


REDAKTIONELLE BEARBEITUNG:  
MIKLÓS KÁSLER UND ZOLTÁN SZENTIRMAY



# IDENTIFIZIERUNG DER SKELETTE VON ANGEHÖRIGEN DES ARPADENHAUSES IN DER MATTHIASKIRCHE

Unter Verwendung von historischen, archäologischen, anthropologischen, radiologischen, morphologischen, Radiokarbondatierungs- und genetischen Daten



FORSCHUNGSINSTITUT  
FÜR HUNGAROLOGIE

**IDENTIFIZIERUNG DER  
SKELETTE VON ANGEHÖRIGEN DES  
ARPADENHAUSES IN DER MATTHIASKIRCHE**



**IDENTIFIZIERUNG DER  
SKELETTE VON  
ANGEHÖRIGEN DES  
ARPADENHAUSES IN DER  
MATTHIASKIRCHE**

Unter Verwendung von historischen, archäologischen,  
anthropologischen, radiologischen, morphologischen,  
Radiokarbondatierungs- und genetischen Daten

**REDAKTIONELLE BEARBEITUNG:  
MIKLÓS KÁSLER - ZOLTÁN SZENTIRMAY**



Forschungsinstitut für Hungarologie  
Budapest, 2021

© Autoren, 2019

© Redakteure, 2019

ISBN 978-615-6117-23-6

Umschlaggestaltung: Marmorsarkophage von Béla III. und Anna von  
Antiochia in der Matthiaskirche in der Burg von Buda

(Foto: László Bárdossy)

# INHALTSVERZEICHNIS

<b>Vorwort</b> .....	7
<b>Vorwort der Redakteure</b> .....	23
<b>An den Untersuchungen beteiligte Forscher und ihre Tätigkeit</b> . . . .	29
<b>1. KAPITEL</b> – Öffnen und Verschluss der Sarkophage in der Matthiaskirche. ....	33
<b>2. KAPITEL</b> – Historischer Hintergrund .....	39
<b>3. KAPITEL</b> – Archäologische, anthropologische und radiologische Daten .....	63
<b>4. KAPITEL</b> – Paläopathologische Untersuchungen .....	103
<b>5. KAPITEL</b> – Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode . . .	113
<b>6. KAPITEL</b> – Morphologische Untersuchung der Knochenstrukturen. ....	115
<b>7. KAPITEL</b> – Genetische Untersuchungen .....	121
<b>8. KAPITEL</b> – PCR- und NGS-Tests .....	165
<b>9. KAPITEL</b> – Statistische und genetische Untersuchungen zu Identifikationszwecken. ....	183
<b>10. KAPITEL</b> – Individuelle Identifizierung der Skelette .....	203
<b>11. KAPITEL</b> – Zusammenfassung .....	223
<b>Nachwort</b> .....	233
<b>Glossar</b> .....	237
<b>Getestete Knochenproben und Methoden</b> .....	247
<b>Literatur</b> .....	261



# VORWORT

Über unsere Gegenwart und Zukunft, die in längst vergangenen Zeiten begann.

In meiner Kindheit verstand ich nie die Dualität zwischen dem, was sich aus den Erzählungen unserer Eltern, aus Romanen, Sagen bzw. unserer Kultur nährte und dem Geschichtsunterricht in der Schule, der den Großteil des oben Genannten bestritt oder anders darlegte. Im Laufe der Jahre entdeckte ich zahlreiche Gegensätze und Mängel, die keine Lösung in dieser Dualität fanden.

Auf den Ursprung meiner Familie zurückblickend, die ich 500 Jahre zurückverfolgen kann, fand ich es eigenartig, dass die Arpaden, die eine der bedeutendsten, talentiertesten und mächtigsten Dynastien Europas waren, ihren Ursprung, ihre Herkunft und ihre Vorfahren nicht oder nicht richtig gekannt hätten. 800 Jahre lang hatte niemand die Abstammung der Dynastie von Attila und die skythisch, hunnische Abstammung des ungarischen Volkes bestritten. Und ich verstand auch nicht, warum sich in einer christlichen Welt die Nation der Heiligen Könige auf einen heidnischen Ahnen berief, sofern dieser heidnische Vorfahre seinem Volk oder den von ihm geführten Völkern, eventuell Europa oder aber der ganzen Welt nicht etwas ganz Besonderes gegeben hatte. Ich bekam keine befriedigende Erklärung dafür, warum man Atilla den Hammer der Welt („Malleus Orbis“) und Geißel Gottes („Flagellum Dei“) nannte. Ebenso dachte



ich mir, dass die Arpaden die Geschichte ihrer eigenen Familie nicht nur aus Sagengesängen und mündlichen Überlieferungen kannten, denn die Runenschrift, mit der man all das verewigen konnte, existierte ja bereits. Und ich konnte mir auch nicht erklären, warum die Landnahme praktisch ohne Blutvergießen, ohne bedeutende Zusammenstöße ablief. Ich verstand nicht, warum die wichtigste Schlacht der ungarischen Geschichte – die Schlacht von Preßburg, die den Erhalt der Nation sicherstellte – an der Militärakademie in West-Point und der Militärschule Saint-Cry gelehrt wird und warum hier in Ungarn an den Volksschulen nicht, wie ich es mir auch nicht erklären konnte, weshalb wir von den wenigstens 48 Schlachten der sog. „Ungarneinfälle“ nur die bei Riade und auf dem Lechfeld lernten. Und ich verstand auch nicht, warum das Frankenreich nach der Schlacht am Lechfeld nicht das Karpatenbecken angriff und das Christentum einführte. Otto tat dies mit jedem besiegten Land und Volk, wenn sein Sieg wirklich entscheidend war, denn in der damaligen Zeit war es allgemein verpflichtend, dass das Machtvakuum – sofern eines entsteht – von der siegreichen Macht ausgefüllt wird.

Ich verstand nicht, was es bedeutet, dass der größeren Legende von Hartvik zufolge der Nachfolger des Heiligen Petrus Stephan den Heiligen in den Rang eines apostolischen Königs erhob, während der Papst – also er selbst – apostolisch bleibt. Genauso verstand ich es nicht genau, warum die Widmung des Heiligen Stephans notwendig war. Bei der Widmung geht es außerdem nicht um die Heilige Maria als „Patrona Hungariae“, sondern als „Regine Hungariae“, also um die Königin des Himmels und zugleich oder dadurch auch um die Königin von Ungarn. Ich empfand die Entwicklung der Lehre von der Heiligen Stephanskrone, von der man kaum etwas hören konnte,

als mystisch. Ich verstand nicht, warum niemand von der Lehre der Heiligen Stephanskrone sprach, deren Sinn die einzigartige Verbindung der spirituellen und der irdischen Welt, die Verhältnismäßigkeit der damals unbekanntenen Gewaltenteilung und der theoretische Grundstein der einzigartigen ungarischen Rechtsentwicklung ist. Ich verstand nicht, auf welcher Basis der ungarische König, der ein apostolischer König war, ein kirchliches Konzil einberief und wie er kirchliche Gesetze erlassen konnte, wie es Ladislaus der Heilige beim Konzil von Pannonhalma und Szabolcs oder später Sigismund von Luxemburg zwischen 1414 und 1418 unter drei amtierenden Päpsten in Konstanz tat.

Es war nicht ganz klar, wie es sein kann, dass in der Ungarischen Bilderchronik unter dem Bild, das die Blendung von Vazul zeigt, Stephan der Heilige im Bett liegend die Söhne von Vazul segnet. Und es war auch nicht eindeutig, wie es sein kann, dass die heidnischen Aufständischen die drei Söhne von Vazul zurückriefen, von denen man bei zwei ganz genau wusste, dass sie eine gläubige Erziehung bzw. christliche Ehen geschlossen hatten und den Glauben praktizierten, die später nach ihrer Heimkehr ohne jeden Widerstand das Land konsolidierten. War das ein Heidenaufstand? Wurde die Willkür der „Italiener“ gerächt? Oder beides? Es war mir nicht klar, warum und wie Emmerich der Heilige starb, der über die weibliche Linie – durch seine Mutter Gisela – genauso Erbe der ausgestorbenen sächsischen Dynastie war, wie der den Thron einnehmende Konrad II. aus dem Geschlecht der Salier. War es ein unheimlicher Zufall, dass Konrad 1030 das Land angriff und von den Ungarn, wahrscheinlich unter Führung von Emmerich dem Heiligen, entscheidend zurückgeschlagen wurde und Emmerich kurz darauf starb. Oder wurde er ermordet?

Ich verstand die offizielle Begründung nicht, weshalb die Mongolen das Gebiet des Königreichs Ungarn verlassen hatten. Die Erklärung war, dass sich Batu Khan zur Wahl des Großkhans nach Karakorum zurückzog. Das Argument ist nicht fundiert genug, da wir aus der Geheimen Geschichte der Mongolen wissen, dass die Herkunft des ältesten Sohns von Dschingis Khan, Dschötschi, zweifelhaft war, weshalb sich dessen Sohn Batu Khan nicht um die Würde des Großkhans bewerben durfte. Wir wissen, dass die Stammesversammlung zur Wahl des Großkhans, für die sich Batu Khan im Jahre 1242 zurückgezogen hatte, erst acht Jahre später abgehalten wurde. Innerhalb von acht Jahren hätte er oftmals zurückkehren können.

Gleichzeitig konnten die Mongolen 8 Monate lang die Donau nicht überqueren, da die ungarischen Kräfte sie daran hinderten und sie mehrere ungarische Befestigungsanlagen nicht einnehmen konnten. Ein weiterer interessanter Aspekt ist der, dass nach dem Auszug 1242 im Zuge des Programms von Béla IV. zum Bau von Burgen die Mehrzahl der Burgen nicht im Osten zur Abwehr der angenommenen Gefahr durch die Tataren, sondern entlang der westlichen Grenze gebaut wurde. Es ist auch sonderbar, wie es sein kann, dass sich der König des „komplett zerschlagenen“ ungarischen Königreichs, Béla IV., innerhalb eines Jahres die ihm abgenommenen westlichen Komitate vom letzten Babenberger zurückholt. Wir lernten auch nicht wirklich etwas darüber, dass Ladislaus der Kumane 1285 in der Nähe des Karpatenkamms die zum zweiten Tatareneinfall aufbrechenden mongolischen Truppen besiegte, wie es auch aus den Geschichtsbüchern verschwand, dass Endre Lackfi 1345 auch den dritten Tatareneinfall brutal niederschlug. Später erfuhr ich, dass in der Erinnerung der Mongolen die westliche Expansion in Ungarn zum Stehen kam

und das Schicksal der im Entstehen begriffenen mongolischen Nation verändert hat.

Ich verstand nicht, wie es sein kann, dass über 800 Jahre hindurch jeder, unsere Heiligen Könige, die weiblichen Zweige des Arpadenhauses und später auch die Habsburger, die westlichen und italienischen Bücher aus dem 17. Jahrhundert, aber auch davor die damaligen Araber und Byzantiner ohne Ausnahme – in Übereinstimmung mit den ungarischen Chroniken – wussten, dass die Ungarn und auch ihre Dynastie skythisch-hunnisch-türkisch-awarischer Herkunft sind. So wussten und schrieben es unsere größten Führer wie Matthias und Zrínyi, Dichter wie Mihály Vörösmarty, János Arany und eigentlich jeder. Dennoch erscheint nach 1850 eine doppelte Herkunftstheorie. Die eine war die finnougriische Sprachverwandtschaft, aus der man auch die ethnische Verwandtschaft ableitete, die andere die Frage der Türk-Verwandtschaft, und diese zwei Theorien streiten seit 160 Jahren so, dass aus dieser Diskussion die skythisch-hunnische Herkunft ganz weggelassen wurde. Ich verstand auch nicht, dass die Wissenschaftszweige, die sich in dieser Sache fundiert äußern konnten, wie die Geschichtswissenschaften, die Sprachwissenschaften, die Anthropologie und die Archäologie wie auch die Chroniken, die Volkskunst, die Volkskunstmotive und die Volksmusik die Ergebnisse der anderen Bereiche nicht berücksichtigen und anstatt einander zu ergänzen, oftmals die Ergebnisse der anderen unterschätzen, ja häufig niedermachen. Neben alledem verstand ich auch nicht, zu welchem Zweck die Neuinterpretation und das mehrfache Umschreiben unserer, die ungarische Mentalität und den unermesslichen Freiheitswunsch widerspiegelnden Geschichte erfolgte. Trotz alledem nutzte ich meine Teilnahmen an Kongres-

sen, um die Krönungs- und Bestattungsorte aufzusuchen – St. Denis, Kathedrale von Reims, El Escorial, Kapuzinergruft, Wawel und ich könnte noch mehr aufzählen –, in welche die Söhne glücklicherer Nationen pilgern dürfen, um den Größen ihrer Geschichte ihre Hochachtung zu zollen. Es war ein unermesslicher Schmerz, dass wir zu unseren eigenen ruhmreichen Königen und Dynastien nicht pilgern konnten und können, da die Geschichte in sehr vielen Fällen ihre Pilgerstätten vernichtet hat. Mit großer Trauer musste ich die momentane Situation und das traurige Schicksal der Marienbasilika von Székesfehérvár mitansehen und wartete immer darauf, dass man dort einen nationalen Pilgerort errichtet, damit wir dorthin pilgern können, um unsere Hochachtung und unseren Dank zu entrichten.

Mein Leben entwickelte sich so, dass ich mich der Medizin zuwandte und mich innerhalb dieser mit der komplexesten Krankheitsgruppe, den Tumoren, beschäftigte. Ein glücklicher Umstand war, dass als Teil der onkologischen Diagnostik die molekulare Pathologie erschien, die auch die vererbte Substanz der Tumore, die DNA untersuchte, um Veränderungen in der DNA bestimmen zu können, die zu schwerwiegenden Tumorerkrankungen führen. Ein besonderes Geschenk des Schicksals war es auch, dass im Landesinstitut für Onkologie, das unter meiner Führung stand, die erste molekularpathologische Forschungsrichtung Mittelosteuropas entstand, die internationale Bedeutung hatte und mit der wir zahlreiche genetische Polymorphismen in der DNA von Tumoren beschreiben konnten. Ab 2010 gab es jährlich schon über 1000 molekulare Untersuchungen. Diese brandneue Wissenschaft musste wahrhaftig innovativ betrieben werden, denn man musste eine Lösung für sehr viele Probleme finden. In dieser Situation und inmitten dieser wiederkehrenden Ge-

föhle hörte ich in Klausenburg zusammen mit Professor Szentirmay einen Vortrag von Professor István Raskó über seine archäogenetischen Studien bezüglich der Zeit der Landnahme, bei denen sogar untersucht wurde, welche Pferde-DNA der DNA ungarischer Pferde aus der Zeit der Landnahme am nächsten steht. Dort sagte Professor Raskó, dass es turkmenische Pferde waren, die er als Rolls-Royce der damaligen Zeit bezeichnete. Es war ebenfalls ein Glücksfall, dass ich mir Professor Raskó angehört hatte, denn ich hätte auch etwas anderes machen können, doch da ich früher Student des Instituts für Mikrobiologie der Universität Szeged und Lehrassistent Raskó einer meiner Mentoren war, hatte ich mir diesen Vortrag aus Respekt angehört. Sein Vortrag löste in mir einen neuen Gedanken aus. Dieser Gedanke war, dass man angesichts der Fähigkeiten des Instituts versuchen sollte, die DNA der in Székesfehérvár gefundenen Knochen zu untersuchen und unsere dort bestatteten Könige zu identifizieren. Angesichts der Tatsache, dass Béla III. der einzige König war, dessen Identität angenommen werden konnte, ergab sich die Chance, aus seinem Skelett DNA zu gewinnen und alle männlichen Skelette des Arpadenhauses zu bestimmen und, wenn möglich, auch zu identifizieren, denn wenn wir die DNA von Béla III. bestimmen können, dann können wir aufgrund des sich nur über die Männer vererbenden DNA-Strangs im Y-Chromosom die DNA aller anderen Könige des Arpadenhauses und so vielleicht auch ihre Identität bestimmen. Ich dachte aber auch schon in dieser Phase daran, wie man die Identität der anderen Könige bestimmen könnte und begann zusammen mit Margit Földesi und später mit György Szabados die Genealogie des Arpadenhauses bzw. von dessen weiblichen Zweig sowie des Hunyadi- und des Zápolya-Hauses zusammenzustellen. Das wurde von

Balázs Holczmann außerordentlich unterstützt, der sich vollkommen unabhängig von uns mit denselben Fragen beschäftigte. Er arbeitete die Stammtafel der Könige bis ins kleinste Detail aus, suchte mich später per E-Mail auf und informierte mich. Ich nahm ihn mit großer Freude in das sich formierende Team auf, dessen Mitglieder von derselben Gefühlswelt gelenkt wurden und sich im Interesse höhere Ziele aus freien Stücken für dasselbe Ziel zusammenschlossen. Der nächste Schritt in diesem Prozess war, dass wir grundsätzlich feststellen mussten, ob wir überhaupt in der Lage sind, DNA aus uralten Knochen zu extrahieren und zu untersuchen. Professor Szentirmai hatte ein solches Verfahren erfolgreich an mittelalterlichen Knochen praktiziert und so nahmen wir die nächsten Schritte in der sicheren Kenntnis in Angriff, dass das hoffnungslos erscheinende Unterfangen mit hoher Wahrscheinlichkeit gelingen kann. Als nächstes reichte ich eine Bewerbung bei dem vom Gesichtspunkt der Archäologie wegweisenden Innenministerium ein und bat um finanzielle Unterstützung für den Start der Untersuchungen. Minister Sándor Pintér stellte uns 20 Millionen Forint bereit. Ich möchte hier festhalten, dass diese 20 Millionen Forint ausreichten, um die Arbeit der die Öffnung und Wiederherstellung der Krypten der Matthiaskirche professionell ausführenden Reneszánsz Kft. honorieren zu können bzw. die sich der Arbeit anschließenden ausländischen Forscher zu vergüten und deren Kosten zu erstatten. Die ungarischen Teilnehmer forderten für ihre Arbeit bis zum heutigen Tag keine finanzielle Gegenleistung und bekamen auch keine. Ich versuchte, alle die Personen zu versammeln, die motiviert waren. In das startende Team lud ich so die Archäologin Piroska Biczó und die Arbeitsgruppe Archäologie der Ungarischen Akademie der Wissenschaften unter der Führung von

Professor Elek Benkő ein, für dessen Arbeit ich mich auch hiermit bedanke. Im Projekt beauftragte er Balázs Mende mit der Teilnahme an den genetischen Arbeiten. Ebenso schloss sich auch Professor Béla Melegh dem Team an, der an der Entnahme der Knochen bzw. der Probenahme teilnahm und die ausländischen Teilnehmer einlud. Konkret ging es dabei um den international bekannten Lehrstuhl für Archäogenetik der Universität Göttingen, die Teilnahme einer anderen bedeutenden deutschen Forschungsstätte bzw. kam durch ihn nach der DNA-Bestimmung der uralten Knochen der über ungarische Wurzeln und eine ungarische Gesinnung verfügende und in Amerika lebende Péter Nagy in das Team, der sich nach den Anfangsstudien der DNA-Sequenzierung anschloss. Nach dem Beschaffen der finanziellen Mittel suchte ich Bischof Péter Erdő auf, der der Forschung außerordentlich großzügig und mit tiefem Engagement für die Wissenschaft sofort seine Unterstützung zusicherte und seine Zustimmung erteilte, dass wir die im 19. Jahrhundert aus Székesfehérvár hierher in die Matthiaskirche geholt und unter geeigneten Bedingungen platzierten Skelette entnehmen und von den Knochen Proben nehmen dürfen. Danach schlossen sich den Forschungen mit großer Begeisterung die Studentin von Professor Szenírmay, Erzsébet Csernok, und die Kollegin Judith Olasz an, die mit Erlaubnis ihrer Chefin, der Lehrerin Orsolya Csuka in ihrer Freizeit an dieser Arbeit teilnahm.

