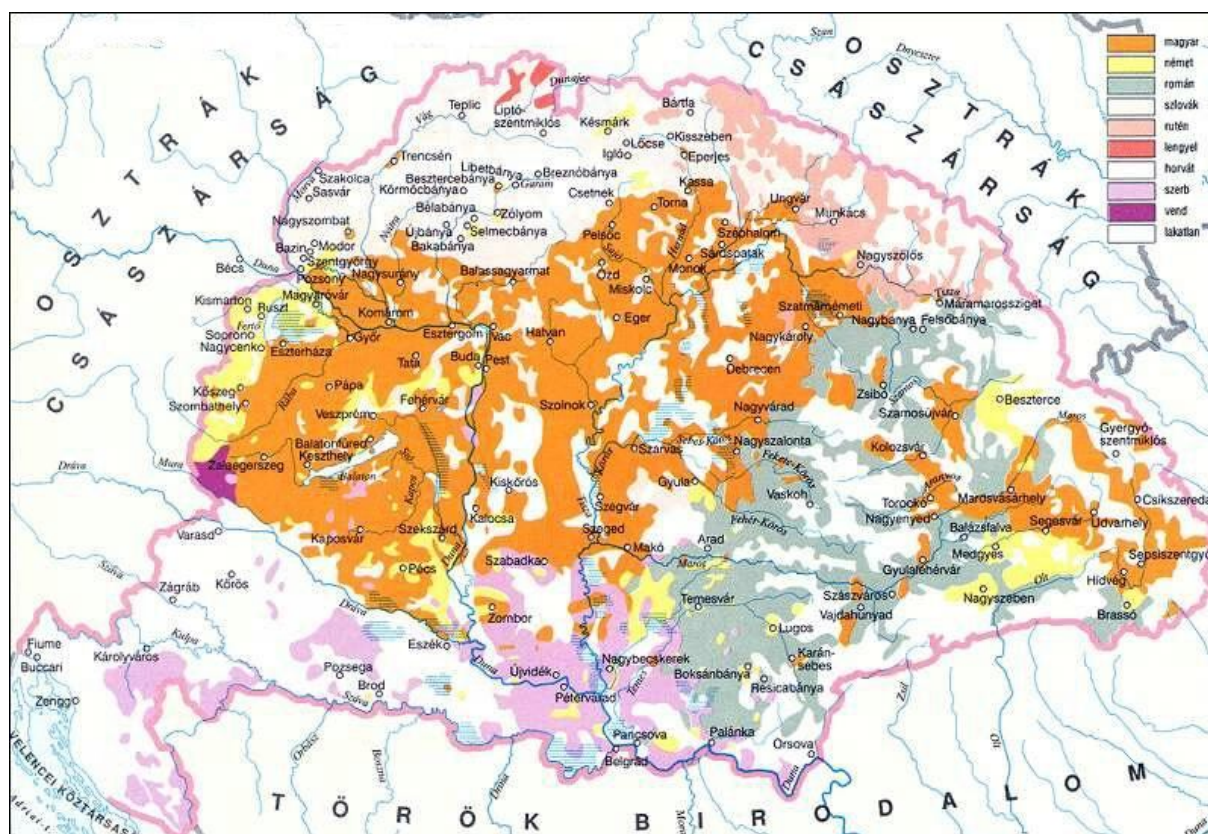
1. ábra A pontmutáció

Finn-magyar kormányközi együttműködés keretében 1994 és 1997 között magyar etnikumok és finnugor populációk mtDNS és Y-kromoszóma vizsgálatait végezték el Béres Judit genetikus vezetésével. A genetikusok a klasszikus genetikai markerek, a mtDNS és az Y-kromoszóma összehasonlító vizsgálatok eredményei alapján megállapították, hogy nem vagyunk genetikai rokonságban a finnekkel és az uráli finnugor népekkel. A genetikai különbözőség egyik bizonyítéka, hogy az apai öröklődésű Y-kromoszóma ún. uráli markere (másképpen Tat) 8-63% közötti gyakorisággal van jelen a finnugor populációkban, bennünk,

magyarokban viszont csak elvétve található meg.¹ Béres Judit elvülhetetlen érdeme, hogy ezt az eredményt a téma iránt érdeklődőkkel a médiában is megismertette.

A Science folyóiratban Ornella Semino olasz genetikus és társai számoltak be arról a vizsgálatról, amely során 1007 európai férfi Y-kromoszóma markereit tanulmányozták. A markerekből 22 Eu-haplotípust határoztak meg. A magyar mintában 60%-ban az Eu19 haplotípust (az újabb jelöléssel R1a1) találták a legnagyobb gyakoriságúnak.² Az adatok alapján a ma élő magyar férfiak 73%-a már az őskőkorszakban Európában élt férfiak utódja. A legismertebb magyar genetikus, Czeizel Endre A magyarság genetikája című könyvében így ír a mai magyarság származásáról: „nyilvánvaló, hogy a jelenkori magyarság őseit nem elsősorban az elő- és ősmagyarok között kell keresnünk. A döntő többség a magyarságba később beleolvadt emberek leszármazottai, akiknek gyökerei az ősi európai népekig nyúlnak vissza.”³ A genetikus így látja a magyarok eredetét: „A magyarság ősei tehát elsősorban iráni-perzsa, másodsorban uráli-ugor eredetűek lehetnek, akik azután a honfoglalást követő 1100 évben a környező országokból bevándorló németekkel és szlávokkal jelentős mértékben keveredtek.”⁴ Czeizel állítása őseink perzsa eredetéről teljesen megalapozatlan, finnugor származásunkat pedig éppen a genetikai vizsgálatok cáfolták meg. Czeizel Endre szerint a Kárpát-medencébe érkező Árpád népének genetikai öröksége mára elenyészett, és a mai magyarság többsége a későbbi évszázadokban betelepített népek leszármazottja.

A népszámlálási adatok figyelembe vételével megvizsgáljuk a szlávokkal és a németekkel való keveredésünk mértékét. Magyarországon az első népszámlálást II. József rendelte el



2. ábra Magyarország népei a 18. században, az 1784-87. évi népszámlálás alapján⁵

¹ Béres, 2003

² Semino, 2000

³ Czeizel, 2003, 235.

⁴ Czeizel, 2003, 381.

⁵ Barta, 1997, 82.

1784-ben. Ekkor a 8,5 milliós lakosság (Horvátországot, valamint Erdélyt is beleértve) 19%-a városokban élt.⁶ A külhonból betelepített népesség falvakban élő része a 20. századig őrizte anyanyelvét és kultúráját. Czeizel Endre figyelmen kívül hagyja, hogy a középkorban és a török kiűzése után betelepített román, német és szlovák lakosság többsége a trianoni békediktátummal a határon kívülre került (2. ábra). Czeizel könyvének a betelepülésekről szóló fejezetében közli az 1920-as népszámlálás adatait, amely szerint Magyarországon a 8 milliós népesség 90%-a vallotta magát magyarnak.⁷ Ezzel az adattal a genetikus maga cáfolja meg a keveredés nagyságára vonatkozó állítását. A 19. századi iparosítás során a városokban százezres nagyságrendben asszimilálódtak a németek és a szlovákok. Ha az ekkor magyarrá váltak számát nagyvonalúan 1 millióra becsüljük, még így is csak 20% körüli lenne a nem magyar eredetűek aránya, vagyis a magyar származásúak alkotják a lakosság döntő többségét (a középkorban betelepült besenyőket, jászokat, kunokat nem tudtuk számításba venni). Ha a betelepülők beolvadása jelentős mértékű lett volna, és a Trianon előtti Magyarország területén élő szlovákok, románok magyarrá váltak volna, akkor ma nem létezne Szlovákia, de Erdély sem lenne a románoké.

