

**Honfoglalás kori, valamint magyar és székely
populációk apai ági genetikai
kapcsolatrendszerének vizsgálata**

Ph. D. értekezés tézisei

Kovácsné Csányi Bernadett

Témavezető: Prof. Dr. Raskó István

Biológia Doktori Iskola

Szegedi Tudományegyetem

MTA Szegedi Biológiai Központ
Genetikai Intézet

Szeged

2009.

BEVEZETÉS

Az Y kromoszóma legfontosabb biológiai szerepe a nemiség meghatározása és a férfi fertilitás biztosítása. Sajátos jellemzői következtében, melyek egyedivé teszik a kromoszómák között, az Y kromoszóma hatékony eszköznél bizonyult a populációgenetikusok számára a humán diverzitás tanulmányozásában és az apai ági leszármazási vonalak nyomon követésében. Az Y kromoszóma haploid, csak a férfiakban van jelen, apáról fiúra öröklődik és 95%-án nem történik rekombináció a meiózis során.

Az Y kromoszómán található nagyszámú polimorfizmus két nagyobb csoportba sorolható be. Az egyik a biállélikus markerek, a másik a tandem ismétlődések, vagy multi-allélikus markerek csoportja. A biállélikus markerek közé tartozó pontmutációk (Single Nucleotide Polymorphisms - SNP markerek), illetve inszerciók és deléción polimorfizmusok határozzák meg az Y-kromoszómális haplocsoportokat, melyek jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak (Jobling és Tyler-Smith 2003). Egy minta haplocsoportba sorolása az Y kromoszómán derivált/mutáns allélikus állapotban jelenlévő biállélikus markerek szerint történik.

A Tat polimorfizmus egy olyan T>C pontmutáció az Y kromoszóma RBF5 lókuszán (Zerjal et al. 1997), mely különös érdeklődésre tart számot a finnugor nyelvű populációk vizsgálatakor. A Tat C allél az N3 haplocsoportot határozza meg, amely széles körben elterjedt Európa északi és keleti területein, ugyanakkor gyakorlatilag nem fordul elő a kontinens nyugati és déli részein élő populációkban. Ázsiában az északi területeken élő népcsoportokban fordul elő számottevő gyakorisággal (Zerjal et al. 1997, Rootsi et al. 2000, Semino et al. 2000a, Tambets et al. 2004). Az irodalom alapján ez az Y-kromoszómális leszármazási vonal jelen van a legtöbb uráli nyelvű populációban, köztük a magyar nép legközelebbi nyelvrokonainál is, a vogul és az osztják népcsoportban, ugyanakkor nem jellemzi a modern magyar populációkat, ezen belül a csángó és a palóc népcsoportot sem (Lahermo et al. 1999, Rootsi et al. 2000, Semino et al. 2000b, Tambets et al. 2004).

Az irodalomban sokféle magyarázat született arra vonatkozóan, hogy vajon miért nincs jelen a Tat C allél az uráli nyelvű modern magyar populációban (Rootsi et al. 2000, Semino et al. 2000b). Az egyik felvetés szerint a vogulok és az osztjások, valamint több más szibériai populáció azután tettek szert erre az Y-kromoszómális leszármazási vonalra, amikor a magyarok ősei már maguk mögött hagyták a szibériai

erdőséget és elindultak az eurázsiai sztyeppe felé. Egy másik lehetőség, hogy a magyarok és a szibériai ugor nyelvű populációk csak nyelvükben rokonok, genetikailag mindig is eltértek egymástól. Egy harmadik lehetőség szerint jelen volt a Tat C allél az ősi magyar populáció génekészletében, majd a vándorlások során, vagy a letelepedést követően veszett el a genetikai sodródás következtében.

Ezen megfigyelések alapján felvetődik a kérdés, hogy vajon a 9. század végén a Kárpát-medencében letelepült és uráli nyelvet beszélő honfoglalás kori populációban jelen volt-e a Tat C allél vagy sem.

A kérdés tisztázásához elsősorban X. századi mintákon tanulmányoztuk a Tat polimorfizmus allélikus állapotát. A fossziliákból történő vizsgálatok esetén problémát jelent, hogy az archaikus DNS általában korlátozott számban, illetve erősen fragmentált és nagymértékben károsodott formában van jelen a leletekben (Lindahl 1993). Az Y-kromoszómális tipizálás esetében további nehézséget okozhat, hogy szemben a mitokondriális DNS-sel, a kópiaszám a mintákban alacsony, miután az Y kromoszóma egyetlen példányban található meg a férfiak minden egyes sejtjében. Általában nukleáris DNS esetén a mitokondriális DNS vizsgálatokhoz képest rövidebb DNS fragmentumok amplifikálhatók (Binladen et al. 2006).