Der erste Schritt der Arbeit war, dass wir uns mit den Archäologen zusammensetzten, die Kenntnisse über die in der Matthiaskirche untergebrachten Knochen aus Székesfehérvár bzw. alle anderen im Ossarium beigesetzten Knochen hatten. Zwei der drei Archäologen, die am Gespräch teilnahmen, waren der Ansicht, dass unsere Arbeit



völlig hoffnungslos und unmöglich ist, da solche Versuche unter Teilnahme namhafter Forscher und in internationaler Kooperation bereits erfolgt und gescheitert waren.

Die Öffnung der Krypten erfolgte in der Matthiaskirche, nach den Gottesdiensten, in der Nacht. Die Reneszánsz Kft. öffnete die Krypta von Anna von Antiochia und ihrem Ehemann Béla III. professionell, aus der wir die in Metallkisten liegenden Skelette schon unter sterilen OP-Bedingungen entnahmen, sie in das sterilisierte Transportfahrzeug des Landesinstituts für Onkologie gaben und sie in den dafür vorbereiteten isolierten Operationssaal brachen. Die Probenahme nahmen wir unter sterilen OP-Bedingungen mit einer chirurgischen Säge vor, um die durch die Knochenbohrer verursachte Hitze und dadurch eine eventuelle weitere Degradation der uralten DNA zu vermeiden. Die Knochen wurden von uns natürlich mit Desinfektionswaschmittel und Wasserstoffperoxid gesäubert. Bei der Probenahme übernahm meine langjährige liebe Kollegin Éva Csorba die Rolle der Operationsfrau, während bei der Manipulation Professor Béla Melegh und Professor Zoltán Szentirmay assistierten. Dieselbe Prozedur wiederholten wir mit allen in der Unterkirche der Matthiaskirche aufgefundenen Skeletten und Knochen. Die Skelette brachten wir nach der Probenahme in einen möglichst ursprünglichen anatomischen Zustand zurück, transportierten sie ins Zentrum für Onkologische Bildgebung und Invasive Diagnostik des Instituts und fertigten von jedem einzelnen Knochen eine CT-Aufnahme an. Bei der Probenahme teilten wir die Proben, die 4-5 cm lang waren, in vier Teile auf. Einen Teil bekam das Archäologische Institut der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, zwei Teile Professor Béla Melegh, damit er diese den ausländischen Partnern übergibt, und eins blieb im Landes-

institut für Onkologie. Natürlich versahen wir allen Proben mit Codes und so wusste bei den weiteren Arbeiten niemand, welche Codes mit welchen Skelettproben übereinstimmen. Die Untersuchungen führten wir deswegen in mehreren Instituten durch, um nicht das Argument aufkommen zu lassen, dass dies nicht das Profil des Landesinstituts für Onkologie ist und dass es nicht darauf vorbereitet ist; Gott behüte – in Kenntnis der heimischen Verhältnisse –, dass das Institut das Ergebnis verfälscht. Von den vier Proben gab es an zwei Orten Ergebnisse. In der Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie des Johann-Friedrich-Blumenbach-Instituts für Zoologie und Anthropologie der Georg-August-Universität Göttingen und im Landesinstitut für Onkologie. An beiden Orten gelang es, die uralte DNA zu extrahieren und die entsprechende Marker-Untersuchung durchzuführen. Das Ergebnis der zwei Institute war praktisch gleich. So konnte die Authentizität und Bedeutung der Forschungsergebnisse nicht angezweifelt werden und wir konnten unser Ergebnis in einer niveaullollen europäischen Zeitschrift vorstellen. Die Arbeit war damit aber nicht beendet, denn der in der Zwischenzeit zu uns gestoßene Péter Nagy setzte mit einer anderen modernen Methode die Sequenzierung der Proben fort. Selbstverständlich mit derselben Arbeitsgruppe, die auch bis dahin an der Arbeit beteiligt war. Es erfüllte mich mit großer Freude, dass parallel dazu und ohne, dass wir voneinander wussten, Endre Neparáczki und Tibor Török populationsgenetische Studien an awarischen und aus der Zeit der Landnahme stammenden männlichen und weiblichen Skeletten durchgeführt hatten. Auch sie publizierten ihre Ergebnisse nach und nach, im Takt ihrer Arbeit in niveaullollen Zeitschriften, indem sie zuerst die mütterliche und später die väterliche Vererbung untersuchten.

Zu dieser Zeit änderte sich meine Situation und es öffnete sich für mich die Möglichkeit, zu versuchen, alle diese Forscher und Bestrebungen zusammenzuführen, die auf das ursprüngliche Ziel ausgerichtet waren. Meiner Anregung folgend gründete die Regierung Ungarns das Institut zur Erforschung des Ungarntums, dessen Programm schon vor seiner Bildung existierte, denn das war die Basis für die Entscheidung der Regierung. Dieses Institut fasst alle Wissenschaftszweige zusammen, die sachbezogene Daten zur Herkunft, zur früheren Geschichte bzw. zur späteren Geschichte des Ungarntums liefern konnten.

Ich bat Gábor Horváth-Lugossy, die Leitung des Instituts zu übernehmen, der mit unermesslichem Fleiß, Präzision und hochgradiger Intuition die elf Forschungsinstitute organisierte und von den Geschichtswissenschaften, der Volksmusik, der Kirchengeschichte und der Klassischen Philologie über die Archäologie und Anthropologie bis hin zur Archäogenetik im Stande ist, die Tätigkeit der verschiedenen relevanten Wissenschaftszweige zu leiten, zu erforschen und zu synthetisieren.

Der ursprüngliche Gedanke, die geeigneten und fähigen Forscher im Interesse eines Ziels zu sammeln, wurde mit dem Zustandekommen des Instituts zur Erforschung des Ungarntums institutionalisiert. Jetzt ist es meine Aufgabe, seinen Erhalt bzw. seine Funktionsfähigkeit, das Auswählen der Forschungsthemen sowie die Sicherstellung der vielfältigen Bedingungen der Forschungen zu unterstützen.

Im letzten Drittel der 2010-er Jahre begannen hoffnungsvolle Forschungen über die Populationsgenetik der Szekler und der Tschangos. Die Professoren Attila Miseta und Béla Melegh leiten die Untersuchungen. Nach erfolgreichen Verhandlungen wurde, nach-

dem Endre Neparáczki zu uns gestoßen war, auch diese Forschung im Rahmen des Instituts zur Erforschung des Ungarntums ins Profil aufgenommen.

Das Institut zur Erforschung des Ungarntums hat also eine Bedingung für seine Entstehung erfüllt, als es die Richtungen der archäogenetischen Forschungen umfasste und bündelte, die sich auf die Herkunft bzw. die geografische Lage des Ungarntums und deren Einordnung in die Chronologie beziehen.

Ein anderer weiterer Grund für die Bildung des Instituts zur Erforschung des Ungarntums bestand darin, die Arbeit der Nachbarwissenschaften zu koordinieren. In einem sehr kurzen Zeitraum von anderthalb Jahren bot sich die Möglichkeit, die Skelette aller in Székesfehérvár bestatteten ungarischen Könige zu bestimmen und unsere Forschungen zur Klassischen Philologie auf die Quellen auszuweiten. Auf der Tagesordnung stehen jetzt die Erkundigung der armenischen Kloster bzw. der schriftlichen mongolischen und der chinesischen Quellen, eine kritische Revision der Übersetzung der arabischen, lateinischen und griechischen Quellenfunde sowie die Ausweitung der archäologischen Ausgrabungen in Ungarn bzw. auf allen Gebieten, in denen die Ahnen des Arpadenhauses bzw. die um sie herum angesiedelten Völker in den vergangenen 4500 Jahren lebten.

Für mich war offensichtlich – und deshalb führten wir auch die Untersuchung von Béla III. durch –, dass die Dynastie ein Kristallisierungspunkt war, dem die umliegende Bevölkerung in Bezug auf die unterschiedlichsten Lebenstätigkeiten folgte und sich anzupassen versuchte. Eine weitere Aufgabe des Instituts zur Erforschung des Ungarntums ist die Deutung und Verfolgung der historischen

Beständigkeit von Theorien sowie der Veränderungen im Zuge der Geschichte des Ungarntums. Besonders hervorgehobene Bereiche sind das frühe Christentum in Ungarn, die Wirkungen aus Byzanz und Rom bzw. die Untersuchung der ungarischen Traditionen.

Die Mitarbeiter des Instituts zur Erforschung des Ungarntums verfügen nahezu ohne Ausnahmen über einen akademischen Grad. Es wird erwartet, dass sie ohne Vorurteil und streng aufgrund von wissenschaftlichen Grundsätzen arbeiten und ihre Ergebnisse in einer sowohl von Wissenschaftlern als auch allgemein verständlichen Sprache, in Ungarisch und auch in den Weltsprachen publizieren. Bei seinen Wanderungen traf das Ungarntum eindeutig auf finnougriechische Völkern, aber auch auf Turkvölker. Die neuesten Forschungsergebnisse betonen allerdings, dass die entscheidende politische, militärische und kulturelle Abstammung in der skythisch-hunnisch-awarisch-ungarischen Linie zu finden ist. Das Wahrscheinlichste der möglichen Vorstellungen mit wissenschaftlichen Methoden zu bestimmen, stellt nicht nur für das Institut zur Erforschung des Ungarntums, sondern für die gesamte ungarische Wissenschaft eine große Herausforderung dar. Für diese Bestrebungen stellte die ungarische Regierung nicht nur finanzielle Mittel bereit, sondern leistete über die Kultusministerien und Forschungsinstitute der Regierungen der betroffenen Gebiete auch diplomatische Hilfe.

„Am Anfang war das Wort“, der Gedanke. Die Forschung des Ursprungs des Ungarntums baute sich auch aus Gedanken auf, mit dem sicheren Wissen, dass man nicht auf alle der unbeantworteten Fragen eine Antwort finden kann.

Dieses Buch behandelt eine der ersten Schritte des Anfangsgedanken, geht aber weit darüber hinaus. Der Gedanke entfaltet und

erweiterte sich. Er ging darum, dass wir mit wissenschaftlichem Anspruch, unter Zusammenfassung der betroffenen Wissenschaftszweige bei der Entdeckung der unerschlossenen Vergangenheit fortfahren können. Die so erworbenen Kenntnisse werden unser Wissen, unsere Kenntnisse und unsere Identität stärken. Wir werden unsere Lebensanschauung wie auch unsere Traditionen, Geschichte und Kultur besser verstehen. Und zwar, wer wir sind und warum es uns gibt. Vom staatlichen Lehrplan bis zum Universitätskatheder.

Soli Deo Gloria!

Miklós Kásler



# VORWORT DER REDAKTEURE

In diesem Buch geben wir eine genaue Beschreibung unserer gemeinsamen Arbeit zwischen 2012 und 2017, die sich die genetische Identifizierung von Königen aus dem Arpadenhaus zum Ziel gesetzt hatte. Die primäre Aufgabe unserer Forschung bestand in der Identifizierung der aus der Marienbasilika von Székesfehérvár stammenden und in der Unterkirche der Liebfrauenkirche (Matthiaskirche) in Budapest gehüteten Skelette. Das hatte schließlich zur Folge, dass ein Skelett als ein bislang noch unbekannter König aus dem Arpadenhaus identifiziert werden konnte, und all das führte zu einer Prüfung der Abstammung aus dem Geschlecht der Arpaden. Die Arbeit verlief – wie allgemein jede Forschungsarbeit – nicht immer nur geradlinig; sie hielt für uns zahlreiche Hürden, Rückschritte und Neuanfänge bereit.

Wir brauchten viel Ausdauer und eine unerschütterliche Zuversicht, um die gesetzten Ziele zu realisieren. Um die regelmäßig wiederkehrenden Kritiken und Gegenmeinungen zu ertragen und um berechtigte Einwände zu akzeptieren. Wir rechneten auch mit Kritik und Anfeindungen, weshalb wir uns entschlossen hatten, ein ausländisches Institut mit unbestreitbarer Kompetenz, das Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropolo-



gie, Abteilung Historische Anthropologie und Humanökologie (Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland) in die Forschung einzubeziehen, was auch mit dem Vorteil einherging, dass die von ihnen übermittelten Ergebnisse sich in vielen Fällen als wegweisend erwiesen. Zuallererst wurde von den Kritikern aufgeworfen, warum die genetische Untersuchung der königlichen Gebeine nicht in einem Fachinstitut, sondern in dem über ein ganz anderes Profil verfügenden Landesinstitut für Onkologie in Budapest vorgenommen wurde. Viele, unter ihnen beispielsweise auch Kinga Éry, hatten ihre starken Zweifel zum Ausdruck gebracht, ob wir die geplante Arbeit überhaupt beenden können. Ihre Zweifel waren vor allem deshalb groß, weil es bereits im Vorfeld Versuche gab, ausländische Partner in die genetische Untersuchung der königlichen Gebeine mit einzubeziehen, die jedoch zu keinem Ergebnis geführt hatten. Andere wiederum bezweifelten, ob die hauptsächlich aus Ärzten bestehende Forschergruppe überhaupt in der Lage sein würde, die einzelnen menschlichen Skelette voneinander zu unterscheiden. Jemand gab sogar Ratschläge dazu, wie man eine solche Forschung beginnen sollte. Als Beispiel erwähnen wir die Studie *„Wie man die Könige aus dem Arpadenhaus nicht identifizieren sollte?“* von Balázs Mende, in der er als Kontrolle die Untersuchung von Reliquien vorschlägt. Reliquien wollten wir allerdings – selbst wenn wir die Möglichkeit dazu gehabt hätten – nicht nur aus Pietätsgründen nicht anrühren, sondern auch, weil wir sie nicht unbedingt benötigten, da wir uns zur Kontrolle auf die genetischen Daten des Skeletts des eindeutig identifizierten Königs Béla III. stützen konnten.

Wir mussten ständig lernen, was durch unsere regelmäßigen Konsultationen gefördert wurde. Besonders nützlich waren die kri-

tischen und strengen, aber wohlwollenden und vorwärts weisenden Anmerkungen von Herrn Gábor Tusnády, Mitglied der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, die uns dabei halfen, die uns gerade zur Verfügung stehenden Daten von immer anderen Gesichtspunkten wieder und wieder zu bewerten.

Um ein eindeutiges Endergebnis zu bekommen, benötigten wir auch die Fähigkeit, voneinander entfernte Daten miteinander in Verbindung zu bringen und diese bei Bedarf mit neuen Untersuchungsmethoden zu ergänzen. Diese Lösungsart haben wir bei der modernen Diagnostizierung von Tumoren entwickelt.

Die Idee der genetischen Untersuchung der Könige aus dem Arpadenhaus wurde von Dr. Miklós Kásler auf der 2012 in Szeged abgehaltenen Ärztekonzferenz nach dem Vortrag von Herrn Professor Dr. István Raskó über die genetische Untersuchung von aus ungarischen Gräbern entnommenen Knochen aufgeworfen. Wir dachten damals, diese Idee könnte aus folgenden Gründen auch im Landesinstitut für Onkologie ausgeführt werden: (a) Die für die genetischen Untersuchungen benötigten Mittel standen hier bereits zur Verfügung. (b) Die aus den Knochen isolierte DNA war offensichtlich zersplittert, doch hatten wir im Zentrum für Tumorpathologie des Landesinstituts für Onkologie bereits umfangreiche Erfahrungen mit molekulargenetischen Untersuchungen von in Formalin fixierten und in Paraffin eingebetteten, aus Gewebeproben isolierten und ebenfalls zersplitterten DNA gemacht. (c) Wir waren (im Interesse einer erfolgreichen Krankenversorgung) bereits an schwierige Diagnoseprobleme und deren möglichst eindeutige Lösung gewöhnt, auch wenn uns anfangs nicht alle erforderlichen Informationen zur Verfügung standen. In solchen Fällen kehrten wir später zu dem

Problem zurück, wenn es uns gelungen war, neue klinische Informationen zu bekommen bzw. Vorrecherchen in der Fachliteratur zu betreiben, oder wir suchten neue Verfahren und führten sie ein. Diese Praxis führte oftmals zu eindeutigen und brauchbaren Diagnosen. Bei unserer vorliegenden Arbeit erwies sich diese Fähigkeit als sehr nützlich.

Die Voraussetzung für die geplanten Untersuchungen war die neuerliche Öffnung der in der Matthiaskirche gehüteten Sarkophage. Hier werden nämlich in der im Erdgeschoss der Kirche ausgebauten Kapelle die Gebeine von König Béla III. und Anna von Antiochia aufbewahrt. Mit Hilfe der aus den Knochen des Königspaars gewonnenen genetischen Proben konnte man jetzt auch die Identifikation aller Skelette vornehmen, die in den Sarkophagen der Unterkirche aufbewahrt wurden und die vermutlich königliche oder in einer königlichen Beziehung stehende Personen sein konnten. Von dem Aspekt, dass sie eventuell aus dem Arpadenhaus stammen, war es wichtig, dass alle Skelette aus der Marienbasilika von Székesfehérvár in die Matthiaskirche gebracht worden waren. Der Forschungsleiter Dr. Miklós Kásler konnte zur Öffnung der Sarkophage die Erlaubnis von Kardinal Péter Erdő, Erzbischof von Esztergom-Budapest und Primas von Ungarn, einholen und die Deckung der Kosten der deutschen Untersuchungen mit einer einmaligen Beihilfe durch die Regierung sicherstellen.

Bei der Öffnung der Sarkophage in 2014 und der Probenahme von den Skeletten wurden zahlreiche Fotos und Videoaufnahmen sowie Computertomographiebilder (CT-Aufnahmen) gemacht und bei den Untersuchungen mehrere genetische, mathematische und spezielle morphologische Methoden angewendet. Die erhaltenen ge-

netischen Daten brachten wir in Einklang mit historischen, archäologischen, anthropologischen und Radiokarbondatierungsdaten. Die logische Aneinanderreihung der zu den einzelnen Teilergebnissen gehörenden Beweise, die Klärung der Zusammenhänge und deren Formulierung in einer verständlichen Sprache sowie die Veröffentlichung einer großen Zahl von Bilddokumenten zur Untermauerung dessen ist – abgesehen von den in der Zwischenzeit eingereichten Publikationen – nur in Buchform möglich. Wir sind uns im Klaren darüber, dass andere die zur Verfügung stehenden Daten vielleicht in einem anderen Zusammenhang auslegen würden, wir blieben jedoch auf dem Boden der wissenschaftlichen Methoden und Ethik. Obwohl wir uns bemühten, möglichst klar zu formulieren, können doch die speziellen genetischen und vielen anderen Daten die Verständlichkeit erschweren. Deshalb versuchten wir, mit dem beigelegten Glossar sowie mit einer zusammenfassenden Bewertung am Ende jedes Kapitels dazu eine Hilfe zu geben.