2001-2008 között a Széchenyi-program keretében az MTA Genetikai Intézete a Régészeti Intézettel közösen 10-11. századi magyar temetőkből származó csontvázak anyai és apai ági öröklődési vonalait vizsgálta, összehasonlítva az adatokat a ma élő magyarokéval és székelyekével. 2007-től a médiában nagy nyilvánosságot kapott a kutatás eredményeiről beszámoló Raskó István, az MTA Szegedi Biológia Központ Genetikai Intézetének igazgatója. *„Mint kiderült, a klasszikus honfoglalás kori sírokban nyugvóknál nagyon jelentékeny az ázsiai eredetű anyai öröklődés. Ezekben a csontokban ugyanakkor nagyon lényeges európai elemeket találtak, ami azt is alátámasztja, hogy a honfoglaló törzsek vándorlásuk során szláv és török népekkel keveredtek. A köznépi temetőkből származó csontvázak és a mai magyar és székely népesség esetében viszont mindössze 5 százalékos ázsiai eredetű vérvonalat tudunk kimutatni, a többi pedig európai, balkáni eredetű. Tehát a klasszikus honfoglalók által behozott anyai vérvonal gyakorlatilag felhígult az itt élők genetikai állományával, és ez is alátámasztja, hogy viszonylag kevés számú honfoglaló érkezett a Kárpát-medencébe”* – nyilatkozta 2007-ben az MTI-nek az intézetigazgató.⁸

Raskó István a kutatás eredményeiből arra következtet, hogy kevesen voltak a magyar honfoglalók. Mennyire megalapozott az intézetvezető kijelentése? A kérdés megválaszolásához szemügyre vesszük Raskó István elképzelését a magyar honalapítás etnikai hátteréről. Választ keresünk arra, hogy a genetikai kutatások adatai utalnak-e folyamatosságra a honalapítók és a mai magyarok között, illetve kimutathatók-e genetikai kapcsolatok a középkori krónikáink által kijelölt irányban. A továbbiakban a honalapítás kifejezést használjuk a honfoglalás helyett, ugyanis László Gyula a „kettős honfoglalás” elméletével bebizonyította, hogy Árpád népének bejövetelekor a Kárpát-medencében magyarul beszélő népek éltek, ezért nem kellett tőlük a hont elfoglalni.⁹ A honfoglalás elnevezés azt sugallja, mintha őseink a szlávoktól és más itt élő népektől katonai erővel vették volna el az országot.

Az archeogenetikai kutatás első pályázati szakaszának lezárása után a genetikusok eredményeiket nemzetközi szakfolyóiratokban tették közzé.^{10,11} A cikkekben a szerzők minden csontmintánál megadták a temető nevét, az eltemetett nemét, genetikai haplotípusát, a mellékletek meglétét, ill. hiányát a sírban. A második szakasz lezárása, a kutatás befejezése után 2008-ban a Magyar Tudomány (MT) folyóiratban megjelent összefoglalóból¹²

⁶ Barta, 1997

⁷ Czeizel, 2003, 49.

⁸ Raskó, 2007

⁹ László, 1978

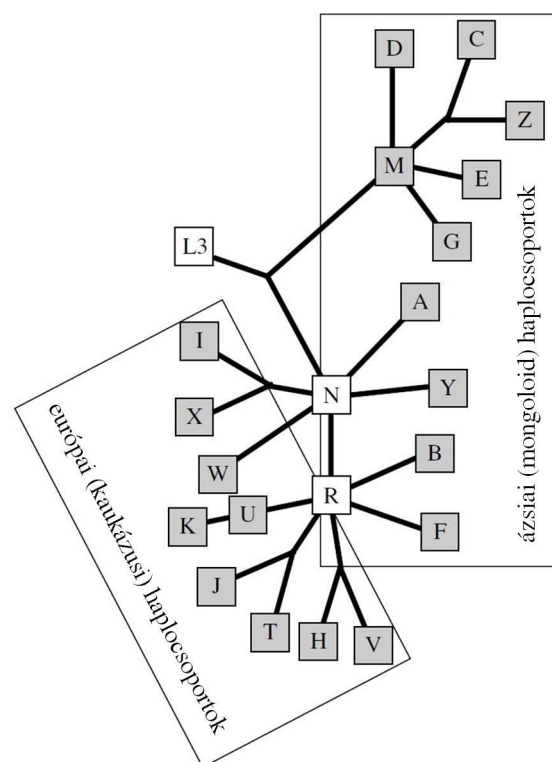
¹⁰ Tömöry, 2007

¹¹ Csányi, 2008

hiányoznak az előbbi részletes adatok, amelyeket így csak a különböző publikációkból lehet kikövetkeztetni. Raskó István a Honfoglaló gének című könyvében megadja az ún. klasszikus és köznépi csoportok mtDNS haplotípusainak gyakoriságát.¹³ A klasszikus kategóriába (a továbbiakban: középréteg) 43 csontmintát soroltak és ezeknél az ázsiai gének 16%-ot tesznek ki. Raskó Istvánnak úgy sikerült feltornáznia az ázsiai genetikai típusok arányát 23%-ra, hogy a 7%-ot kitevő N1a haplotípust is ázsiai nyilvánítták. Ezzel csupán annyi a probléma, hogy az N1a besorolása nem egyértelműen eldöntött. A genetikusok az N és az R haplocsoportot nem sorolják se az ázsiaiak, se az európaiak közé, ugyanis ezekből európai és ázsiai haplocsoportok is származnak^{14,15,16} (3. ábra). Mások viszont európainak tartják az N1a haplotípust, így azt az előbb említett cikkben is európaiként ábrázolták.¹⁷

Több mint furcsa, hogy a tanulmányban egyáltalán nem említik meg a köznépi és a középréteg közötti eltérést, amelyet az intézetigazgató jelentősnek tart. A szerzők meglepő eredményként értékelik, hogy a többi 14 megvizsgált 10-11. századi temető népességéhez képest a hartai temető csontanyagában kimagaslóan magas, 26,3% az ázsiai haplocsoportok előfordulása, ezért a hartai csontleleteket később külön tárgyaljuk.

A 14 temető az ország különböző tájain helyezkedik el, ezért az innen nyert 49 csontminta inkább reprezentálja a Kárpát-medence 10. századi népességének genetikai átlagát, mint a Hartán eltemetettek jellemzői (4. ábra). A 14 temető 49 csontleletére a régészeti leletek alapján bevezetett felosztást alkalmazva, a középrétegben 8,4% az ázsiai eredetű A és B haplocsoportok aránya, míg a köznépben 4%-ot ér el az ázsiai M típus (5. ábra). A B és M gyakorisága a 68 csontleletet tartalmazó archaikus mintában egyformán 1,5%.¹⁸ A mai magyar népességből származó 9 különböző mintavétel mtDNS adatait tanulmányozva feltűnő, hogy a B és M ázsiai típusú genetikai elemek a ma élő magyarokban is 1-8%-ban felbukkannak (6. ábra és 1. táblázat). A B haplocsoport nem fordul elő az uráli finnugor népeknél (mordvin, komi, mari, udmurt),¹⁹ és Szibéria keleti részén gyakori: a burjátokban 6,6%, a tuvaiakban 7,8%²⁰ a mongolokban 9,7% gyakoriságot ér el.²¹ Az M a legelterjedtebb



3. ábra Az eurázsiai mtDNS haplocsoportok filogenetikai fája

¹² Bogácsi-Szabó, 2008

¹³ Raskó, 2010, 109.