A régészeti leletek Y-kromoszómális analíziséhez olyan módszert (**modified improved Primer Extension Preamplification** módszer – miPEP módszer -Hanson és Ballantyne 2005) kellett bevezetnünk, amely amellett, hogy megnöveli a vizsgálatok hatékonyságát, alkalmazásával ismételtető és hiteles eredményeket kapunk. Az utóbbi módszer 2 polimeráz enzim elegyét használja, melyek közül az egyik 3'-5' exonukleáz (más néven proofreading) aktivitással rendelkezik. Ily módon lehetővé teszi, hogy nagyobb hűséggel történjen a templát DNS átírása. Az miPEP módszert a rendelkezésünkre álló archaikus DNS mennyiségének felszaporításához használtuk.

Eredményeink hitelességének érdekében a csontminták vizsgálata során szigorú óvintézkedéseket tettünk azért, hogy elkerüljük a nem endogén DNS-sel történő szennyeződést.

Munkánk során választ kerestünk arra is, hogy a magyar és a székely populáció Y-kromoszómális genetikai összetételét tekintve mennyire heterogén, illetve hogyan viszonyul egymáshoz és más európai populációkhoz. Ennek érdekében 100, elsősorban az Alföld területéről származó magyar és 97 korondi székely férfi mintáján, az Y kromoszóma nem rekombinálódó régióján lokalizálódó, 22 biallélikus markert

vizsgáltunk meg. A kapott eredményeket összehasonlítottuk más európai populációk Semino és munkatársainak vizsgálatából (2000a) származó adataival.

ANYAGOK ÉS MÓDSZEREK

A vizsgált minták

Munkánk során 100 magyar, 97 székely és 7 (IX-) X. századi csontlelet DNS mintáját vizsgáltuk meg.

A vizsgálatba bevont apai ágon nem rokon magyar férfiak Magyarország különböző területein születtek, de a leginkább reprezentált régió az Alföld területe volt (90/100). A székely minták apai ágon nem rokon, önkéntes donoroktól származnak, akik Erdély területén, Korondon születtek. 94 magyar és 97 székely férfi vérből izolált DNS mintáját a Szegedi Tudományegyetem Igazságügyi Orvostani Intézete bocsátotta rendelkezésünkre. 6 magyar férfi esetében hajszálból izoláltunk DNS-t a laboratóriumban.

A 7 csontlelet 6 különböző, a Kárpát-medence területén fekvő, régészetiileg jól dokumentált ásatásból származik. Hat lelet egyértelműen a X. századra datálható. A csekeji 9-11. századi temető területén feltárt 48/B lelet esetében nem egyértelmű a datálás; csak a leletanyag alapján a sír pontos korát nem lehet megállapítani, származhat a IX. és a X. századból is.

Módszerek

- 1, DNS extrakció régészeti csontleletekből (combcsontból) (Kalmár et al. 2000., Qiagen, DNeasy Tissue Kit), valamint modern hajszál (Chelex módszerrel -Walsh et al. 1991.) és vérmintákból (kisózással -Miller et al. 1988. vagy Chelex módszerrel - Walsh et al. 1991)
- 2, PCR amplifikáció
 - Mitokondriális DNS amplifikáció