Nachdem wir all das vorausgeschickt haben, können wir dieses Buch mit gutem Gewissen all denen empfehlen, die sich für die bedeutendste Epoche der ungarischen Geschichte interessieren, die mehr über unsere namhaftesten Könige erfahren möchten bzw. die den nunmehr identifizierten Überresten in einem himmlischen Pantheon und später hier auf Erden, an einem Ort, an dem die Geschichte ihre ewige Ruhe gestört hat, die Ehre erweisen wollen. Wir empfehlen dieses Buch auch all jenen, die einen Einblick in eine Art der Anwendung der modernen Genetik bekommen möchten.

Budapest, August 2019

Miklós Kásler und Zoltán Szentirmay



# AN DEN UNTERSUCHUNGEN BETEILIGTE FORSCHER UND IHRE TÄTIGKEIT

1. Dr. Miklós Kásler, Generaldirektor, Doktor der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, Universitätsprofessor und Lehrstuhlleiter. Landesinstitut für Onkologie. Initiator, Koordinator und Leiter des Programms.
2. Dr. Béla Melegh, Universitätsprofessor, Universität Pécs, Institut für Medizinische Genetik. Internationale Beziehungen.
3. Dr. Mária Gödény, Radiologin, Honorarprofessorin, Abteilungsleiterin, Landesinstitut für Onkologie, Abteilung für radiologische Diagnostik. Bildgebende (CT-) Untersuchung der königlichen Gebeine.
4. Dr. Gábor Tusnády, Mitglied der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, Alfréd Rényi Forschungsinstitut für Mathematik der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, Budapest. Statistische Analyse.
5. Dr. László Józsa †, Doktor der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, Pathologe und Paläopathologe. Die makroskopi-

- sche, paläopathologische Beschreibung der Skelette von Béla III. und Anna von Antiochia sowie der Skelette I/3 G5 und I/4 H6.
6. Dr. László Módis, Anatom, Universitätsprofessor, Universität Debrecen, Institut für Anatomie, Histologie und Entwicklungsbiologie. Histologische Zwei-Photonen- und polarisationsmikroskopische Untersuchung der königlichen Gebeine.
  7. Dr. György Szabados, Historiker, Direktor des Gyula László Forschungszentrums und Archivs des Instituts zur Erforschung des Ungarntums (Budapest), Historischer Berater des Museums des Königs Heiliger Stephan Székesfehérvár, Historiker des Gyula Siklósi Forschungszentrums für Stadtgeschichte (Székesfehérvár). Geschichtliche Zusammenfassung, genealogisches Schema des Arpadenhauses, forschungsgeschichtlicher Überblick über die Identifizierung von König Béla III.
  8. Dr. Piroska Bizcó, Archäologin, Ungarisches Nationalmuseum. Zusammenfassende archäologische Daten im Zusammenhang mit den königlichen Grabstätten, Lage der Königsgräber auf dem Grundriss der Basilika von Székesfehérvár.
  9. Dr. Elek Benkő, Mitglied der Ungarischen Akademie der Wissenschaften, Historiker, Direktor des Archäologischen Instituts der Ungarischen Akademie der Wissenschaften. Historische Daten in Verbindung mit den königlichen Gebeinen. Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode.
  10. Piroska Rácz, Anthropologin, Museum des Königs Heiliger Stephan, und Balázs Gusztáv Mende, Archäogenetiklabor des Archäologischen Instituts der Ungarischen Akademie der Wissenschaften. Anthropologische Untersuchung und zahlenmäßige Kontrolle der königlichen Gebeine aufgrund eines Vergleichs

mit den Daten des Buches von Kinga-Éry.

11. Dr. Judit Olasz, Biologin, Landesinstitut für Onkologie, Abteilung für Pathogenetik. Untersuchung der Y-Chromosomen der königlichen Gebeine und von autosomalischen STR-Markern sowie mtDNA-Untersuchungen.
12. Dr. Erzsébet Csernák, Biologin, Landesinstitut für Onkologie, Zentrum für Tumorpathologie, Molekularpathologisches Labor. Next-Generation-Sequencing der königlichen Gebeine; A-STR-, Y-STR- und mtDNA-Untersuchungen.
13. Dr. Verena Seidenberg, Dr. Susanne Hummel, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie, Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland. Untersuchung der Y-Chromosomen der königlichen Gebeine und von autosomalischen A-STR-Markern.
14. Dr. Margit Földesi †, Historikerin, habilitierte Universitätsdozentin, Katholische Péter-Pázmány-Universität, Károli Gáspár Universität der reformierten Kirche. Stammbaum der Könige des Arpadenhauses, ergänzt um biographische Daten. Ungarn in der Zeit der Arpaden und Zusammenstellung einer Karte ihrer Begräbnisstätten.
15. János Molnár, Biologe, Forschungsstelle für Enzymologie der Ungarischen Akademie der Wissenschaften. Auswertung von NGS-Daten.
16. Sándor Komáromi, Landesinstitut für Onkologie, József Nagy-Bozsoki jun., Kameramann-Regisseur, Donau Fernsehen. Probenahme bzw. Foto- und Videoaufnahmen von den in der Matthiaskirche aufbewahrten Gebeinen.



17. Dr. Zoltán Szentirmay, Facharzt für Pathologie, Zytopathologie und molekulargenetische Diagnostik, Universitätsprofessor, ehemaliger Direktor des Zentrums für Tumorpathologie des Landesinstituts für Onkologie. Zusammenfassende Auswertung der DANN-Sequenzanalyse und weiterer Untersuchungsdaten. Fotografieren der überwiegenden Mehrheit der im Buch vorgestellten Skelette, Bearbeitung der Bilder, Erstellung von Streckendiagrammen und Tabellen.

# 1. KAPITEL

ZOLTÁN SZENTIRMAY

---

## ÖFFNEN UND VERSCHLUSS DER SARKOPHAGE IN DER MATTHIASKIRCHE

Die Öffnung der Sarkophage in der Matthiaskirche wurde von Kardinal Dr. Péter Erdő erlaubt und von der Reneszánsz Kft. unter Leitung von Csilla Bánhidi ausgeführt.

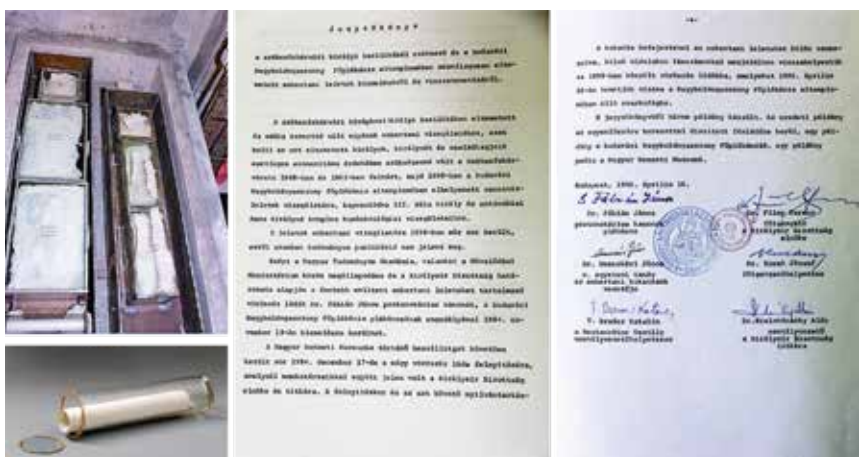


*Bild 1. A: Abbildung von Béla III. und Anna von Antiochia auf dem Sarkophag in der Kapelle von Béla III.*

*B: Öffnung des Sarkophags durch Verschieben seines Deckels.*



**Bild 2.** A: Metallsärge von Béla III. und Anna von Antiochia im Sarkophag. B: Die Särge wurden durch Metallrestaurator József Prim geöffnet.



**Bild 3.** Nach der Öffnung der Kupfersärge sind die in Leintuch gewickelten Skelette von Béla III. und Anna von Antiochia in einer Holzkiste zu sehen. Der Glaszylinder enthält Protokolle vom 29. September 1893 und 16. April 1896 über die Beisetzung des Königspaares zusammen mit dem Gedicht „Zypressenzweig“ des ungarischen Zisterzienserorden, das zur Beisetzung von Béla III. in der Matthiaskirche gedichtet wurde. Das Protokoll über die Ziele der genetischen Untersuchung der ungarischen Könige wurde ebenfalls im Glaszylinder untergebracht. Auf dem Bild ist das Protokoll vom 16. April 1896 zu sehen.



**Bild 4.** A: Schädel von König Béla III. im Glaskasten. B: Öffnung des Glaskastens. C: Entnahme des Schädels aus dem Glaskasten unter sterilen Bedingungen.



**Bild 5.** Segnung des Königspaares vor der Schließung ihres Sarkophags.



**Bild 6.** A: Sarkophag in der Unterkirche im ursprünglichen Zustand.  
 B: Skelette aus der Unterkirche in einer Eisenkiste, vor der Probenahme.  
 C: Aufschrift „Reges Hungariae“ bei den Säulen vor dem Sarkophag.





*Bild 7. In der Unterkirche untergebrachter Sarkophag vor dem Wiederverschließen.*

**ZUSAMMENFASSUNG:** Bei der Öffnung der Sarkophage und der Entnahme der Skelette haben wir besonders auf zwei Dinge geachtet: (1) im besonderen Maße achteten wir auf die Einhaltung der Pietätsaspekte; (2) um eine Verunreinigung (Kontaminierung) mit unserer eigenen DNA zu vermeiden, führten wir die Entnahme der Skelette in OP-Kleidung mit bedecktem Kopf, Gesichtsmaske und Gummihandschuh aus. Die Kontaminierung ist eine reale Gefahr, da neue, aus Epithelzellen gewonnene DANN-Fasern viel besser erhalten sind, als die brüchige DNA der Knochen. Deshalb wird die später mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) durchgeführte DNA-Amplifikation die kontaminierende DNA viel leichter vervielfältigen als die zu untersuchen beabsichtigten alten Matrizen der DNA-Stränge, was zu einem falschen Ergebnis führt. Im Weiteren bestimmte Judit Olasz zur Kontrolle die Y-STR und A-STR-Marker von Miklós Kásler und Zoltán Szentirmay und verglich sie mit denselben Markerdaten der untersuchten Knochenmuster. Es gab keine Übereinstimmung. Es war also keine DNA-Verunreinigung erfolgt. (Siehe auch noch das 7. Kapitel.)

# 2. KAPITEL

MIKLÓS KÁSLER, GYÖRGY SZABADOS  
(UNTER MITWIRKUNG VON BERNADETT SELLYEY  
UND MARGIT FÖLDESI)

---

## HISTORISCHER HINTERGRUND

### 1. Vom Turul-Stamm zur Nation der heiligen Könige

Die in den viereinhalb Jahrhunderten zwischen der Mitte des 9. Jahrhunderts und 1301 herrschende Dynastie spielte im mittelalterlichen Europa eine große Rolle: sie gab der Geschichte mehrere talentierte Großfürsten und Könige wie auch überaus viele Heilige. Die Mitglieder dieses Stammes hielten sich für Nachkommen des Hunnenkönigs Attila (434–453). Von den Bezeichnungen des Herrschergeschlechts kann man in Bezug auf die frühesten Zeiten bei Chronist Simon Kézai (um 1285) den Ausdruck „Turul-Stamm“ lesen, was auf den falkenähnlichen Vogel verweist, der aus den früheren Chroniken bekannt ist und der der Legende nach der Mutter des noch zu gebärenden Álmos seine Berufung zu Höherem übermittelte. Allerdings verwendeten ihre Nachkommen ab dem 13. Jahrhundert diese Bezeichnung nicht mehr, denn nach der Heiligsprechung von König



Stephan I. dem Heiligen, Prinz Emmerich (1083) und König Ladislaus I. (1192) brüsteten sie sich mit der Bezeichnung „Nation der heiligen Könige“. Diese Dynastie bezeichnen wir erst mit einem seit 1779 verbreiteten historischen Fachausdruck als Arpadenhaus.

Der Begründer der Dynastie, Großfürst Álmos, gestaltete um 850 die monarchistische Staatsform aus, als die Ungarn noch im sog. Zwischenstromland (Etelköz), d. h. nördlich des Schwarzen Meeres lebten. Angesichts der Tatsache, dass voneinander unabhängige, zeitgenössische ausländische Quellen den Alleinherrscher mit einer dem „Großfürsten“ ähnlichen Bezeichnung (griechisch: *megas arkhon* bzw. lateinisch: *senior magnus*) erwähnen, ist es sinnvoll, das von ihm geschaffene staatlich-politische Gebilde im Nachhinein als Großfürstentum Ungarn zu bezeichnen. Das Großfürstentum Ungarn von Álmos und seinen Nachfolgern entsprach in jeder Hinsicht den damaligen Anforderungen an die Staatlichkeit, da über die Bevölkerung eines gegebenen Gebiets eine institutionelle, von anderen unabhängige Macht herrschte, die ihren politischen Willen durchsetzen konnte. (Pohl 2003; Szabados 2011).

Von den Ungarn unter Führung von Großfürst Álmos und seinem Sohn Arpad wurde das Karpatenbecken zwischen 862 und 895 bewusst eingenommen. Die mit den Steppenvölkern verwandten Ungarn aus dem hunnisch-türkischen Kulturkreis integrierten die Bevölkerung des Karpatenbeckens schnell und friedlich und führten gleichzeitig und häufig aus staatlichem Interesse Raubzüge in mehrere Länder West- und Südosteuropas. Das Großfürstentum Ungarn vertrat in Mitteleuropa von 862 bis 1000 die Strukturen eines eurasischen Steppenreiches (Szabados 2011; Szőke 2014; Szabados 2018).

Der ungarische Staat wurde von Stephan, dem fünften Nachkommen von Großfürst Álmos, aus innen- wie außenpolitischen Beweggründen neu organisiert. Einerseits, um die Macht auf dem christlichen Zweig der Dynastie zu erhalten, und andererseits, um sein Land als anerkanntes Mitglied der christlichen Staatengemeinschaft zu etablieren. Er, der spätere Stephan I. (der Heilige) war der letzte ungarische Großfürst (977–1000) und der erste ungarische König (1000–1038), der die Königskrone vom römischen Papst bekam, womit seine Macht eine breite außenpolitische Anerkennung erhielt. Das Land schloss sich damit auch formal dem politischen und kulturellen Regime Westeuropas an, wobei Stephan auch gute Beziehungen zum Byzantinischen Reich pflegte. (Makk 1996; Szabados 2011).

Die Änderung der Staatsform beschränkte sich nicht auf Äußerlichkeiten, sondern brachte eine tiefgreifende, radikale inhaltliche Umgestaltung. Neue Hoheitstitel und neue Institutionen entstanden. Von Stephan stammt das System der Komitate wie auch der Ausbau der weltlichen Verwaltung auf territorialer Ebene. Stephan war der – zumindest geistliche – Initiator des ersten ungarischen staatsrechtlichen Werks, der für seinen Sohn verfassten *Paränesen (Intelmek)*. Ein wesentlicher Faktor war, dass Stephan der Heilige mit der Gründung des christlichen Königreichs die Regierungstraditionen römischer Prägung übernahm, aber auf seine eigene Art und Weise. Einer der wichtigsten Unterschiede bestand in der Existenz bzw. dem Fehlen einer Lehenskette. Während die Feudalherren im System der westlichen Feudalismus zuerst ein Landgut bekamen, wofür sie Dienste leisten mussten, dienten die Adeligen im Königreich Ungarn zuerst und erhielten als Belohnung für ihre so erworbenen Verdienste Ländereien, die sie zusammen mit ihren Titeln und ihrem Rang aber

auch verlieren konnten, wenn sie oder ihre Nachkommen sich als unwürdig erwiesen. In Westeuropa hatte sich die Lehenskette und dabei das Prinzip „der Lehnsman meines Lehnsmanes ist nicht mein Lehnsman“ zum Nachteil des Staates durchgesetzt, während es im Königreich Ungarn der Arpaden die Kraft des Staates nicht gestattete, ein solches Feudalwesen entstehen zu lassen. Die Kraft der zentralistischen Macht der Dynastie war so groß, dass weder eine Aufteilung der Ländereien unter den Angehörigen des Herrschergeschlechts (ducatus) kontinuierlich durchgesetzt werden konnte, noch sich die weltlichen Verwaltungseinheiten, die Komitate, zu Erbgrafschaften entwickeln konnten, da die Gespane als Verwalter der Komitate vom König jederzeit nach Belieben abgesetzt oder an die Spitze eines anderen Komitats versetzen werden konnte. (Hóman 1931, Szabados 2011).

Indem sich König Stephan I. der Heilige im Jahr 1000 in Székesfehérvár in der von ihm errichteten Marienbasilika krönen ließ, erschuf er eine Tradition. In dieser Tradition folgten ihm seine Nachfolger bis zur türkischen Eroberung der Stadt (1543) ohne Ausnahme. Székesfehérvár wurde also durch König Stephan I. im mittelalterlichen Königreich Ungarn zur Krönungshauptstadt, wo zwischen 1000 und 1527 insgesamt 38 ungarische Könige gekrönt wurden. Ein souveränes Herrscherbewusstsein zeigte König Stephan I. auch in der Frage, dass er in Székesfehérvár weder einen erzbischöflichen noch einen Bischofssitz gründete. Die Marienbasilika lag ihm sehr am Herzen, was Bischof Hartvik mit folgenden Worten ausdrückte: „der König betrachtet die erwähnte, überaus schöne Kirche als seine eigene Kapelle und schenkte ihr eine solche Freiheit, dass über sie kein einziger Bischof jemals Macht ausüben können sollte“. Er ließ die Krönungs-

kirche nicht in das allgemeine System der Kirchenhierarchie eingliedern, sondern behielt sie sich und dem jeweiligen ungarischen König als privilegierte Propstei vor.

Am 15. August 1038 starb der erste ungarische König, Stephan der Heilige, der mit seinem Lebenswerk die Neugründung des ungarischen Staates vollbrachte: Anstelle des Großfürstentums Ungarn gründete er das Königreich Ungarn, das er zu einem unabhängigen und angesehenen Mitglied der Gemeinschaft christlicher Monarchien machte. Er widmete sein Land der Jungfrau Maria und es zeugt von starker Symbolik, dass er an Mariä Himmelfahrt starb. Bestattet wurde er in der von ihm errichteten Basilika von Székesfehérvár. Seine persönliche Tragödie war, dass er nicht als Erster des Arpadenhauses in der Marienbasilika begraben wurde: im Herbst 1031 wurde sein einziger erwachsener Sohn, Prinz Emmerich, der später gleichzeitig mit ihm heiliggesprochen wurde, im Inneren der Krönungskirche zu Grabe getragen.

Bis die Bestattungen in Székesfehérvár zu einer festen Gewohnheit und Tradition wurden, brauchte es Zeit. Die Leichname der Könige des 11. Jahrhunderts wurden nämlich alle anderswo begraben: im Allgemeinen dort, wo sie Kirchen gegründet (bzw. diese mit Schenkungen versorgt) hatten. Es stellt sich also die Frage, warum man nach 1038 mit der nächsten Bestattung eines Herrschers in Székesfehérvár bis 1116 warten musste.