¹⁴ Wallace, 1995

¹⁵ Kivisild, 2002

¹⁶ Bermisheva, 2002

¹⁷ Bogácsi-Szabó, 2008

¹⁸ Bogácsi-Szabó, 2008

¹⁹ Bermisheva, 2002.

²⁰ Derenko, 2003

²¹ Kolman, 1996



4. ábra A genetikai kutatásba bevont 10-11. századi magyar temetők

mtDNS típus Ázsiában, az indiaiaknál a leggyakoribb (60%), a finnugor népeknél a gyakorisága 3-20% között van, de a mongoloknál is 12,7% az előfordulása.²²

A mai magyar mintákban a leggyakoribb H, T és U európai vonalak együttes előfordulása 60-70% között változik (kivéve a Nádasi-féle vizsgálatot), míg a honalapítás kori 3 csoportban e vonalak aránya 75%, 64% és 58% (5. és 6. ábra). A fenti szám adatok a 10-11. századi népesség és a mai magyarok többsége között fennálló genetikai folyamatosságra utalnak. Czeizel Endre úgy véli, a 10. század utáni bevándorlók leszármazottai vagyunk, de a fenti összefüggés nem támasztja alá az ő álláspontját, amely a mai magyarság és az ősmagyarok genetikai különbözőségén alapul. Raskó István szerint kevesen voltak a honfoglalók, mert a gazdag melléklettel eltemetett honalapítók és a köznép genetikailag jelentősen eltérnek egymástól. Az 5. ábrán bemutattuk, hogy ez csak a hartai temető esetében igaz, a középréteg és a köznép genetikai jellegének nagy mértékű egyezése cáfolja a genetikus állítását. László Gyula említette, hogy a szlovák régészek az avar kori griffes-indás temetőket egyszerűen szlávoknak minősítették.²³ Reméljük, hogy a liberális értelmiség jeles képviselői nem követik a szlovákok példáját és a gazdag melléklettel eltemetett őseinket nem nyilvánítják szlávoknak.

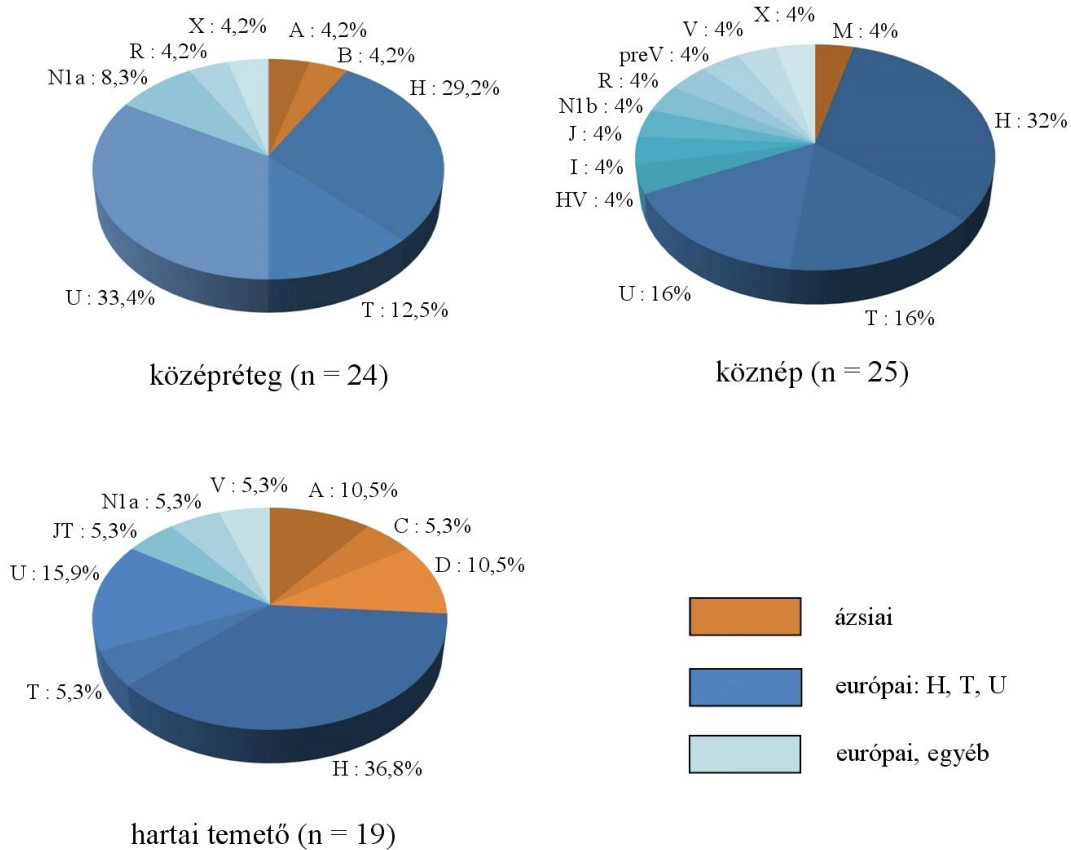
A kalocsai múzeum honlapjáról derül ki, hogy a genetikailag kategorizált 19 hartai csontlelet mindegyikét gazdag mellékletű sírban találták: „a hartai temető a régió egyik leggazdagabb 10. századi síregyüttesét rejt. Az elfeledett temető 22 gazdag sírt rejtett magában, számos esetben lóval és lószerszámmal temették el a halottakat. A módos családok szépmívű ékszerekkel kivarrt ruhákban temették el hozzátartozóikat.”

Hol tehettek szert a 10. században élt hartaiak ázsiai gőnjeikre? Az A, C, és D haplocsoportot a manysikban is a hartaiakkal közel megegyező, 28%-os gyakoriságban mutatták ki,²⁴ ami nem a hartaiak finnugor származásának bizonyítéka. Ezek ugyanis olyan

