

ARCHEOGENETIKAI VIZSGÁLATOK SZEGED-KISKUNDOROZSMAHOSSZÚHÁT ÉS SZEGED-ÖTHALOM LELŐHELYEK 10. SZÁZADI NÉPESSÉGÉN

CSÓSZ Aranka – MENDE Balázs Gusztáv*

Mitokondriális DNS, haplocsoport, haplotípus

Az archeogenetikai elemzések egyik legelterjedtebb markere a mitokondriális, vagy röviden mtDNS. Az örökítő anyag ezen 1% körüli állománya — számos kedvező tulajdonsága révén — ideális célmolekulája régészeti korú állati és emberi maradványok anyai ági leszármazási vonalainak kutatására. Analízisünk ezen DNS állomány egy 360pb-os szakaszának — a mtDNS Hipervariabilis I-es régió (HVS I) — vizsgálatára, valamint a mitokondriális genom további, kitért pontjainak elemzésére épül. A mintákból kapott eredményeket minden esetben egy referencia szekvenciával vetjük össze, és a referenciától való eltérések (mutációk) alapján haplocsoportokba soroljuk őket. Minden haplocsoportot a rá jellemző mutációk definiálnak. Ezek a mitokondriális haplocsoportok /nyalábok/klaszterek több ezer évvel ezelőtt jöttek létre, és jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak. Az idő múlásával, a mutációk felszaporodásával ezek a csoportok tovább differenciálódtak, egyre több alcsoportjuk, az alcsoportoknak további variánsaik jelentek meg. Ha két minta azonos haplocsoporthoz tartozik, de a mutációs pozíciói nem mutatnak teljes egyezést, akkor azok az adott csoporton belül különböző haplotípusokat képviselnek. Két minta/sekvencia között akkor nem zárható ki a közvetlen anyai ági leszármazás, ha mtDNS-ük teljesen egyforma (haplotípus szinten egyezik). Egy haplocsoporton belül minél több az eltérés két személy mitokondriális mintázata között, annál távolabbi kapcsolatban állnak egymással közös anyai vonalukon belül.

A mitokondriális vizsgálat azonban önmagában nem alkalmas vér szerinti, családi összefüggések kutatására, de az anyai ági rokonság kizárását lehetővé teszi, illetve nagyon ritka haplotípusok esetén valószínűsíthet közvetlen családi/leszármazási kapcsolatot.

A haplocsoportok kialakulása és elterjedése bizonyos földrajzi területekhez köthető, ezért vizsgálatuk bizonyos mértékig lehetővé teszi népek, népcsoportok mozgásának, keveredésének nyomon követését.

A kontamináció megelőzése

Eredményeink hitelessége érdekében munkánk során nagy gondot fordítunk a nem endogén DNS-sel történő szennyezés kizárására, a kontamináció-mentes körülmények megteremtésére. A minták erre a célra elkülönített UV fényel és légszűrővel ellátott helyiségekben, DNS mentesített eszközök felhasználásával kerülnek feldolgozásra. Eljárásaink tisztaságát minden esetben a munkafolyamatokba iktatott negatív kontrollok segítségével igazoljuk. Minden egyes minta mellett szerepel a hozzá tartozó negatív kontroll, mely a kontaminálódásból adódó esetleges hamis eredmények kiszűrését szolgálja.

Minden mintát két, egymástól független mintavételnek (porításnak), a kinyert csontporokat porításonként legalább egyszeri DNS extrakciónak vetjük alá. A független extrakciókból két-két PCR terméket szekvenáltunk forward és reverz szálon.

DNS extrakció

Az archaikus minták mtDNS tartalmának kinyerésére a Dneasy® Tissue Kit (QIAGEN) részben módosított izolációs protokollját alkalmaztuk.

MtDNS amplifikáció

Vizsgálatainkhoz a mitokondriális DNS két rövidebb, egymással részben átfedő szakaszára van szükségünk. Illesztésük által a HVSI régió egy 360

* Csósz Aranka molekuláris biológus, MTA BTK Régészeti Intézet, 1014 Budapest, Úri u. 49. csosza@archeo.mta.hu; Mende Balázs Gusztáv antropológus, MTA BTK Régészeti Intézet, 1014 Budapest, Úri u. 49. mende@archeo.mta.hu

bp-os szakaszát kapjuk. A mitokondriális kategóriák (haplocsoportok/haplotípusok) elkülönítésének alapja e szakasz „mutációs profilja”, amit HVSII, illetve a mtDNS kódoló régió szakaszában elhelyezkedő mutációs pontok vizsgálata egészíti ki.