Wie bekannt, wechselten sich zwei Neffen aus der schwesterlichen Linie von Stephan I. zwischen 1038 und 1046 auf dem ungarischen Thron ab: Peter Orseolo wurde in Pécs (1046) und Sámuel Aba zuerst in Feldebrő und später in Abasár begraben (1044); beide in der von ihnen gegründeten (bzw. mit Schenkungen versorgten)

Kirche. Zur Erklärung der Fälle nach 1046 ist allerdings auch ein neuer Faktor zu berücksichtigen. Von 1046 bis zum Aussterben der Dynastie in 1301 besetzte die männliche Linie des Arpadenhauses den königlichen Thron. Sie waren allesamt Nachkommen von Vazul, dem Cousin von König Stephan I. (Stephan und Vazuls gemeinsamer Großvater war Taksony, ungarischer Großfürst im dritten Viertel des 10. Jahrhunderts). Stephan I. selbst hatte Prinz Vazul blenden und sogar seine Söhne – Levente, Andreas und Béla – ins Exil verbannen lassen. Dies geschah, da er nach dem Tod von Emerich ohne eigenen Sohn geblieben war und Peter, seinen Neffen aus der schwesterlichen Linie als offiziellen Thronfolger bestimmt hatte, was ihm Vazul – sein Cousin aus der brüderlichen Linie – verständlicherweise sehr übelnahm, weshalb begründet angenommen werden kann, dass er auch ein Attentat gegen Stephan I. organisierte. Auf jeden Fall regierte Peter Orseolo das Königreich so erfolglos, dass man ihn sogar zweimal verjagte: seine zweite Regentschaft wurde durch einen landesweiten Heidenaufstand hinweggefegt, in dessen Folge die Ausübung der Herrschaft durch die männliche Linie des Arpadenhauses wiederhergestellt wurde, und so kehrten Vazul's Söhne zurück. Von den zurückgekehrten Vazul-Söhnen wurden Andreas I. (1046–1060) und Béla I. (1060–1063) zu Königen, später folgten ihre Söhne, der älteste Sohn von Andreas I., Salomon (1063–1074), sowie zwei ältere Söhne von Béla, Géza (1074–1077) und Ladislaus I. der Heilige (1077–1095). Von den Aufgezählten hatte sich kein Einziger seine letzte Ruhestätte neben Stephan I. dem Heiligen vorgestellt: Andreas I. wurde in Tihany, Béla I. in Szekszárd, Géza I. in Vác und Ladislaus der Heilige in Nagyvárad (heute: Oradea, Rumänien) bestattet.

Die Bestattungen in selbst gegründeten Kirchen konnte im Falle der Söhne und Enkel von Vazul die Distanzierung von Stephan I. dem Heiligen bekräftigen. Die Widersprüchlichkeit ihres Verhältnisses zum ersten König äußerte sich auch auf folgende Weise: sie traten zwar als christliche Könige sein Erbe an (sie gestatteten also keine heidnische Restauration), doch konnten sie auf familiärer und persönlicher Ebene nicht vergessen, dass sie von Stephan I. um ihre Ländereien gebracht worden waren und ihr Leben um das Erlebnis der Verstümmelung des Vaters von Andreas und Béla und darüber hinaus ihrer eigenen Verbannung „bereichert“ worden war. Es brauchte Zeit, bis sich die familiäre Erinnerung an den ersten König milderte. Die Versöhnung kam aus politischer Richtung. Als erstes Zeichen dafür ist es anzusehen, dass Ladislaus I., der Enkel von Vazul, Stephan I. 1083 zum Heiligen erklären ließ. Der Nachfolger von Ladislaus I. führte diese Annäherung weiter und setzte sie auch auf familiärer Ebene durch.

König Koloman der Buchkundige (1095–1116), Sohn von Géza I., gehörte schon zur nächsten Generation und war als Urenkel von Prinz Vazul der erste, der sich neben Stephan I. bestatten ließ. Es ist ein Rätsel, warum ihm sein Sohn Stephan II. (1116–1131) in dieser Hinsicht nicht folgte, sondern in der Nähe von Ladislaus I., in Nagyvárad ruhen wollte. Das ist deshalb sonderbar, da Koloman zur Absicherung des Throns für seinen einzig am Leben gebliebenen Sohn nicht nur seinen ständig rebellierenden Bruder, Prinz Álmos, sondern auch dessen unschuldigen Sohn Béla hatte blenden lassen. In diesem Fall wiederholte sich aber das Schicksal von Stephan I.: nicht die Linie des das Blut der Verwandten vergießenden Königs wurde fortgesetzt, sondern die Geblendeten waren es, die später zu Urvätern der Könige in der Dynastie wurden.

Die dynastischen Bestattungen in Székesfehérvár nach 1116 vollzogen sich nach einem Wechsel in der Herrscherlinie: damals herrschte der Sohn von Prinz Álmos, König Béla II. (der Blinde) (1131–1141). Er hatte 1137 die sterblichen Überreste seines Vaters Álmos, der in byzantinischer Verbannung gestorben war, heimbringen und in der Marienbasilika von Székesfehérvár beisetzen lassen. Es ist nicht zu glauben, dass er mit seiner Handlung eine nachträgliche brüderliche Versöhnung zwischen seinem Onkel und seinem Vater, Koloman und Álmos, symbolisieren wollte; wahrscheinlicher ist es, dass er Álmos mit seiner Beisetzung in Székesfehérvár neben den seine Blendung anordnenden Koloman den Buchkundigen stellte und damit eine Art neue Geste der Selbstlegitimierung vollzog, die er damit unterstrich, dass er auch seine eigene Ruhestätte in der Basilika bestimmte, wo der mit erst 32 Jahren verstorbene, blinde König, dem das Schicksal sehr mitgespielt hatte, nicht viel später, im Spätwinter 1141 begraben wurde.

Béla II. musste auf jede ihm mögliche Weise die Gesetzmäßigkeit seiner Herrschaft zum Ausdruck bringen, da er der erste ungarische Herrscher war, der – wenn auch ohne eigenes Verschulden – zur tatsächlichen Regierungsführung ungeeignet auf dem königlichen Thron saß. Außerdem war es nicht selbstverständlich, dass 1131 ihm die Königskrone aufgesetzt wurde. Der kinderlose Stephan II. hatte ursprünglich seinen Neffen schwesterlicherseits, Saul (Sohn von Prinzessin Sofia, der Tochter von Koloman dem Buchkundigen) für den Thron bestimmt, doch erhielt er 1129 die Nachricht, dass sich der blinde Prinz Béla in Pécsvárad versteckt hält. Stephan II. ließ Béla an seinen Hof bringen und vermählte ihn mit Ilona, der Tochter des serbischen Großžupanens. Damit wollte er die Versöhnung des Koloman-Zweiges mit dem Arpad-Zweig erreichen. Die Ehe des

blinden Prinzen erwies sich als kinderreich, eines seiner sechs Kinder kam schon vor seiner Krönung zur Welt: Géza, der spätere König Géza II. (1141–1162) im Jahr 1130. Ladislaus, der spätere Gegenkönig Ladislaus II. (1162–1163) kam in der ersten Hälfte von 1131 (zur Zeit des Königwechsels) zur Welt, ihm folgte um 1133 Stephan, der spätere Gegenkönig Stephan IV. (1163). Obwohl Saul nicht der erste Herrscher gewesen wäre, der nur über die weibliche Linie mit den Arpaden verbunden war, erwies er sich gegenüber dem Kandidaten des männlichen Zweiges als kein ernstzunehmender Gegner und so wurde Béla II. im April 1131 in Székesfehérvár zum König gekrönt. Nach ihrer Thronbesteigung ließ Königin Ilona beim Landtag zu Arad die 68 Adligen hinrichten, auf deren Rat hin Álmos und Béla geblendet worden waren, das Vermögen der Hingerichteten wurde unter den Kathedralen aufgeteilt. (Bild 8)



**Bild 8.** Bild auf der linken Seite: Hinrichtung der für die Blendung von Béla II. (dem Blinden) verantwortlichen Adligen beim Landtag zu Arad. Bild auf der rechten Seite: Bild von König Béla II. (dem Blinden). (Beide Bilder stammen aus der Ungarischen Bilderchronik.)



Trotzdem musste ein gutes Jahr vergehen, ehe sich die Regentschaft des blinden Königs festigte. Der Koloman-Zweig hatte noch immer genügend Kraft, um Boris gegen Béla den Blinden nach Ungarn zu rufen. Dieser Boris war ein Sohn von Koloman dem Buchkundigen aus zweiter Ehe, dessen Abstammung jedoch zweifelhaft war, da Koloman seine neue Gattin Euphemia gerade nach Kiew heimschickte, da er sie beim Ehebruch erwischt hatte: Boris wurde bereits am Hofe seines Großvaters mütterlicherseits, Wladimir Monomach, dem Großfürsten von Kiew (1113–1125) geboren. Ein interessanter Aspekt ist, dass Boris nach Saul bereits der zweite tatkräftige Mann war, der die Königsmacht gegen Béla den Blinden nicht gewinnen konnte. Im Falle von Béla II. wird die Auffassung der legitimierenden dynastischen ungarischen Politik deutlich: ein blinder Mann behält durch die Unbestreitbarkeit seiner Blutlinie zum Arpadenhaus seinen tatkräftigen Gegnern gegenüber die Oberhand, die entweder nicht durch männliche Abstammung zur Dynastie gehören (Saul) oder von denen man dies kaum glauben kann (Boris) (Kristó-Makk 1995). Dieses Phänomen bekommt in Verbindung mit der genetischen Untersuchung der Knochen von König Béla III. bzw. mit den urgeschichtlich relevanten Ergebnissen noch eine wichtige und positive Rolle.

Unabhängig davon war Béla II. logischerweise bei der Lebensführung und hauptsächlich bei seiner Herrschaftsführung auf Hilfe angewiesen: die stärkste Stütze seiner Regentschaft waren Königin Ilona, deren Bruder Belos sowie der aus treuen Adeligen bestehende Königliche Rat. Die Herrschaft und das Familienleben von Béla dem Blinden ist gleichermaßen als erfolgreich anzusehen, doch konnte er seine persönliche Tragödie, das Erleiden seiner unschuldig erlittenen Blendung im Kindesalter, nicht verarbeiten, weshalb er dem Alkohol

verfiel, was mit Sicherheit den Tod des Königs mit etwa 32 Jahren beschleunigte.

Ein seltsames Spiel des Schicksals, dass alle drei Söhne von König Béla II., die Könige wurden, (Géza II., Ladislaus II. und Stephan IV.) gleichermaßen mit etwa 32 Jahren starben. Wie zu ihrem Vater konnte der Chronist auch zu ihnen dreien schreiben: „sein Körper ruht in Székesfehérvár“; mit ihren Beerdigungen in der Marienbasilika von Székesfehérvár scheint der blinde König eine Familientradition geschaffen zu haben. (Wenn man noch die Tatsache hinzuzählt, dass Béla der Blinde eine einzige Ehe hatte und somit alle drei Brüder von derselben Mutter, Ilona, geboren wurden, würde all das die Archäogenetik bei einer eventuellen Identifizierung der Person vor eine äußerst große Herausforderung stellen, wenn königliche Gebeine aus der Mitte des 12. Jahrhunderts zum Vorschein kommen würden.) Die Todesursache von Géza II. (1141–1162) kennen wir nicht. Dessen erstgeborener Sohn, Stephan III. (1162–1172), wurde durch seine vom Byzantinischen Reich unterstützten Onkel als Gegenkönige auf jeden Fall schnell in den Hintergrund gedrängt. Als Erster besaß Ladislaus II., der jüngere Bruder von Géza II., das Königreich. Eine zeitgenössische englische Quelle hinterließ uns einen interessanten Bericht aus der Zeit kurz vor seinem Tod: wegen der Besetzung des Throns kam der König in Konflikt mit Lukács, dem Erzbischof von Esztergom, der zu Weihnachten 1162 mit einer visionären Voraussage den nahen Tod von Ladislaus II. in Aussicht stellte und diese verfluchende Prophezeiung erfüllte sich im Januar 1163. (Wir wären nicht überrascht, wenn sich herausstellen würde, dass menschliche Hand bei der Vorsehung „nachhalf“.) Ladislaus II. folgte sein jüngerer Bruder Stephan IV.,

der aber nur ein halbes Jahr auf dem Thron sitzen durfte, da er von Ladislaus III vertrieben wurde. Stephan IV. lebte im Byzantinischen Reich, bis er im Frühjahr 1165 in Zimony (heute: Zemun, Serbien) von seinem ehemaligen Palatin vergiftet wurde. Sein Leichnam lag eine Zeit lang unterhalb der Burg und erst später bekam er ein würdiges Begräbnis: seine zerfallenden sterblichen Überreste wurden von der Südgrenze des Landes nach Székesfehérvár geschafft. So eindeutig der Todesgrund bei Stephan IV. ist, so unklar ist der von Stephan III. 1171 kam auch er in Konflikt mit Erzbischof Lukács und der neuerlichen Prophezeiung des strengen Bischofs zufolge musste er innerhalb eines Jahres sterben: die Vorhersage wurde im März 1172 in Esztergom wahr, als der König 25 Jahre alt war. Über die Ruhestätte von Stephan III. gibt es widersprüchliche Angaben. Die letzten Bestattungen des Arpadenhauses im 12. Jahrhundert in Székesfehérvár stehen in Verbindung mit einem Ehepaar. Béla III., zweiter Sohn von Géza II., verlor seine erste Frau, Agnès de Châtillon, unter anderem Namen Königin Anna von Antiochia, in den Jahren 1184/85. Als Béla III. die Mutter seiner sieben Kinder auf ihrem letzten Weg begleitete, bestimmte er neben Anna eine Begräbnisstätte für sich selbst, da er – wie später zu sehen sein wird – das Grab schon von vornherein so hatte ausgestalten lassen. Sein letzter Wille wurde von seinem erstgeborenen Sohn und Nachfolger, König Emmerich (1196–1204), respektiert und der Leichnam von Béla wurde am 23. April 1196 an der vorgesehenen Grabstätte zur Rechten von Anna beigesetzt. Als Epilog der Bestattungen der Arpaden in Székesfehérvár ist anzumerken, dass Emmerich in dieser Hinsicht seinen Vorfahren des 12. Jahrhunderts nicht gefolgt ist, da er in Eger beigesetzt wurde. Zur Ruhestätte seines im fünften

Lebensjahr verstorbenen Sohns, König Ladislaus III. (1204–1205), gibt es ebenfalls unterschiedliche Angaben: die Chroniken des 14. Jahrhunderts geben Székesfehérvár und Eger an. Fest steht, dass danach – und das ist für die weiteren naturwissenschaftlichen Identifizierungen wichtig – kein einziger König oder Prinz aus dem Arpadenhaus in Székesfehérvár begraben wurde. Als nächster wurde erst der erste ungarische Herrscher aus dem Haus Anjou, Karl I. (1301–1342) in der Marienbasilika bestattet. (Bild 9; siehe auch Unterpunkt 2 des 11. Kapitels)



**Bild 9.** Begräbnisstätten der Könige aus dem Arpadenhaus  
(Erstellt von János Jeney aufgrund von: Piroska Biczó: Königsgräber  
des Arpadenhauses. Budapest, Kossuth Verlag, 2016, 21.)

## Ungarische Könige

Name	Geburt	Herrschaft	Todeszeitpunkt	Begräbnisstätte
Stephan I. (der Heilige)	nach 980	997–†1038	1038	Székesfehérvár
König Peter Orseolo	1010	1038–1041 1044–†1046	1146	Pécs
König Sámuel Aba	1010	1041–†1044	1144	Abasár
König Andreas I.	1015	1046–†1060	1160	Tihany
König Béla I.	nach 1015	1060–†1063	1163	Szekszárd
König Salomon	1053	1063–1074	1087?	?
König Géza I.	1040	1074–†1077	1077	Vác
König Ladislaus I. (der Heilige)	um 1040	1077–†1095	1095	Nagyvárad (Oradea)
König Koloman der Buchkundige	1070	1095–†1116	1116	Székesfehérvár
König Stephan II.	1101	1116–†1131	1131	Nagyvárad (Oradea)
König Béla II. (der Blinde)	1109	1131–†1141	1141	Székesfehérvár
König Géza II.	1130	1141–†1162	1162	Székesfehérvár
König Ladislaus II.	1131	1162–†1163	1163	Székesfehérvár
König Stephan IV.	1133	1163, †1165	1165	Székesfehérvár
König Stephan III.	1147	1162–†1172	1172	Esztergom oder Székesfehérvár
König Béla III.	1148	1172–†1196	1196	Székesfehérvár
König Emmerich	um 1171	1196–†1204	1204	Eger
König Andreas II.	nach 1171	1205–†1235	1235	Egresch
König Ladislaus III	um 1200	1204–†1205	1205	Székesfehérvár oder Eger
König Béla IV.	1206	1235–†1270	1270	Esztergom
König Koloman von Halitsch	1208	1214–1221	1241	Kloštar Ivanić
König Stephan V.	1239	1270–†1272	1272	Margareteninsel
König Ladislaus IV. (der Kumane)	1262	1272–†1290	1290	Csanád
König Andreas III.	um 1265	1290–†1301	1301	Buda
König Karl I. Robert	1288	1301–†1342	1342	Székesfehérvár

**Tabelle 1.** Geburtsdatum, Herrschaft, Todeszeitpunkt und Begräbnisstätte der Könige aus dem Arpadenhaus (Zusammengestellt von Dr. György Szabados aufgrund von Kristó–Makk 1995.)

## *Prinzen aus dem Arpadenhaus*

Name	Abstammung	Geburtsdatum	Todeszeitpunkt	Begräbnisstätte
Prinz Vazul	Sohn von Michael von Ungarn, Cousin von Stephan I. der Heilige	vor 990	† nach 1031	?
Ladislaus der Kahle	Sohn von Michael von Ungarn, Cousin von Stephan I. der Heilige	vor 990	?	?
Prinz Emmerich der Heilige	Sohn von Stephan dem Heiligen	1007	†1031	Székesfehérvár
Prinz Otto	Sohn von Stephan dem Heiligen	um 1007	† vor 1031	?
Prinz Levente	Sohn von Vazul	vor 1015	†1046	?
Prinz Bohuslaus	Sohn von Ladislaus der Kahle	nach 1015	?	?
Prinz David	Sohn von Andreas I.	nach 1053	† nach 1090	nach 1090
Prinz Lambert	Sohn von Béla I.	um 1050	† um 1095	?
Prinz Álmos von Ungarn, König von Kroatien	Sohn von Géza I.	nach 1070	†1127	Székesfehérvár
Prinz Ladislaus	Sohn von Koloman dem Buchkundigen	1101	†1112	?
Prinz Álmos	Sohn von Béla II.	um 1133	?	?
Prinz Géza	Sohn von Géza II.	um 1150	† vor 1210	?
Prinz Arpad	Sohn von Géza II.	um 1150	?	?
Prinz Salomon	Sohn von Béla III.	nach 1172	† um 1198?	?
Prinz Stephan	Sohn von Béla III.	nach 1172	† um 1198?	?
Prinz Andreas	Sohn von Andreas II.	um 1210	†1234	?
Stephan Posthumus von Ungarn	Sohn von Andreas II.	1236	†1272	Venedig
Prinz Béla	Sohn von Béla IV.	um 1243	†1269	Esztergom
Prinz Andreas	Sohn von Stephan V.	1268	†1278	?

**Table 2.** *Abstammung, Geburtsdatum, Todeszeitpunkt und Begräbnisstätte der Prinzen aus dem Arpadenhaus (Zusammengestellt von Dr. György Szabados aufgrund von Kristó–Makk 1995.)*

Die ungarische Monarchie der Arpadenzeit gehörte zu den wichtigsten Machtfaktoren im damaligen Europa. Ihre Könige konnten (abgesehen von den Jahren 1045–1046 unter deutschem und 1163 unter byzantinischem Einfluss) die Unabhängigkeit Ungarns gegenüber dem Heiligen Römischen Reich deutscher Nation und dem Byzantinischen Reich aufrechterhalten und übernahmen nicht einmal ein päpstliches Lehen.

