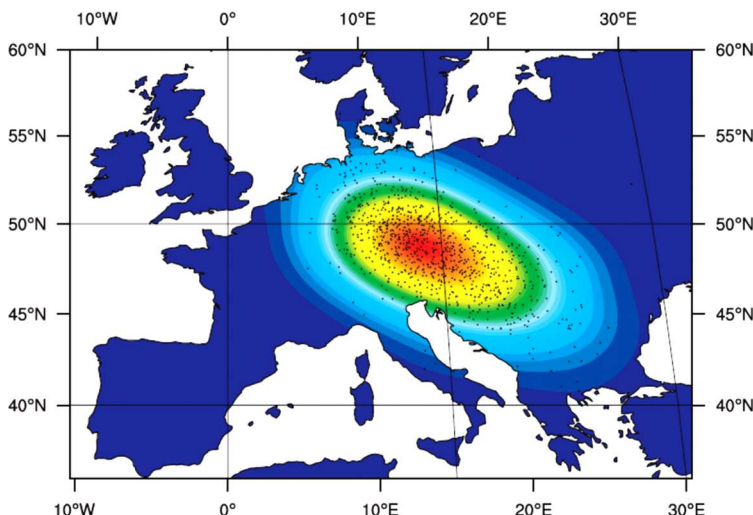


Kárpát-medencei ősiség és tanyagazdaságtan

Dr. Oláh Zoltán Sándor, Miskolci Egyetem Kémiai Intézet, Bioinformatikai és Molekuláris Sebészeti Egység, Miskolc, Vásárhelyi Tájépítész (VÁTÉSZ) Népfőiskola Egyesület, Acheuron Kft. Szeged

Az Alföld, ahol élünk, a mérsékeltévi Eurázsia elsődleges génközpontjaként ismert mintegy 8000 éve. A talajtani módszertannal meghatározott, a Pannontenger alatt húzódó különösen vékony kéregnek köszönhetően a helyi átlaghoz képest 5 °C-fokkal magasabb hőösszeg a jegesedések elől menedékként szolgált az itt élőknek, és a jégkorszakok között innen kirajzóknak. A Kárpátok karéja Dél-Keletre nyitott, így évezredek át innen rajzottak ki és ide tértek vissza vérrokonaink a Balkánról a Földközi-tenger mellékéről, a „termékenyfélhold” mediterrán szubtrópusi területeiről és/vagy Anatóliából. Ők azok akik újabban az N1a1-DNS motívummal is meghatározott Föld-, Ész- és Kézműves (FÉK) családjaik az Alföldi Vonalas Kerámia (AVK/LBK) népe. A mérsékeltévi alatt a fehér bőrszín, illetve annak mindenkor besugárzásra rugalmasan sötétedő, mintegy 72 gén által a nap- és évszakoknak megfelelően szabályozódó formája alkalmazkodott a legjobban, a jégkorszak megpróbáltatásait beleértve, napjainkig. Így ragadt ránk a „fehér rassz” megnevezés, pedig ez inkább északi rokonaink bőrszínére illik maradéktalanul (1,2).

Kaukázusi fehér rasszként, a felszínes embertani hasonlóság ellenére, a mintegy 3 milliárd 300 millió ATCG-betűkombinációból álló DNS-eink akár több 10 millió helyen



eltérhetnek, „sajtóhibásak” lehetnek, de ettől még életképességünk, sőt születéskor várható élettartamunk sem változik jelentősen. Érdeemes megjegyezni hogy a felnőttkori tejcukor (laktóz) bontás génjei nem működtek a 8000 évvel ezelőtti Kárpát-medence lakóiban (3,4).

A legújabb genetikai vizsgálatok ugyanakkor megerősítik azt is, hogy a fehér bőr sok esetben kékszemmel párosulhatott. A melanint szintetizáló gének itt a Kárpát-

medencében az évezredek genetikai alkalmazkodásnak megfelelően fényre szabályozottak. Tőlünk északabbra a bőrfesték termelése gátolt, délre viszont annyi melanin termelődik a bőrben amennyi csak lehetséges. A mi fényre genetikailag sötétedő bőrünk alkalmazkodott a mérsékeltévi éghajlathoz, év- és napszakokhoz, ezzel „tájfajtánk” egyik sajátosságává vált.

Anyanyelvünkhöz hasonlóan, a mai magyar lakosság bőrszíne (5,6), és laktáz enzimünk felnőttkori termelődésének egyeseknél kimutatható hiánya, ugyancsak jégkorszaki eredetű és Kárpát-medence központú. A tej itteniek általi megemészhetetlensége az erjesztés biotechnológiájának megismeréséhez, aludttej, túró, sajt, vaj készítés elterjedéséhez vezetett, amelynek mesterfogásai máig változatlanok (7-9).

A világos bőrszín kedvez a D3 vitamin termelésének, az erjesztett tejtermékek pedig a csontrendszer építésében kulcsfontosságú Ca^{2+} -beépülésének folyamatos forrását biztosítja (10,11), hiszen a D3 vitamin a napozás mellett tejtermékekből pótolható, egyben foszfátanyagcserét, csontépítést serkentő hormon (12,13). Bőrünk védelmét a foto-oxidációtól, nyári színárnyalatunkat, „lebarnulásunkat”, a TYR gén terméke, egy, a melanin

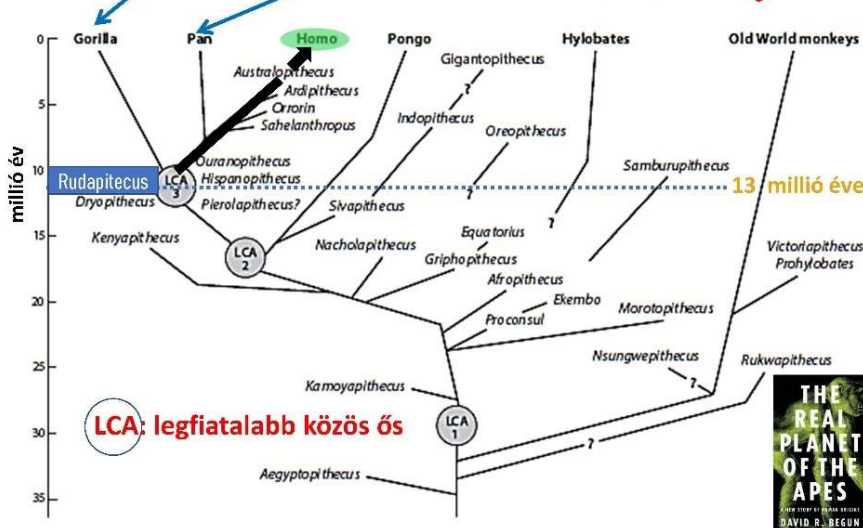
termelődés mértékét meghatározó kulcsenzim szabályozza. Több génünk működése egyébként is függ a besugárzó fény spektrumától, hullámhossz szerinti eloszlásától, így sejt szinten befolyásolja egészségünk megmaradását (14).