A használt primerek: L16040 (5'-TCTGTTC TTTCATGGGGAAG-3') (TÖMÖRY ET AL. 2007) H16239 (5'-GTGGC TTTGGAGTTGCA GTT-3'); L16200 (5'-AACCCCTCCCCATG CTTA-3') H16401 (5'-TGATTTACGGA GGAT GGTG-3')(KALMÁR ET AL. 2000).

PCR reakció

Ahhoz, hogy a kinyert minimális mennyiségű DNS-állományt detektálhatóvá és értékelhetővé tegyük, az örökítő anyag általunk vizsgálni kívánt részletét PCR technológia segítségével fel kell sokszorozni. Az amplifikáló elegy összetétele 40 µl végterfogóban: 1×AmpliTaq Gold-Puffer (Applied Biosystems), 25 pmol/µl primerenként, 800 µM ΣdNTP (Fermentas), 1,5 mM MgCl₂, 4 mg/ml BSA (Sigma), 5 µl csont extraktum és 2 U AmpliTaq Gold-Polymerase (Applied Biosystems).

Az amplifikációs reakció kondíciói: 95°C 10 min, 34 cikluson keresztül: 94°C 30 s, 55°C 1 s, 72°C 30 s és a végső extenzió: 72°C 5 min.

A PCR termékből 5 µl-t futtattunk 8%-os Polyacrylamid gélen, melyben a DNS terméket ethidium-bromid festéssel tesszük láthatóvá.

A pozitív PCR reakció nem feltétlenül jelent eredményes vizsgálatot. Gyakran előfordul, hogy a sok nehézség árán a csontból kinyert és felamplifikált PCR termék rossz minőségű, és/vagy kevert örökítő anyagot takar. A felsokszorozott DNS „használhatóságával” minden esetben csak a munkafolyamat végén szembesülünk.

Szekvenálás

Az eredményes és kontamináció-mentes reakcióterméket Microcon Centrifuga Filter (Millipore) segítségével tisztítjuk és koncentrálnak 12 µl-ben. A szekvenálási reakciót ABI Prism 310 típusú szekvenátorral (PerkinElmer) végezzük, ABI Prism BigDye® Terminator v3.0 Cycle Sequencing Ready Reaction Kit felhasználásával. A szekvenálásnál felhasznált primerpárok megegyeznek a PCR esetében alkalmazott primerekkel.

EREDMÉNYEK

Szeged-Kiskundorozsma-Hosszúhát

A lelőhelyen feltárt egyének — a 600. sír kivételével — anyai vonalaik tekintetében klasszikus európai haplocsoportokat hordoznak. A közösségen belül kettő minta tartozik a H, egy-egy minta sorolódik a HV, a J és az U haplocsoportokhoz. További két személy a K, míg egy lelet a kiterjedt, kelet-eurázsiai előfordulású F csoportot hordozza (1. táblázat).

Haplotípus szinten a közösség még heterogénebb. Teljes egyezést mutató anyai vonalat (haplotípus szintű egyezést) nem találtunk a lelőhelyen, ami azt jelenti, hogy az itt eltemetetteket anyai ági közvetlen leszármazási kapcsolat nem fűzte össze. A lelőhelyen feltárt 3 inf. I korú egyén (anyai vonalon) biztosan nem testvérei egymásnak, valamint a lelőhelyen feltárt két nő sem édesanyja egyik gyermeknek sem, továbbá a két nő által hordozott maternális vonal is eltér.

A többi temetkezéstől elkülönülten elhelyezkedő 100. sírba temetett férfi (BENDE–LÓRINCZY–TÜRK 2002; MARCSIK–BERECZKI 2002) klasszikus ázsiai

anyai nyalábot hordoz, a vizsgált szakasz polimorfizmusai a C haplocsoportot definiálják. Anyai ági genetikai hovatartozását tekintve élesen elkülönül a temetőt képező maradványok többségétől, ami megerősítheti a temetkezés jellegéből levont régészeti konzekvenciákat (TÜRK 2009). A 100. sírba temetett férfi haplocsoportjának kialakulása, földrajzi elterjedése alapján, a temető népességéből egyedül a 600. sírba temetett nővel hozható összefüggésbe. A 600. sírba temetett női csontváz anyai vonala — a temetőn belül feltárt sírok közül egyedülként — szintén ázsiai eredetet mutat, ezáltal genetikailag épp úgy kitűnik a temetőben lekepeződött közösségből, mint a lelőhelytől több száz méterre feltárt, 100. sírban nyugvó férfi (1. táblázat).