Die knapp zwei Jahrhunderte andauernde archaische Ära des Königreichs Ungarn von Stephan I. dem Heiligen bis Béla III. kann man vom außenpolitischen Aspekt in zwei Abschnitte teilen. Auch im ersten Abschnitt bis zur Herrschaft von Ladislaus dem Heiligen gab es lebhaft Beziehungen, doch ohne dauerhaften Gebietszuwachs. Stephan I. der Heilige pflegte über Jahrzehnte hinweg gute Beziehungen zu beiden Kaiserreichen. Das Verhältnis verschlechterte sich zuerst mit dem deutschen Kaiserreich, denn mit Heinrich II. starben die Liudolfinger (Ottonen) aus und die an ihre Stelle tretenden Salier vertraten eine neue, auf Eroberungen ausgerichtete politische Richtung. Das feindselige ungarisch-deutsche Verhältnis bedeutete für das junge Königreich Ungarn mehr als ein Vierteljahrhundert lang ein Kräfte messen mit immer wieder aufflammenden Kämpfen und auch in den Zeiträumen ohne Waffengängen Zustände wie „im kalten Krieg“. Zwischendurch zeugten Kämpfe um den Thron und Heidenaufstände davon, dass Ungarn eine tiefe Krise durchmachte. Das gleichzeitige Auftreten von inneren und äußeren Konflikten bedrohte das Dasein der Staatlichkeit, doch bewies die schnelle und erfolgreiche Bekämpfung der Doppelkrise die Lebensfähigkeit des ungarischen Staates.

Bis zur Herrschaftszeit von Ladislaus dem Heiligen (1077–1095) festigte sich die innen- und außenpolitische Lage des Königreichs

Ungarn. Die Heiligsprechung von Stephan und Emmerich im Jahre 1083 stellte auch eine große Anerkennung für die christlich-ungarische Staatlichkeit dar. Und in 1091 startete das Königreich Ungarn eine Annektionspolitik auf dem Nordbalkan, die sich im Laufe des 12. Jahrhunderts voll entfaltete.

Unter Ausnutzung innerer Konflikte der südwestlichen Nachbarn besetzte Ladislaus 1091 Kroatien, wo er seinen jüngeren Neffen, Prinz Álmos zum König krönen ließ. Der direkte Nachfolger von Ladislaus, der ungarische König Koloman der Buchkundige (1095–1116), ließ sich 1102 in Biograd na Moru zum kroatischen König krönen und schuf damit die ungarisch-kroatische Personalunion, die bis 1918 bestand. Die Liste der Titel wurde 1137, nach einem Wechsel des Zweigs innerhalb der Dynastie unter der Herrschaft von Béla II. mit der Eroberung von Bosnien erweitert. Zur Zeit der Geburt von Géza II., dem ersten Sohn des blinden Königs, wurde Ungarn zu einem der aktivsten Akteure in Europa. Als Geburt einer Großmacht ist es zu werten, dass das Königreich Ungarn zwischen 1148–1152 gegen den Kiewer Rus und zwischen 1149–1155 gegen das Byzantinische Reich Krieg führte, d. h. Kapazitäten für einen Zweifrontenkrieg hatte. Auf russischem Gebiet unterstützte das Königreich Ungarn den mit ihm verbündeten Fürsten, während es um die Vorherrschaft auf dem Nordbalkan mit Byzanz in Konflikt geriet und dabei den Rivalen von Kaiser Manuel I. (1143–1180), Andronikos Komnenos, unterstützte. Der ähnlich wie Géza II. kämpferische und aktive Kaiser nutzte jedoch die Verschwörung von Ladislaus und Stephan aus und ließ sie 1162 gegen den den väterlichen Thron erbenden Stephan III. ziehen. Da jedoch die zwei Gegenkönige nicht die in sie gesetzten Hoffnungen erfüllten, suchte Manuel neue Mittel, um Ungarn irgendwie in seine Interessensphäre zu ziehen.



1163 schlossen Manuel I. und Stephan III. Frieden, im Sinne dessen der Kaiser Stephans jüngeren Bruder Béla als Verlobten für seine Tochter Maria wählte und ihn mit an seinen Hof nahm. Mit ihm kamen Kroatien, Dalmatien und Syrmien als Bélas väterliches Erbe unter die Herrschaft von Manuel. Manuel war bekannterweise der Enkel von Ladislaus dem Heiligen auf dem mütterlichem Zweig, während der Urgroßvater von Béla der Bruder von König Ladislaus dem Heiligen, König Géza I. (1074–1077), war, d. h. ihr gemeinsamer Vorfahre war der Vater von Géza und Ladislaus, König Béla I. (1060–1063). 1165 wurde Béla (der in Byzanz den Namen Alexios trug) auch offiziell zum kaiserlichen Thronerben bestimmt. Im Herbst 1169 allerdings schenkte die zweite Gattin des Kaisers diesem einen Sohn. Daraufhin wurde Béla der Rang des Thronfolgers entzogen, die Verlobung mit Maria aufgelöst und er mit der Halbschwester des Kaisers entschädigt. Agnès de Châtillon (Anna von Antiochia), Tochter der Fürstin Konstanze von Antiochia und des Kreuzritters Renaud de Châtillon, wurde im Frühjahr 1170 zur Ehefrau von Béla.

Stephan III. starb am 4. März 1172 im Alter von 25 Jahren. Als sein älterer kleiner Bruder Béla, der zweierlei Erziehung genossen hatte, heimkehrte, begann er seine Herrschaft ausgezeichnet vorbereitet, doch wurde er von scharfer Opposition bedrängt, da die Königinmutter Euphrosina und der Erzbischof von Esztergom Lukács Prinz Géza zum König machen wollten: der lange abwesende Béla war ihnen zu „fremd“ und zu „griechisch“. Sie irrten sich; Béla III. blieb unerschütterlich katholisch und verhielt sich als unabhängiger ungarischer König. Zur inneren Sicherheit ergaben sich günstige außenpolitische Möglichkeiten. Nach dem Tod von Manuel schwächten innere Unruhen wie auch serbische und bulgarische Unabhän-

gigekampfe das Byzantinische Kaiserreich, was die ungarische Eroberung geradezu anzog. Das begann mit der schnellen Ruckeroberung eines Kustenstreifens an der Adria, BÉlas einstiger „Mitgift“. 1181 war die territoriale Integrität des Königreichs Ungarn wiederhergestellt. Der König weitete seine Macht zum Nachteil von Byzanz weiter aus. Erst Ende 1185 gab er seine neuen Eroberungen anlässlich der Hochzeit seiner Tochter Margarete und des byzantinischen Kaisers Isaak II. Angelos (1185–1195, 1203–1204) als Mitgift zurück. (Makk 1989; 1996).

König Béla III. genoss breite „internationale“ Anerkennung. Beweise dafür sind in mehreren schriftlichen Quellen zu finden. „Im Jahre des Herren 1188 (1187) trug Papst Urban III. die apostolische Krone; in Rom war Friedrich, der König der Deutschen, und in Konstantinopel Isaak Kaiser; Philipp, der Sohn von Ludwig, war König in Frankreich, Heinrich II. König in England, Wilhelm König in Sizilien, Béla König in Ungarn und Guido König in Palästina; während im gleichen Jahr Saladin, der Sultan von Ägypten und Damaskus, aus Gottes unergründlichem, doch nie ungerechtem Willen, siegreich im Kriege das Königreich Jerusalem besetzte“ (Gombos, Catalogus). Archidiakon Giraldus Cambrensis, Geschichtsschreiber von Wales und Kaplan des englischen Königs Heinrich II. stuft Ungarn und seinen König, Béla III., in die vorderste Linie der damals bekannten Welt ein. Die Einnahme Jerusalems löste den dritten Kreuzzug aus. Dabei reiste der Londoner Kanoniker Richard 1189 über Ungarn ins Heilige Land und äußerte sich wie folgt über Béla: „Dieser Mann wurde von der Natur mit vielen guten Gaben gesegnet. Er ist von großer Statur, sein Gesicht ist edel und sollte er sonst auch nichts anderes haben, könnte man ihn allein wegen seines herrscherlichen

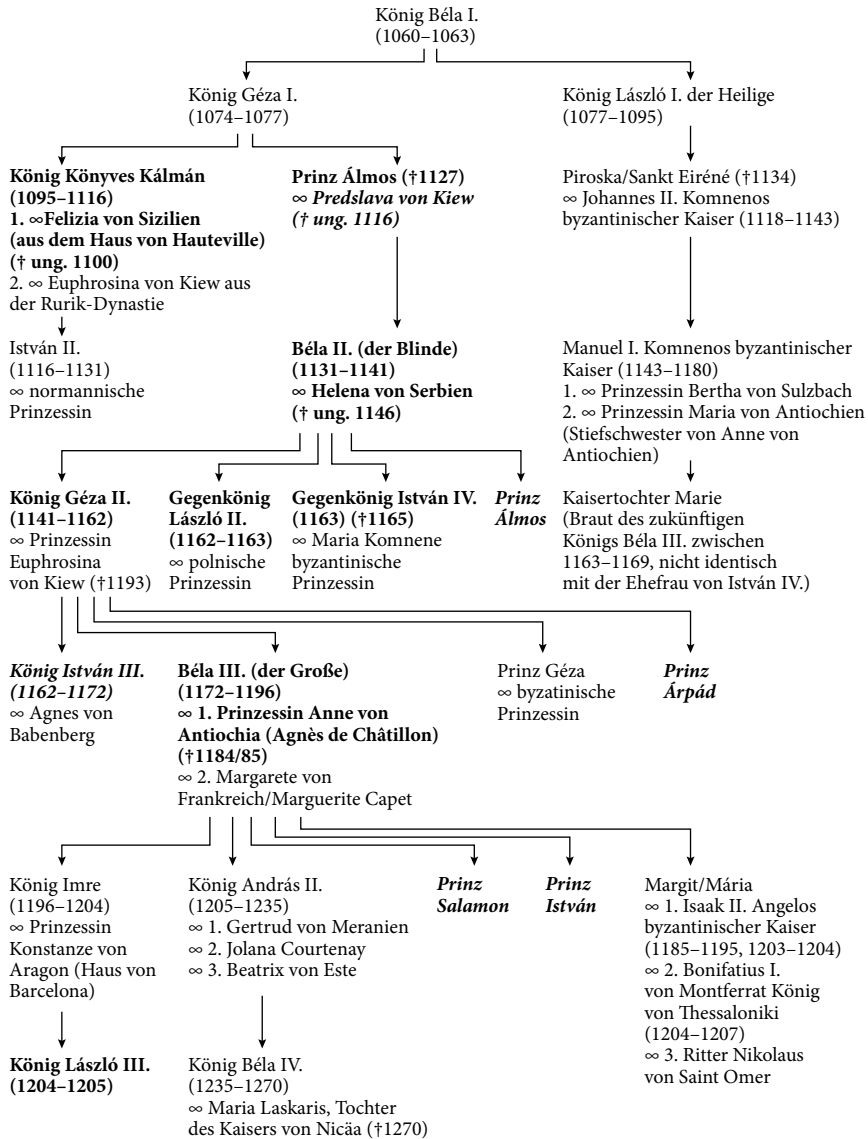
Blicks eines Königs für würdig halten. Die christlichen Heerscharen empfing er gastfreundlich.“ (Kristó–Makk 1995).

Béla hinterließ nicht nur in den ausländischen Chroniken, sondern auch bei seinen Nachkommen einen tiefen Eindruck. Sein Enkel, König Béla IV. (1235–1270), wählte ihn zu seinem Vorbild. 1237 formulierte er als Programm, dass „wir unser Land in den Zustand zurückführen, in dem es zur Zeit unseres in ehrwürdigem Gedenken gebliebenen Vorfahren Béla war.“ Dieses Bestreben konnte er nicht zum Erfolg führen, doch selbst Jahrzehnte später ließ sein Respekt gegenüber seinem Großvater nicht nach, den er 1265 mit der Bezeichnung „König Béla der Große“ erwähnte (Kristó–Makk 1995). Auf König Béla III. (der Große), dessen Land wir ohne Übertreibung als Ungarisches Reich bezeichnen können (Hóman 1931), sollten wir als einen herausragenden Herrscher eines herausragenden Herrscherhauses blicken. 1192 feierte König Béla III. das größte Fest seines Landes und seiner Familie: König Ladislaus I. wurde von Papst Coelestin III. (1191–1198) heiliggesprochen. Die Anerkennung galt auch dem dies anregenden Nachkommen. Es ist kein Zufall, dass die Heiligsprechung von Ladislaus von Béla ausging: er vereinte den in der Familientradition des Arpaden lebenden Kult mit der in Byzanz wahrgenommenen Achtung, die von der das Andenken ihres Vaters pflegenden Kaiserin Irene von Byzanz auf ihren Sohn Manuel und von diesem auf Béla übergegangen war. Das Arpadenhaus wurde so zur „Nation der heiligen Könige“.

Aus den obigen Ausführungen ist zu erkennen, über welche ausgedehnten dynastischen Beziehungen das Arpadenhaus verfügte. Das Ziel des bewussten Ausbaus der Arpaden-Dynastie war es, mit möglichst engen familiären Verbindungen starke Verbündete zu be-

kommen. Ihr Ziel war von Erfolg gekrönt, denn die Dynastie wurde nach der Christianisierung innerhalb kürzester Zeit zu einer der bedeutendsten und über die ausgedehntesten Beziehungen verfügenden Herrscherfamilien ihrer Epoche, womit die Machtposition des Königreichs Ungarn in Europa gesichert wurde.

**Stammbaum der ungarischen Könige aus dem Arpadenhaus mit Byzanz und mit der Kiewer Rus** (Zusammengestellt von Dr. György Szabados aufgrund von Kristó–Makk 1995.)



**Bild 10.** Stammbaum der ungarischen Könige aus dem Arpadenhaus (Zusammengestellt von Dr. György Szabados aufgrund von Kristó–Makk 1995.)

**ZUSAMMENFASSUNG:** Die von Álmos abstammenden Großfürsten und Könige herrschten auf der männlichen Linie etwa 450 Jahre und viele talentierte Herrscher kamen aus dieser Dynastie. Die Kraft der ungarischen Monarchie war in der religiösen Verehrung der Dynastie verwurzelt. Der Geburt von Álmos ging eine göttliche Prophezeiung voraus. Auf diese uralte Sakralität legte sich seit der Zeit von Stephan dem Heiligen die christliche Ansicht des „Dei Gratia“, d. h. Herrschen von Gottes Gnaden. Doch erwies sich die Sakralität als so stark, dass sie auch in neuer Form weiterlebte. Auffallend ist, dass diese Dynastie dem Christentum sehr viele Heilige gegeben hat. König Stephan I. und sein Sohn Prinz Imre, König Ladislaus I., die Tochter von Andreas II., Elisabeth, sowie die zwei Töchter von Béla IV., Margarethe und Kinga, wurden zu Heiligen der katholischen Kirche und die Tochter von König Ladislaus I., Piroska von Ungarn als byzantinische Kaiserin Irene wurde zur Heiligen der Orthodoxen Kirche. Elisabeth, die Tochter des letzten Königs des Herrscherhauses, Andreas III., wurde seliggesprochen. (König Stephan I. wird neuerlich auch von der Orthodoxen Kirche als Heiliger verehrt.) Die Heiligsprechungen spiegeln das Werturteil der gläubigen Nachwelt wider. Ihr politisches Erbe ist, dass das Ungarntum die stürmischen Zeiten der Geschichte überstehen konnte, und auch heute noch im Rahmen des ungarischen Staates in Mitteleuropa lebt.



# 3. KAPITEL

PIROSKA BICZÓ, MÁRIA GÖDÉNY,  
GYÖRGY SZABADOS, ZOLTÁN SZENTIRMAY

---

## ARCHÄOLOGISCHE, ANTHROPOLOGISCHE UND RADIOLOGISCHE DATEN

Wir verfügen über zuverlässige Vorkenntnisse über die Entdeckung der Gräber von König Béla III. und Königin Anna von Antiochia. 1849 berichteten der Priesterlehrer János Pauer aus Székesfehérvár und der Archäologe János Érdy als erste über die Ereignisse (Pauer 1849; Érdy 1853). Dr. Zsófia Demeter, frühere Direktorin des Museums des Königs Heiliger Stephan in Székesfehérvár, hielt bei der Gedenkfeier für János Érdy 1998 unter Verwendung der zeitgenössischen Protokolle des Stadtrates von Székesfehérvár eine vorzügliche und detaillierte Zusammenfassung. Einige Ausschnitte daraus möchten wir im Folgenden zitieren (Demeter, 1999). Zitat: „Das Graben oder Bohren von Brunnen in der Innenstadt von Székesfehérvár, wo es an gutem Trinkwasser mangelte, war immer eine zentrale Frage. Deshalb beschloss der Stadtrat, einen neuen Brunnen außerhalb der Mauern des Bistums bohren zu lassen, womit am 14. Februar 1847



begonnen wurde. Anfang September stieß man während der Erdarbeiten um den Brunnen herum auf die Mauern eines alten Gebäudes. 1848 wurden die Erdarbeiten für den Brunnen fortgesetzt: am 5. Mai berichtete Ingenieur Kállinger, dass die Steine herausgehoben worden waren, doch „zeigt sich in der einen Ecken der ausgegrabenen viereckigen Grube ein Sarg, der erst nach Fertigstellung des Brunnen ausgegraben werden kann“ (Stadtarchiv Székesfehérvár, Protokoll der Ratssitzung 1848/1596; Pauer, 1849/2). Die Eintragung Nr. 4509 des Ratsprotokolls vom 5. Dezember 1848 beschreibt „in einer Entfernung von 2 bis 3 Klaftern vom artesischen Brunnen in südöstlicher Richtung entfernt“ den Fund von Marmorsärgen und die Öffnung des ersten Marmorsarges. Das Protokoll beschreibt begeistert die im Sarg gefundenen „zerbrechlichen Knochen eines menschlichen Körpers“, deren „Leichnam anhand der ärztlichen Untersuchung als menschliche Überreste einer etwa 40-jährigen Frau identifiziert wurden“, neben der man eine „einfache Krone ... aus 15-fach geprägtem Silber“ und „Teile eines Seidenschleiers mit Goldgewebe“ fand. Da die Skelette dem zur Sache gehörenden Beschluss zufolge „als königlich und wahrscheinlich zur Arpaden-Dynastie gehörend erscheinen“, wurden die Beigaben vom Amtsleiter Ede Eischl an das Ungarische Nationalmuseum geschickt. (Die Übergabe wurde auf dem Beleg Nr. 4573 quittiert und die Funde von Ágoston Kubinyi als Geschenk übernommen.) Eischl schrieb einen Brief an den Sekretär der Ungarischen Akademie der Wissenschaften János Luczenbacher (János Érdy) und an den Verteidigungsausschuss „über diesen interessanten Fund“ und darüber, dass neben dem freigelegten Grab auch noch ein anderes zu sehen ist. Zur Öffnung des anderen Grabes luden sie den „landesweit bekannten fachwissenschaftlichen Exper-

ten für Antiquitäten“ (János Érdy) ein. In der Zwischenzeit wurde am 5. Dezember um 2 Uhr nachmittags auf Wunsch des Bürgermeisters Hadhalmi das im ersten Sarg gefundene Skelett von den in der Stadt befindlichen Ärzten untersucht. In dem von Mihály Marbik, Károly Hellensteiner, Ferenc Say, Ferenc Hanekker, János Schaller und József Aschner erstellten Befund wurde eine „weibliche Person“ „im greisen Alter“ beschrieben, die „vor sechshundert Jahren“ begraben wurde. (Stadtarchiv Székesfehérvár, Protokoll der Ratssitzung 1848/4510) Die nach Pest gebrachten Schmuckstücke wurden von Érdy am 6. Dezember unter Nr. 61 in das Eingangstagebuch eingetragen. Die Arbeit von János Érdy und des in seiner Begleitung am 8. Dezember eintreffenden Ingenieurs János Varsányi wird ab 12. Dezember von Protokollen belegt. Nach deren Aussage wurde um 9 Uhr vormittags vor „zahlreichen Zuschauern“ der zweite Sarg geöffnet, in dem die Gebeine und Schmuckstücke eines Königs lagen. (Stadtarchiv Székesfehérvár, Protokolle der Ratssitzung 1848/4613).“ Zitat Ende.