A bőrszint meghatározó sötétbarna melanin festék szintézisének lecsökkenésével együtt felerősödhet a napsugárzás kiváltotta D vitamintermelődés és más fényérzékeny biokémiai folyamatok. A D-vitamin köztudottan, állatkísérletekkel bizonyítottan rákellenes hatású (15). A téli, akár csak negyedórás napozás, ezért egészségvédő és felesleges vitamin, valamint gyógyszerfogyasztástól óvhat meg, nem utolsó sorban csökkenti a bőrrák veszélyét.

A mediterrán vidékekhez képest kevesebb napfény ellenére a falvakat alkotó FÉK közösségek az Alföldtől a német-lengyel síkságig mindenütt településeket hoztak létre 6300-6000 között (16). Mindez az AVK/LBK és a Körös kultúra népének teremtő munkáját dicséri. A már legalább 8 ezer évvel ezelőtt is itt, helyben gazdálkodó fehérbőrű FÉK-fazekasmesterek találmánya az egyedi vonalas formanyelv. A vonalas kézzel kitöltött felületű sírmellékletek ezért kor- és az AVK-népszerűség meghatározására alkalmas jelölőként bevonultak az archeogenetika eszköztárába is, hiszen 2010-re ismerté vált ennek a FÉK-technológiát gyakorló népesség genetikai meghatározója, az N1a1 DNS-motívum.

Nem véletlen, hogy az itt eltöltött több tíz-, vagy még inkább százezer év alatt a

Nem a gorillából/csimpánzból lettünk, de közös őseinkből lettek majmok!



mindig is letelepedetten élő népesség genetikailag alkalmazkodott a Kárpát-medence mérsékeltövi éghajlatához (1,2,17,18). Egyes pontmutációk (SNP) már évmilliók óta csendesesen velünk élnek, mások kihaláshoz vezettek és mint az életképtelen DNS-változat nyomtalanul „kikapott” a ma élő népesség genomjából, vagy jelenléte csak laboratóriumi

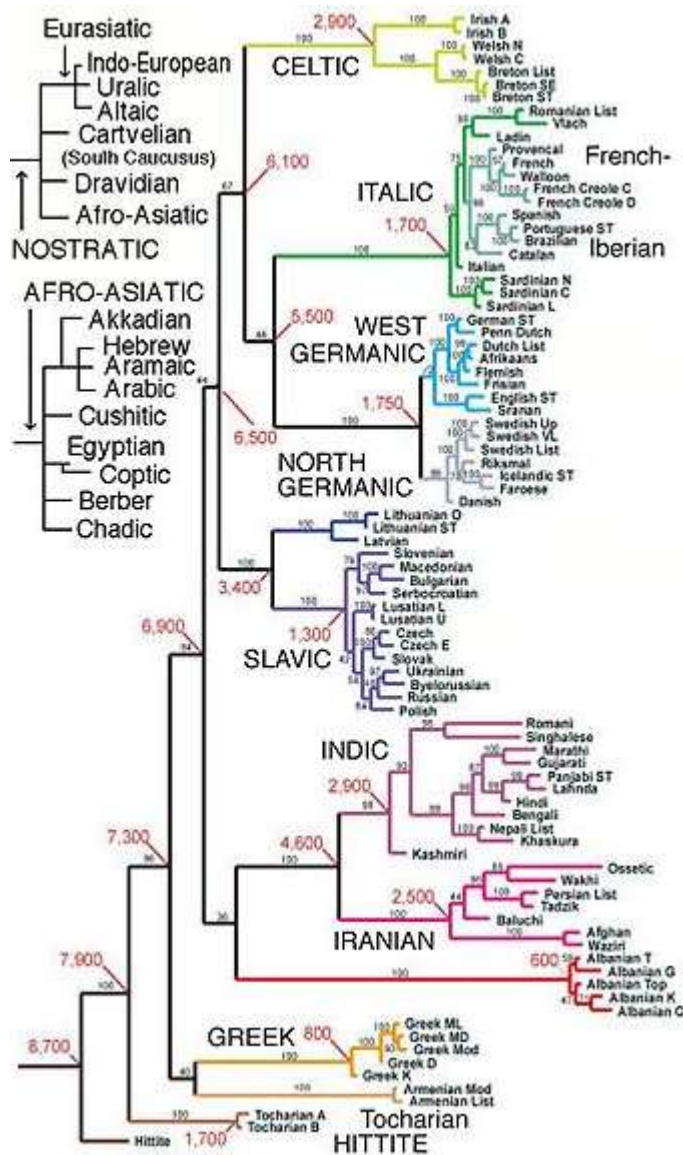
körülmények között tanulmányozható.

A melanin bőrfesték alul-termelődése és a vér magasabb D-vitamin szintje a négy évszak lehetőségeinek minél jobb kihasználásában és a kelet-nyugati irányban 10 ezer kilométert meghaladó mérsékeltövi élettér meghódításában játszott fontos szerepet (2). Érdeemes megjegyezni, hogy bőrünk és agyunk idegsejtjei az egyedfejlődés során ugyanabból, az un. ektodermális csíralemezből származnak. A D-vitamin szintézisének szabályozottsága mindkét szervünkre, de különösen az agytevékenységünk fokozódására is fejlődésgenetikai befolyással volt (19,20).

