

Népek és törzsek a Kárpát-medencében Y-kromoszóma eredmények a vaskortól a honfoglalásig

Fehér Tibor

ELTE TTK Genetikai Tanszék, PhD-hallgató

Absztrakt. Az archeogenetikai Y-kromoszóma adatok alkalmasak annak feltérképezésére, hogy a történelmi és prehistorikus korokban objektíven mérhető kapcsolatot (vagy annak hiányát) tárjunk fel az egykori népeiségek között, illetve a ma élő népeiségekkel, amelyből az etnikai identitásukra és általuk beszélt nyelvekre is megalapozott feltételezésekkel élhetünk. A vaskori Dunántúl genetikai adatai megerősítik a kelta hódítást, míg az Alföld déli részén a mai Dél-Balkáni népeiségek származékával való keveredését feltételezhetjük. A hun és avar északkelet-ázsiai elitek három azonosított nemzetségéből kettő megtalálható a mai székelységben, azonban a zsuanzsuan elitcsoport kihalt. A középső és késő avar korszak a korábbi elemek egymás mellett élését mutatja egy számszerű trák jellegű genetikai dominancia mellett. A település- és temetőszervezet alapvetően patriarchális. Az eleve nagyon változatos, többféle genetikai eredetű honfoglaló csoportok erre a sokszínűségeire telepedtek rá, így a magyar nyelv számszerű kisebbségből nemzetformálónak válását lingua franca egységesítő hatással magyarázhatjuk, amit a politikai hatalom centralizációja és az államalapítás kívánt meg.

Kulcsszavak: a Kárpát-medence genetikája, kelták, trákok, hunok, avarok, honfoglalók, magyar lingua franca

Abstract. Ancient Y-DNA results enable researchers to objectively verify or disprove connections between ancient and prehistoric populations, or between them and contemporary populations. Based on these connections we can set up strong hypotheses about their ethnic identity and spoken language. Ancient DNA data from Iron Age Transdanubia are in line with the Celtic conquest, while the southern regions of the Great Hungarian Plain suggest the mixing of Sarmatians with populations similar to present-day peoples from the Southern Balkans. We identify three Northeast Asian tribes from the Hunnic and Avar periods, two of which survived among contemporary Székely Hungarians but the Rourouan elite became extinct. The Middle and Late Avar period shows the cohabitation of various ethnic groups with a numerical dominance of Thracian-like genes. The settlement and cemetery organizations are patriarchal. The already very diverse Magyar conquerors from multiple genetic backgrounds settled into this mix. Therefore, we might explain the elite dominance of the Hungarian language – originally only a numerical minority – with a lingua franca effect that may have

been a necessity for the centralization of political power and the foundation of the unitary Kingdom of Hungary.

Keywords: Genetics of the Carpathian Basin, Celts, Thracians, Huns, Avars, Conquerors, Hungarian lingua franca

Bevezetés

Az archeogenetika fejlődése új lehetőségeket biztosít az írott történelem előtti népmozgások, régészeti kultúrák értelmezéséhez. Objektív, természettudományos, mért adatok képesek megerősíteni vagy cáfolni olyan régészeti feltevéseket, hogy melyik régészeti kultúra mely másikkal volt ténylegesen is genetikailag rokon, egy adott földrajzi régióban mikor volt folytonosság, illetve éles genetikai váltás a lakosság körében. Nem szabad azonban abszolutizálni az archeogenetika magyarázó képességét, hiszen csak régészetileg is megfelelően adatolt (C14-kalibrált, megfelelő rétegekből vett stb.) csontminták fognak megfelelő információval szolgálni. Ami a ma élő népességek mintavételénél a néprajzos és szociológus, az az archeo mintáknál a régész. Ugyanígy szoros a kapcsolat a nyelvészettel, hiszen a nyelvcsaládok is a fizikai térben, élő emberekkel és az ő tárgyi kultúrájukkal együtt tudtak terjedni az internet előtti korban. Ez nem jelenti azt, hogy 1-1 haplocsoport teljes mértékben megfeleltethető lenne 1-1 régészeti kultúrának vagy nyelvcsaládnak és viszont – azonban az egyes, régészetileg összefüggő kultúrák, valamint az egy nyelvcsaládba tartozó nyelveket beszélő emberek között is felfedezhető valamilyen genetikai kapocs.