János Pauer erinnert sich wie folgt daran: „Noch in den Sommermonaten, in dem nach Osten gerichteten Teil des rechten Flügels des Bischofssitzes, wo einst die von Stephan dem Heiligen errichtete mächtige Basilika stand, stießen die Bauarbeiter bei der Renovierung des artesischen Brunnens während des Grabens auf brüchige Säulen und große Steintafeln. Mit der Fertigstellung der Arbeiten um den Brunnen herum und der Fortsetzung der Grabungen legten sie endlich einen Marmorsarg frei, der in den Morgenstunden des 5. Dezembers 1848 geöffnet und in ihr Gebeine einer Königin gefunden wurden; auf ihrem Kopf hatte sie eine Krone und an ihrem Finger einen Goldring. Die Zeit hatte alles an ihr zersetzt, nur das Skelett war erhalten geblieben. Dieser Fall erregte größere Aufmerk-

samkeit und wurde von der Stadtverwaltung an höhere Stellen gemeldet; die Ausgrabungen wiederum wurden so lange ausgesetzt, bis die seitens des Ungarischen Nationalmuseums entsandten Fachleute endlich am Schauplatz erscheinen würden. Als das geschah, wurden die Ausgrabungen weiter fortgesetzt und nachdem von dem neben dem ersten Sarg liegenden, ebenfalls aus Marmor bestehenden Sarg der Erdschutt wie auch der Gesteinsschutt mit gotischen Merkmalen entfernt worden war, wurde der Sarg am 12. Dezember, um 8 Uhr morgens geöffnet. Ein heiliges Grausen packte uns am Leib, als sich vor uns das Grab öffnete und wir darin die Gebeine des einstigen Königs der ungarischen Nation und zwischen den Knochen den königlichen Schmuck liegen sahen; denn außerdem war alles, was die Zeit nur vernichten konnte, vernichtet worden“ (Pauer 1849).

An die Öffnung des Grabes des Königspaares erinnerte sich 1853 auch János Érdy: „vor unseren Augen erschien ein starkes männliches Skelett, bedeckt von der Asche früherer Jahrhunderte, die der Wind jetzt erstmals berührte. Auf dem 6 Fuß und 2 Zoll langen, noch nie berührten Silberschmuck war eine rötlich-graue Farbe, und diese spezielle Farbe wurde später dunkler. Zu diesem schönen Anblick strömte eine lärmende Menschenmenge auf den sonst ruhigen Platz. Gruppenweise sprangen die Leute in die Grube und der Aufseher war nicht mehr in Lage, jemanden zurückzuhalten. Ältere Damen beteten mit tränenden Augen vor den zerbröckelten Reliquien, während sich andere nachdenklich über das schockierende Bild des einst prachtvollen Lebens wunderten und wieder andere rätselten oder fragten sich: welcher unserer Könige ist dieses starke Skelett“ (Érdy 1853).

Das Skelett dürfte ungewöhnlich groß, etwa 188-190 cm gewesen sein. Die große Statur zeigt nordische Merkmale, da die Arpaden

und die Rurikiden in leiblicher Verwandtschaft standen, die Herrscher der Kiewer Rus waren nämlich skandinavischer Abstammung. Der Urgroßvater von Béla III., Prinz Álmos, heiratete Predslawa von Kiew aus dem Haus Rurik, ihr Enkel Géza II. (1141-1162) heiratete ebenfalls in Kiew und aus der Ehe mit Euphrosina von Kiew wurde Béla III. geboren (Szabados 2016).

Der renommierte Archäologieprofessor Gyula László wies darauf hin, dass die Gesichtsrekonstruktion des Schädels von Béla III. eine Ähnlichkeit mit der in Győr gehüteten Büste von Ladislaus dem Heiligen aufweist, was verständlich ist, da Béla III. 1192 König Ladislaus I. heiligsprechen ließ, d. h. nur Béla III. konnte das einzige lebende Modell für den König sein. (László 1965; Bild 11).



**Bild 11.** A: Győrer Kopfreliquiar von Ladislaus der Heilige  
B: Gesichtsrekonstruktion von Béla III. (Museum des Königs Heiliger Stephan, Székesfehérvár, angefertigt von: Gyula Skultéty)

Der Eintrag im Protokoll der Ratssitzung vom 14. Dezember berichtet vom Auffindung weiterer Gräber ohne Beigaben, davon, dass man die Funde in das Ungarische Nationalmuseum bringen wird und dass die Kosten vom ungarischen Staat übernommen werden (Stadtarchiv Székesfehérvár, Protokoll der Ratssitzung 1848/4619).

Die öffentliche Ausstellung der Königsgräber wurde von den Bewohnern der Stadt wie auch der Umgebung mit großem Interesse verfolgt. Die Entdeckung der Königsgräber wurde zur landesweiten Sensation und inspirierte den Poeten János Garay (1812–1853) zum Gedicht *Stimme aus dem Grab zu den Lebenden*, dessen 10. Strophe von Zsófia Demeter vorgetragen wird (Demeter 1999). Aus diesem Gedicht zitieren wir die erste, zweite und zehnte Strophe (in einfacher Übersetzung)

In Székesfehérvár sind die Menschen mit Spaten  
unterwegs und graben,  
Zum Vorschein kommen Gräber aus uralten Zeiten –  
Aus den Gräbern steigen Könige, Ahnenväter,  
Die dort seit langem den Totentraum träumen.

Noch nicht einmal der Platz war über viele Jahrhunderte bekannt.  
Der Platz der Gräber, die die Asche unserer Könige bedecken;  
Und jetzt, oh Wunder! öffnet sich die Erde von allein,  
Und entlässt aus seinem moosigen Grab einzelne  
Arpadenkönige!

...

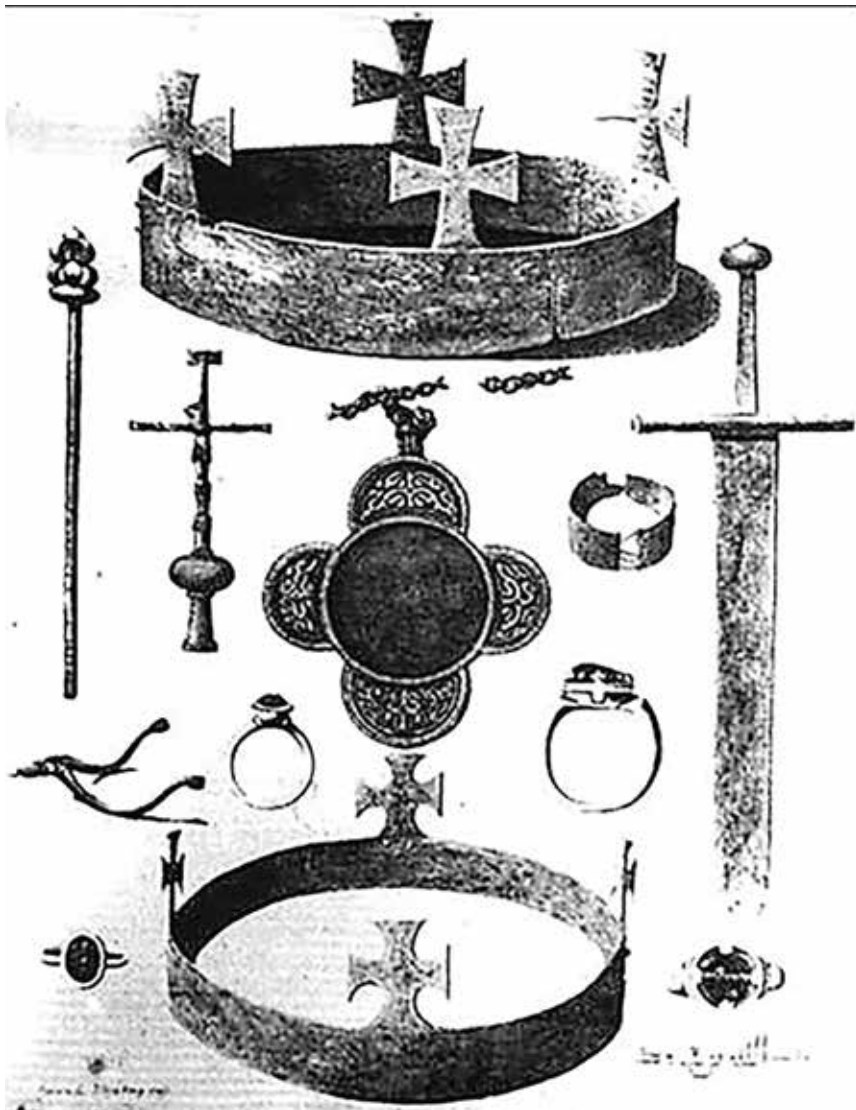
Nein, nein! Das Grab deiner Väter öffnete sich mir  
deshalb,

Damit beim Ansehen der Toten Dein Herz auf-  
flammt!

Nicht weil es vielleicht ein König war, doch der Sohn  
einer Epoche,

In der diese Heimat glorreich, frei und unabhängig  
war!

Die Identität von König Béla III. und seiner ersten Gattin, Königin Anna wurden im Dezember 1848 von János Pauer und János Érdy übereinstimmend festgestellt. Bei der Öffnung hatte König Béla III. eine mit vier gleichförmigen Kreuzen verzierte silberne Grabkrone auf dem Kopf und neben ihm befanden sich im Grab auch ein Zepter, ein Schwert, ein Kruzifix, eine Brustkreuz, ein Ring und ein Sporn. Auf dem Kopf der Königin war ebenfalls eine mit vier Kreuzen verzierte Krone und daneben fand man einen Ring sowie Textilreste aus Spitze (Bild 12).



*Bild 12. István Gróh, Lehrer an der Königlich-Ungarischen Landeskunstgewerbeschule, fertigte diese Zeichnung vor der Beisetzung des Königspaares in der Matthiaskirche an. Die Zeichnung stellt den Grabfund von König Béla III. und auch die Grabkrone und den Ring der Anna von Antiochia dar.*

Bevor das Königspaar in der Matthiaskirche begraben wurde, unterzog man es in Budapest auch einer anthropologischen Untersuchung. Über das im ersten Grab gefundene Skelett, d. h. die sterblichen Überreste der Anna von Antiochia wurde Folgendes geschrieben: „Die Schlüsselbeine, der Brustkorb, der Beckenknochen und die Richtung der Oberschenkelknochen deuten auf ein weibliches Skelett hin. Und da die Suturen ihres Schädels alle klar sichtbar und die Zähne vollzählig, unversehrt und wenig abgenutzt sind, kann man das Alter der Frau auf 30-40 Jahre schätzen“. Die Suturen des Schädels des im anderen Grab ruhenden Königs Béla III. sind, mit Ausnahme der Sutura lambdoidea, die schon zusammenzuwachsen begannen, klar sichtbar; die Zähne sind vollzählig, doch da der Zahnschmelz auf den Schneideflächen ihrer Kronen abgenutzt ist, deutet das auf ein Alter von 50 Jahren hin“.

Neben den Königsgräbern erkundete Érdy drei weitere Gräber. Die dritte Grabkammer lag in der Nähe der königlichen Gräber, südlich davon und etwa 40 cm tiefer (frühere Bestattung). Érdy schrieb darüber im Inventarbuch des Nationalmuseums von 1848 unter Nummer 64 Folgendes (Éry 2008, 17): „Unter rohem Boden fanden wir einen Sarg aus gehauenen Sandstein ... dessen Boden fehlte, da er sowieso auf große gehauene Sandsteine gestellt war, die wiederum auf pechschwarze, in Sumpfboden geschlagene Pflöcke oder Pfähle gestellt waren.“ In der Grabkammer „lag ein links von Schlamm umgebenes Skelett“, das der Ortsbeschau zufolge ein „männliches Skelett war, das den obigen Zeichen nach das 30. Lebensjahr bereits überschritten hatte“ (Skelett mit der momentanen Nr. II/52\_3). Das Grab war zerstört, es hatte keine Beigaben, die auf einen König deuten würden, diese könnten also während der Arpadenzeit entnommen

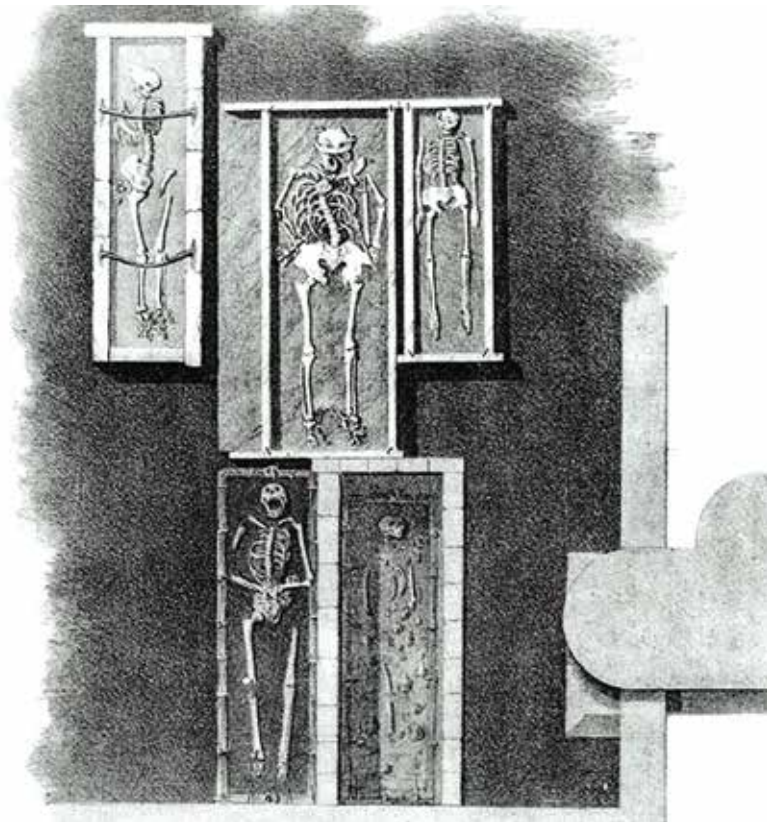


worden sein. Sofern es ein Königsgrab war, könnte es einem unserer Könige aus dem 12. Jahrhundert gehört haben.

Das vierte, von Érdy offengelegte Grab dürfte genauso alt gewesen sein, wie das von König Béla III., in dessen Nähe es lag, wobei im 4. Erdgrab außer den metallenen Resten eines Holzsarges die Skelette einer Frau und eines Fötus gefunden wurden. Das Skelett der im Sarg bestatteten Frau ging verloren, während das Skelett des neben ihr gefundenen Fötus erhalten geblieben ist (seine nicht verwendete Nummer ist II/52\_4). Mit Hilfe der genetischen Untersuchung des Fötus wiesen wir nach, dass die im vierten Grab gefundene Person Prinzessin Predslawa von Kiew ist (10. Kapitel, 3. Unterpunkt). Unmittelbar neben dem 4. Grab wurde auch noch ein mit Ziegelsteinen ausgekleidetes fünftes Grab freigelegt, das einen Holzsarg und ein derartig zerbröckeltes Skelett enthielt, dass man es nicht aufbewahrte. Wir haben sichere Erkenntnisse, dass die sterblichen Überreste des Gatten von Prinzessin Predslawa, des 1127 im Exil in Konstantinopel verstorbenen Prinzen Álmos aus dem Arpadenhaus von seinem Sohn Béla II. (dem Blinden) heimgeholt und 1137 in der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet wurden. (Biczó 2016) Die folgenden Fakten helfen uns, zu beurteilen, wo Prinz Álmos aus dem Arpadenhaus begraben worden sein könnte. Die 10-jährige Odyssee der Gebeine von Álmos, die ihrer endgültigen Bestattung vorausging, könnte der Grund für ihren schlechten Zustand sein; außerdem wurden enge Verwandte nach den damaligen Bestattungsbräuchen nebeneinander begraben. Unter Berücksichtigung all dessen kann wir annehmen, dass die im 5. Grab ruhende Person eventuell der Prinz Álmos aus dem Arpadenhaus sein könnte, der neben seiner im 4. Grab ruhenden, 1116 verstorbenen Gattin Predslawa von Kiew be-

graben wurde. (Bisher wussten wir nichts von den Steinwandgräbern aus der Arpadenzeit in der Königsbasilika.) Von den fünf Gräbern und den in ihnen liegenden Skeletten fertigte Ingenieur Varsányi vor Ort eine Zeichnung an (Bild 13), die er auf Wunsch von János Érdy mit nach Székesfehérvár brachte.

Am 17. Dezember 1848 brachte János Érdy nur mehr vier Skelette nach Budapest, die im fünften Grab gefundenen Knochenüberreste waren in so schlechtem Zustand, dass man sie nicht aufbewahrte. Noch im Dezember 1848 wurden die vier Skelette in Budapest von einer Ärztekommision mit unbekannter Zusammensetzung untersucht. Über den Fund des 4. Grabes wurde Folgendes geschrieben: „weiblich; das Lebensalter kann zwischen 20-30 Jahre geschätzt werden; bei dem auf der linken Seite des Beckens gefundenen Skelett kann es sich dem unentwickelten Knochenzustand nach zu urteilen um die Überreste eines 7-8 Monate alten unentwickelten Fötus handeln. Die Lage der gefundenen Frau zeigt, dass sie im schwangeren Zustand verstorben ist.“ (Ungarisches Nationalmuseum, Historische Datenbank) Angesichts der Tatsache, dass das zum Fötus gehörende weibliche Skelett verloren ging, ist unter den derzeitig vorhandenen Skeletten keins zu finden, das aufgrund der archäologischen Daten mit dem Fötus in Verbindung gebracht werden könnte. (Biczó 2016) Wie wir allerdings schon erwähnten, verweist die 2019 durchgeführte genetische Untersuchung des Fötus auf die Identität der Mutter und des Vaters.



**Bild 13.** Die von János Érdy 1848 geöffneten fünf Gräber nach der Zeichnung von János Varsányi. Das separate Bild ist die vergrößerte Zeichnung des Skeletts Nr. II/52\_3; darauf ist gut sichtbar, dass das Grab mit Steinen ausgekleidet ist und man es somit in die Kategorie I (Königsgräber) und nicht in die Kategorie II (Erdgräber) hätte einordnen müssen. Das Grab von Skelett Nr. II/52\_3 ist den archäologischen Daten zufolge eindeutig älter als das von Béla III. Nach den Bestattungsbräuchen des 12. Jahrhunderts wurden nur Könige und ähnliche Personen in mit Steinen ausgekleideten Gräbern im Inneren der Basilika begraben, wobei enge Verwandte möglichst nebeneinander bestattet wurden. (Engel, 1987).