Szeged-Öthalom, V. homokbánya

A lelőhelyen feltárt közösség anyai vonalainak heterogenitása kiemelkedik az általunk eddig megvizsgált 10. századi temetők — egyébként is nagy — diverzitásából. A temetőn belül a vizsgált 8 csontváz

között egyezést még haplocsoport szinten sem találtunk, ami azt jelenti, hogy anyai vonalon kizárható a leszármazási kapcsolat a lelőhelyen eltemetettek között. A két gyermek és egy juvenis korú egyén nem testvérei egymásnak, valamint a 237. sírban nyugvó — a temetőben egyedüli — nő, egyik gyermeknek sem az édesanyja.

A lelőhelyen feltárt nyolc egyén — haplocsoportjaik kialakulásának földrajzi lokalitása tekintetében — két csoportot alkot. Négy személy (36., 236., 132., 237. sír) anyai vonala ázsiai eredetet mutat, míg másik négy személy (257., 187., 124., 150. sír) klasszikus európai haplocsoportot hordoz (*1. táblázat*). Az ázsiai nyalábokhoz sorolódó személyek aránya (50%) a lelőhelyen kiugróan magas.

Laboratóriumunkban 2005 óta folynak a magyar ethnogenezis genetikai hátterének megismerésével és feltérképezésével foglalkozó vizsgálatok. Eddigi munkánk során mitokondriális vonalon mintegy 114, 10. századi (honfoglaló); 30, 7–8. századi (avar); valamint 6, 8–9. századi (magyar őstörténeti mintacsoportba sorolt) archaikus váz genetikai klasszifikációját végeztük már el. Teljes azonosságokat (haplotípus szintű egyezéseket) keresve összevetettük a lelőhelyekről kapott mitokondriális profilokat, az adatbázisunkban szereplő honfoglaló minták eredményeivel. Mind Szeged-Kiskundorozsma-Hosszúhát, mind a szeged-öthalmi, V. homokbánya lelőhely esetén találtunk egyezést egyéb, 10. századi lelőhelyről származó mintákkal. Az egyik legérdekesebb párhuzam a Szeged-Öthalom 236. sírba temetett gyermek teljesen megegyező anyai vonala egy, Harta-Freifelt lelőhelyen feltárt nő mitokondriális profiljával. Közöttük — mutációs mintázatuk egyedisége alapján — anya-

gyermek kapcsolat valószínűsíthető.¹ További temetkezések közötti egyezésekre ld. az *1. táblázatot*.

Az elemzést az avar mintákra, illetve a magyar őstörténeti mintacsoportba sorolt adatokra is kiterjesztettük. Két, Szeged-Kiskundorozsma-Hosszúhátan feltárt személy (500., 600. sír) mitokondriális mintázata (haplocsoport szintű egyezéssel) megtalálható az eddig leírt avar minták anyai vonalainak között is (*1. táblázat*). A megfigyelés különösen izgalmas, mivel a Kiskundorozsma-Hosszúhát 500., 600. sírba temetettek haplotípusaival teljes egyezést a honfoglaló minták között nem találtunk, sőt, a 600. sír által leírt F haplocsoportot a 114, 10. századi minta között egyedül ez a sír képviselte.

Az egyezést mutató honfoglaló és avar minták a mai magyar nyelvű populációk körében is ritka mitokondriális mintázatokat képviselnek.

A Szeged-Kiskundorozsma-Hosszúhát 500. sírba (10. század). Szegvár-Oromdűlő 196. sírba (7. század) temetett személyek haplotípusának gyakorisága a magyarul beszélő, recens populációkban: 3/313 magyar minta, 0/254 székely minta, 2/238 csángó minta (EGYED ET AL. 2007; TÖMÖRY ET AL. 2007).

A Szeged-Kiskundorozsma-Hosszúhát 600. sírba (10. század) és a Székkutas-Kápolnadűlő 156. sírba (8. század) temetett személyek haplotípusa még ritkább előfordulást mutat: 0/313 magyar mintát, 0/254 székely mintát, 0/238 csángó mintát vizsgálva.

A csontvázakon megfigyelhető nemi morfológiai jellegek alapján a honfoglaló leletekkel teljes azonosságot mutató avar személyek nők voltak (B. NAGY 2003), ami lehetővé tette, hogy a vizsgált mitokondriális állományukat leszármazottaikba továbbörökítsék.