E munka területi korlátai nem tesznek lehetővé bővebb elméleti megalapozást és a vonatkozó szakirodalom részletes felsorolását, ezért ehelyütt meg kell elégednünk azzal, hogy az elmúlt tíz évben folyamatosan érkező archeogenetikai eredmények megerősítették azt, ami már korábban a recens mintákból is gyanítható volt, azaz, hogy a régészeti és nyelvi kapcsolatokkal genetikailag legerősebben az apai ági Y-DNS alapú leszármazás korrelál. Ez a történelmi népek patriarchális szervezetével magyarázható (apai ágon nemzetségi szervezet, női ágon exogámia). Éppen ezért a Kárpát-medence népmozgásainál is a csak apai ágon öröklődő, nem rekombinálódó Y-DNS haplocsoportokra fókuszál a tanulmány.

Az olvasónak célszerű részletesen utánanéznie a hivatkozott alcsoportoknak az YFull és az FTDNA Discover publikusan elérhető genetikai leszármazási fákra, mert az írás területi korlátai nem bírják el a részletes kifejtést. Ahogy a dolgozat feltételezi azt is, hogy az olvasó már alapvetően tisztában van a haplocsoportok jelentésével és nevezéktanával.¹ Fontos megjegyzés, hogy régészeti lelőhelyek esetében nem értelmezhető a reprezentativitás olyan értelemben, ahogy egy mai recens mintavételben.

¹ Ld. erről Németh Endre tanulmányát ugyanebben a számban.

Lehetnek fel nem tárt sírok, és a feltártak sem feltétlenül reprezentálják az adott korszak teljes Kárpát-medencei lakosságát. És a megtalált haplocsoportok mellett nagyon fontos bizonyos csoportok teljes hiánya is. Így például a mai európai férfiak többségét adó R1b-M269 és R1a-M417 csoportok teljes hiánya a többszáz újkőkori földművelő leletben megerősítette, hogy az indoeurópai hódítás csak a bronzkor elején zajlott le a délorosz sztyeppe irányából, és jelentős genetikai átalakulással járt.

A vaskori Kárpát-medence

Az archeogenetikai adatok alapján elmondható, hogy a Kárpát-medencében már az őskorban is dinamikus népmozgások zajlottak. Jelen írásnak nem célja a vaskor előtti haplocsoport-változások és etnikai tényezők tárgyalása, de annyit célszerű leszögezni, hogy a középső kőkorszak (mezolitikum) és az újkőkorszaki korai földművelők génállománya között is jelentős eltérés volt, majd a bronzkor elején a sztyeppéről a korai indoeurópaiak hódították meg Európa nagy részét, beleértve a Kárpát-medencét is, tehát már két nagyon jelentős genetikai váltás az ókori írásos emlékek megjelenése előtt lezajlott. Ezeknek a népeknek a nyelvről semmi biztosat nem mondhatunk.

A La Tene (régészeti és történetírói besorolás szerint kelta) kultúra a Dunántúlt a Kr. e. 5. század végén – 4. század elején érte el, és egészen a római hódításig uralta. E korszakból számos lelet Y-DNS eredményét ismerjük, amelyet összehasonlítottunk ma élő népekké/régiók genetikai összetételével, hogy minél életközeli képzet alkothassunk a vaskori dunántúli kelta lakosságról. Mivel az utóbbi 2000 évben sok további réteg rakódott a meglévő népességre Európa-szerte (pl. germán népvándorlás, sztyeppei népek érkezése, muszlim hódítások), elsősorban azt vizsgáltam, hogy a vaskori Dunántúlon előforduló Y-haplocsoportok egymáshoz viszonyított aránya mely mai népességekben hasonló, illetve együttesen azok hol gyakoriak. E módszertan alapján (R1b-P312 dominancia mellett neolit G2 és R1b-V88, valamint J2b-L283 és E-V13 előfordulása, de a germánoknál gyakori I1 és a szlávok között jellemző I2-Y3120, valamint R1a-Z283 alcsoportok hiánya) legközelebb három mai franciaországi régió (Észak-Franciaország, Provence, valamint Korzika, vö. Ramos-Luis és mtsai 2014) áll a vaskori Kárpát-medencéhez. Ennek lakossága a római történetírás szerint kelta volt, tehát a genetikai adatok ebben a tekintetben teljesen alátámasztják a történeti adatokat.