A testünk és életműködésünk tervrajza, a számunkra ma már ismert elveken működő, DNS-szövegeket kémiai úton írni olvasni és építeni tudó enzimek megismerésével megfejthetővé vált. A genetikai algoritmusokban jártas molekuláris biológusok számára az emberi genom nyitott génkönyvtár. Szinte hihetetlen, hogy e nem ember által írt DNS-nyelvű szövegekből mi mindent ki lehet olvasni akár közel 1 millió évre visszamenően. Az ugyancsak robbanászerű fejlődésen keresztül esett összehasonlító számítógépes DNS-nyelvészet ebben nagyban közrejátszott. Eszköztára olyan algoritmusokkal bővült, amellyel a

3 milliárd 300 millió ACTG kombinációk „betűről betűre” kiterjedő pontossággal elemezhetővé váltak. Sőt, a régészeti csontmaradványokból vett DNS-minták olvasatai alapján akár a hajdan élt arcának háromdimenziós rekonstrukciója nem akármilyen „fantomkép” minőségben megvalósítható, amelyet ráadásul 3D-ben rögtön ki is nyomtathatunk (21).

Az emberi agy, a nyelvtechnológia és a kézművesség együttes fejlődése, valamint ma



már ennek genetikai meghatározói mind megtalálhatóak a Kárpát-medencében föllelhető neandervölgyi csontleletekben. A 12-13 millió évvel ezelőtt itt élő *Rudapithecus Hungaricus* emberszabásúakból levezethető az AMH, azaz a Anatómiájában Modern Humán (22-24). Lassan kirajzolódik, műveltségünk hajnala. Beigazolódni látszik az állítás - egy nép ott marad fenn legtovább ahol keletkezett (25,26).

A hazai DNS-minták 2000-ben elindult vizsgálatának tükrében világossá vált, hogy a mai magyar népesség négy ősapára vezethető vissza, akik közül három leszármazott soha sem hagyta el a Kárpát-medencét, vagy ha ki is rajzottak, azt családostól tették és ha nemzedékek után is, legalább férfi utódaik előbb-utóbb hazataláltak. Ez az állításunk elsöre megdőböntőnek hangzik, mivel nehezen egyeztethető össze azzal a Magyar Tudományos Akadémia (MTA) által, valamint az alsó osztályoktól a felsőoktatásig, máig egyöntetűen hirdetett dogmával, hogy nyelvünk finn-ugor import valahonnan Ázsiából. Pedig ez a dogma megdőlni látszik a legújabb archeogenetikai adatok tükrében. Sokkal

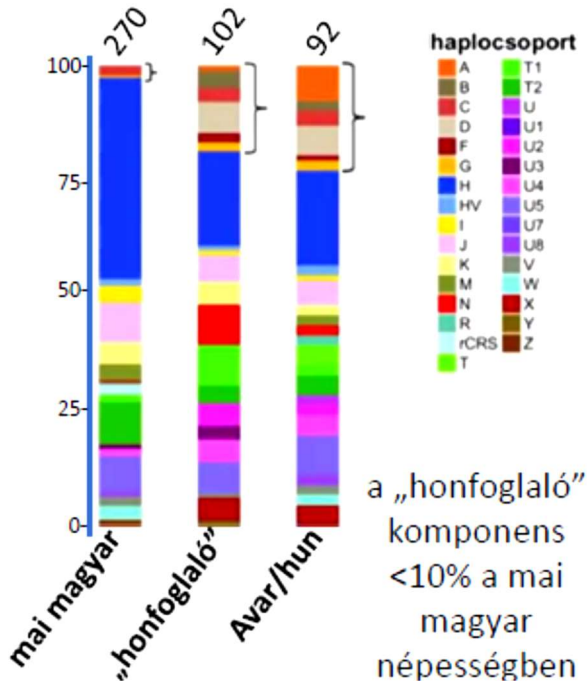
valószínűbbnek látszik, hogy itt, a Kárpát-medencében keletkezett millió évekkel ezelőtt (27-29), amikor az akkor ismert világ még a mondáink szerint is egynyelvű volt és a Kárpát-medencéhez képest másodlagos génközpontban, melynek fővárosa „Hatos” volt, HITTITE/7-itául beszéltek.

Azonban az új, az ún. „honfoglalók” DNS-olvasatainak fényében ma már bátran elvethetjük azt a feltevést, hogy anyanyelvünk külföldi eredetű. Ugyanis, a honfoglalók jellegzetes genetikai bélyegei nem, vagy csak alig kimutathatóan találhatók meg a mai magyar népességben. Ha viszont csak a honfoglalás-kori sírokban vagy az azt megelőző avar és hun genomokkal hasonlatos (30,31), akkor adódik az a kézenfekvő következtetés, hogy egy őshonos nép fogadta békésen és szeretettel az eurázsiai folyosóból lovon visszaérkező, több ezer évvel korábban innen, a Kárpát-medencéből kirajzott rokonait. Ma már az Árpádházi

elitről is tudjuk, hogy nem a „finnekhez”, hanem a vikingekhez vagy a kijevi „RUSZ”-hoz volt inkább némi nemű közük, csakúgy mint a „honfoglalóknak” (32).

Az 1000-genom program keretén belül vizsgált mai budapesti, de a középkor óta viszonylag zárt közösséget alkotó palóc népesség körében a „honfoglalókat” máig beazonosíthatóvá tevő DNS-motívumok csak 10 % alattiak és a X. században lovon „visszatérők” sem lehettek többen az itt őshonos népességhez képest (30,31,33-36).

Ha nyelvünk a Kárpát-medencén kívülről származna és csak Árpád magyarjai által



honosodott volna meg Európa közepén, akkor az csak erőszakkal történhetett volna. Ráadásul, nagyon rövid idő alatt kellett volna rákényszeríteni az akkori őslakosokra a maroknyi, 20-50 ezer „megszálló” nyelvé (33,37).

A Kárpát-medencén kívül 5 ezer éve házasított lovaikon hullámokban érkező „hódítók”, inkább folyamodtak szálláshelyért az itt évezredek óta élőkhöz, hiszen téridőben és lélekszámban mindig kisebbségben voltak. A mai magyar népességben az un. „honfoglaló” komponens, a mtDNS-haplocsoport olvasataiból kimutathatóan, 10% alatti (30-32,38,39).