ÖSSZEKÖZÉS

A jelen tanulmányban közölt temetőket létrehozó közösségek összetétele — anyai vonalak tekintetében — nagy diverzitást mutat. Teljesen egyező mitokondriális profillal rendelkező minták nincsenek jelen sem a lelőhelyeken belül, sem azok között. A két temető népessége erősen elkülönül, illetve temetőnként az egyes sírok genetikai mintázata egymáshoz képest is nagy változatosságot mutat.

A temetőkben a haplocsoportok kialakulásának földrajzi lokalitása alapján két nagyobb csoport figyelhető meg:

Szeged-Kiskundorozsma-Hosszúhátan a 100. és 600. sír, míg Szeged-Öthalmon a 36., 236., 132. és 237. sírba temetettek között vonható összefüggés anyai vonalaik ázsiai eredete és elterjedése alapján, illetve a Kiskundorozsma-Hosszúhát 500., 595., 596.,

¹ Próbáltuk ezt a vélelmezett kapcsolatot autoszomális markerek segítségével minden kétséget kizáróan vizsgálat alá vonni, azonban nem sikerült az informatív DNS állomány kinyerése, így a feltételezett anya-gyermek köteléket egyelőre se megerősíteni, se megcáfolni nem tudtuk.

597., 650., 701., 720. sír, valamint Szeged-Öthalom 124., 150., 187. és 257. sír mutat párhuzamot anyai vonalaik európai eredete és elterjedése alapján.

Mindkét lelőhelyen viszonylag magas volt a gyermekek és a férfiak száma. A gyermekek sem egymással, sem a nőkkel nem mutatnak azonosságot, ahogyan a férfiak között sem voltak anyai ági testvérek, ellenben a Szeged-Öthalom 236. sírba eltemetett gyermek teljesen megegyező anyai vonalat hordoz egy, a Harta-Freifelt lelőhelyről származó nő mitokondriális profiljával. Eddigi vizsgálataink alapján valószínűsíthető, hogy ezen azonosság mögött anya–gyermek kapcsolat húzódnak.

A Szeged-Kiskundorozsmán feltárt sírok közül két minta haplotípus egyezést mutat két, az avar korra keltezett nő mitokondriális profiljával. Az azonos avar és honfoglaló minták adott környezetben vett genetikai egyedisége, valamint feltárási helyük földrajzi közelsége egymást erősítő érvként többféle értelmezési lehetőséget vethet fel.

Amennyiben a szeged-kiskundorozsma-hosszúhátú és szeged-öthalmi mintákat archaikus adatbázisainkkal együtt elemezzük, az anyai ági genetikai párhuzamokat nem ezekben, hanem térben és időben szélesebb határok között találhatjuk meg.