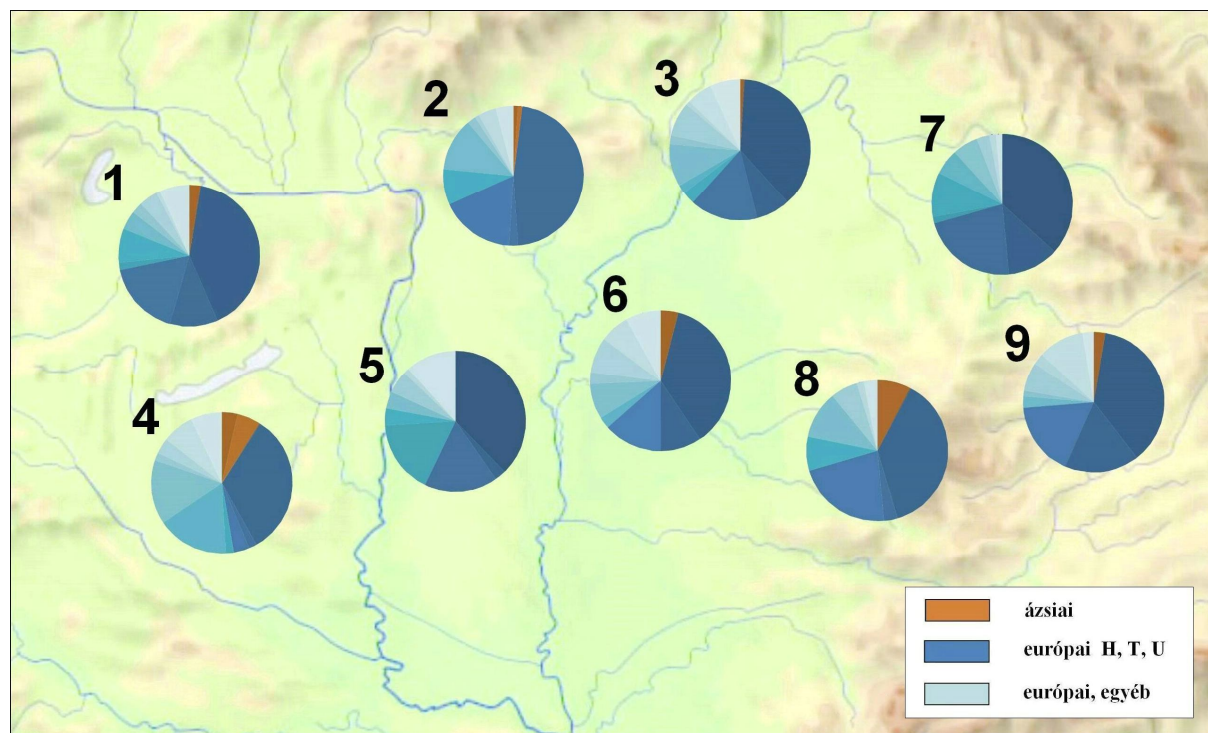
²² Derenko, 2007

²³ László, 1999, 495.

²⁴ Derbeneva, 2002



5. ábra A 10-11. századi magyar minták haplocsoport-megoszlása



6. ábra A mai magyar népesség mtDNS haplocsoport-megoszlása (az 1. táblázat alapján)

haplo- csoport	1 magyar ²⁵	2 magyar ²⁶	3 magyar ²⁷	4 magyar ²⁸	5 magyar ²⁹	6 magyar ³⁰	7 csángó ²⁹	8 székely ³¹	9 székely ²⁷
B		1		3,6					
C									2,6
F						4,1			
M	2,6	1	1	5,5				7,8	
H	41	46,9	37,3	32,8	37,7	36,5	36,8	37,6	36,8
T	11	2	7,8	1,8	2,6	9,5	11,8	3,1	17,1
U	17,3	17,3	15,6	3,6	16,9	13,6	22,1	21,9	17
HV			2,9			2,7			2,6
I	1,7		2	1,8			1,5	7,8	1,3
J	7,8	12,2	11,8	16,5	16,9	10,8	10,3	10,9	9,2
K	4,3	2	7,8	14,6	3,9	8,1	5,9		10,5
R									
preV		8,2	1						
V	2,6	1	5,9	1,8	3,9	6,8	5,9	6,2	
W	4,3	4,1	6,9	3,6	5,2	8,1	2,9	1,6	2,6
X	0,9			7,2	1,3		1,5	3,1	
egyéb	6,8	4,1		7,2	11,7		1,5		
n	116	98	102	55	77	74	68	64	76

1. táblázat A mtDNS haplocsoportok megoszlása a mai magyar népességben (%)

ősi ázsiai markerek, amelyek az északkelet-ázsiai népekben (főként a mongolokban és a burjátokban) és az amerikai indiánokban érnek el magas frekvenciát. Archaikus csontokban is kimutatták már a fenti ázsiai genetikai elemeket. A Bajkál-tótól délre fekvő Egyin Gol kb. kétezer éves temetőjében a három típus magas gyakoriságban fordult elő (A: 17,4%, C: 13% és D: 41,3%).³² Az itt eltemetettek genetikai rokonságban vannak a mongolokkal és a burjátokkal. A vizsgálatot végző francia genetikusok hunnak (xiongnu) nevezik az Egyin Gol-iat, de egy későbbi cikkükben arra a véleményre jutottak, hogy a területen egymást váltó hun, türk és mongol törzsek között inkább csak kulturális, és nem genetikai csere történt.³³ Az Egyin Gol-iak és a Bajkál-tótól nyugatra fekvő, kora bronzkori Ust-Ida temetőjében feltártak között szintén genetikai rokonság áll fenn, amely arra utal, hogy a térségben évezredek át az ázsiai őslakosok leszármazottai éltek.³⁴ A genetikai vizsgálatok igazolták a 70-es években a közeli Noin-ulában ásató Ruygenko orosz régész meglátásait. Ruygenko a gazdag régészeti leletanyagból azt a következtetést vonta le, hogy az ázsiai hunok a helyi lakosságra telepedtek rá, s tőlük embertani alkatukban is eltértek, mivel az őslakosok a burját és a mongol típusokkal mutatnak rokonságot, azaz mongoloidok voltak.³⁵ Az ázsiai hunok viszont

²⁵ Tambets, 2001

²⁶ Semino, 2000a

²⁷ Tömöry, 2007

²⁸ Nádasi, 2007

²⁹ Lahermo, 2000

³⁰ Bogácsi-Szabó, 2008

³¹ Nádasi, 2008

³² Keyser-Tracqui, 2003.

³³ Keyser-Tracqui, 2006.

³⁴ Mooder, 2004.



7. ábra A belső-ázsiai archeogenetikai kutatások helyszínei

antropológiailag europidok voltak, ezt bizonyítják az Ordosz vidékén, a kínai Sárga folyó kanyarulatánál előkerült, vaskorból származó temetők leletei.

A magyar genetikusok a csengelei templom körül eltemetett 13-15. századi kunok csontmintáit is vizsgálták, amelyek között egyben szintén előfordult a D ázsiai haplocsoport, a többi európai típusú volt.³⁶ Az ázsiai jellegű kun csontlelettel azonos genetikai mintázatra bukkantak a mai burját népességben. Raskó István ebből arra következtetett, hogy „a kun populáció őshazája valahol – még a történelmi feljegyzéseket jóval megelőző időben – a mai Nyugat-Szibéria és Mongólia határának közelében helyezkedett el, ahol a mai burját, mongol populáció él”.³⁷ A korabeli források szerint is e területen éltek a kunok. Czeglédy Károly a kunok vándorlásának kiindulópontját Marvazi munkája alapján a Hoang-ho (Sárga folyó) nagy kanyarulatához, a Góbi sivatagtól délre helyezi.³⁸ A 12. században élt mohamedán természettudós, Marvazi elbeszélése szerint a kunok a 10. században menekültek el Észak-Kínából, a kitaj kántól való félelmükben és legelőik szűkössége miatt. A 10-11. századi magyar csontmintákat a kutatók összehasonlították 73 mai európai, illetve ázsiai populációból és a kunoktól származó szekvenciákkal. A genetikai távolságot tekintve a csengelei kunokhoz legközelebb a hartaiak kerültek, amely arra utal, hogy ők is Belső-Ázsiából származhattak.