- Teljes genom amplifikáció (modified improved Primer Extension Pre-amplification módszer - Hanson és Ballantyne 2005 -High Fidelity PCR Enzyme Mix: Taq DNS Polimeráz + proofreading aktivitással rendelkező Pfu DNS Polimeráz)
 - Multiplex PCR (az M96, M89, M9, M45 SNP markerek amplifikálása)
 - az M35, M78, M170, M253, P37, M26, M201, P15, M304, M267, M172, M102, M67, M92, Tat, M173, M17, M269 biallélikus markereket hordozó Y-kromoszómális DNS fragmentumok amplifikálása
 - dCAPS (**derived Cleaved Amplified Polymorphic Sequence**)-PCR módszer (Neff et al. 2002)
- 3, poliakrilamid gélelektroforézis
 - 4, PCR termékek restrikciós emésztése
 - 5, A Tat polimorfizmus archaikus DNS-en történő PCR-RFLP vizsgálata ALF (**A**utomated **L**aser **F**luorescent **D**N**A** **S**equencer) rendszer használatával
 - 6, A modern DNS-sel történő szennyeződés megelőzése és az eredmények hitelesítése
 - 7, SNaPshot technika (ABI PRISM SNaPshot ddNTP Primer Extension Kit)
 - 8, kapilláris elektroforézis (ABI PRISM 310 Genetic Analyzer rendszeren) (fragment analízis)
 - 9, DNS szekvenálás, szekvencia analízis
 - 10, statisztikai vizsgálat (Arlequin szoftver 2. 000 -Schneider et al. 2000., genetikai diverzitás meghatározása (H), populációk közötti genetikai távolság becslése (Fst), MDS analízis)

EREDMÉNYEK ÉS KÖVETKEZTETÉSEK

A 7 sikeresen tipizált (IX-) X. századi csontminta közül 2 esetben igazoltuk a mutáns C allél jelenlétét (13/1, B1/3c minták), míg 5 leletnél a vad típusú T allél előfordulását. A Tat mutációt hordozó 2 X. századi minta egy régióból, Békés megyéből származik. A 13/1 minta a szabadkígyós-pálligeti, a B1/3c lelet az örménykúti temető leletanyagát képezi. Mindkét lelet mellett klasszikus, gazdag mellékletanyagot tártak fel az ásatás során. A T2/41 csontminta esetében kapott eredményt, mely szerint a vad típusú Tat T allél van jelen a mintában, sikerült megerősítenünk az M9 marker vad típusú C alléljának tipizálásával.

A tény, hogy 7 csontminta közül kettő is hordozza a Tat C allélt, több mint érdekes, tekintve, hogy a 197 modern minta közül csak egyetlen székely férfi Y kromoszómáján detektáltuk az allél jelenlétét.

A Tat mutáció ritka előfordulása az általunk tanulmányozott modern magyar és székely populációban összhangban van a korábbi vizsgálatok eredményeivel és további adatot szolgáltat ahhoz a felismeréshez, miszerint a Tat C allél gyakorlatilag hiányzik a modern magyarul beszélő populációkból. A Tat mutáció által meghatározott N3 leszármazási vonal előfordulása a székely csoportban talán valamilyen múltbeli esemény genetikai hatását tükrözi.

Természetesen néhány vizsgált minta és egy marker alapján nem vonhatunk le messzemenő következtetéseket, mégis elmondható, hogy a Tat mutáció jelenléte az ősi magyar populációban utalhat keveredésre vagy közös apai ági felmenőre más uráli nyelvű populációkkal. Az eredményeink szerint a Tat C allél, amely széles körben elterjedt az uráli nyelvű populációkban, jelen volt az ősi magyar populáció génkészletében a Kárpát-medence területén történő letelepedéskor, illetve a Tat polimorfizmus egy megfelelő marker az ősi magyar populáció Y-kromoszómális genetikai összetételének analíziséhez.

A C allél jelenléte egyben alátámasztja eredményeink hitelességét is, hiszen sem a Régészeti Intézet munkatársai (régész, antropológus), sem csoportunk férfi tagjai, akik kapcsolatba kerültek a csontmintákkal, nem hordozzák ezt a mutációt.

Annak érdekében, hogy a jövőben további Y-kromoszómális markereket tudjunk vizsgálni az archaikus mintákon, minden marker (összesen további 21) analíziséhez, melyet a modern mintákon tanulmányoztunk, olyan primerpárokat terveztünk, vagy választottunk az irodalomból, melyek rövid (170 bp alatti) PCR terméket adnak. A markerek amplifikálásához szükséges PCR körülményeket a modern mintákon optimalizáltuk, így tulajdonképpen minden szükséges lépést megtettünk azért, hogy ősi DNS-en is vizsgáljuk azokat.

