

BEMUTATKOZIK A BÖLCSESZETTUDOMÁNYI KUTATÓKÖZPONT ARCHEOGENOMIKAI INTÉZETE

SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA¹

Magyar Régészeti 11. évf. (2022) 1. szám, pp. 54–59.

A Bölcsészettudományi Kutatóközpont (BTK) Régészeti Intézetéből 2021 márciusában kivált Archeogenomikai Intézet (<https://agi.abtk.hu/hu/>) 2021. november 30-án bemutatkozó konferenciát tartott a Humán Tudományok Kutatóházában. A konferencia nyolc előadása a munkacsoport és a kutatási módszerek bemutatása után sorra vette az intézet nagyobb kutatási programjait. Molnár Antal (a BTK főigazgató-helyettese) köszöntője után Szécsényi-Nagy Anna igazgató asszony ismertette az új intézetet. A mintegy húsz munkatárssal működő intézetben többségben vannak a fiatal kutatók és a laboratóriumi asszisztensek. Az intézet szerkezete nem követi a BTK-ban megszokott osztályszerkezetet, hiszen a labor működtetése és központi szerepe szorosan összekapcsolja az egyes projekteken dolgozó kutatókat. A labor szakmai és technikai (gépészeti) vezetése mellett a működtetéshez elengedhetetlen fogyóeszközök és gépek beszerzése, a napi munkabeosztás megszervezése mind alap feladatköröket jelent az intézet vezetése számára. Az intézet általános szervezési és pénzügyi feladatait Mende Balázs igazgatóhelyettes, a tudományos titkári feladatokat pedig Szeifert Bea látja el.

Az intézet új nevének megválasztásakor a genomika szóra cserélt genetika kifejezésben az a gondolat és törekvés jelenik meg, hogy a munkacsoport már teljes archaikus genomokat, azaz teljes örökítőanyagot vizsgál. Az intézeti kutatások középpontjában elsősorban továbbra is emberek állnak, azonban a kutatások folyamatosan bővülnek más régészeti korú biológiai maradványokkal, illetve új, genetikai megközelítésű kérdésfelvetésekkel is. Ilyenek például az egykor élt emberek genetikai betegségeinek, vagy a kora középkori lovak morfológiai és genetikai jegyei összefüggéseinek kutatása. Az intézetnek az Eötvös Loránd Kutatási Hálózat kérésére 2021 tavaszán összeállított két kutatási stratégiai koncepciója (a 2022–2026 közötti időszakra) a következőkben bemutatásra kerülő pilléreken nyugszik.

Az első koncepció a Kárpát-medence archaikus népességeinek genetikai kutatását fogja össze a kezdetektől napjainkig. A koncepción belül az első tématerület a Kárpát-medence őskorának genetikai kutatásait tartalmazza. Ezen területen belül a kutatócsoport 2015 óta foglalkozik a rézkor és a bronzkor időszakának emberi közösségeivel, 2018–2023 között a Bondár Mária vezette NKFIH K-128413 program, a Wolfgang Haak vezette ERC-PaleoRider (<https://wolfganghaak.com/>) és a Kiss Viktória vezette Lendület Mobilitás program (2015–2020, <https://mobilitas.ri.abtk.hu/?lang=hu>, KISS ET AL. 2021) résztvevőjeként. A novemberi minikonferencián Gerber Dániel számolt be biorégészeti esettanulmányokról a Dunántúl Kr.e. 4–3. évezredeiből (GERBER ET AL. 2022) és Szécsényi-Nagy Anna mutatta be a Kárpát-medence Kr.e. 3–2. évezredi népességeinek új átfogó genetikai kutatásait.

A 2021-es évben az intézet munkatársai több olyan nemzetközi tanulmányon is dolgoztak, melyek magukba foglaltak őskori Kárpát-medencei leleteket is. Ezek egyrészt a lovak bronzkori háziasításának máig tartó hatását (LIBRADO ET AL. 2021), másrészt pedig az európai késő bronzkor és kora vaskor időszakát elemezték (PATTERSON ET AL. 2021).

A koncepció második témája „A római kor és a népvándorláskor genetikai történetének feltárása” címet viseli. Ehhez kapcsolódóan az ERC Synergy HistoGenes program (www.histogenes.org) a Kr.u. 5–9. századokból mintegy 6000 temetkezés komplex bioarcheológiai vizsgálatát tűzte ki célul, melyben a BTK AGI kedvezményezett partnerként vesz részt 2020–2026 között. A HistoGenes programot Mende Balázs mutatta be a konferencián, kiemelve az intézetre vonatkozó feladatokat és kihívásokat. A program keretében

¹ Eötvös Loránd Kutatási Hálózat, Bölcsészettudományi Kutatóközpont, Archeogenomikai Intézet; e-mail: szeccsenyi-nagy.anna@abtk.hu



1. kép. DNS könyvtár készítése pipettázó robot segítségével az Archeogenomikai Intézet tiszta laboratóriumában.