IRODALOM

- ANDREWS ET AL. 1999: Andrews, R. – Kubacka, I. – Chinnery, P. – Lightowlers, R. – Turnbull, D. – Howell, N.: *Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA*. *Nature Genetics* 23 (1999) 147.
<https://doi.org/10.1038/13779>
- BENDE-LÖRINCZY-TÜRK 2002: Bende L. – Lőrinczy G. – Türk A.: *Honfoglalás kori temetkezés Kiskundorozsma-Hosszúhát-halomról. — Eine landnahmezeitliche Bestattung von Kiskundorozsma-Hosszúhát-Hügel*. A Móra Ferenc Múzeum Évkönyve – *Studia Archaeologia* 8 (2002) 351–402.
- B. NAGY 2003: B. Nagy K.: *A székkutas-kápolnadű-lősi avar temető*. Szerk.: Bende L. – Lőrinczy G. A Móra Ferenc Múzeum Évkönyve – *Monographia Archaeologia* 1, Szeged 2003.
- CHEN ET AL. 1995: Chen, X. – Prossner, R. – Simonetti, S. – Sadlock, J. – Jagiello, G. – Schon, E.: *Rearranged mitochondrial genomes are present in human oocytes*. *American Journal of Human Genetics* 57 (1995) 239–247.
- EGYED ET AL. 2007: Egyed, B. – Brandstätter, A. – Irwin, J. A. – Pádár, Z. – Parsons, T. J. – Parson, W.: *Mitochondrial control region sequence variations in the Hungarian population: analysis of population samples from Hungary and from Transylvania (Romania)*. *Forensic Sci Int Genet.* 2007 Jun;1(2):158–62. doi: 10.1016/j.fsigen.2007.03.001. Epub 2007 Apr 20.
- FORAN 2006: Foran, D.: *Relative degradation of nuclear and mitochondrial DNA: an experimental approach*. *Journal of Forensic Sciences* 51 (2006) 766–770.
<https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2006.00176.x>
- GILES ET AL. 1980: Giles, R. – Blanc, H. – Cann, H. – Wallace, D.: *Maternal inheritance of human mitochondrial DNA*. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 77 (1980) 6715–6719.
<https://doi.org/10.1073/pnas.77.11.6715>
- HOWELL 1997: Howell, N.: *MtDNA Recombination: What do in vitro data mean?* *American Journal of Human Genetics* 61 (1997) 19–22.
- KALMÁR ET AL. 2000: Kalmár, T. – Bachrati, Cz. – Marcsik, A. – Raskó, I.: *A simple and efficient method for PCR amplifiable DNA extraction from ancient bones*. *Nucleic Acids Research* 28 (2000) E67.
<https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e67>
- KIVISILD ET AL. 2000: Kivisild, T. – Villems, R. – Jorde, L. B. – Bamshad, M. – Kumar, S. – Hedrick, P. – Dowling, T. – Stoneking, M. – Parsons T. J. – Irwin, J. A.: *Questioning evidence for recombination in human mitochondrial DNA*. *Science* 288 (2000) 1931a.
<https://doi.org/10.1126/science.288.5473.1931a>
- LÖRINCZY-TÜRK 2011: Lőrinczy G. – Türk A.: *10. századi temető Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhát-ról. Újabb adatok a Maros-torkolat Duna-Tisza közti oldalának 10. századi településtörténetéhez. — Gräberfeld des 10. Jh. in Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhát. Neue Ergebnisse zur Siedlungsgeschichte des 10. Jh. der Region zwischen Donau und Theiss gegenüber der Maros-mündung*. A Móra Ferenc Múzeum Évkönyve – *Studia Archaeologia* 12 (2011) 421–481.
- MARCSIK-BERECZKI 2002: Marcsik A. – Bereczki Zs.: *A kiskundorozsmai Hosszúhát-halmon feltárt honfoglalás kori sír csontvázának embertani jel-lemzése. — Anthropologische Merkmalanalyse des landnahmezeitlichen Skelettes von Kiskundorozsma-Hosszúhát-Hügel*. A Móra Ferenc Múzeum Évkönyve – *Studia Archaeologia* 8 (2002) 403–406.
- MARCSIK 2011: Marcsik A.: *Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhát és Kistelek M5 57. (27/71.) lelőhelyen feltárt humán csontváz-anyag. — Humanes Knochenmaterial aus den fundorten Szeged-Kiskundorozsma, Hosszúhát und Kistelek M5 57 (27/71)*. A Móra Ferenc Múzeum Évkönyve – *Studia Archaeologia* 12 (2011) 495–506.

- PARSONS ET AL. 1997: Parsons, T. – Weeden, V.: *Preservation and Recovery of DNA in Postmortem Specimens and Trace Samples*. In: *Forensic Taphonomy. The Postmortem Fate of Human Remains*. Eds.: Haglund, W. D. – Sorg, M. H. New York–London–Tokyo 1997.
- RICHARDS–MACAULAY 2001: Richards, M. – Macaulay, V.: *The mitochondrial gene tree comes of age*. *American Journal of Human Genetics* 68 (2001) 1475–1484.
- SATOH–KUROIWA 1991: Satoh, M. – Kuroiwa, T.: *Organization of multiple nucleoids and DNA molecules in mitochondria of a human cell*. *Experimental Cell Research* 196 (1991) 137–140. [https://doi.org/10.1016/0014-4827\(91\)90467-9](https://doi.org/10.1016/0014-4827(91)90467-9)
- SUTOVSKY ET AL. 1999: Sutovsky, P. – Moreno, R. – Ramalho-Santos, J. – Dominko, T. – Simerly, C. – Schatten, G.: *Ubiquitin tag for sperm mitochondria*. *Nature* 402 (1999) 371–372. <https://doi.org/10.1038/46466>
- TÖMÖRY ET AL. 2007: Tömöry, G. – Csányi, B. – Bogácsi-Szabó, E. – Kalmár, T. – Czibula, A. – Csősz, A. – Priskin, K. – Mende, B. – Langó P. – Downes, C. – Raskó, I.: *Comparison of maternal lineage and biogeographic analyses of ancient and modern Hungarian populations*. *American Journal of Physical Anthropology* 134 (2007) 354–368.
- TÜRK 2009: Türk A.: *Adatok és szempontok a Kárpát-medence 10–11. századi hagyatékában megfigyelt sírformák és temetkezési szokások klasz-szifikaációjához*. In: *Avarok, bolgárok, magyarok*. Konferenciakötet. Szerk.: Vincze F. Budapest 2009, 73–114.