A római kori Dunántúl, illetve a vaskori Alföld és Erdély területéről jelenleg nem rendelkezünk publikált Y-kromoszóma adatokkal, ugyanakkor kisszámú Belgrád környéki római kori minta rendelkezésre áll (Antonio és mtsai 2024, Olalde és mtsai 2023), ami földrajzilag az Alföld folytatását jelenti Pannonia déli és Moesia északi határvidékén. 29 minta alapján azt látjuk, hogy a legnagyobb, 34,5%-os csoport a vaskori Trákia csontleleteire jellemző E-V13 csoportba, 13,8%-kal a második legnépesebb csoport az újkőkori földműves G2

csoportba, míg 10,3% az indoirániakra jellemző R1a-Z93 csoportba tartozott; utóbbi vélhetően a szarmata-alán betelepülést jelezve a térségbe. Szintén fontos megjegyezni, hogy a Balkánon feltételezhetően a szláv migrációkkal elterjedő R1a-Z283 és I2-Y3120 alcsoportok még nincsenek jelen. E haplocsoporthoz leginkább hasonlító eloszlást a mai népegekben az albánok, bolgárok és görögök között látunk, ezek közös szomszédságában a macedónokról nincs ilyen felbontású rendelkezésre álló adat, de vélhetően leginkább a mai macedónok tükrözhetik az Alföld déli végeinek vaskori/római kori lakosságát (az azóta hozzájuk keveredett szláv és közel-keleti hatásokat leszámítva).

A nagy népvándorlást megelőzően (Kr. u. 4. század vége) tehát azt látjuk, hogy a Dunántúlon egy történetileg-régészeti kelta kultúrájú, genetikailag a mai franciákhoz hasonló népesség él, míg az Alföldön feltételezhetően egy a mai macedónokhoz genetikailag hasonló trák kultúrájú népesség keveredett a keletről érkező iráni nyelvű szarmatákkal.

Népvándorlás – keleti népek érkezése

A népvándorlás korát a Kárpát-medence genetikája szempontjából a hunok érkezésétől a honfoglalásig terjedő időszakként határozhatjuk meg. Ezen időszakból nemzetközi összehasonlításban is nagyon jelentős mennyiségű csont-DNS lelet ismert (Neparáczki és mtsai 2017, Neparáczki és mtsai 2019, Csáky és mtsai 2020, Maróti és mtsai 2022, Gneccchi-Ruscione és mtsai 2022, Gneccchi-Ruscione és mtsai 2024), akár úgy is fogalmazhatunk, hogy az 5. és 10. század közötti Kárpát-medence az egész világon az archeogenetikai szempontból legjobban dokumentált kategória. A terjedelmi korlátok miatt a megfigyelhető haplocsoportok részletes elemzésére itt nem lesz lehetőség, inkább a tényszerű felsorolásra és az eddigi eredmények alapján meghatározható etnikai-nyelvi kapcsolatok felvillantására.

A hun elit esetében egy csoport azonosítható biztosan, a budapesti Vezér utcai hun elit sírlelet ebbe a csoportba tartozik (Gneccchi-Ruscione és mtsai 2021, Maróti és mtsai 2022), és e csoportnak van ma élő székely leszármazottja is. Ez az indoiráni migrációkhoz köthető R1a-Z93 csoport R-S10885 jelű alcsoportja, amely kazahsztáni hun elit sírokból is megtalálható, szintén jelen van az avarokban, de még a középkori Abasáron is megtalálható. A mongóliai Hsziung-nu mintákban egyelőre nem található meg, legkeletibb előfordulása Nyugat-Kína (Ujgurföld) és Kazahsztán. Eredetileg kelet-iráni (ázsiai szkíta/szaka) népcsoport eltörökösödött eleméből válhatott hunná, és maradt fenn máig a székelyek között kismértékben.