Fotó: Ficsor Márton

közel 3000 Kárpát-medencei minta feldolgozásában működik közre az intézet. A kutatás első eredményei az avar kori elit teljes genomi vizsgálatairól a Cell újságban olvashatóak (GNECCHI-RUSCONE ET AL. 2022).

A harmadik tématerület a középkori Magyarország népességének kutatása, mely alá több jelenleg zajló kutatás is besorolható. Az intézet a 2018–2023 között futó „Árpád-ház Program IV.2” (39509/2018/KFSZ) keretén belül kutatja a Dunántúl 9–13. századi populációinak átalakulását, elsődlegesen a hatalmi központok környezetében (Zalavár, Visegrád, Székesfehérvár). A késő avar kort és az Árpád-kort is magába foglaló átalakulás időszakának egységes szemléletű vizsgálata elengedhetetlen a magyarok honfoglalásának, mint demográfiai eseménynek az értékeléséhez. Ennek a vizsgálati sorozatnak első eredményeiről Szeifert Bea számolt be a konferencián.

A középkori székelység vizsgálata a Székelykeresztúri Múzeummal való együttműködésben indult el 2021-ben, kutatva az először Keresztúr, majd Székelyudvarhely térségében élt középkori falusi lakosság kontinuitását (Szécsényi-Nagy Anna NKFIH FK-127938 programja, mely 2018–2023 közötti futamidővel bír).

A negyedik tématerület „A mai Kárpát-medence genetikai változatossága” címet viseli, melynek keretében az Archeogenomikai Intézet kutatja a magyarországi és környező országok ma élő kisebbségeinek, nyelvi és néprajzi egységeinek genetikai diverzitását és történeti kapcsolatrendszerét. Teszi ezt egyrészt a 2018–2023 között futó NKFIH FK-127938 program keretében Udvarhelyszék, Zobor-alja és a Dráva-szög vizsgálatával, mely kutatásokról Borbély Noémi számolt be előadásában. Másrészt, az NKFIH 1121-1/2020 tématerületi kiválósági program recens populációgenetikai kutatásokkal a Kárpát-medence populációgenetikai atlaszának összeállítását tűzte ki célul Fóthi Erzsébet vezetésével. Ehhez kapcsolódóan a

minikonferencián Fóthi Ábel számolt be apai leszármazási vonalak genetikai vizsgálatairól a mai rétközi, a Vág-völgyi és a bukovinai székely népességben.

Az intézet második stratégiai koncepciója „A korai magyar történet archeogenomikai kutatása”, melyen belül a legrégebben kezdett kutatások a korai magyar szállásterületek bioarcheológiai kutatására és Magna Hungaria népességének azonosítására koncentrálnak.

Az Archeogenomikai Intézet az „Árpád-ház Program IV.2.” keretein belül, valamint a Tématerületi Kiválósági Program (*Keleti Örökségünk* PPKE Interdiszciplináris Történeti és Régészeti Kutatócsoport, TKP2020-NKA-11) keretében jelenleg is végez genetikai vizsgálatokat Oroszországból származó emberi leleteken. Az elsődleges kutatási régió ez esetben a Volga és az Urál vidéke, Türk Attila munkacsoportjának (PPKE Régészettudományi Intézet, BTK Magyar Őstörténeti Kutatócsoport) kutatásaihoz kapcsolódva. Újabb mintavételek azonban Nyugat-Szibériára és az Altáj vidékre koncentrálnak, melyek révén a Volga-Urál vidék lakosságának keleti kapcsolatrendszerai kerülnek feltárára.

A konferencián két előadás is ehhez a területhez tartozott: Gyuris Balázs az „Eurázsiai kitekintésű teljes genom vizsgálatok a népvándorláskorból és a korai középkorból” című beszámolója és Szeifert Bea „A Volga-Urál vidék magyarokhoz köthető csoportjainak és a Kárpát-medence középkori lakosságának genetikai vizsgálatai” című előadása. Az utóbbi előadás Volga-Urál vidéket érintő része már kézirat formájában olvasható az interneten (SZEIFERT ET AL. 2022).