Mit den Erdschichten der Ausgrabungen von 1848 beschäftigte sich Piroska Biczó in ihrem bei der Gedenkfeier für János Érny gehaltenen Vortrag detailliert wie folgt (Biczó 1999). In der Nähe des Grabes begann eine neue Untersuchung: „während der Arbeit kam unter der aufgefüllten Erdschicht gleich ein zerbröckelter Wandputz zum Vorschein“ – schreibt er und führt die beim Tiefergehen nacheinander folgenden Schichten auf. Aus dem Halbsatz „während der Arbeit kam unter der aufgefüllten Erdschicht gleich ein zerbröckelter Wandputz zum Vorschein“ können wir darauf schließen, dass Érny neben der durch die Erdarbeiten freigelegten Fläche die Erforschung einer neuen und noch unberührten Fläche begonnen hatte. Aufgrund der Vermessungszeichnung über die Fundsicherung – die den Sockel des südlichen Segmentes des bis heute erhaltenen dritten Pfeilers aufführt – kann die Position der seitdem verschwundenen Grablöcher genau bestimmt werden. Über die freigelegten Schichten sind bis heute zwei Zeichnungen erhalten geblieben, die in der Historischen Datenbank des Ungarischen Nationalmuseums aufbewahrt, nach der Ausgrabung von János Varsányi angefertigte farbige Federzeichnung und die im Anschluss daran in einer Publikation von Érny erschienene Zeichnung (Érny 1853). Der Rohentwurf der technischen Zeichnung dürfte am Standort gefertigt worden sein, ist jedoch nicht erhalten geblieben. Érny reiste gemeinsam mit dem die Zeichnung anfertigenden János Varsányi „der als Ingenieur und geschickter Zeichner auch in meinen früheren archäologischen Reisen mein Weggefährte und Helfer war“ nach Székesfehérvár. Beim Vergleich der farbigen Federzeichnung und der Zeichnung der Publikation sind die zeichnerischen Lösungen identisch, doch enthält die farbige Zeichnung mehr Buchstabenangaben zur Unterscheidung

der Schichten, gibt aber keine Beschreibungen dazu an und ist uns nicht im Nachlass von Érdy erhalten geblieben. So ist die erschiene Zeichnung hinsichtlich ihrer Daten bescheidender, als sie sein könnte, enthält aber das Wesentliche. Die Bedeutung der Zeichnung besteht darin, dass sie auf der Fläche des Südschiffs von der Oberfläche ausgehend eine solche Schichtreihe angibt, die in der Zeichnung späterer Ausgrabungen entweder nicht aufzeigen wurde (Henszlmann) oder nicht aufgezeigt werden konnte. Genau deshalb muss jede spätere detailliertere Bewertung über das Gebäude und dessen Ausgrabungen auf die Zeichnung und Beschreibung von Érdy – als Basisinformation – zurückgreifen.

Aufgrund seiner Tätigkeit verdient es János Érdy, dass wir wenigstens sein Porträt zeigen (Bild 14).



**Bild 14.** Porträt von János Érdy  
(*Vasárnapi Újság* [Sonntagszeitung], 21. Mai 1871, Jahrgang 18, Nr. 21)

Érdys Funde wurde 1862 in zwei Zinkkisten in die Matthiaskirche transportiert. Die zwei Kisten wurden 1883 zuerst in das Anthropologische Institut der Eötvös-Loránd Universität in Budapest gebracht und der Beschreibung zufolge daraus außer den Knochen des Königspaares die Überreste des Fötus und die Überreste eines nicht vollständigen Skeletts entnommen. Danach legte man die Knochen in ihre Sarkophage in der Unterkirche in der Matthiaskirche. Neben den Ausgrabungen von János Érdy in 1848 gelangten weitere Skelette der Ausgrabungen von Imre Henszlmann in 1862 und 1874 in Kupferkisten in der Unterkirche. Das bedeutet, dass es sich um Skelette fast vom gesamten Areal der Kirche handelt. Die Funde der Ausgrabungen von Érdy und Henszlmann konnten während der Aufarbeitungen nicht vermischt werden, da die Funde von 1848 noch vor den Grabungen von Imre Henszlmann in die Matthiaskirche gelangten (10. Juli 1862 bzw. 15. September bis 12. November 1862). Die dem folgenden Ereignisse fasste Biczó so zusammen: Henszlmann nahm von seinen Ausgrabungen in 1862 und 1874 nur die von ihm für wichtig erachteten (Königs-) Skelette auf und übergab sie der Stadt (Biczó 2016). Die Skelette wollte Aurél Török 1893 untersuchen, da er vermutete, dass das im 4. Grab gefundene weibliche Skelett und der Fötus der Enkel von Béla III. sein könnte. Zu diesem Zeitpunkt gingen allerdings Teile der Funde verloren und wurden vermischt. Von den Skeletten der Unterkirche sind trotz der oben genannten Verluste einige Skelette erhalten geblieben. Die ärztliche Beschau von 1862 in Székesfehérvár untersuchte drei im Südschiff nebeneinander begrabene Skelette. In dem einem Grab lag ein weibliches Skelett, das von den Székesfehérvárer Ärzten auf mindestens 50 Jahre geschätzt wurde (spätere Kennzeichnung: II/109). Aufgrund der Tiefe des

(Erd-)Grabes kann es im Gegensatz zu Imre Henszlmann, der es für ein Königsgrab hielt, eher für ein spätmittelalterliches Grab gehalten werden. Die daneben gefundene runde Bronzeschnalle könnte auch aus der Arpadenzeit stammen, doch konnten die von Henszlmann als kleine Haken und Ringe bezeichneten Funde aufgrund der veröffentlichten Zeichnung auch zu einer französischen Beziehung gehört haben. (Henszlmann 1864, 197–198). In diesem Fall kann das Grab nicht früher als aus dem 14. Jahrhundert sein. Die Beigaben können weder bestätigen noch dementieren, dass es sich um eine Person königlichen Ranges handelt. Die südlich der weiblichen Grabstätte gefundenen zwei männlichen (Erd-)Gräber waren 8–12 Zoll (21–31 cm) tiefer als das vorige weibliche Grab. Der Altersbestimmung von Henszlmann zufolge konnte der eine Mann (das spätere Skelett Nr. II/53) 26 Jahre alt und der andere (Skelett Nr. II/54) unter 30 Jahren gewesen sein. Ob sie aus der Arpadenzeit stammten, konnte weder bestätigt noch ausgeschlossen werden. Das Fehlen von Grabbeigaben konnte nichts über ihren gesellschaftlichen Rang aussagen. Die von uns durchgeführten genetischen Untersuchungen schlossen eine Verwandtschaft zum Arpadenhaus aus und gaben uns einen Anhaltspunkt über die Identität der Skelette (siehe 10. Kapitel).

Imre Henszlmann öffnete 1874 im nördlichen Seitenschiff vier mit Steinen ausgekleidete Gräber, die aufgrund der Bauweise wie auch der Tiefenangaben in die Arpadenzeit fallen. Der Boden und die Deckplatte von zwei dieser Gräber scheinen zu einer früheren Fußbodenebene zu passen, dies könnte der Fußboden der Kirche vor ihrem großen Umbau im 12. Jahrhundert, also aus der ersten Hälfte des 12. Jahrhunderts sein (Gräber E und G = Grab I/3); zwei ihrer Deckplatten liegen 30 cm höher, diese könnten schon zu dem

20–25 cm höher gelegenen Fußboden des 12. Jahrhunderts nach dem Umbau passen (Gräber H und F = Grab I/4). Von den vier Gräbern stammt das Grab I/3G also wahrscheinlich aus der ersten Hälfte des 12. Jahrhunderts und das Grab I/4 H aus der zweiten Hälfte des 12. Jahrhunderts, eventuell aber auch vom Anfang des 13. Jahrhunderts. Die Grabbeigabe von Grab H war ein Bronzekopfring mit einer Abbildung des Agnus Dei. Der Gebrauch von Ringen dieser Form begann im 13. Jahrhundert. Der Ring ist nicht vorhanden, was seine genauere Einordnung erschwert. Über den gesellschaftlichen Status der Personen, die in der Gruppe von vier Gräbern bestattet wurden, konnte man nichts sagen. Der Bronzering kam in breiten Schichten der Gesellschaft vor. Darauf, dass die Bestatteten höheren Ranges waren, verweist das Bronzekreuz des verlorenen Reliquiars im Grab E, das ein anspruchsvolleres Stück ist als die allgemeinen Brustkreuze in den Gräbern. Das Skelett E wurde 1874 als weibliches Skelett bestimmt, demnach wurden hier eher weltliche Personen begraben, eventuell konnten es Angehörige der königlichen Familie sein. Die Bestimmung des Geschlechts können wir allerdings nicht überprüfen, da das Skelett nicht vorhanden ist. Normalerweise ist das Nordschiff im Mittelalter die Begräbnisstätte der Geistlichen. Im 14. und 15. Jahrhundert standen auch zwei Probstkapellen auf der Nordseite (die früher gegründete und von Probst Bodó Miklós Györgyi umgebaute Kapelle und die Kapelle von Domonkos Kálmáncsehi). Die zwei im Grab F begrabenen Toten widersprechen der königlichen Bestattung, sind aber auch nicht vorhanden. Bei der Beerdigung des zweiten Toten hat man die Knochen der hier früher Bestatteten am Ende des Grabes zusammengelegt. Im Mittelalter war das eine übliche Vorgangsweise, doch ist es im Fall von Angehörigen der könig-

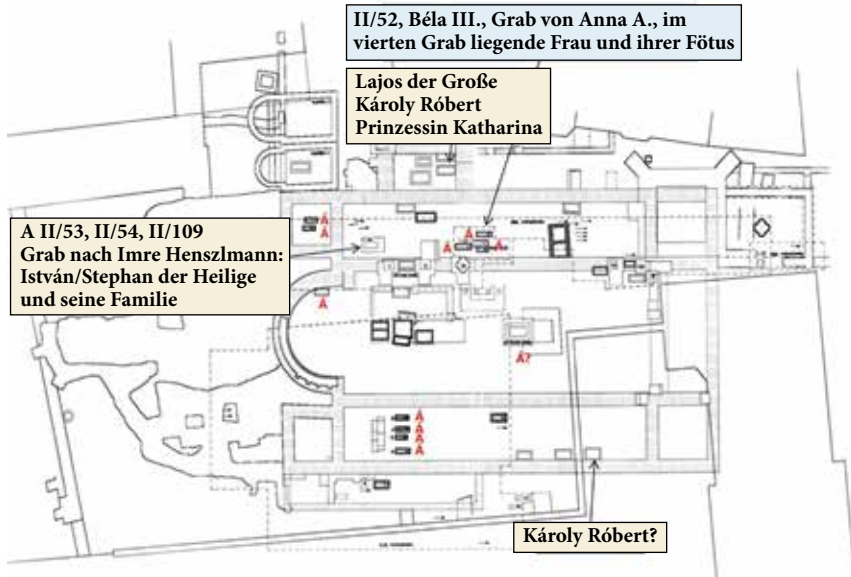


lichen Familie schwer vorstellbar. Wenn die Gebeine einer für wichtig gehaltenen Persönlichkeit im Weg waren, hat man diese in einer kleineren Kiste anderswo neu begraben. Leider sind außer den sterblichen Überresten von König Béla III. und seiner Gattin von vier der weiteren fünf Könige des 12. Jahrhunderts weder die Skelette, noch ihre nachweisbaren Grabstätten vorhanden.

1839 öffnete man in der Westhälfte der Kirche 4+1 Gräber, von denen das eine mit Sicherheit aus der Arpadenzeit stammte; aufgrund seines Goldschmucks konnte es eine königliche oder zur königlichen Familie gehörende Person gewesen sein. Henszlmann sah sich die Grabstätten an und markierte sie auf seiner Karte in der Nordhälfte des Hauptschiffes. Allerdings weiß man nicht, ob er ihre Lage gut wahrgenommen hat und sie nicht im Nordschiff lagen. In diesem Fall können wir auch im Nordschiff mit königlichen Bestattungen rechnen. Auf Bild 15 ist der Grundriss der Königsbasilika von Székesfehérvár zu sehen, auf dem die durch die Ausgrabungen von János Érdy, Imre Henszlmann, Alán Kralovánszky und Piroska Biczó offengelegten Gräber sowie die Grabstätten von Ludwig dem Großen, Karl I. Robert und Prinzessin Katalin markiert sind.

Gezeichnet von Zoltán Szabó (2002). Die Markierung der einzelnen Grabstätten erfolgte aufgrund der Ausgrabungen von Alán Kralovánszky zwischen 1965 und 1993 sowie von Piroska Biczó zwischen 1994 und 2002 nach Anleitung von Piroska Biczó. (Á = Gräber aus der Arpadenzeit)

Die von Érdy offengelegten und in zwei Zinkkisten an das Nationalmuseum geschickten Funde kamen 1862 in die Matthiaskirche und gelangten 1883 von dort für die Dauer des Umbaus der Kirche in das Anthropologische Institut der Eötvös-Lóránd Universität, wo



**Bild 15.** Gesamtgrundriss der Königsbasilika von Székesfehérvár (Propsteikirche Jungfrau Maria) mit den auf den Karten von János Érdy (1848) und Imre Henszlmann (1862–1874) markierten Gräbern.

der Arzt und Anthropologe Aurél Török Untersuchungen an ihnen vornahm und auch seine akademische Antrittsrede zu diesem Thema verfasste. Dabei hielt er das im 3. Grab gefundene Skelett für 20-22 Jahre alt (Török 1883). Ebenfalls war er es, der auf die Ähnlichkeit zwischen dem Schädel von König Béla III. und der Büste von Ladislaus dem Heiligen in Győr aufmerksam machte (Török 1894a; 1894b; 1900).

1898 wurden die Skelette von der Universität in die nunmehr neu erbaute Matthiaskirche zurückgebracht und das Königspaar wurde in prunkvollen Kupfersärgen in der Seitenkapelle bzw. die von Érdy und Henszlmann gefundenen Skelette in insgesamt vier, mit Kruzi-

fixen verzierten Kupfersärgen im Sarkophag der Unterkirche untergebracht. Die erste Kupferkiste beinhaltete das von Érdy im 3. Grab gefundene (das später als Nr. II/52\_3 angegebene) kopflose Skelett und das aus dem 4. Grab stammende Skelett des 7-8 Monate alten ungeborenen Fötus. In die zweite Kupferkiste kam das später mit Nr. I/3\_G5 angegebene Skelett aus der Ausgrabung der Grabkammer G durch Imre Henszlmann von 1874. In die dritte Kupferkiste legte man das Skelett Nr. I/4H6, das man bei der Ausgrabung von Imre Henszlmann 1874 in der Grabkammer H gefunden hatte. Inhalt der vierten Kupferkiste: die von den Ausgrabungen von Imre Henszlmann in den Jahren 1862 bis 1874 erhalten gebliebenen und nach ihrer individuellen Trennung abgesonderten 14 Einzelskelette, von denen elf zu den Toten der Erdgräber innerhalb der Basilika (Grabgruppe II) und drei zu den Toten des Gebiets östlich der Mauern der Basilika (Grabgruppe VI) gehörten.

Eine neuerliche und somit dritte Untersuchung der königlichen Gebeine erfolgte 1967. Zur anthropologischen Untersuchung wurde der Anthropologe Tibor Tóth eingeladen, während die Untersuchung der Funde vom ärztlichen Aspekt der Pathologe und Paläopathologe Gyula Regöly-Mérei durchführte (Regöly-Mérei 1968). Die Untersuchung erstreckte sich auf das Lebensalter und die Körpergröße sowie mit Hilfe der radiologischen Aufnahmen von Zoltán Zsebök auf eine Überprüfung der pathologischen Läsionen, während der Gerichtsmediziner László Harsányi gleichzeitig die Blutgruppe sowie neuerlich das Lebensalter bestimmte. Ihre Ergebnisse stimmten vollkommen überein, sie schätzten das Lebensalter von Béla III. auf 48-52 und seine Körpergröße auf 180,67 cm (Mittelwert). Am Schädel von Béla III. bemerkten sie entlang der Sutura lambdoidea jenen eingedrückt-

ten, kreisförmigen Bereich, den wir später als symbolische Trepanation identifizierten. Sie dachten, dass die Veränderung durch einen Hauttumor verursacht worden sein kann. Der anthropologische Durchschnittswert des Lebensalters der Anna von Antiochia lag bei 35 Jahren, bei ihren Knochen stellte man Kalkarmut und eine ausgesprochene Osteoporose fest, was man mit ihren sieben Geburten in Verbindung brachte. Aufgrund der Röntgenbilder bestand auch die Möglichkeit einer Rachitis, was jedoch mit paläopathologischen Untersuchungen nicht nachgewiesen werden konnte.

Zum vierten Mal wurden die in der Unterkirche der Matthiaskirche gehüteten Knochenfunde von der Königsgrab-Kommission untersucht, nachdem der Sarkophag am 13. November 1984 mit Erlaubnis des Kanonikers Protonotar Dr. János Fábíán geöffnet wurde und die dort gehüteten anthropologischen Funde für weitere Verfahren ins Ungarische Nationalmuseum gebracht wurden. Das Königsgrab-Kommission beschreibt in ihrer am 16. April 1986 datierten Arbeit mit dem Titel *„Protokoll über die Entnahme und Wiederbestattung der aus der Königsbasilika von Székesfehérvár stammenden und in der Unterkirche der Liebfrauenkirche in der Burg von Buda sekundär beigesetzten anthropologischen Funde“*, dass die Öffnung der vier in das Ungarische Nationalmuseum gebrachten Kupferkisten am 17. Dezember 1984 im Beisein des Direktors der Königsgrab-Kommission Dr. Ferenc Fülep und seines Sekretärs Dr. Alán Kralovánszky erfolgte (Bild 3). Sie stellten fest, dass in der mit einem gleichschenkligen Kreuz verzierten ersten Kupferkiste das 1848 unmittelbar neben dem Grab von König Béla III. und Königin Anna entdeckte und 1862 in die Matthiaskirche überführte, doch da bereits ohne Schädel und Unterkiefer früher begrabene Skelett sowie die gleichzeitig offenge-

legten und im Becken des weiblichen Skeletts gefundenen Knochen des Fötus lagen. Diese beiden Skelette bekamen bei den Untersuchungen die Nummern 3 und 4.