Egy másik csoport a Q-M25 alatti L713 alcsoport, amely szintén vaskori nyugat-kínai és kazahsztáni hun kultúrájuként definiált sírokból került elő, azonban a Kárpát-medencében teljes biztonsággal csak a korai avar elittől datálható (Q-YP789 alcsoport). E csoportnak „unokatestvér” ága szintén Q-M25 alatt a türkmének nagyjából egyharmada, és szintén megtalálható a mai

székelyek között közel 5%-os gyakorisággal. E csoport esetében nem dönthető el egyértelműen, hogy Attila hunjaival érkezett-e a Kárpát-medencébe vagy csak később, a korai avar elithez csatlakozott fehér hun / heftalita elemként Közép-Ázsia déli részéről.

Az avar elit vezető belső-ázsiai (feltételezhetően zsuan-zsuan eredetű) rétege az alapvetően uráli nyelvű népek terjedésével összefüggésbe hozható N haplocsoport egy speciális alcsoportjába tartozik (N-F4205 / F3271), amely ma leginkább a mongol nyelvű burját népcsoportra, valamint a kazah nagy zsusz szirgeli nemzetségére jellemző, de kismértékben egész Közép-Ázsiában elterjedt. Érdekessége, hogy mára az előző két csoporttól eltérően látszólag teljesen kihalt a Kárpát-medencében, a késő avarkorban még előfordul, de a honfoglalás idején már nem. Természetesen nem kizárható, hogy egy nap egy mai tesztelt személynél előjön, de többesre rendelkezésre álló mintából még nem került elő.

Nem kelet-ázsiai elemek továbbélése

Az avarkorban nagyon változatos etnikai összetételű, patriarchális berendezkedésű, női exogámiát folytató, élethelyzet függvényében többnejséget / levirátust is gyakorló népesség figyelhető meg a Kárpát-medencében (Gnecchi-Ruscone és mtsai 2024). A minták között előfordulnak a korai hun és avar elitek leszármazottai is, de a többség nem kelet-ázsiai eredetű, hanem különböző európai (E-V13, R1b-M269, J2b-L283) vagy közel-keleti (J2a, J1-P58) csoportokba tartozik. Az autoszomális eredmények alapján látható két alapvetően eltérő karakterű népesség fokozatos keveredése, amelynek a dunántúli kelta-illír-római lakosság jelenti az egyik, míg a Balkán és a Duna felé bekötő trák (E-V13) – származata/alán (R1a-Z93) népesség a másik végletét. Jelenleg megoldhatatlan rejtély Rákóczi-falván egy nagyobb sémi J1-P58 nemzetség jelenléte, amelynek legközelebbi ma élő rokonai Irakban és Jemenben találhatók meg, és esetleg az arab-muszlim hódításokhoz köthetők (akár az új hit elől menekülve, akár bizánci fogság után északra telepítve, de ez jelenleg spekuláció). Az avarkor lakosságának domináns és genetikailag diverz alapeleme mindenesetre az E-V13 alcsoport, amely a vaskori Trákia területére jellemző, és ma is a Balkán déli részén, elsősorban Koszovóban és Észak-Albániában domináns.

A honfoglalók változatos genetikai összetétele

A honfoglaláskori csontleletek Y-kromoszómája alapján három jól elkülöníthető tendencia figyelhető meg, ezeket földrajzi elhelyezkedés és sírmellékletek alapján csoportosíthatjuk (Neparáczki és mtsai 2019, Fóthi és mtsai 2020, Maróti és mtsai 2022):

1. Alföldi elit: erősen ugor (25%), türk-mongol vegyes (18%), kaukázusi (18%), karosi (16%); miközben a római (9%), morva és germán (4-4%) minimális

2. Alföldi köznép: dominánsan germán (40%) és római (29%), valamint kaukázusi (13%); miközben ázsiai és szláv eredet minimális (összesen 15%)

3. Dunántúl (az Alföldhöz hasonló módon nem különíthető el státusz szerint): kiegyenlített a türk-mongol vegyes (18%), ugor (12%), karosi (10%), de eközben római alaplakosság (24%), morva (14%), germán (10%), kaukázusi (5%)

Összességében a teljes honfoglaló leletanyag keletéről jött elemekre elmondható, hogy nagyságrendileg egyharmad-egyharmad arányban oszlanak meg köztük (Fóthi és mtsai 2020) a

- Dél-Urál vidéki, Ujalgibe mutató, genetikailag obi-ugorokkal rokon elemek;
- Bajkál-Mongólia vidéki, altáji nyelvű népekre jellemző (türk-mongol) elemek;
- A Volgától nyugatra csatlakozott elő-kaukázusi és etelközi (karosi elit) elemek.