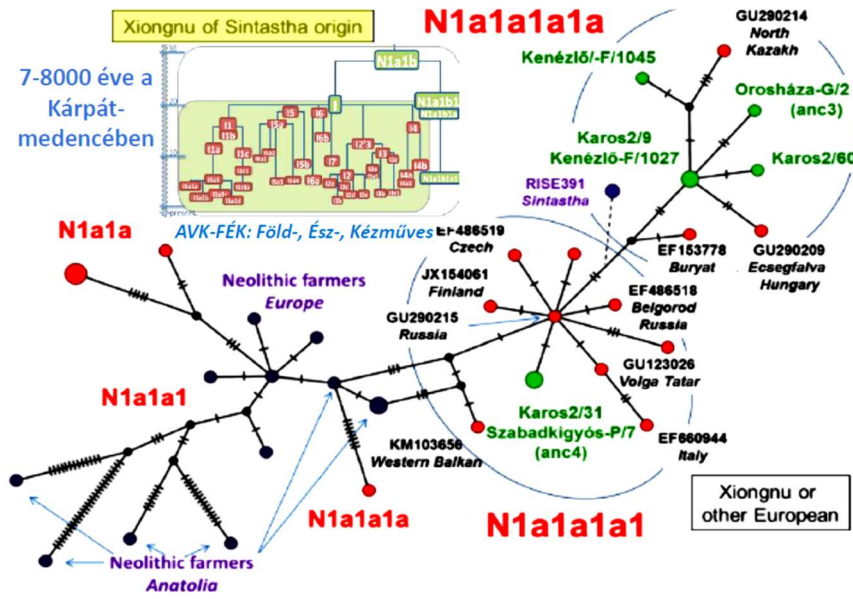
Az eddig feltárt eurázsiai sírleletek DNS-vizsgálatai (40) és más tárgyi emlékek, valamint a „honfoglalás” korabeli hiteles írott forrásokból kiolvasható történelemtudományi

tények sem utalnak tömeges „elmagyarosodásra”, ezzel immár sokoldalú, köztük természettudományos eszközök által is kizárható anyanyelvünk Kárpát-medencén kívüli eredete (41).

Az egymásra rétegezett anyagikultúrák, a csontmaradványok együttes, most már archeogenetikai vizsgálataira utalnak, hogy a Kárpát-medence szárazulatai, őserdővel borított, egymástól folyamközi és ártéri ligetekkel váltakozó tájai, a környező hegyekhez képest rendezett és sűrűn beépített volt, legalábbis az AVK-kortól a ló 5500 évvel ezelőtti házasításáig. A beindult nagyállattartó csikós, gulyás nomád életmód elterjedésével a „lovaspásztor” férfiak hazatelepedése felgyorsult, különösen a népvándorlás korában a X. századig, amely átalakította az évezredek keresztül letelepedett, AVK-FÉK közbirtokosságot ismerő, maguk közül élenjárót, „jogarhordozót” választó faluközösségek életét. A „honfoglaló” a sűrűn, un. „hosszúházas” településekkel lakott Alföldön kaptak szálláshelyet.

A Kárpát-medencében eltemetettek és a ma itt élők mitokondriális/mtDNS térképezése alapján a ma már ritka N1a típusba sorolható nyerstejre érzékeny ősanyáink (42) és az Y-kromoszóma G2a1 haplo-csoportjába tartozó ősapáink a vadászó-gyűjtögető életmódról 7-8000 évvel ezelőtt már-már teljesen áttértek a helyben gazdálkodó AVK-FÉK életmódra (N1a1a1). Az állatt- és növénynevelés, valamint a földművelés gyakorlata mellett ismerték a szövés, a gyékényfonás minden csínját-bínját, valamint különböző kézműves mesterségeket, így a műveltség nevét adó jellegzetes AVK formanyelvet terjesztő fazekasságot folytattak. Az útra kelő családok a Kárpát-medencéből a túlnépesedés okán vitték tudásukat és az N1a1 AVK-FÉK génmotívumaikat Anatólián át Mezopotámiába és az Indus völgyébe (1).

A DNS-vizsgálatok a rendszeres, egészséggel elfogyasztott nyerstejivás táplálékláncba kapcsolódását mutatják a 4000 éve szórványban, majd a népvándorlás korában egyre nagyobb



csapatokban visszaérkező szkíta < kelta < szarmata lótenyésztő rokonaink genomjában. A Kárpát-medencébe hullámokban visszatelepülő csikós-gulyás, lovaspásztor férfiak R1a motívuma társult a korábban gyalog oda vitt AVK-FÉK tudását terjesztő N1a1 felmenőkeihez. Az AVK-FÉK génmintázatához lazábban kapcsolható, R1b a Kárpát-medencét

nagyívben elkerülve, északabbra, a lengyel síkságon át az Atlanti óceánig hatolt és az ott a jégkorszak óta élő rokonainkkal keveredett el.

A véres területvitákra, a betelepülő lakosság összeférhetlenségére utaló jelek hiányából arra következtethetünk, hogy még a helyi háborúk, a 4000 éve folyamatosan



szálláshelyért folyamodó nagyállattartó csikós és gulyás zömében fiatal férfiakból álló csoportokkal is jó, sőt baráti viszony alakulhatott ki a végleges letelepedést támogatva. Ahogyan a szkíták < kelták < szarmaták a IV. században érkező hunok/avarok akár néhány nemzedék alatt egy háztartásba kerülhettek az őslakosokkal. A népvándorláskorabeli „hunüstökben” főztek, együtt étkeztek a „megszállókkal”. A „marhapörköltet” meghonosítva az itt korábban főleg gabonából sült kenyéren, „grillezett

zöldségeken” és más nemesített kultúrnövényeken (pl. köles, alakor stb.), és egyéb

jégkorszaki, a ház körül termesztett fajtákban gazdag étrenden élő őslakosok „hirtelen” húsban jóval gazdagabb étrendre tértek át, gazdagítva a táplálékláncukat.