A ma élő magyar és székely populációban, összesen 197 egyénnél, 22 (M96, M89, M9, M45, M35, M78, M170, M253, P37, M26, M201, P15, M304, M267, M172, M102, M67, M92, Tat, M173, M17, M269) Y-kromoszómális biallélikus markert vizsgáltunk meg az Y-kromoszómális filogenetikai fán elfoglalt hierarchikus szerveződésük szerint (Y Chromosome Consortium 2002, Jobling és Tyler-Smith, 2003). Minden minta esetében először az M96, az M89, az M9 és az M45 SNP

markereket analizáltuk, melyek gyors és hatékony vizsgálatához sikerült beállítanunk egy két lépésből álló multiplex reakciót. A markerek multiplex vizsgálatát részben a T2/41-es jelű csontmintán is sikerült elvégeznünk; az analízis során az M45 és az M9 markert hordozó, 2 rövidebb DNS fragmentumot tudtuk amplifikálni.

A vizsgált markerek segítségével a modern magyar és székely mintákat az E, F*, G, I, J, K*, N3, P* és az R1 Y-kromoszómális haplocsoportokba soroltuk be.

A megfigyelt haplocsoportok általánosan jellemzik a különböző európai populációkat, egyetlen kivételt képez ez alól a székely populációban felbukkanó (3,1%) P-M45*(xM173) klaszter. A közép-ázsiai P-M45*(xM173) haplocsoport jelenléte a székely mintában szokatlan, mivel ez a klaszter szinte egyáltalán nem fordul elő Európában. Elképzelhető, hogy a haplocsoport jelenléte némi ázsiai genetikai hatást tükröz.

A jelen vizsgálatban az irodalmi adatokhoz képest a J haplocsoport meglepően gyakori előfordulását tapasztaltuk a magyar (16%) és a székely (21,6%) populációban.

A J haplocsoport nagyobb gyakorisága az általunk vizsgált populációkban egyrészt utalhat anatóliai, illetve dél-balkáni genetikai hatásra, ugyanakkor, főként a székely népcsoport esetében, genetikai sodródás következménye is lehet, hiszen a székelyek zárt közössége politikai okok miatt sokáig fennmaradt. Más részről különböző történelmi események is hozzájárulhattak a J haplocsoport magasabb gyakoriságához. Ilyen esemény lehetett például az Oszmán Birodalom terjeszkedése, illetve ennek hatására a balkáni régióból Magyarország területére menekülő népek letelepedése.

A történelmi adatok és az ősi magyar populáció anyai leszármazási vonalainak összehasonlító vizsgálata alapján elképzelhető, hogy a korai magyar populációnak is szerepe lehetett a J haplocsoport Kárpát-medencében történő elterjedésében.

A modern minták vizsgálatával kapott eredményeinket statisztikai alapon is kiértékeltek. Az E3b-M35, G-M201, I-M170, J1-M267, J2-M172, N3-Tat, R1a1-M17 és az R1b3-M269 haplocsoportok gyakorisági értékei alapján az Arlequin 2.000 program felhasználásával meghatároztuk az általunk vizsgált magyar és székely populáció genetikai diverzitásának mértékét, valamint páronkénti genetikai távolságot számoltunk az általunk vizsgált magyar és székely populáció, illetve a Semino és munkatársai által tipizált (2000a) további 20 európai populáció között. A populációk közötti távolságviszonyokat többdimenziós skálázási eljárással 2 dimenziós térben ábrázoltuk. A statisztikai vizsgálat szerint az általunk vizsgált magyar és székely

populáció genetikailag heterogén összetételű, közeli rokonságban áll egymással, illetve más közép-európai és balkáni populációkkal. Ugyanakkor a 2. dimenzió egyértelműen elkülöníti egymástól az általunk analizált és a Semino és munkatársai által tipizált magyar csoportot. Az utóbbi közel térképeződik a lengyel és az ukrán populációhoz. Egy lehetséges magyarázat lehet erre az eltérésre, hogy Semino és munkatársai elsősorban észak-magyarországi mintákat (főként palócokat) vizsgáltak, ahol a 19. században jelentős volt a szomszédos északi területek más anyanyelvű népességeivel való diffúzió. Eredményeink alapján kimondható, hogy Semino és munkacsoportjának adatai (2000a) nem reprezentatívak a jelenkori magyar populáció vonatkozásában.

IRODALOMJEGYZÉK

Binladen J., Wiuf C, Gilbert MT, Bunce M, Barnett R, Larson G, Greenwood AD, Haile J, Ho SY, Hansen AJ, Willerslev E. (2006) Assessing the fidelity of ancient DNA sequences amplified from nuclear genes. *Genetics* **172**(2):733-741.