Raskó István a 10-11. századi magyar csontleletek Y-kromoszóma vizsgálatairól az MTI-nek elmondta, hogy „az ún. uráli marker a dél-uráli népeknél, akik a feltételezések szerint az ősmagyarok rokonai, 60 százalékos gyakorisággal fordul elő a férfiaknál. A finneknél és az északi finnugor népcsoportoknál pedig 15-20 százalékos az előfordulása. A mai magyar és székely férfiaknál viszont a kétszáz vizsgált személyből mindössze egynél fedeztük fel az eltérést. A vizsgált férfi csontvázak esetében viszont 4-ből háromnál megtalálható az

³⁵ Bakay, 2004, 141.

³⁶ Szabó, 2003

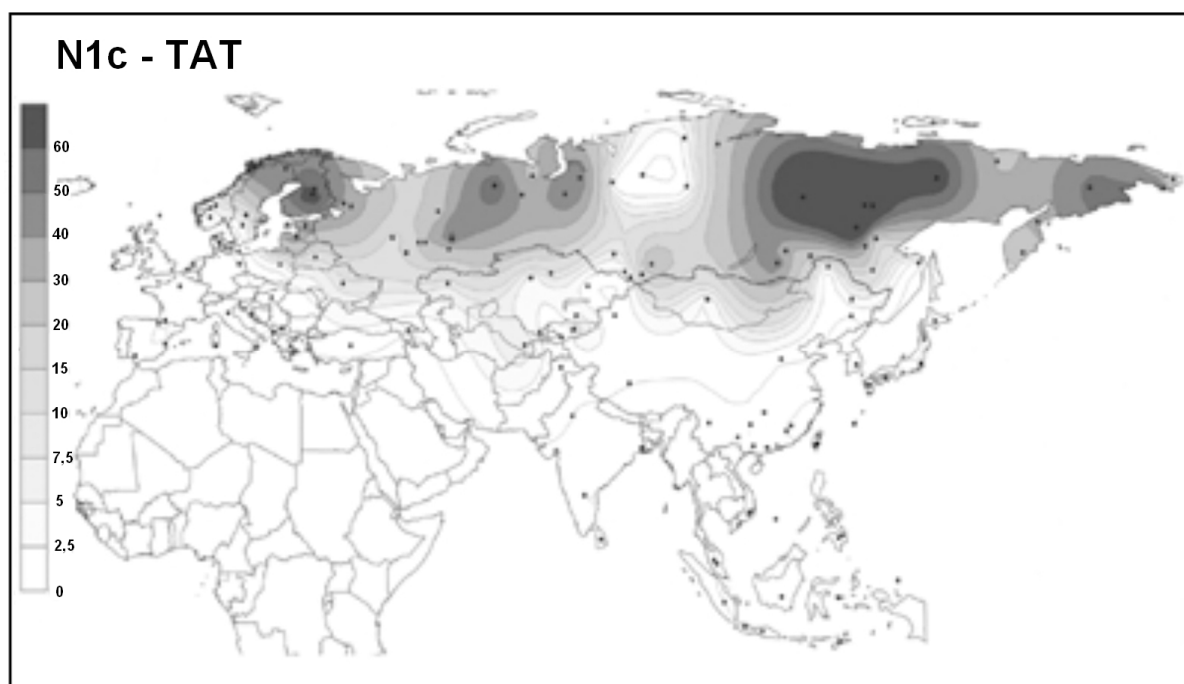
³⁷ Raskó, 2010, 128.

³⁸ Czeglédy, 1949

eltérés.”³⁹ Mindezt az MTI tudósítója megtoldotta azzal, hogy a genetikusok bizonyították a honfoglaló magyarok jelentős részének uráli eredetét. A Genetikai Intézet igazgatója 2010-ben az m1 Génekkel üzen a múlt című műsorában már azt közölte, hét csontvázból négyben találták meg az uráli markert.⁴⁰ A már említett, 2008-ban megjelent kutatási összefoglalóból kiderül, hogy nem négyből három, vagy hétből négy, hanem a vizsgált hét férfi csontvázból csupán kettőben mutatták ki az ún. uráli markert (N1c haplotípust), ráadásul a genetikus professzor könyvében is ugyanez szerepel.⁴¹ Raskó Istvánnak a médiában előadott számai jócskán meghaladják a MT 2008/10. számában található értékeket. Nehezen hihető, hogy a genetikus hadilábon áll a számokkal, inkább az a valószínű, hogy a számok növelésével kívánta nyomatékosítani az állításait.

A 10-11. századi magyarokban az N1c haplotípus (másképpen Tat-C allél) megléte nem jelenti azt, hogy Raskó István perdöntő módon bizonyította a honalapítók finnugor származását. A nemzetközi szakirodalomban más magyarázatot is lehet találni arra, hol kerülhetett az ázsiai marker őseinkbe. Zerjal vizsgálatai szerint a Tat-C mutáció 2-4000 évvel ezelőtt a mai Mongólia vagy Kína területén keletkezett, és a burjátok őseitől származik.⁴² A feltevés azon a megfigyelésen alapul, hogy a Tat-C allél a jakut népességben 86%, a burjátban 58% gyakoriságban fordul elő (8. ábra).

Francia genetikusok igazolták Zerjal elképzelését, ugyanis a Tat-C markert az Egyin Gol temető egyik 2300 éves csontleletében is megtalálták. Keyser-Tracqui és társai 2004-ben a Bajkál-tó környéki késő vaskori temetőben három férfi vázából a C, N1c, és Q ázsiai Y-kromoszóma markereket mutatták ki.⁴³ A C haplocsoport a mongol népesség jellemző típusa, a Q az észak-szibériaiaké, de az amerikai indiánokban is magas frekvenciát ér el. Szinte hihetetlen az a véletlen egybeesés, hogy ugyanezek a mutációk mai magyar férfiak egy 113



8. ábra Az N1c Y-kromoszóma haplotípus eloszlása Euráziában (Zerjal, 1997)

³⁹ Raskó, 2007

⁴⁰ Raskó, 2010a

⁴¹ Raskó, 2010, 115.