A friss, köztük a stroncium stabilizotóp vizsgálatok megerősítik, hogy a helyben, jégkorszakokon át, vadász-gyűjtögető, és a végleg letelepedett AVK-FÉK őslakosok és a mindenkori visszatelepedők évezredekken át jól megértették egymást, és a frissen érkezőket befogadták a családjaikba, nemzetségeikbe kitöltve főleg már gyéren lakott, de vízben gazdag árterületeket (43-48). Hasonló asszimilációs sebesség gyökeresen más szocializációs népekkel pl. romákkal máig elképzelhetetlen pedig számos fölzárkóztatási kísérlet volt erre (49).

Többek között, a 7-8 ezeréves, maguk közül „jogarhordozót választó”, helyhez kötött, a közbirtokosság, és a KÖZJÓ elvont fogalmát ismerő faluközösségek máig példaértékűek a tanyagazdaságok létesítéséhez. A megállapodott, a magukat helyben újratermelő életmód időt szabadított föl anyanyelvük folytonos tökéletesítésére, kifejezőkészségük, szólásaik gyarapítására, és máig élő FÉK-hagyományaink, tánc-dal-ritmus, egyben mozgáskultúránk, formanyelvünk megőrzésére és műveltségünk folyamatos érték álló gazdagítására (7,42,50,51).

Anyanyelvünk ragasztó, szóösszetételek képzésére alkalmas nyelvtechnológiája, a jelenleg hivatalosan hangoztatottnál sokkal korábban, az AVK-FÉK itteni csúcspontján, 7500 évvel ezelőtt már kialakult hettita lehetett. A szavak gyök-ragasztó képzése, és abból a mondanivaló nyelvtani szabályok szerinti szerkesztése csak a letelepedett, a helyben tudásmegosztással élő nemzedékek között gyorsulhatott fel eléggé, amilyenek legjobb tudásunk szerint az utolsó jégkorszakot követő AVK-FÉK közösségek voltak a Kárpát-medencében és a „termékeny-félhold” családostól gyalog bejárt területein. A máig használt szókezdő gyökeink már akkor is működtek amikor a világ az anyanyelvünkben máig tovább élő, élő kövületként megmaradt agglutináló „ugrik” egyik ágát a „hettitát” beszélte.

A nap útját követő hit- és zenevilágunk, műveltségünk, észjárásunk, és máig folytonosan nemesedő tudásunk nem kérdéses, hogy a jégkorszakokon átívelő genetikai folytonosságunk a Kárpát-medence lakottságának, mellérendelő önazonosságot valló, önszervező, maguk közül visszahívható élenjárót választani tudó téridő-folytonosságot megvalósító közösségeink gazdálkodásának következménye. Ezt tükrözi formanyelvünk, néprajzunk, ma élő adatközlőink módszeres gyűjtése, és a korábbiak folyamatos feldolgozása (pl. Kodály, Bartók, Agócs), akik áldozatos munkát végezve az ismert nehézségek ellenére vagy 100 éve megjelentek a terepen. Az audiovizuális népzene rögzítés, és így a népek dalainak számítógépes összehasonlító elemzése, akár csak az archeogenetikai DNS-olvasatok térképezhetővé váltak.

A mesterfogásokkal átadható családi gazdálkodási és műveltségi hagyományok valamint az ezzel társult közösségi életforma, és annak szabályait megtartó, de folyton megújuló, gazdagító, közös ügyeiket egymással egy beszédterben alakítani képes AVK-FÉK népeiségek államalkotó erővé álltak össze. Az együttműködés íratlan szabályai, a „KÖZJÓ” fogalma, és általában az elvont gondolkodás tárgyi bizonyítékai és gyakorlata az utolsó jégkorszak után, de legalább 8000 évvel ezelőtt, a jogarhordozói méltóság megjelenéséhez vezetett.

A környező népekéitől gyökeresen eltérő, az ősiségét megőrző ragozó nyelvünk mélyrétegeinek gyök- és szókészletének megismerése alapján (Czuczor Gergely, Fogarasi János 1862 gyökszótár - <http://osnyelv.hu/czuczor/>) jogosan feltételezhetjük, hogy a mai magyar nyelv millió éves téridő mélységben itt Európa szívében a Kárpát-medencében fejlődött ki „HANGFOGLALÁS-sal” - egyszerű hangokból, évezredekkel a finn-ugornak tartott „nép” Ural hegység körüli állítólagos megjelenése előtt. A korábbi hirtelen, úgymond „honfoglalásos” megjelenésünkről évszázadokig terjengő legendák leváltására DNS-bizonyítékokkal alátámasztott magyarságkutatásába kezdtünk a korábbi Nyelvstratégiai

Intézet Magyarország Kutató Intézetbe olvasztásával (2019-01-01). A folytonos őstörténetünket a genomtechnológiák rohamos fejlődése, és a számítógépes természetes- és DNS-nyelvészet összehasonlító algoritmusainak egyre tökéletesebb változatai is támogatják. Ezzel a Kárpát-medence ősiségének, genetikai folytonosságának egyre több és naprakész perdöntő DNS-bizonyítékait tárhatjuk a világ tudományossága elé, amely a vonatkozó szakirodalom adatbázisba töltésével elvezethet a meta-adatok sokoldalú visszakereshetőségéhez és a várva-várt interdiszciplináris szintézishez.

Összefoglalva: A magyar DNS-elemző bioinformatika szükségességéről

Az eddig napvilágra került DNS-szövegek kikövetelik az alaposabb, a most már több genetikai laborban folyó vizsgálatok eredményeinek áttekintését és szintézisét. Az első 1000 emberi genom 2000-től megindult rendszerezett vizsgálata napjainkig 100 ezerre nőtt, és számos új archeogenetikai felfedezést eredményezett, amely jelentősen pontosítja, illetve teljességgel felülírja a Kárpát-medence őstörténetéről felállított korábbi hipotéziseket, köztük nyelvünk eredetét. A máig változatlanul agglutináló nyelvtechnológiával működő anyanyelvünk törzsfejlődése valószínűsíti, hogy az UGOR-családfa egyik ágából, a HETTITA-ból alakult ki. A bioinformatikai tudásunk folyamatos bővítésével elvégezhető új szintézis igényli a legújabb DNS-olvasási technológiák laboratóriumi honosítását. A korábban prof. Raskó Istvánék által megkezdett mtDNS-olvasási módszertan (21) továbbfejlesztését teljes emberi genomszintre. Kívánatos egyben a jelenleginél (30) jóval nagyobb áteresztőképességű és felbontású hazai DNS-olvasó kapacitás bővítése, valamint a magyar genom-laboratóriumok hálózatának megalapítása, de ehhez szükségessé válik a bioinformatikai kurátorképzés mielőbbi egyetemi tanrendbe állítása, molekuláris biológusok tömeges képzése.