Hanson, E.K., & Ballantyne, J. (2005) Whole genome amplification strategy for forensic genetic analysis using single or few cell equivalents of genomic DNA. *Anal Biochem* **346**:246-257.

Jobling, M.A. & Tyler-Smith, C. (2003) The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nat Rev Genet* **4**:598–612.

Kalmár, T., Bachrati, Cs.Z., Marcsik, A. & Raskó, I. (2000) A simple and efficient method for PCR amplifiable DNA extraction from ancient bones. *Nucleic Acids Res* **28**:E67.

Lahermo, P., Savontaus, M.L., Sistonon, P., Béres, J., de Knijff, P., Aula, P. & Sajantila, A. (1999) Y chromosomal polymorphisms reveal founding lineages in the Finns and the Saami. *Eur J Hum Genet* **7**:447-458.

Lindahl, T. (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* **362**:709-715.

Miller, S.A., Dykes, D.D. & Polesky, H.F. (1988) A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* **16**:1215.

Neff, M.M., Turk, E. & Kalishman, M. (2002) Web-based primer design for single nucleotide polymorphism analysis. *Trends Genet* **18**:613-615.

Rootsi, S., Kivisild, T., Tambets, K., Adojaan, M., Parik, J., Reidla, M., Metspalu, E., Laos, S., Tolk, H.V. & Villems, R. (2000) On the phylogeographic context of sex-specific genetic markers of Finno-Ugric populations. In: *The roots of peoples and languages of Northern Eurasia II and III* (ed. A. Kiinnap), pp. 148-164. University of Tartu, Division of Uralic Languages/Societas Historiae Fenno-Ugricae, Tartu.

Schneider, S., Roessli, D. & Excoffier, L. (2000) *Arlequin ver. 2.000: A software for population genetics data analysis*. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., De Benedictis, G., Francalacci, P., Kouvatsi, A., Limborska, S., Marcikiae, M., Mika, A., Mika, B., Primorac, D., Santachiara-Benerecetti, A.S., Cavalli-Sforza, L.L. & Underhill, P.A. (2000a) The genetic legacy of Paleolithic *Homo sapiens sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* **290**:1155–1159.

Semino, O., Passarino, G., Quintana-Murci, L., Liu, A., Beres, J., Czeizel, A. & Santachiara-Benerecetti, A.S. (2000b) MtDNA and Y chromosome polymorphisms in Hungary: inferences from the palaeolithic, neolithic and Uralic influences on the modern Hungarian gene pool. *Eur J Hum Genet* **8**:339–346.

Tambets, K., Rootsi, S., Kivisild, T., Help, H., Serk, P., Loogväli, E. L., Tolk, H.V., Reidla, M., Metspalu, E., Pliss, L., Balanovsky, O., Pshenichnov, A., Balanovska, E., Gubina, M., Zhadanov, S., Osipova, L., Damba, L., Voevoda, M., Kutuev, I., Bermisheva, M., Khusnutdinova, E., Gusar, V., Grechanina, E., Parik, J., Pennarun, E., Richard, C., Chaventre, A., Moisan, J.P., Barac, L., Pericic, M., Rudan, P., Terzic, R., Mikerezi, I., Krumina, A., Baumanis, V., Koziel, S., Rickards, O., De Stefano, G.F., Anagnou, N., Pappa, K.I., Michalodimitrakis, E., Ferak, V., Furedi, S., Komel, R., Beckman, L. & Villems, R. (2004) The western and eastern roots of the Saami--the story of genetic "outliers" told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *Am J Hum Genet* **74**:661–682.

Walsh, P.S., Metzger, D.A. & Higuchi, R. (1991) Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* **10**:506-513.

Y Chromosome Consortium (2002) A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups. *Genome Res* **12**:339–348.

Zerjal, T., Dashnyam, B., Pandya, A., Kayser, M., Roewer, L., Santos, F.R., Schiefenhovel, W., Fretwell, N., Jobling, M.A., Harihara, S., Shimizu, K., Semjidmaa, D., Sajantila, A., Salo, P., Crawford, M.H., Ginter, E.K., Evgrafov, O.V. & Tyler-Smith, C. (1997) Genetic relationships of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis. *Am J Hum Genet* **60**:1174–1183.