⁴² Zerjal, 1997

⁴³ Keyser-Tracqui, 2004

fős mintájában is előfordultak (C: 0,9%, Q: 2,6% és N1c: 0,9%).⁴⁴ A Q haplocsoportot az Ordosztól délre fekvő Pengyangban feltárt 2500 éves csontleletekben is kimutatták.⁴⁵

Dél-koreai genetikusok Mongólia északi részén, a kétezer éves hunkori Duurlig Nars temető csontleleteit vizsgálták. A két férfi csontvázából vett mintát a C és az R1a1 Y-kromoszóma haplotípusba sorolták.⁴⁶ A genetikusok a hun előkelő R1a1 haplotípusában az indoeurópaiak keletre vándorlásának bizonyítékát látják, amelyet Gimbutas kurgán-elméletéből vezetnek le.⁴⁷ A történészek jelentős része a halomsírokba temetkező szkítákat az indoeurópai népek közé sorolja. Bakay Kornél a szkíták indoeurópaiságát a régészeti leletek alapján cáfolja, mert „*a szkíta és hun tárgyi emlékek a keleti lovas népek hagyatékával egyeznek meg. A keleti lovas íjász népekhez pedig soha sem tartoztak germán, szláv vagy latin népcsoportok*”.⁴⁸ Francia genetikusok a szkíta csontmintákban is az R1a1 haplotípust észlelték, de a kutatás részleteire itt nem tudunk kitérni. Érdekes, hogy a neves oxfordi genetikus, Spencer Wells már 2003-ban sztyeppe markernek nevezte az R1a1 haplotípust, amely magas gyakorisággal van jelen Közép-Európától az Altájig, ahol az ókorban a szkíta népek éltek.⁴⁹

A ma élő magyar férfiak Y-kromoszóma mintájában két vizsgálat is az R1a1 haplotípus magas gyakoriságát mutatta ki (Semino: 60%⁵⁰, ill. Battaglia: 56,6%⁵¹), de más vizsgálatok esetében is ez volt a legnagyobb előfordulású típus (Bogácsi-Szabó: 30%⁵², ill. Völgyi: 24,2%⁵³). Az Y kromoszómán található markerek változatlanul adódnak tovább generációról generációra, tehát a fentiekből az következik, hogy az R1a1 haplotípusnak az ezer éve élt őseinkben is jelen kellett lennie. Azokban a cikkekben, ahol Raskó István neve is szerepel, csak a TAT-C markerre vonatkozó adatot közölték és a genetikus sajtónak adott nyilatkozatai is kizárólag erről szóltak. A fentiek alapján úgy tűnik, a genetikusok a honalapítás kori csontokból csak az uráli markert vizsgálták. Mennyire lehet tárgyilagosnak tekinteni azt a vizsgálatot, amelynek során meg sem kísérelték kimutatni őseink csontjaiból a magyar népesség leggyakoribb Y-kromoszóma haplotípusát? Ehelyett a korábbi genetikai vizsgálatok során már megcáfolt finnugor származást próbálták igazolni, az uráli marker keresgélésével.

A kutatás irányítóinak preconcepciójáról árulkodnak Mende Balázs Gusztáv alábbi sorai: „*Figyelmeztetőleg tekintsünk a morfológiai antropológiai kutatás azon zsákutcájára, amely „keleti” elemeket keres a honfoglaló népesség összetételében, különös tekintettel a gazdagon, klasszikus leletanyaggal temetkező népelemekre, mintegy előre meghatározva a levonható, levonandó konzekvenciák többségét. ...Ezért úgy gondolom, hogy a jóval rosszabbul adatolt 10. század tekintetében sem érdemes a kutatásokat az ázsiai elemek arányának szüntelen keresgélésével és ismételtetésével mellékvágányra terelni.*”⁵⁴

A MT 2008/10. számának egyik cikkében megjelent közlés szerint az ezer éves csontleletekben az R1a1-et is megtalálták. Bálint Csanád tanulmányában olvasható, hogy „*Raskó István és munkatársai a 10-11. századi minták között is kimutatták a fentebb már említett, egész Kelet-Európában megfigyelt „sztyeppei” haplocsoportot (Eu19, illetve*

⁴⁴ Tambets, 2004

⁴⁵ Zhao, 2010

⁴⁶ Kim, 2010

⁴⁷ Gimbutas, 1970

⁴⁸ Bakay, 2005, 210.

⁴⁹ Wells, 2003, 175.

⁵⁰ Semino, 2000

⁵¹ Battaglia, 2008

⁵² Bogácsi-Szabó, 2008

⁵³ Völgyi, 2009

⁵⁴ Mende, 2008

R1a1)”.⁵⁵ Egyértelműen nem elírásról van szó, hiszen a szerző még azt a feltevését is megosztja az olvasóval, hogy az R1a1 típus a kelet-európai sztyeppe őslakosságából kerülhetett őseink génállományába. Bálint Csanád régész akadémikus kérdésekre nem tudta megadni, hány csontmintában fordult elő az R1a1, majd őszintén beismerte, hogy nem ért a genetikához. Mivel Bálint Csanád írásának egyik megjegyzésében köszönetet mond Mende Balázs Gusztávnak a genetika témájában nyújtott tanácsaiért, ezért joggal vélhetjük, hogy az R1a1 említése a legilletékesebb személytől, az archeogenetikai labor vezetőjétől származik. A fenti közlés hitelességéről azonban nem tudunk meggyőződni, mert Mende Balázs Gusztáv erről nem hajlandó nyilatkozni.

Korábban idéztük, hogy Raskó István szerint európai génjeinkre a szlávokkal és törökökkel való keveredésünk során tettünk szert. Az intézetigazgató előbbi elképzelése nem a vizsgálatok eredményein alapul. Ez a valóságtól elrugaszkodott látásmód a kutatás másik vezetőjétől, Bálint Csanádtól származik, aki 2003-ban így látta a magyar etnogenezist: „*e népek kialakulása és kultúrája ugyanúgy 3 komponens eredménye, mint a finnugor, török és szláv elemek keveredéséből született Szt. István kori magyarságé*”.⁵⁶ Ugyanez a szemlélet érhető tetten Raskó Istvánnak a kunokról és a keleti lovas népekről leírt mondataiban is: „*a sztyeppék lovas népei olyan közösségekben éltek, amelynek nem volt köze anyai eredetükhöz, sokkal inkább egy törzsi szövetséghez. Érdekes, hogy egy olyan harcos nép esetében, mint a kunok, akik kalandozásaik során jórészt rabolták asszonyaikat, ... még fellelhető volt egy olyan genetikai mintázat, amely a kun népcsoport ázsiai eredetére, legközelebbi rokon populációira utal. A kunok, mikorra elhagyták a Kárpáton túli területeket és letelepedtek Magyarországon már számos nyugati genetikai elemet szedtek föl a Fekete- és Kaszpi-tenger környékén élő szláv, finnugor és török populációkból.*”⁵⁷ A Genetikai Intézet igazgatója szerint a kunok a 300 évig tartó vándorlásuk során, a folyamatos keveredés következtében ázsiai genetikai jellemzőiket európaiakra cserélték (mindezt 11 csontminta alapján állapítja meg). A genetikus nem fejt ki, mi történt a kun asszonyok többségével, netán a kunok eladták őket rabszolgának, és helyettük más népből származó nőket raboltak? Raskó István előbbi hipotézise minden alapot nélkülöz, mert ahogyan a népek ezer év alatt sem tudják embertani alkatukat váltogatni, úgy a génállományukat sem tudják lecserélni egyikről a másikra.

Raskó István nem tudja bizonyítani teóriáját, hogy az ősmagyarok nagyrészt ázsiai génekkel rendelkeztek. A Genetikai Intézet igazgatójának eszébe sem jut az a lehetőség, hogy a magyarok nem vándorlásuk során tettek szert európai génjeikre, hanem már évezredekkel ezelőtt is európai génekkel rendelkeztek. Az antropológusok már régen felismerték, hogy a szkíták, az ázsiai hunok és honalapító őseink embertanilag europidok voltak. A közép-ázsiai Jenyiszej völgyében feltárt, szkíta kori csontleletek vizsgálata mindezt a genetika módszereivel is alátámasztja, de ez már egy másik cikk tárgya.