Hivatkozások

1. Fernandez, E., Perez-Perez, A., Gamba, C., Prats, E., Cuesta, P., Anfruns, J., Molist, M., Arroyo-Pardo, E., and Turbon, D. (2014) *PLoS Genet* **10**, e1004401
2. Gamba, C., Jones, E. R., Teasdale, M. D., McLaughlin, R. L., Gonzalez-Fortes, G., Mattiangeli, V., Domboroczki, L., Kovari, I., Pap, I., Anders, A., Whittle, A., Dani, J., Raczky, P., Higham, T. F., Hofreiter, M., Bradley, D. G., and Pinhasi, R. (2014) *Nat Commun* **5**, 5257
3. Ingram, C. J., Mulcare, C. A., Itan, Y., Thomas, M. G., and Swallow, D. M. (2009) *Hum Genet* **124**, 579-591
4. Itan, Y., Powell, A., Beaumont, M. A., Burger, J., and Thomas, M. G. (2009) *PLoS Comput Biol* **5**, e1000491
5. Beleza, S., Santos, A. M., McEvoy, B., Alves, I., Martinho, C., Cameron, E., Shriver, M. D., Parra, E. J., and Rocha, J. (2012) *Mol Biol Evol* **30**, 24-35
6. Candille, S. I., Absher, D. M., Beleza, S., Bauchet, M., McEvoy, B., Garrison, N. A., Li, J. Z., Myers, R. M., Barsh, G. S., Tang, H., and Shriver, M. D. (2012) *PLoS One* **7**, e48294
7. Haak, W., Balanovsky, O., Sanchez, J. J., Koshel, S., Zaporozhchenko, V., Adler, C. J., Der Sarkissian, C. S., Brandt, G., Schwarz, C., Nicklisch, N., Dresely, V., Fritsch, B., Balanovska, E., Villems, R., Meller, H., Alt, K. W., and Cooper, A. (2010) *PLoS biology* **8**, e1000536
8. Juras, A., Chylenski, M., Krenz-Niedbala, M., Malmstrom, H., Ehler, E., Pospieszny, L., Lukasik, S., Bednarczyk, J., Piontek, J., Jakobsson, M., and Dabert, M. (2017) *Forensic science international. Genetics* **26**, 30-39

9. Szecsenyi-Nagy, A., Brandt, G., Haak, W., Keerl, V., Jakucs, J., Moller-Rieker, S., Kohler, K., Mende, B. G., Oross, K., Marton, T., Osztas, A., Kiss, V., Fecher, M., Palfi, G., Molnar, E., Sebok, K., Czene, A., Paluch, T., Slaus, M., Novak, M., Pecina-Slaus, N., Osz, B., Voicsek, V., Somogyi, K., Toth, G., Kromer, B., Banffy, E., and Alt, K. W. (2015) *Proceedings. Biological sciences* **282**
10. Luxwolda, M. F., Kuipers, R. S., Kema, I. P., Dijck-Brouwer, D. A., and Muskiet, F. A. (2012) *Br J Nutr* **108**, 1557-1561
11. Luxwolda, M. F., Kuipers, R. S., Kema, I. P., van der Veer, E., Dijck-Brouwer, D. A., and Muskiet, F. A. (2012) *Eur J Nutr* **52**, 1115-1125
12. Holick, M. F. (2014) *Exp Dermatol* **23**, 391-392
13. Neer, R. M. (1975) *Am J Phys Anthropol* **43**, 409-416
14. Slominski, A., and Postlethwaite, A. E. (2014) *Endocrinology* **156**, 1-4
15. Wasiewicz, T., Szyszka, P., Cichorek, M., Janjetovic, Z., Tuckey, R. C., Slominski, A. T., and Zmijewski, M. A. (2015) *Int J Mol Sci* **16**, 6645-6667
16. Garlowska, E. (2001) *Z Morphol Anthropol* **83**, 43-57
17. Kruttli, A., Bouwman, A., Akgul, G., Della Casa, P., Ruhli, F., and Warinner, C. (2014) *PLoS One* **9**, e86251
18. Plantinga, T. S., Alonso, S., Izagirre, N., Hervella, M., Fregel, R., van der Meer, J. W., Netea, M. G., and de la Rúa, C. (2012) *Eur J Hum Genet* **20**, 778-782
19. Morley, J. E. (2014) *Nat Rev Neurol* **10**, 613-614
20. Schlogl, M., and Holick, M. F. (2014) *Clin Interv Aging* **9**, 559-568
21. Claes, P., Liberton, D. K., Daniels, K., Rosana, K. M., Quillen, E. E., Pearson, L. N., McEvoy, B., Bauchet, M., Zaidi, A. A., Yao, W., Tang, H., Barsh, G. S., Absher, D. M., Puts, D. A., Rocha, J., Beleza, S., Pereira, R. W., Baynam, G., Suetens, P., Vandermeulen, D., Wagner, J. K., Boster, J. S., and Shriver, M. D. (2014) *PLoS Genet* **10**, e1004224
22. Le Cabec, A., Dean, M. C., and Begun, D. R. (2017) *J Hum Evol* **108**, 161-175
23. Deane, A. S., Nargolwalla, M. C., Kordos, L., and Begun, D. R. (2013) *J Hum Evol* **65**, 704-714
24. Begun, D. R. (2003) *Scientific American* **289**, 74-83
25. Sabeti, P. C., Varilly, P., Fry, B., Lohmueller, J., Hostetter, E., Cotsapas, C., Xie, X., Byrne, E. H., McCarroll, S. A., Gaudet, R., Schaffner, S. F., Lander, E. S., Frazer, K. A., Ballinger, D. G., Cox, D. R., Hinds, D. A., Stuve, L. L., Gibbs, R. A., Belmont, J. W., Boudreau, A., Hardenbol, P., Leal, S. M., Pasternak, S., Wheeler, D. A., Willis, T. D., Yu, F., Yang, H., Zeng, C., Gao, Y., Hu, H., Hu, W., Li, C., Lin, W., Liu, S., Pan, H., Tang, X., Wang, J., Wang, W., Yu, J., Zhang, B., Zhang, Q., Zhao, H., Zhou, J., Gabriel, S. B., Barry, R., Blumenstiel, B., Camargo, A., Defelice, M., Faggart, M., Goyette, M., Gupta, S., Moore, J., Nguyen, H., Onofrio, R. C., Parkin, M., Roy, J., Stahl, E., Winchester, E., Ziaugra, L., Altshuler, D., Shen, Y., Yao, Z., Huang, W., Chu, X., He, Y., Jin, L., Liu, Y., Sun, W., Wang, H., Wang, Y., Xiong, X., Xu, L., Wayne, M. M., Tsui, S. K., Xue, H., Wong, J. T., Galver, L. M., Fan, J. B., Gunderson, K., Murray, S. S., Oliphant, A. R., Chee, M. S., Montpetit, A., Chagnon, F., Ferretti, V., Leboeuf, M., Olivier, J. F., Phillips, M. S., Roumy, S., Sallee, C., Verner, A., Hudson, T. J., Kwok, P. Y., Cai, D., Koboldt, D. C., Miller, R. D., Pawlikowska, L., Taillon-Miller, P., Xiao, M., Tsui, L. C., Mak, W., Song, Y. Q., Tam, P. K., Nakamura, Y., Kawaguchi, T., Kitamoto, T., Morizono, T., Nagashima, A., Ohnishi, Y., Sekine, A., Tanaka, T., Tsunoda, T., Deloukas, P., Bird, C. P., Delgado, M., Dermitzakis, E. T., Gwilliam, R., Hunt, S., Morrison, J., Powell, D., Stranger, B. E., Whittaker, P., Bentley, D. R., Daly, M. J., de Bakker, P. I., Barrett, J., Chretien, Y. R., Maller, J., McCarroll, S., Patterson, N., Pe'er, I., Price, A., Purcell, S., Richter, D. J.,