A honfoglaló magyarok esetében különleges fejtörést okoznak a karosi temető elit vezérei, akik testvérek voltak, és Y-kromoszóma szempontjából (I2-Y3120>Y4460>Y195015) a szláv népek között gyakori, míg anyai mtDNS ágon kaukázusi jellegű alcsoportba tartoznak. Amit biztosan állíthatunk, hogy ők nem a Bajkál-vidékről és nem is a Dél-Urálból származnak, valahol útközben csatlakozhattak a honfoglalókhoz akár a Kaukázus északi előterében (kabarok?) vagy Kijev környékén, mivel a honfoglalók Kijev alatti tartózkodása időben közel van a város fölötti varég hatalomátvételhez (~882–883), így gazdag sírmellékleteik akár arra is utalhatnak, hogy a város korábbi szláv/kazár vezetőrétegéből kerültek ki. Legközelebbi ma élő Y-rokonaik Kijev és Sztavropol térségében élnek.

A másik talány az Árpád-ház eredete (R1a-SUR51). Genetikailag nem tartoznak a dél-uráli ugor csoportokhoz, legközelebbi rokonaik mégis a baskírok között találhatók meg. Azonban a baskír alcsoport egyetlen, 1000 éve élt férfitől származik, így nem tudhatjuk biztosan, hogy már a honfoglalás előtt is Baskíriában élt-e, ugyanakkor Baskíriától keletre sem található meg közvetlen őse. Ma élő királyi leszármazottat nem ismerünk, csak három élő minta ismert, akik még a törzsi időkbeli, valószínűleg Taksony nagyfejedelem előtti kapcsolatot mutatnak.

Konklúzió: a magyar nyelv mint kárpát-medencei lingua franca?

A fenti adatok alapján látható, hogy a Kárpát-medence genetikailag nagyon sokszínű volt a honfoglalás előestéjén, és maguk a honfoglalók is nagyon változatosak voltak etnikai szempontból. Így joggal felmerül annak lehetősége, hogy a honfoglalást követő magyar államalapítás esetében a politikai egység megszilárdításához szükség lett egy közvetítő nyelvre (*lingua franca*), amely az

ugor eredetű magyar nyelv lett annak ellenére, hogy beszélői valószínűsíthetően még a beérkező honfoglalók között sem alkottak számszerű többséget, miközben a honfoglalók is kisebbségben voltak a már korábban itt élő egyéb népelemekhez képest.