ARCHAEOGENETICAL INVESTIGATIONS ON THE 10TH CENTURY POPULATIONS FROM SZEGED-KISKUNDOROZSMA-HOSSZÚHÁT AND SZEGED-ÖTHALOM

Aranka CSŐSZ – Balázs Gusztáv MENDE

Populations reported in this study show significant diversity in terms of composition of maternal lineages. Identical mitochondrial profile couldn't be found either within the cemeteries or among them. The populations of the cemeteries are highly separated from each other, the mitochondrial profile of the graves varies greatly within the cemeteries.

Based on geographical locality of haplogroups development two large groups can be observed. One was characterized by the Asian origins and spread by the maternal lineages, this includes the 100th and 600th graves from Kiskundorozsma and the 36th, 236th, 132th, and the 237th graves from Szeged-Öthalom. The second group consists of the following graves: 500th, 595th, 596th, 597th, 650th, 701th and the 720th from Kiskundorozsma and the 124th, 150th, 187th and 257th from Szeged-Öthalom. These were characterized by European origin and spread.

Both archaeological sites were characterized by relatively high number of children and men. The children didn't show any genetic identical similarities eit-

her with each other or with women. We haven't found any matrilineal relatives among men either. However, the grave of a child from the cemetery of Szeged-Öthalom show the same identical maternal profile, as the women, who was buried in the cemetery of Harta-Freifelt. Based on our previous investigations it's likely that this haplotype matching could be a mother-child relationship.

Two haplotypes from the samples were excavated in Kiskundorozsma showed identical relationship with two women samples represented by the Avar period. This result may allow a variety of conclusions, including even the possible evidence of local survival.

If we compare the samples from Szeged-Öthalom and Kiskundorozsma-Hosszúhát with the ones from our archaic database, the matrilineal genetic parallels cannot be found in the investigated cemeteries, but in wider geographical and chronological limits.

Translated by Balázs Gusztáv Mende

<i>Temető</i>	<i>Sír szám</i>	<i>Haplocsoport (anyai vonal)</i>	<i>Haplocsoport (anyai vonal) eredete</i>	<i>Haplotípus egyezések a tanulmányban szereplő két lelőhelyen belül</i>	<i>Haplotípus egyezések további lelőhelyekről származó 7–10. századi archaikus mintákkal</i>
Szegeď-Kiskundo-rozsma-Hosszúhát	100.	C	ázsiai	–	–
	600.	F	ázsiai	–	Székkutas-Kápolnadűlő 156. sír (8. század)*
	500.	K	európai	–	Szegvár-Oromdűlő 196. sír (7. század)*
	595.	H	európai	–	Balatonűjtlak (10. század)
	596.	J1	európai	–	–
	597.	H	európai	–	–
	650.	HV	európai	–	–
	701.	U	európai	–	–
	720.**	K	európai	–	Verhnyj Saltov 55. sír (8–9. század)*
Szegeď-Őthalom, V. homokbánya	36.	G2	ázsiai	–	–
	236.	D4	ázsiai	–	Harta-Freifelt 4. sír (10. század)
	132.	B	ázsiai	–	–
	237.	M	ázsiai	–	–
	257.	U4	európai	–	–
	187.	U2	európai	–	–
	124.	W	európai	–	–
	150.	X	európai	–	Örménykút (10. század)

1. táblázat: A vizsgált minták. (Az archaikus mintákkal való munka problematikussága miatt az adatbázis egyelőre sem földrajzi, sem történelmi korok tekintetében nem ad még egyenletes lefedettséget, így a talált azonosságok nem jelentenek konkrét, történelmi interpretációval azonosítható párhuzamokat.*

*** A minta a 114 honfoglaló szekvenciát felölelő 10. századi adatbázisunkban nem mutat teljes (haplotípus szintű) egyezést egyetlen más 10. századi mintával sem.)*

*Table 1: List of the investigated samples. (*Due to problems of interpretation of the archaic patterns the database doesn't show an even coverage in terms of either geographical or historical period. The detected similarities can not be paralleled with concrete historical interpretations. ** This sample show no haplotype-level match compared with the 10th century database containing 114 samples.)*