A második tématerület keretében az intézet a 9–10. századi kelet-európai sztyeppe genetikai térképének elkészítését tűzte ki célul. Ez a kutatás szintén kapcsolódik a BTK Magyar Őstörténeti Kutatócsoportjának és a PPKE BTK Régészettudományi Intézetének a magyarság korai történetének régészeti emlékeit felkutató munkáihoz, különösen az ukrán és moldáv területeken végzett gyűjtéseikhez. A középső Dnyeper menti szubbotci, besenyő és szláv típusú leletanyaggal jellemzett temetőkből, valamint az Alsó-Dnyeszter menti moldáv területekről ismert magyar, szláv és besenyő jellegű 9–11. századi temetőkből már felgyűjtött csontminták genetikai elemzését 2021-ben kezdte meg az intézet az ELKH támogatásával.



2. kép. Az intézet munkacsoportja 2021 nyarán. Fotó: Mónus Márton

A harmadik tématerület „A honfoglalás korának vizsgálata a Kárpát-medencei leletek alapján” címet viseli, melynek gerincét a recens populációk vizsgálatánál már említett NKFIH 1121-1/2020 program adja. Ez a részprojekt a 10. századra fókuszál, Heves és Szolnok megye honfoglalás kori temetőinek vizsgálatával. A kutatás bioarcheológiai szemléletű, a szintézisben a régészet, antropológia és az izotópkémia ($^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$, $\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$, $\delta^{18}\text{O}$ stabil izotópok és a ^{14}C kormeghatározás) is szerepet kap a genetikai adatok értelmezése mellett. A minikonferencián Fóthi Erzsébet mutatta be az intézetbe integrált Molekuláris Antropológiai Kutatócsoport programját, előadásában részletezve a harmadik tématerületre eső kutatási súlypontokat is.

A Régészeti Intézettől örökölt laboratóriumi infrastruktúrát 2021-ben is továbbfejlesztve az intézet jelenleg a lehető legmodernebb genomikai elemzéseket is kiszolgáló laboratóriummal bír. A legújabb módszertani fejlesztéseket, a teljes genom szintű vizsgálatok fajtáit és a laboratóriumban zajló munkafolyamatokat Heltai Botond ismertette. A laboratórium két pipettázó robottal gazdagodott 2020-ban NKFIH és ELKH kutatás-fejlesztési infrastruktúra pályázatok révén. Ezen robotok jelentősen megnövelték a laboratóriumban zajló teljes genom szintű vizsgálatok sebességét és a laboratórium áteresztőképességét.

A 2021 novemberében a Nature-ben megjelent globális kutatásetikai alapelveket lefektető nyilatkozathoz (ALPASLAN-ROODENBERG ET AL. 2021) az Archeogenomikai Intézet is csatlakozott, amely általános iránymutatást nyújt egy tisztább és a mintaadókkal, kutatóközösséggel szemben is méltányosabb archeogenetikai kutatáshoz. Eszerint a munkacsoport törekszik arra, hogy betartson minden előírást ott, ahol dolgozik, és ahonnan az emberi maradványok származnak. Továbbá bármely vizsgálat megkezdése előtt részletes tervet készít és azt megosztja az érintett felekkel (köztük régészekkel, antropológusokkal, muzeológusokkal és helyi közösségekkel), akikkel a kutatás alatt is szakmai kapcsolatban marad. A mintavételeknél törekszik az emberi maradványok roncsolásának minimalizálására. A publikációt követően pedig hozzáférhetővé teszi az adatokat, lehetővé téve ezzel a tudományos eredmények felülvizsgálatát és ellenőrzését. A szakma ezen alapelvek mentén dolgozik a további részletes kutatási és etikai elvek kidolgozásán, amely a későbbiekben jó alapot jelenthet a magyarországi kutatások szabályozására is.

A minikonferencia előadásait online megtekintheti a BTK youtube csatornáján (https://www.youtube.com/channel/UC0d_fbtAqxB76d2szRf8--g/videos).