Közlemények jegyzéke:

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Gyöngyvér Tömöry, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Aranka Csósz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai, Eleanore Kathrine Conant, Christopher Stephen Downes and István Raskó. Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *Ann Hum Genet* 2008. 72: 519-534.

Gyöngyvér Tömöry, **Bernadett Csányi**, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, Aranka Csósz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, C. Stephen Downes, István Raskó; Comparison of maternal lineage and biogeographic analysis of ancient and modern Hungarian populations. *Am J Phys Anthropol* 2007. 134: 354-368.

Katalin Priskin, Gyöngyvér Tömöry, Erika Bogácsi-Szabó, **Bernadett Csányi**, István Vörös and István Raskó; Mitochondrial DNA control region analysis of a late Neolithic aurochs (*Bos primigenius* Boj. 1827) from the Carpathian Basin *Acta Biologica Hungarica* 2007. 58: 131-137.

Bernadett Csányi - Gyöngyvér Tömöry, Erika Bogácsi-Szabó, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Mónika Mórocz, Anita Szécsényi, Aranka Csósz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations. *Eur J Hum Genet* 2007. June; Vol. 15, Suppl 1: 299. (Abstract)

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Gyöngyvér Tömöry, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, István Raskó; Genetische Analyse der Skelettreste. In: F. Daim, E. Laueremann: Das frühungarische Reitergrab von Gnadendorf (Niederösterreich). Mainz, 2006. pp. 69-73.

Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, **Bernadett Csányi**, Gyöngyvér Tömöry, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Ferenc Horváth, Christopher Stephen Downes, István Raskó; Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more Western Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Human Biology* 2005. October 77(5). 639-662.

Erika Bogácsi-Szabó, **Bernadett Csányi**, Gyöngyvér Tömöry, Katalin Priskin, Ágnes Czibula, Aranka Csósz, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; Maternal and paternal lineages in ancient and modern Hungarians., *Eur J Hum Genet* 2005. May; Vol. 13, Suppl 1: 346. (Abstract)

Bernadett Csányi; Analysis of Y-chromosomal microsatellites on archaeological and modern samples. *Acta Biologica Szegediensis* 2004. 48(1-4):53.

Bogácsi-Szabó Erika, **Csányi Bernadett**, Tömöry Gyöngyvér, Blázsó Péter, Csósz Aranka, Kiss Dóra, Langó Péter, Köhler Kitti, Raskó István; Archeogenetikai vizsgálatok a Kárpát-medence 10. századi népességén. *Magyar Tudomány* 2008/10: 1204-1216.

Katalin Priskin, Krisztián Szabó, Réka Eördögh, Gyöngyvér Tömöry, Erika Bogácsi-Szabó, **Bernadett Csányi**, C. Stephen Downes, István Raskó; Mitochondrial sequence variation in ancient horses from the Carpathian Basin and possible modern relatives. Beküldve *Genetica*.

Dóra Nagy, Erika Bogácsi-Szabó, Ágnes Várkonyi, **Bernadett Csányi**, Ágnes Czibula, Olga Bede, Beáta Tari, István Raskó; Prevalence of adult-type hypolactasia as diagnosed with genetic and lactose hydrogen breath tests in Hungarians. *Eur J Clin Nutr* 2009. Jan 21. [Epub ahead of print]

Előadások:

Tömöry Gyöngyvér-**Csányi Bernadett**-Bogácsi-Szabó Erika, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Kiss Dóra, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Horváth Ferenc, Raskó István; Beszélnek a csontok...Hazai archeogenetikai kutatások. *Magyar Humángenetikai Társaság VII. Kongresszusa*, Pécs (2008. július 11-13.)

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Gyöngyvér Tömöry, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; Y chromosomal analyses on ancient bone samples (10th century) and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *15th Congress of the European Anthropological Association; Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology*, Budapest (2006. 08. 31.-09. 03.)

Gyöngyvér Tömöry, **Bernadett Csányi**, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; Comparison of maternal lineages and phylogenetic analysis of ancient and modern Hungarian populations. *15th Congress of the European Anthropological Association; Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology*, Budapest (2006. 08. 31.-09. 03.)

Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, Tömöry Gyöngyvér, Csősz Aranka, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Csete Klára, Zsolnai Attila, Raskó István; Apai ági rokonság vizsgálata X. századi csontleleteken, valamint modern magyar és székely mintákon. *Magyar Humángenetikai Társaság VI. Kongresszusa*, Győr (2006. október 6-8.)