Irodalom

- Antonio, Margaret L, Clemens L Weiß, Ziyue Gao 2024: Stable population structure in Europe since the Iron Age, despite high mobility eLife 13:e79714.
- Csáky, V., Gerber, D., Koncz, I. et al. 2020: Genetic insights into the social organisation of the Avar period elite in the 7th century AD Carpathian Basin. Sci Rep 10, 948. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-57378-8>
- Fehér T, Németh E, Vándor A, Kornienko IV, Csáji LK, Pamjav H. 2014: Y-SNP L1034: limited genetic link between Mansi and Hungarian-speaking populations. Mol Genet Genomics. 2015 Feb; 290(1):377-86. <https://doi.org/10.1007/s00438-014-0925-2> . Epub 2014 Sep 26. PMID: 25258186.
- Fóthi, E., Gonzalez, A., Fehér, T. et al. 2020: Genetic analysis of male Hungarian Conquerors: European and Asian paternal lineages of the conquering Hungarian tribes. Archaeol Anthropol Sci 12, 31 (2020).. <https://doi.org/10.1007/s12520-019-00996-0>
- Gnecchi-Ruscione GA, Szécsényi-Nagy A, Koncz I, Csiky G, Rácz Z, Rohrlach AB, Brandt G, Rohland N, Csáky V, Cheronet O, Szeifert B, Rácz TÁ, Benedek A, Bernert Z, Berta N, Czifra S, Dani J, Farkas Z, Hága T, Hajdu T, Jászberényi M, Kisjuhász V, Kolozsi B, Major P, Marcsik A, Kovacsóczy BN, Balogh C, Lezsák GM, Ódor JG, Szelekovszky M, Szeniczey T, Tárnoki J, Tóth Z, Tutkovics EK, Mende BG, Geary P, Pohl W, Vida T, Pinhasi R, Reich D, Hofmanová Z, Jeong C, Krause J. 2022: Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. Cell. 2022 Apr 14;185(8):1402-1413.e21. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.03.007> . Epub 2022 Apr 1. PMID: 35366416; PMCID: PMC9042794.
- Gnecchi-Ruscione, G.A., Rácz, Z., Samu, L. et al. 20204: Network of large pedigrees reveals social practices of Avar communities. Nature 629, 376–383. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07312-4>
- Maróti Z, Neparáczki E, Schütz O, Maár K, Varga GIB, 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 PL, Balogh C, Zink A, Maixner F, Götherström A, George R, Szalontai C, Szenthe G, Gáll E, Kiss AP, Gulyás B, Kovacsóczy BN, Gál SS, Tomka P, Török T. 2022: The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. Curr Biol. 2022 Jul 11;32(13):2858-2870.e7. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.093> Epub 2022 May 25. PMID: 35617951.
- Neparáczki E, Juhász Z, Pamjav H, Fehér T, Csányi B, Zink A, Maixner F, Pálfi G, Molnár E, Pap I, Kustár Á, Révész L, Raskó I, Török T. 2017: Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. Mol Genet Genomics. 2017 Feb;292(1):201-214. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1267-z>. Epub 2016 Nov 1. PMID: 27803981.

- Neparáczi E, Kocsy K, Tóth GE, 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*. 2017 Apr 19;12(4):e0174886. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174886> . PMID: 28422985; PMCID: PMC5396865.
- Olalde I, Carrión P, Mikić I, Rohland N, Mallick S, Lazaridis I, Mah M, Korać M, Golubović S, Petković S, Miladinović-Radmilović N, Vulović D, Alihodžić T, Ash A, Baeta M, Bartík J, Bedić Ž, Bilić M, Bonsall C, Bunčić M, Bužanić D, Carić M, Čataj L, Cvetko M, Drnić I, Dugonjić A, Đukić A, Đukić K, Farkaš Z, Jelínek P, Jovanović M, Kačić I, Kalafatić H, Krmpotić M, Krznar S, Leleković T, M de Pancorbo M, Matijević V, Milošević Zakić B, Osterholtz AJ, Paige JM, Tresić Pavičić D, Premužić Z, Rajić Šikanjić P, Rapan Papeša A, Paraman L, Sanader M, Radovanović I, Roksandic M, Šeščáková A, Stefanović S, Teschler-Nicola M, Tončinić D, Zagorc B, Callan K, Candilio F, Cheronet O, Fernandes D, Kearns A, Lawson AM, Mandl K, Wagner A, Zalzal F, Zettl A, Tomanović Ž, Keckarević D, Novak M, Harper K, McCormick M, Pinhasi R, Grbić M, Lalueza-Fox C, Reich D. 2023: A genetic history of the Balkans from Roman frontier to Slavic migrations. *Cell*. 2023 Dec 7;186(25):5472-5485.e9. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.10.018> . PMID: 38065079; PMCID: PMC10752003.
- Post H, Németh E, Klima L, Flores R, Fehér T, Türk A, Székely G, Sahakyan H, Mondal M, Montinaro F, Karmin M, Saag L, Yunusbayev B, Khusnutdinova EK, Metspalu E, Vilems R, Tambets K, Rootsi S. 2019: Y-chromosomal connection between Hungarians and geographically distant populations of the Ural Mountain region and West Siberia. *Sci Rep*. 2019 May 24;9(1):7786. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44272-6>. PMID: 31127140; PMCID: PMC6534673.
- Ramos-Luis E, Blanco-Verea A, Brión M, Van Huffel V, Sánchez-Diz P, Carracedo A. 2013: Y-chromosomal DNA analysis in French male lineages. *Forensic Sci Int Genet*. 2014 Mar;9:162-8. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.12.008> . Epub 2013 Dec 29. PMID: 24528594.