FELHASZNÁLT IRODALOM:

Alpaslan-Roodenberg, S., Anthony, D., Babiker, H., Bánffy E., Booth, T., Capone, P., Deshpande-Mukherjee, A., Eisenmann, S., Fehren-Schmitz, L., Frachetti, M., Fujita, R., J. Frieman, C., Fu, Q., Gibbon, V., Haak, W., Hajdinjak, M., P. Hofmann, K., Holguin, B., Inomata, T., Kanzawa-Kiriyama, H., Keegan, W., Kelso, J., Krause, J., Kumaresan, G., Kusimba, Ch., Kusimba, S., Lalueza-Fox, C., Llamas, B., MacEachern, S., Mallick, S., Matsumura, H., Y. Morales-Arce, A., Motuzaite Matuzeviciute, G., Mushrif-Tripathy, V., Nakatsuka, N., Nores, R., Ogola, C., Okumura, M., Patterson, N., Pinhasi, R., P. R. Prasad, S., Prendergast, M. E., Punzo, J. L., Reich, D., Sawafuji, R., Sawchuk, E., Schiffels, S., Sedig, J., Shnaider, S., Sirak, K., Skoglund, P., Slon, V., Snow, M., Soressi, M., Spriggs, M., Stockhammer, P. W., Szécsényi-Nagy A., Thangaraj, K., Tiesler, V., Tobler, R. Wang, Ch-Ch., Warinner, Ch., Yasawardene, S., & Zahir, M. (2021). Ethics of DNA research on human remains: five globally applicable guidelines. *Nature* 599, 41–46. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04008-x>

Gerber D., Szeifert B., Székely O., Egyed B., Gyuris B., Giblin, J. I., Horváth A., Palcsu L., Köhler K., Kulcsár G., Kustár Á., Szeverényi V., Fábrián Sz., Mende B. G., Bondár M., Ari E., Kiss V., & Szécsényi-Nagy A (2022). Interdisciplinary analyses of Bronze Age communities from Western Hungary reveal complex population histories. *bioRxiv* 2022.02.03.478968; <https://doi.org/10.1101/2022.02.03.478968>

Gnecchi-Ruscone, G.A., Szécsényi-Nagy, A., Koncz, I., Csiky, G., Rácz, Zs., Rohrlach, A.B., Brandt, G., Rohland, N., Csáky, V., Cheronet, O., Szeifert, B., Rácz, T.Á., Benedek, A., Bernert, Zs., Berta, N., Czifra,

Sz., Dani, J., Farkas, Z., Hága, T., Hajdu, T., Jászberényi, M., Kisjuhász, V., Kolozsi, B., Major, P., Marcsik, A., Ny. Kovacsóczy, B., Balogh, Cs., M. Lezsák, G., Ódor, J., G., Szelekovszky, M., Szeniczey, T., Tárnoki, J., Tóth, Z., Tutkovics, E., Mende, B.G., Geary, P., Pohl, W., Vida, T., Pinhasi, R., Reich, D., Hofmanová, Z., Jeong, Ch., Krause, J. (2022). Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th Century Avar elites. *Cell*, 185, 1–12. April 14, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007>

Kiss V., Czene A., Csányi M., Dani J., Fábián Sz., P. Fischl K., Gerber D., Giblin, J. I., Hajdu T., Köhler K., Melis E., Mende B. G., Patay R., Szabó G., Szécsényi-Nagy A., Szeverényi V. & Kulcsár G. (2021). Módszerek és lehetőségek a bronzkori közösségek kutatásában – a Lendület mobilitás kutatócsoport biorégészeti elemzési eredményei (2015–2020) *Magyar Régészet* 10. évf. 3. szám, 30–42. <https://doi.org/10.36245/mr.2021.3.3>

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, Ch., 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, L., Bignon-Lau, O., Bodu, P., Olive, M., Castel, J-Ch., Boudadi-Maligne, M., Alvarez, N., Germonpré, N., Moskal-del Hoyo, M., Wilczyński, J., Pospula, S., Lasota-Kuś, A., Tunia, K., Nowak, M., Rannamäe, E., Saarma, U., Boeskorov, G., Lõugas, L., Kysely, R., Peške, L., Bălăşescu, A., Dumitraşcu, V., Dobrescu, R., Gerber D., Kiss V., Szécsényi-Nagy A., Mende B. G., Gallina Zs., 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, Ch., Keller, M., Kitagawa, K., Bessudnov, A. N., 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., Lamas, S. V., Canadell, S. A., 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>