Az 1. táblázatban bemutatott vizsgálatoknál ugyanazon haplocsoport esetében akár 15%-os eltérés is mutatkozik. Miért térnek el egymástól a magyar népesség genetikai vizsgálatainak eredményei? Ennek oka az, hogy a genetikai vizsgálat matematikailag hasonló a közvélemény-kutatók pártszimpátia méréséhez. A genetikai mintavétel és a pártpreferencia vizsgálat párhuzamba állítása során célszerűbb a 90-es éveket számításba vennünk, amikor a politikai paletta sokszínűbb volt, mint manapság. A közvélemény-kutatásban az ezer fős mintát tekintik reprezentatívnak, ami már elfogadható eredményt ad az urnákhoz járuló kb. 5 millió szavazó pártválasztásáról. Csak a választások után derül ki, hogy még az ezer fős mintanagyság is 5-10%-os hibával jelzi előre az eredményeket. A kis pártokat nem minden esetben tudják mérni a közvélemény-kutatók, ugyanígy fordulhat elő, hogy a mai magyar népességben alacsony gyakoriságú ázsiai genetikai típusokat nem mindegyik vizsgálat során észlelték. A genetikai vizsgálatok 50-100 közötti mintanagyságából adódóan az egyes

⁵⁵ Bálint, 2008

⁵⁶ Lukácsi, 2003

⁵⁷ Raskó, 2010, 128.

vizsgálatok eltérése nagyobb is lehet a fenti példánál, amelyet a magyarságba beolvadt népcsoportok eltérő jellemzői is okozhatnak, amint azt a jászok és a kunok esetében a genetikusok kimutatták.⁵⁸ A népességgenetikai vizsgálatoknál a mintavétel előre meghatározhatja a kutatás végeredményét. A vizsgálatok eredményeit kritikával fogadják a minták alacsony számával érvelnek. Meggyőzésükre Pásztor Erzsébet genetikus a Semino-féle vizsgálat kapcsán a mintanagyságról a következő véleményt fogalmazta meg: „*a vizsgált 45 fős (magyar) minta valóban nagyon kicsi, ahhoz azonban elég nagy, hogy egy a férfiak 10 százalékában jelenlévő Y-kromoszóma típus 99 százalékos valószínűséggel megjelenjen benne. A népesség 5 százalékában előforduló típus 90 százalékos valószínűséggel jelenik meg egy ekkora, reprezentatív mintában.*”⁵⁹

A mtDNS és az Y-kromoszóma vizsgálatok során a 10-11. századi és a mai magyar népességben észlelt ázsiai típusú géneknek az lehet a magyarázata, hogy a 2200 éve Belső-Ázsiában birodalmat alapító hun őseink genetikailag keveredtek ázsiai népcsoportokkal. A keveredés aránya 10-20% körül lehetett, legalábbis erre utal a honalapító magyarok ázsiai génjeinek gyakorisága. A hunok etnogenezisük során csak Belső-Ázsiában érintkeztek közvetlenül olyan népekkel, amelyek nagyrészt ázsiai genetikai jellemzőkkel rendelkeztek. A fentiekben bemutatott, az ókori és mai belső-ázsiai népekkel fennálló számos genetikai kapcsolat a hun-magyar azonosságot támasztja alá.

A 90-es években a genetikai kutatások cáfolták rokonságunkat a finnugor népekkel, ezért sokaknak az a véleménye, hogy finnugor származáselmélettel nem kell foglalkozni, mert azt már a hivatalos tudomány képviselői sem hirdetik. A finnugor rokonság dogmáját valló akademikusok azonban ezt nem így gondolják, ők ugyanis még mindig nem adták föl, és néhány éve megpróbálták elméletük megtépázott tekintélyét helyreállítani. Romsics Ignác történész akadémikus szerkesztésében 2007-ben és 2009-ben jelent meg a „Magyarország története” című könyv. Az első kiadásban a magyar őstörténetről szóló fejezetet Bálint Csanád akadémikus írta meg, amelyben az ősmagyarok nyugat-szibériai finnugor őshazáját hirdeti.⁶⁰ A 24 kötetes második kiadásban Fodor István, a Magyar Nemzeti Múzeum volt főigazgatója vezeti be az olvasókat a finnugor őshaza rejtelseibe.⁶¹ A könyvből 46 részes dokumentumfilm sorozat is készült, amely az m1-en került adásba. A finnugrista történészek törekvéseiben ráismerhetünk a liberális értelmiség céljaira: a történeti tudatunkat, ősi múltunkat és hagyományainkat akarják megsemmisíteni.

Az őstörténetünket meghamisító finnugristák mellé csatasorba állt két ismert genetikus is. Álláspontjuk szerint nekünk, ma élő magyaroknak genetikailag nincs közünk Árpád népéhez, mert a szlávoknak, törököknek, finnugoroknak, perzsáknak és a Kárpát-medencébe az elmúlt ezer évben betelepített népeknek a leszármazottai vagyunk. A fentiekben rávilágítottunk, hogy állításaikat a genetikai vizsgálatok adatai cáfolják, és kimutatható egy határozott genetikai folyamatosság a 10. századi köznép, a gazdag mellékletekkel eltemetett középréteg és a mai magyarság között. A középkori krónikáink által hangoztatott hun-magyar azonosságot⁶² előbb vagy utóbb a genetika is igazolni fogja, ha napvilágot lát az ázsiai hun csontleletek vizsgálatának eredménye. Már ma is több olyan kutatást ismerünk, amelyeknek egyes elemei Belső-Ázsiába, hun származásunk irányába mutatnak.

⁵⁸ Guglielmino, 2000

⁵⁹ Pásztor, 2001

⁶⁰ Bálint, 2007

⁶¹ Fodor, 2009

⁶² Kézai, 2004, 103.