- Sabeti, P., Saxena, R., Sham, P. C., Stein, L. D., Krishnan, L., Smith, A. V., Tello-Ruiz, M. K., Thorisson, G. A., Chakravarti, A., Chen, P. E., Cutler, D. J., Kashuk, C. S., Lin, S., Abecasis, G. R., Guan, W., Li, Y., Munro, H. M., Qin, Z. S., Thomas, D. J., McVean, G., Auton, A., Bottolo, L., Cardin, N., Eyheramendy, S., Freeman, C., Marchini, J., Myers, S., Spencer, C., Stephens, M., Donnelly, P., Cardon, L. R., Clarke, G., Evans, D. M., Morris, A. P., Weir, B. S., Johnson, T. A., Mullikin, J. C., Sherry, S. T., Feolo, M., Skol, A., Zhang, H., Matsuda, I., Fukushima, Y., Macer, D. R., Suda, E., Rotimi, C. N., Adebamowo, C. A., Ajayi, I., Aniagwu, T., Marshall, P. A., Nkwodimmah, C., Royal, C. D., Leppert, M. F., Dixon, M., Peiffer, A., Qiu, R., Kent, A., Kato, K., Niikawa, N., Adewole, I. F., Knoppers, B. M., Foster, M. W., Clayton, E. W., Watkin, J., Muzny, D., Nazareth, L., Sodergren, E., Weinstock, G. M., Yakub, I., Birren, B. W., Wilson, R. K., Fulton, L. L., Rogers, J., Burton, J., Carter, N. P., Clee, C. M., Griffiths, M., Jones, M. C., McLay, K., Plumb, R. W., Ross, M. T., Sims, S. K., Willey, D. L., Chen, Z., Han, H., Kang, L., Godbout, M., Wallenburg, J. C., L'Archeveque, P., Bellemare, G., Saeki, K., An, D., Fu, H., Li, Q., Wang, Z., Wang, R., Holden, A. L., Brooks, L. D., McEwen, J. E., Guyer, M. S., Wang, V. O., Peterson, J. L., Shi, M., Spiegel, J., Sung, L. M., Zacharia, L. F., Collins, F. S., Kennedy, K., Jamieson, R., and Stewart, J. (2007) *Nature* **449**, 913-918
26. Yu, F., Hill, R. S., Schaffner, S. F., Sabeti, P. C., Wang, E. T., Mignault, A. A., Ferland, R. J., Moyzis, R. K., Walsh, C. A., and Reich, D. (2007) *Science* **316**, 370
 27. Ryan, T. M., Silcox, M. T., Walker, A., Mao, X., Begun, D. R., Benefit, B. R., Gingerich, P. D., Kohler, M., Kordos, L., McCrossin, M. L., Moya-Sola, S., Sanders, W. J., Seiffert, E. R., Simons, E., Zalmout, I. S., and Spoor, F. (2012) *Proceedings. Biological sciences* **279**, 3467-3475
 28. Begun, D. R., Nargolwalla, M. C., and Kordos, L. (2012) *Evolutionary anthropology* **21**, 10-23
 29. Wolpoff, M. H. (1977) *Am J Phys Anthropol* **47**, 357-363
 30. Neparaczki, E., Kocsy, K., Toth, G. E., Maroti, Z., Kalmar, T., Bihari, P., Nagy, I., Palfi, G., Molnar, E., Rasko, I., and Torok, T. (2017) *PLoS One* **12**, e0174886
 31. Neparaczki, E., Juhasz, Z., Pamjav, H., Feher, T., Csanyi, B., Zink, A., Maixner, F., Palfi, G., Molnar, E., Pap, I., Kustar, A., Revesz, L., Rasko, I., and Torok, T. (2016) *Molecular genetics and genomics : MGG*
 32. Olasz, J., Seidenberg, V., Hummel, S., Szentirmay, Z., Szabados, G., Meleg, B., and Kásler, m. (2018) *Archaeol. Anthropologic. Sci.*
 33. Semino, O., Passarino, G., Quintana-Murci, L., Liu, A., Beres, J., Czeizel, A., and Santachiara-Benerecetti, A. S. (2000) *Eur J Hum Genet* **8**, 339-346
 34. Neparaczki, E., Juhasz, Z., Pamjav, H., Feher, T., Csanyi, B., Zink, A., Maixner, F., Palfi, G., Molnar, E., Pap, I., Kustar, A., Revesz, L., Rasko, I., and Torok, T. (2017) *Molecular genetics and genomics : MGG* **292**, 201-214
 35. Neparaczki, E., Maroti, Z., Kalmar, T., Kocsy, K., Maar, K., Bihari, P., Nagy, I., Fothi, E., Pap, I., Kustar, A., Palfi, G., Rasko, I., Zink, A., and Torok, T. (2018) *PLoS One* **13**, e0208295
 36. Neparaczki, E., Maroti, Z., Kalmar, T., Kocsy, K., Maar, K., Bihari, P., Nagy, I., Fothi, E., Pap, I., Kustar, A., Palfi, G., Rasko, I., Zink, A., and Torok, T. (2018) *PLoS One* **13**, e0205920
 37. 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., and Underhill, P. A. (2000) *Science* **290**, 1155-1159