Tömöry Gyöngyvér, Bogácsi-Szabó Erika, **Csányi Bernadett**, Kalmár Tibor, Priskin Katalin, Csősz Aranka, Langó Péter, Mende Balázs, Raskó István; A Kárpát-medence honfoglalás kori, illetve mai magyar nyelvű lakosságának mitokondriális alapú populációgenetikai analízise. *Magyar Humángenetikai Társaság VI. Kongresszusa*, Győr (2006. október 6-8.)

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Gyöngyvér Tömöry, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; Y-chromosome analysis on ancient bone samples (10th century) and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *Straub napok*, Szeged (2006. november 17.)

Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, Tömöry Gyöngyvér, Priskin Katalin, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Blaszó Péter, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István; Populáció eredetvizsgálat régészeti anyagból. **VI. Magyar Genetikai Kongresszus**, Eger (2005. április 10-12.)

Tömöry Gyöngyvér, Bogácsi-Szabó Erika, **Csányi Bernadett**, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István; Populáció eredetvizsgálat 9-11. századi magyar csontmintákon. **Magyar Molekuláris és Prediktív Epidemiológiai Társaság II. Nemzetközi Kongresszusa**, Pécs (2005. 04. 01-02.)

Bogácsi-Szabó Erika, **Csányi Bernadett**, Tömöry Gyöngyvér, Kalmár Tibor, Priskin Katalin, Blaszó Péter, Csősz Aranka, Mende Balázs, Langó Péter, Raskó István; Látjátuk feleim szümtükhel, mik vogymuk: , avagy genetikai vizsgálatok honfoglalás kori mintákból. **Magyar Humángenetikai Társaság V. Munkakonferenciája**, Szeged (2004. november 12.)

Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, Tömöry Gyöngyvér, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Priskin Katalin, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István; Anyáink, apáink és lovaink. Újabb eredmények a honfoglalás kori leletek vizsgálatából. **Straub napok**, Szeged (2003. november 25.)

Szabó Erika, Tömöry Gyöngyvér, **Csányi Bernadett**, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, Mende Balázs, Langó Péter, Raskó István; A korai Magyarország lakosságának molekuláris genetikai vizsgálata. **V. Magyar Genetikai Kongresszus**, Siófok (2003. április 13-15.)

Tömöry Gyöngyvér, **Csányi Bernadett**, Szabó Erika, Kalmár Tibor, Mende Balázs és Raskó István; Genetikai eredetvizsgálat honfoglalás kori csontokon. **Straub napok**, Szeged (2002. december 5.)

Posztterek:

Priskin Katalin, Szabó Krisztián, Eördögh Réka, Tömöry Gyöngyvér, Bogácsi-Szabó Erika, **Csányi Bernadett**, Raskó István; A Kárpát-medence 6.-9. századi lómaradványainak mitokondriális alapú genetikai analízise. **VIII. Magyar Genetikai Kongresszus**, Nyíregyháza (2009. április 17-19.)

Bernadett Csányi - Gyöngyvér Tömöry, Erika Bogácsi-Szabó, Ágnes Cibula, Katalin Priskin, Mónika Mórocz, Anita Szécsényi, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations. **European Human Genetics Conference**, Nice, France. (2007. június 16-19.)

Nagy Dóra, Bogácsi-Szabó Erika, **Csányi Bernadett**, Bede Olga, Várkonyi Ágnes, Raskó István; A primer laktóz intolerancia- 13910 C/T SNP vizsgálata gyermek

populációban és honfoglalás kori leletekben. *VII. Magyar Genetikai Kongresszus*, Balatonfüred (2007. április 15-17.)

Priskin Katalin, Eördögh Réka, **Csányi Bernadett**, Bogácsi-Szabó Erika, Tömöry Gyöngyvér, Vörös István, Mersdorf Zsuzsa, Raskó István; Honfoglalás kori lovak mitokondriális DNS alapú vizsgálata. *VII. Magyar Genetikai Kongresszus*, Balatonfüred, (2007. április 15-17.)

Erika Bogácsi-Szabó, **Bernadett Csányi**, Gyöngyvér Tömöry, Katalin Priskin, Ágnes Czibula, Aranka Csósz, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; 2005. Maternal and paternal lineages in ancient and modern Hungarians. *European Human Genetics Conference*, Prague, Czech Republic. (2005. május 7-10.)