Irodalomjegyzék

- Bakay Kornél: Őstörténetünk régészeti forrásai I., László Gyula Egyesület, Budapest, 2004
- Bakay Kornél: Őstörténetünk régészeti forrásai III., László Gyula Egyesület, Budapest, 2005
- Barta János: A kétfejű sas hatalmában, Új képes történelem, Magyar Könyvklub-Helikon Kiadó, Budapest, 1997 <http://mek.niif.hu/01900/01902/html/index.html>
- Battaglia et al.: Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in southeast Europe *European Journal of Human Genetics*, 2008, 1-11.
- Bálint Csanád: A magyarok őstörténete és a honfoglaláskor, In: Magyarország története, Szerk.: Romsics Ignác, Akadémiai Kiadó, Budapest, 2007, 17-39.
- Bálint Csanád: A történelmi genetika és az eredetkérdés(ek), *Magyar Tudomány* 169., 2008/10, 1170-1187.
- Bermisheva, M. A. et al.: Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region, *Molecular Biology*, Vol. 36, 2002, 802–812.
- Béres Judit: A magyarországi népesség genetikai rokonsága, In: *A genom*, Szerk.: Hídvégi Egon, Széphalom Könyvműhely, Budapest, 2003, 171-185.
- Bogácsi-Szabó Erika: Populációgenetikai és diagnosztikai célú mitokondriális DNS és autoszómias marker vizsgálatok Magyarországon feltárt régészeti csontleletekből és modern mintákból, Ph.D. értekezés, Szeged, 2006
- Bogácsi-Szabó E., Csányi B., Tömöry Gy., Blaszó P., Csósz A., Kiss D., Langó P., Köhler K., Raskó I.: Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén, *Magyar Tudomány* 169, 2008/10, 1204-1216.
- Csányi Bernadett et al.: Y-Chromosome Analysis of Ancient Hungarian and Two Modern Hungarian-Speaking Populations from the Carpathian Basin, *Annals of Human Genetics*, vol. 72, 2008, 519-534.
- Czeglédy Károly: A kunok eredetéről, *Magyar Nyelv* XL, 1949, 43-50.
- Czeizel Endre: A magyarság genetikája, Galenus Kiadó, Budapest, 2003
- Derbeneva, O. et al.: Traces of Early Eurasians in the Mansi of Northwest Siberia Revealed by Mitochondrial DNA Analysis, *American Journal of Human Genetics*, 2002, 1009-1014.
- Derenko, M. V. et al.: Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia, *Annals of Human Genetics* 67., 2003, 391-411.
- Derenko, M. et al.: Phylogeographic Analysis of Mitochondrial DNA in Northern Asian Populations, *American Journal of Human Genetics*, Volume 81, 2007, 1025-1041.
- Fodor István: Őstörténet és honfoglalás, In: Magyarország története, Szerk.: Romsics Ignác, Kossuth Kiadó, Budapest, 2009
- Gimbutas, M.: Proto-Indo-European culture: the Kurgan culture during the fifth, fourth and third millennia BC, In: Cardona G, Hoenigswald H.M., Seen A.M., editors, *Indo-European and Indo-Europeans*, Philadelphia: University of Pennsylvania, 1970, 155–195.
- Guglielmino, C. R., De Silvestri, A., Béres J.: Probable ancestors of Hungarian ethnic groups: an admixture analysis, *Annals of Human Genetics*, vol. 64., 2000, 145-159.

- Keyser-Tracqui, C., Crubézy, E., Ludes, B.: Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2,000-Year-Old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia, *American Journal of Human Genetics*, 2003, 247-260.
- Keyser-Tracqui, C. et al: Does the Tat polymorphism originate in northern Mongolia? *International Congress Series, Volume 1261*, 2004, 325-327.
- Keyser-Tracqui, C. et al.: Population origins in Mongolia: Genetic structure analysis of ancient and modern DNA, *American Journal of Physical Anthropology*, 2006, 272-281.
- Kézai Simon: A magyarok cselekedetei, In: *Millenniumi magyar történelem*, Osiris Kiadó, Budapest, 2004
- Kim, K. et al: A Western Eurasian Male Is Found in 2000-Year-Old Elite Xiongnu Cemetery in Northeast Mongolia, *American Journal of Physical Anthropology*, 2010
- Kivisild, T. et al.: The emerging limbs and twigs the East Asian mtDNA tree, *Mol. Biol. Evol.*, vol. 19 (10), 2002, 1737 – 1751.
- Kolman, C., Sambuughin, N., Bermingham, E.: Mitochondrial DNA Analysis of Mongolian Populations and Implications for the Origin of New World Founders, *Genetics Society of America*, 1996, 1321-1334.
- Lahermo, P. et al.: MtDNA polymorphism in the Hungarians: comparison to three other Finno-Ugric-speaking populations, *Hereditas* 132, 2000, 35–42.
- László Gyula: A kettős honfoglalás, *Magvető Kiadó*, Budapest, 1978
- László Gyula: *Múltunkról utódainknak*, Püski Kiadó, Budapest, 1999
- Lukácsi Béla beszélgetése Bálint Csanád régésszel, *Nacionalizmus és régészet*, Interjú, *Magyar Tudomány*, 2003/6. <http://www.matud.iif.hu/03jun/lukacsi.html>
- Mende Balázs Gusztáv: Archeogenetika és a honfoglalás kor népességtörténete: új módszer – régi problémák, *Magyar Tudomány* 169., 2008/10, 1188-1198.
- Mooder, K. et al: Population Affinities of Neolithic Siberians: A Snapshot from Prehistoric Lake Baikal, *American Journal of Physical Anthropology*, 2004
- Nádasi Edit et al.: Comparison of mtDNA haplogroups in Hungarians with four other European populations: a small incidence of descents with Asian origin, *Acta Biologica Hungarica* 58, 2007, 245-256.
- Nádasi Edit et al.: MtDNA Polymorphisms and Anthropological Analysis of a Small Sekler Population Living in Hungary: A Small Incidence of Asian Origin, In: *Population Genetics Research Progress*, Ed.: Viktor T. Koven, Nova Science Publishers, 2008, 311-330.
- Pásztor Erzsébet: A férfiak európai útjai, *Élet és Tudomány*, 2001/2, 52-55.
- Raskó István nyilatkozata az MTI-nek: Kevesen voltak a magyar honfoglalók, *Múlt-kor*, 2007. <http://mult-kor.hu/cikk.php?id=16325>
- Raskó István: *Honfoglaló gének*, Medicina, Budapest, 2010
- Raskó István az m1 genetikáról szóló sorozatában: Majd a DNS - Génekkel üzen a múlt, 2010a
http://videotar.mtv.hu/Videok/2010/09/09/16/Majd_a_DNS_Genekkel_uzen_a_mult.aspx
- Semino, Ornella et al.: The Genetic Legacy of Paleolithic Homo Sapiens Sapiens in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective, *Science* 290, 2000, 1155–1159.

- Semino, Ornella et al.: MtDNA and Y Chromosome Polymorphisms in Hungary: Inferences from the Palaeolithic, Neolithic and Uralic Influences on the Modern Hungarian Gene Pool, *The European Journal of Human Genetics* 8.5, 2000a, 339–346.
- Szabó Erika, Kalmár Tibor, Horváth Ferenc, Raskó István: Régészeti leletek molekuláris biológiai vizsgálata, In: *A genom*, Szerk.: Hídvégi Egon, Széphalom Könyvműhely, Budapest, 2003, 161-170.
- Tambets, K., Rootsi S., Kivisild T., Villems R.: The concepts of Richard Indreko about the origin of the Finno-Ugric speakers and the population genetics of the extant North-East European populations, *Journal of the Humanities and Social Sciences*, 2001
- Tambets, K. et al: The Western and Eastern Roots of the Saami - the Story of Genetic “Outliers” Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes, *American Journal of Human Genetics*, 2004, 661-682.
- Tömöry Gyöngyvér et al.: Comparison of Maternal Lineage and Biogeographic Analyses of Ancient and Modern Hungarian Populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 134, 3, 2007, 354–368.
- Zerjal, Tatiana et al: Genetic Relationships of Asians and Northern Europeans, Revealed by Y-Chromosomal DNA Analysis, *American Journal of Human Genetics*, 1997, 1174-1183.
- Völgyi Antónia et al.: Hungarian population data for 11 Y-STR and 49 Y-SNP markers, *Forensic Science International, Genetics* 3, 2009, 27-28.
- Wallace, D. C.: Mitochondrial DNA variation in human evolution, degenerative diseases, and aging, *American Journal of Human Genetics*, vol. 57., 1995, 201 – 223.
- Wells, S.: *Az ember útja, Egy genetikai Odüsszeia*, Akkord Kiadó, 2003
- Zhao, Y. et al.: Ancient DNA from nomads in 2500-year-old archeological sites of Pengyang, China, *Journal of human genetics*, 2010