Patterson et al. (2021) Patterson, N., Isakov, M., Booth, T., Büster, L., Fischer, C.-E., Olalde, I., Ringbauer, H., Akbari, A., Cheronet, O., Bleasdale, M., Adamski, N., Altena, E., Bernardos, R., Brace, S., Broomandkhoshbacht, N., Callan, K., Candilio, F., Culleton, B., Curtis, E., Demetz, L., Duffett Carlson, K. S., Edwards, C. J., Fernandes, D. M., Foody, M. G. B., Freilich, S., Goodchild, H., Kearns, A., Lawson, A. M., Lazaridis, J., Mah, M., Mallick, S., Mandl, K., Micco, A., Michel, M., Bravo Morante, G., Oppenheimer, J., Özdoğan, K. T., Qiu, L., Schattke, C., Stewardson, K., Workman, J. N., Zalzal, F., Zhang, Zh., Agustí, B., Allen, T., Almássy K., Amkreutz, L., Ash, A., Baillif-Ducros, C., Barclay, A., Bartosiewicz L., Baxter, K., Bernert Zs., Blažek, J., Bodružić, M., Boissinot, Ph., Bonsall, C., Bradley, P., Brittain, M., Brookes, A., Brown, F., Brown, L., Brunning, R., Budd, Ch., Burmaz, J., Canet, S., Carnicero-Cáceres, S., Čaušević-Bully, M., Chamberlain, A., Chauvin, S., Clough, S., Čondić, N., Coppa, A., Craig, O., Črešnar, M., Cummings, V., Czifra Sz., Danielisová, A., Daniels, R., Davies, A., de Jersey, Ph., Deacon, J., Deminger Cs., Ditchfield, P. W., Dizdar, M., Dobeš, M., Dobisiková, M., Domboróczki L., Drinkall, G.,

Đukić, A., Ernée, M., Evans, Ch., Evans, J., Fernández-Götz, M., Filipović, S., Fitzpatrick, A., Fokkens, H., Fowler, Ch., Fox, A., Gallina Zs., Gamble, M., González Morales, M. R., González-Rabanal, B., Green, A., Gyenesei K., Habermehl, D., Hajdu T., Hamilton, D., Harris, J., Hayden, Ch., Hendriks, J., Hernu, B., Hey, G., Horňák, M., Ilon G., Istvánovits E., Jones, A. M., Kavur, A. B., Kazek, K., Kenyon, R. A., Khreisheh, A., Kiss V., Kleijne, J., Knight, M., Kootker, L. M., F. Kovács P., Kozubová, A., Kulcsár G., Kulcsár V., Le Pennec, Ch., Legge, M., Leivers, M., Loe, L., López-Costas, O., Lord, T., Los, D., Lyall, J., Marín-Arroyo, A. B., Mason, Ph., Matošević, S., Maxted, A., McIntyre, L., McKinley, J., McSweeney, K., Meijlink, B., Mende B.G., Mendišić, M., Metlička, M., Meyer, S., Mihovilić, K., Milasinovic, L., Minnitt, S., Moore, J., Morley, G., Mullan, G., Musilová, M., Neil, B., Nicholls, R., Novak, M., Pala, M., Papworth, M., Paresys, C., Patten, R., Perkić, D., Pesti K., Petit, A., Petriščáková, K., Pichon, C., Pickard, C., Pilling Z., Price, T. D., Radović, S., Redfern, R., Resutík, B., Rhodes, D. T., Richards, M. B., Roberts, A., Roefstra, J., Sankot, P., Šefčáková, A., Sheridan, A., Skae, S., Šmolíková, M., Somogyi K., Somogyvári Á., Stephens, M., Szabó G., Szécsényi-Nagy A., Szeniczey T., Tabor, J., Tankó K., Tavaréz Maria, C., Terry, R., Teržan, B., Teschler-Nicola, M., Torres-Martínez, J. F., Trapp, J., Turle, R., Ujvári F., van der Heiden, M., Veleminsky, P., Veselka, B., Vytlačil, Z., Waddington, C., Ware, P., Wilkinson, P., Wilson, L., Wiseman, R., Young, E., Zaninović, J., Žitňan, A., Lalueza-Fox, C., de Knijff, P., Barnes, I., Halkon, P., Thomas, M. G., Kennett, D. J., Cunliffe, B., Lillie, M., Rohland, N., Pinhasi, R., Armit, I. & Reich, D. (2021). Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age. *Nature* 601, 588–594. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04287-4>

Szeifert et al. (2022) Szeifert B., Gerber D., Csáky V., Langó P., Stashenkov, D. A., Khokhlov, A. A., Sitdikov, A. A Gazimzyanov, I. R., Volkova, E. V., Matveeva, N. P., Zelenkov, A. S., Poshekhonova, O. E., Sleptsova, A. V., Karacharov, K.G., Ilyushina, V. V., Konikov, B. A., Sungatov, F. A., Kolonskikh, A. G., Botalov, S. G., Grudochko, I. V., Egyed B., Mende B. G., Türk A. & Szécsényi-Nagy A (2022). Tracing genetic connections of ancient Hungarians to the 6–14th century populations of the Volga-Ural region. *Human Molecular Genetics* 601, 588–594. <https://doi.org/10.1101/2022.02.04.478947>