38. Nagy, D., Tomory, G., Csanyi, B., Bogacsi-Szabo, E., Czibula, A., Priskin, K., Bede, O., Bartosiewicz, L., Downes, C. S., and Rasko, I. (2011) *Am J Phys Anthropol* **145**, 262-269
39. Csanyi, B., Bogacsi-Szabo, E., Tomory, G., Czibula, A., Priskin, K., Csoz, A., Mende, B., Lango, P., Csete, K., Zsolnai, A., Conant, E. K., Downes, C. S., and Rasko, I. (2008) *Annals of human genetics* **72**, 519-534
40. de Barros Damgaard, P., Martiniano, R., Kamm, J., Moreno-Mayar, J. V., Kroonen, G., Peyrot, M., Barjamovic, G., Rasmussen, S., Zacho, C., Baimukhanov, N., Zaibert, V., Merz, V., Biddanda, A., Merz, I., Loman, V., Evdokimov, V., Usmanova, E., Hemphill, B., Seguin-Orlando, A., Yediay, F. E., Ullah, I., Sjogren, K. G., Iversen, K. H., Choin, J., de la Fuente, C., Ilardo, M., Schroeder, H., Moiseyev, V., Gromov, A., Polyakov, A., Omura, S., Senyurt, S. Y., Ahmad, H., McKenzie, C., Margaryan, A., Hameed, A., Samad, A., Gul, N., Khokhar, M. H., Goriunova, O. I., Bazaliiskii, V. I., Novembre, J., Weber, A. W., Orlando, L., Allentoft, M. E., Nielsen, R., Kristiansen, K., Sikora, M., Outram, A. K., Durbin, R., and Willerslev, E. (2018) *Science* **360**
41. Murphy, E., and Benitez-Burraco, A. (2018) *Journal of anthropological sciences = Rivista di antropologia : JASS* **96**
42. Witas, H. W., Ploszaj, T., Jedrychowska-Danska, K., Witas, P. J., Maslowska, A., Jerszynska, B., Kozlowski, T., and Osipowicz, G. (2015) *PLoS One* **10**, e0122384
43. Krzewinska, M., Kjellstrom, A., Gunther, T., Hedenstierna-Jonson, C., Zachrisson, T., Omrak, A., Yaka, R., Kilinc, G. M., Somel, M., Sobrado, V., Evans, J., Knipper, C., Jakobsson, M., Stora, J., and Gotherstrom, A. (2018) *Curr Biol* **28**, 2730-2738 e2710
44. Amorim, C. E. G., Vai, S., Posth, C., Modi, A., Koncz, I., Hakenbeck, S., La Rocca, M. C., Mende, B., Bobo, D., Pohl, W., Baricco, L. P., Bedini, E., Francalacci, P., Giostra, C., Vida, T., Winger, D., von Freedden, U., Ghirotto, S., Lari, M., Barbujani, G., Krause, J., Caramelli, D., Geary, P. J., and Veeramah, K. R. (2018) *Nat Commun* **9**, 3547
45. Hakenbeck, S. E., Evans, J., Chapman, H., and Fothi, E. (2017) *PLoS One* **12**, e0173079
46. Scheeres, M., Knipper, C., Hauschild, M., Schonfelder, M., Siebel, W., Pare, C., and Alt, K. W. (2014) *Am J Phys Anthropol* **155**, 496-512
47. Wahl, J., and Price, T. D. (2013) *Anthropologischer Anzeiger; Bericht uber die biologisch-anthropologische Literatur* **70**, 289-307
48. Hakenbeck, S., McManus, E., Geisler, H., Grupe, G., and O'Connell, T. (2010) *Am J Phys Anthropol* **143**, 235-249
49. Martinez-Cruz, B., Mendizabal, I., Harmant, C., de Pablo, R., Ioana, M., Angelicheva, D., Kouvatzi, A., Makukh, H., Netea, M. G., Pamjav, H., Zalan, A., Tournev, I., Marushiakova, E., Popov, V., Bertranpetit, J., Kalaydjieva, L., Quintana-Murci, L., and Comas, D. (2016) *Eur J Hum Genet* **24**, 937-943
50. Jakucs, J., Banffy, E., Oross, K., Voicsek, V., Bronk Ramsey, C., Dunbar, E., Kromer, B., Bayliss, A., Hofmann, D., Marshall, P., and Whittle, A. (2016) *Journal of world prehistory* **29**, 267-336
51. Olalde, I., Schroeder, H., Sandoval-Velasco, M., Vinner, L., Lobon, I., Ramirez, O., Civit, S., Garcia Borja, P., Salazar-Garcia, D. C., Talamo, S., Maria Fullola, J., Xavier Oms, F., Pedro, M., Martinez, P., Sanz, M., Daura, J., Zilhao, J., Marques-Bonet, T., Gilbert, M. T., and Lalueza-Fox, C. (2015) *Molecular biology and evolution*