In der zweiten Kupferkiste befand sich das ganze Skelett (Nr. 5) mit dem Kennzeichen G aus dem nördlichen Seitenschiff bzw. in der dritten Kupferkiste das neben dem Grab G liegende ganze Skelett (Nr. 6) mit dem Kennzeichen H, während in der vierten Kupferkiste eine große Anzahl an Überresten von Schädelknochen und die nach der individuellen Trennung abgesonderten 14 einzelnen Skelette zu finden waren. Diese wurden in den aktuellen Untersuchungen mit den Nummern II/53\_7, II/109\_8, II/54\_9, II/55\_10 und II/56\_11 bzw. die bruchstückhaften Schädelknochen mit den Nummern VI/1\_13, VI/2\_15 und VI/3\_17 versehen. Von der Öffnung der Kisten und den unterschiedlichen Untersuchungen wurden eine schriftliche sowie eine Foto- und Filmdokumentation angefertigt, die im Ungarischen Nationalmuseum aufbewahrt werden. Dieses Mal wurden die anthropologischen Untersuchungen von János Nemeskéri, Antónia Marcsik, Ferenc Szalai und Kinga Éry bzw. die zahnärztlichen Untersuchungen vom Stomatologen Gábor Kocsis vorgenommen. Die röntgendiagnostischen Untersuchungen führte der Radiologe György Luzsa durch, die Physiker József Bacsó und Imre Uzonyi untersuchten die Spurenelemente, die Serologin Zsófia Santora prüfte die RH Antigene, die Gerichtsmediziner Árpád Szabó und Zsuzsanna Váczy bestimmten die Blutgruppen bzw. der Geologe József Konda und die Chemieingenieurin Éva Orcsik erforschten die Körperabdrücke auf der Marmorgrundplatte des Grabes von Béla III. und Anna von Antiochia. Mitglied der Kommission war auch der Biophysiker Arzt Dr. József Tigyi. Aufgrund all dessen wurde von der Untersuchung in

Übereinstimmung mit der ursprünglichen Festsetzung von Érdy eindeutig anerkannt, dass das Königspaar mit Béla III. und seiner Gattin Anna von Antiochia identisch ist (Éry 2008; Luzsa et al. 1988; 1989).

Nach Ansicht des Historikers Dr. György Szabados ist es wichtig, die obige Feststellung zu betonen, da der seit Érdy und Pauer mit einem ganzheitlichen fachlichen Konsens bestätigte Bestimmung des Königspaares in jüngster Vergangenheit durch den Archäologen Endre Tóth verworfen worden war.

Demgegenüber spricht Folgendes für die Identität von Béla III. und Anna von Antiochia.

1. Allein die archäologische Argumentation, also die Deutung des Kruzifixes als „Prozessionskreuz“ und die darauf aufgebaute Identifizierung als Koloman ist nicht überzeugend. Es ist von vornherein fraglich, was für einen Grund es bei der Beerdigung von Koloman es hätte geben können, an seiner wenig mehr als 20 Jahre vorher zu Ende gegangene bischöfliche Würde zu erinnern. Das Kruzifix wird von der früheren Fachliteratur als Pilgerkreuz definiert, wofür es eine naheliegende Erklärung gibt. Béla III. hat einen Schwur für einen Kreuzzug abgelegt, konnte aber wegen seines nahenden Todes nicht aufbrechen. In seinem Testament überließ er seinem zweitgeborenen Sohn, dem späteren König Andreas II. (1205-1235) die Erfüllung einer Pilgerfahrt ins Heilige Land, der den letzten Willen seines Vaters mit 21 Jahren Verspätung erfüllte. Das ins Königsgrab gelegte Kruzifix könnte daher das nicht eingehaltene Versprechen der Pilgerfahrt symbolisieren. Und das Kreuz mit Handgriff war sogar ein Würdezeichen christlichen Herrscher (Uzsoki 1984). Darüber hinaus zwingt auch

die im Vergleich zum Zeitalter von Béla III. verhältnismäßig altmodische Art der Grabbeigaben nicht zu einer chronologischen Revision: wieso hätte man letztlich 1196 ausschließlich in 1196 gefertigte Gegenstände neben den Leichnam des Königs legen sollen?

2. Die paläopathologischen Untersuchungen zeigten, dass es auf häufige Geburten hindeutet, dass sich die Gelenksoberflächen der Schambeinknochen stark voneinander entfernt haben. Gyula Regöly-Mérei wies auch nach, dass die sterblichen Überreste der Anna von Antiochia Spuren einer solchen Osteoporose bewahren, die von oftmaligen Geburten verursacht werden (Regöly-Mérei 1968). Und Königin Anna hat nunmal sieben Kinder zur Welt gebracht, während die erste Gattin von Koloman dem Buchkundigen, Felizia von Sizilien, nur drei.
3. Im Zentrum für Onkologische Bildgebung und Invasive Diagnostik des Landesinstituts für Onkologie machte Dr. Mária Gödény Computertomographiebilder (CT-Aufnahmen). Denn in der Bilderchronik ist zu lesen, dass Koloman unter schweren Kopfschmerzen litt und sein Arzt ein Pflaster auf sein Ohr klebte, durch das „nicht wenig Gehirnmasse“ entwich. In Wahrheit beschrieb der Chronist die Symptome einer eitrigen Mittelohrentzündung. Dieses Krankheitsbild geht immer mit Knochenverfall einher, doch waren die Knochen auf dem CT-Bild des im Dezember 1848 offen gelegten männlichen Schädels gut erhalten, an ihnen war keine Art von Knochenschädigung zu sehen (Bild 16), d. h. er litt nicht an der Krankheit von Koloman dem Buchkundigen.

Die zitierten wissenschaftlichen Arbeiten widerlegen eindeutig die Theorie von Endre Tóth und bestätigen unsere zeitgenössischen Wissenschaftler. Deshalb zitieren wir die auch heutzutage stichhaltige Schlussfolgerung von János Érdy: „Die Marmorsärge I und II sind also die Särge von König Béla III. und seiner ersten Gattin, Königin Anna, denn die vorgestellten Gründe sind auf sie sehr wohl und auf die anderen Könige und ihren Gattinnen, die im 12. Jahrhundert lebten, nicht anwendbar“.



**Bild 16. A:** Der aufgrund von mehreren hundert, bei der CT-Untersuchung vom Schädel von Béla III. angefertigten, hoch aufgelösten Schichten in 3D rekonstruierte Schädel veranschaulicht gut, dass sowohl der Hirnschädel, die Schädelbasis als auch der Gesichtsschädel unversehrt ist. Auf ein krankhaftes Knochenbild verweisende Veränderungen sind weder in den Nebenhöhlen noch um das Ohr herum sichtbar.

**B:** Auch auf der Seitenaufnahme ist gut sichtbar, dass die Knochenstruktur rund um die Ohröffnung vollständig erhalten ist.



Die aus Anthropologen bestehende Arbeitsgruppe von Kinga Éry unterzog die Skelette des Königspaares und der Personen I/3G5 sowie I/4H6 sehr eingehenden anthropologischen Untersuchungen (Éry, 2008). Dabei berechneten sie das anthropologische Lebensalter zum Zeitpunkt des Todes (angegeben in der Tabelle 3) sowie die Körpergrößen. Die Körpergröße von Béla III. ergab 186,61 cm (bzw. 185,83 cm), während die Körpergröße der Anna von Antiochia mit 161,69 cm (bzw. 161,46 cm), die Körpergröße des Skeletts I/3 G mit 162,07 cm bzw. die Körpergröße des Skeletts I/4H mit 178,18 cm ermittelt wurde. Beim Skelett G konnte nur theoretisch angenommen werden, dass es sich um einen in Székesfehérvár begrabenen König aus dem Arpadenhaus handeln könnte. Zur Sprache kamen die Namen Koloman der Buchkundige (†1116), Béla II. (der Blinde) (†1141), Géza II. (†1162), Ladislaus II. (†1163) und Stephan IV. (†1165), doch wurden sie alle wegen der geringen Abweichung zwischen dem bekannten Lebensalter der genannten Könige und dem anthropologisch bestimmten Lebensalter ausgeschlossen. Koloman der Buchkundige wegen des Fehlens von osteologischen Beweisen für die Ohrentzündung und Béla II. wegen der fehlenden Knochenfunde bezüglich der Blendung im Jugendalter wurden als theoretische Möglichkeiten ausgeschlossen (Éry 2008, 89–91).

Das Grab H ist laut archäologischen Daten auf die erste Hälfte des 13. Jahrhunderts zu datieren, als wiederum keine erwachsenen Könige in Székesfehérvár begraben wurden. An dem hier gefundenen Skelett waren die Anzeichen von DISH (Diffuse idiopathische Skeletthyperostose, Morbus Forestier) eindeutig erkennbar, doch wurde das Krankheitsbild nicht benannt. Die endgültige Diagnose wurde von Józsa (Józsa 2010) sowie von Józsa und Forgács (Józs-Forgács 2009)

erstellt, die sich mit diesem Krankheitsbild eingehend beschäftigten und in ihren Veröffentlichungen erwähnen, dass diese Krankheit in Mönchskreisen ziemlich häufig war und auch als Berufskrankheitsbild angesehen werden kann, während es in der gleichaltrigen Bevölkerung praktisch nicht oder kaum vorkam. Wenn wir außerdem berücksichtigen, dass im Mittelalter im Nordschiff der Königsbasilika von Székesfehérvár, wo man das Grab H gefunden hatte, gewöhnlich die Begräbnisstätte von Geistlichen war, ist es nicht schwer, darauf zu schließen, dass man hier eine sehr hochrangige Kirchenperson begraben haben könnte.

Zum einfacheren Überblick haben wir in der Tabelle 3 das zu unterschiedlichen Zeitpunkten von jeweils anderen Arbeitsgruppen bestimmte anthropologische Alter der Skelette aufgeführt, bei denen auch eine genetische Untersuchung erfolgt ist. Von diesen kommt das anthropologische Alter der Skelette Nr. II/53\_7, II/109\_8, II/54\_9 und II/55\_10 nur in der Monografie von Éry (Éry 2008) in der Tabelle 15/b vor. Aus der Tabelle geht hervor, dass die anthropologischen Lebensalter der unterschiedlichen Untersuchungen voneinander abweichen. Ein äußerst sichtbarer Unterschied ist bei Skelett Nr. II/52\_3 zu sehen. János Érdy bestimmte bei der Öffnung das anthropologische Lebensalter des später mit der Nr. II/52\_3 versehenen Skeletts aus dem 3. Grab mit über 30 Jahren (der Schädel war damals noch vorhanden), wogegen das geschätzte Alter bei Aurél Török 20-22 Jahre betrug (der Schädel war da schon nicht mehr vorhanden). Diese Daten über das Lebensalter wurden von Kinga Éry und ihrer Arbeitsgruppe auch akzeptiert und sie verwendeten diese als einen Beweis für die von ihnen angenommene Verwechslung des Skeletts.

Personen	Geschätztes anthropologisches Lebensalter der Skelette zum Zeitpunkt ihres Todes (in Jahren)						
	A	B	C	D	E	F	G
Béla III. († 48 Jahre)				50		48-52	45-49
Anna v. A. († 31 Jahre)	40			30-40		35	37-41
3. Grab, männlich, II/52_3	über 30				20-22		nicht identisch
4. Grab, weiblich		20-23					verloren gegangen
4. Grab, Fötus		7-8 Monate					
I/3 G5, männlich							36-40
I/4 H6, männlich							37-41
II/53, männlich			26				21-27
II/54, männlich			unter 30				32-38
II/55, männlich							36-42
II/109, weiblich							35-41

**Tabelle 3.** In der Tabelle ist das geschätzte anthropologische Alter der Skelette angegeben, die aus der Königsbasilika von Székesfehérvár stammen und in der Matthiaskirche verwahrt wurden und an denen auch eine genetische Untersuchung durchgeführt wurde. In der Tabelle ist auch das tatsächliche Lebensalter von Béla III. und Anna von Antiochia zu sehen. A: Von Érdy bei der Öffnung (5. Dezember 1848) bestimmtes Lebensalter. B: Dezember 1848, Altersbestimmung durch die Budapester Ärztekommision mit unbekannter Zusammensetzung. C: In 1862 von Imre Henszlmann und der Székesfehérvärer Ärztekommision angegebenes Lebensalter. D: Endgültige, vor der Beisetzung des Königspaares in die Matthiaskirche von einer Ärztekommision der Budapester Eötvös-Lóránd-Universität vorgenommene anthropologische Altersbestimmung. E: Von Aurél Török (1883) geschätztes Lebensalter. F: Von Gyula Regöly-Mérei (1968) und László Harsányi berechnetes Lebensalter. G: Anthropologische Altersbestimmung der Arbeitsgruppe von Kinga Éry (Éry 2008).

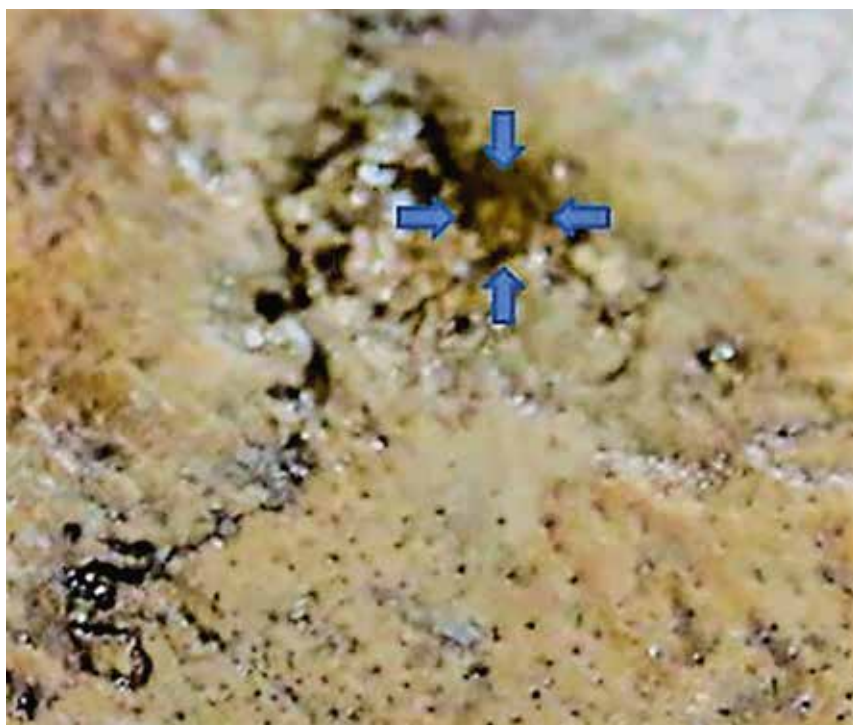
In der von Kinga Éry verfassten Monografie mit dem Titel „*Anthropologische Funde in der Königsbasilika von Székesfehérvár 1848–2002*“, die als Standardwerk angesehen wird, spielen neben den Untersuchungen der Arbeitsgruppe der Anthropologen auch die Untersuchungen der verbundenen Wissenschaften wie Zahnmedizin, Radiologie, Untersuchung der Spurenelemente, Untersuchung der Blutgruppe RH0 und der Rhesusfaktor-D-Antigene, die DNA-Untersuchung von *Mycobacterium leprae* und Tuberkelbazillus sowie die nichtmetrische Analyse der Schädelknochen eine Rolle. Es wurden Proben von einem der Oberarmknochen des Skeletts Nr. II/52\_3 entnommen und zu genetischen Untersuchungen nach Deutschland geschickt. Der Versuch war jedoch nicht erfolgreich.

Das Buch von Éry enthält auch eine unglaublich große Menge an anthropologischen Messdaten, die in Tabellenform 291 Seiten füllen (Éry 2008). Wir möchten die im Buch beschriebenen wertvollen Feststellungen natürlich nicht darlegen, gehen aber doch auf zwei lehrreiche Details ein.

### ***1) Symbolische Trepanation des Schädels von Béla III.***

Éry und ihre Arbeitsgruppe fanden an der Schädeldecke von Béla III. bei der Überschneidung der Kranznaht und der Pfeilnaht im Bereich der verknöcherten großen Fontanelle einen kreisförmigen fehlenden Knochenstück mit einem Durchmesser von 9×9 mm und einer Tiefe von 2 mm, die in der inneren Oberfläche des Schädels keine Spur hinterließ und man für eine künstliche, eine sog. symbolische Trepanation hielt (das Bild ist in der Monografie von Éry zu finden). Der Eingriff erfolgte zu Lebzeiten des Königs, im Erwachsenenalter,

denn die Ränder waren infolge der Wundheilung schon etwas verschwommen. Diese Knochenveränderung haben wir auch beobachtet und auch fotografiert (Bild 17).



**Bild 17.** *Spur der kreisförmigen symbolischen Trepanation am Schädel von Béla III.*

Symbolische Trepanationen wurden bei den Ungarn des 10. und 11. Jahrhunderts bei Schädeln aus Gräbern der Arpadenzeit im Karpatenbecken sowie entlang der Wegstrecke der Ungarn zur Zeit der Landnahme beobachtet, beispielsweise bei Schädelknochen, die auf Friedhöfen in der Wolga-Gegend oder im Kaukasus gefunden wurden. Diese Praxis ist bei anderen europäischen Völkern nicht be-

kannt. Da es keine schriftlichen Quellen gibt, weiß niemand, warum das gemacht wurde, sicher ist nur, dass es nicht zu Heilungszielen geschah, sondern es konnte eher Teil irgendeines Schamanenrituals oder einer Weihezeremonie sein. Die symbolische Trepanation wurde ausschließlich bei erwachsenen Männern und Frauen beobachtet, und es wurde so geschickt ausgeführt, dass sich die Wunde nie infizierte und gut verheilte. Aus der Fachliteratur sind etwa zweihundert symbolische Trepanationen bekannt. Mit der Verbreitung des Christentums verschwand der Brauch, und gerade deshalb ist es sonderbar, dass dies auch weit nach der Christianisierung ohne jeden Zweifel am Schädel von König Béla III. zu finden war.

## ***2) Ausschluss des in dem von Érdy offengelegten 3. Grab gefundenen Skeletts Nr. II/52\_3 von der Untersuchung durch Éry***

Aus später folgenden Aspekten ist es wichtig hervorzuheben, dass das von Érdy im 3. Grab gefundene, in der Matthiaskirche beige-setzte und 1883 erneut aufgetauchte Skelett, da bereits ohne Schädel, auch von Éry und ihrer Arbeitsgruppe untersucht wurde. Der 3. Grabfund bekam wahrscheinlich damals die Nummer II/52\_3, die auch später bestehen blieb, und gleichzeitig bekam der im 4. Grab gefundene Fötus die Nummer II/52\_4, die wir aber später nicht mehr verwendeten. Die Untersuchung bestand darin, dass die Nummern und Arten der Knochen auf der beim Auffinden 1848 angefertigten Zeichnung von Varsányi mit den vorhandenen Skeletten abgeglichen wurden, wobei überflüssige Knochen sowie Abweichungen bei den Knochenarten gefunden wurden. Außerdem wurde das anthropologische Alter des Skeletts als jünger eingeschätzt als die beim Auffinden

angegebenen 30 Jahre und man stimmte eher der Altersbestimmung von Aurél Török (20-22 Jahre) zu. Das Skelett hatte eine gelbliche Farbe, doch hätte es ihrer Ansicht nach eine bräunliche Farbe haben müssen, da es in bräunlich-schwarzem Schlamm lag. Deshalb waren die Mitglieder der Arbeitsgruppe der Meinung, dass das 1883 aufgetauchte Skelett nicht mit dem des Mannes identisch ist, das in der dritten Grabkammer gefunden worden war und vorübergehend die Nummer II/52\_3 bekommen hatte, weshalb sie es nicht in die oben zitierte Monografie aufnahmen (in ihrer Tabelle 15 ist unter der Nr. II/52 der Fötus zu finden) (Éry 2008, 19). Von der Arbeitsgruppe von Éry wurde jedoch Folgendes nicht berücksichtigt:

- Die 1848 von Érdy freigelegten Knochen kamen viel früher in die Matthiaskirche und konnten nicht verwechselt werden.
- Nach dem Auffinden und der Entnahme aus dem Grab spülte man den Schlamm vom Skelett ab, weshalb man die bräunlich-schwarze Farbe nicht mehr sah. Dr. Judit Olasz fand allerdings bei der DNA-Isolierung der von dem Skelett entnommenen Knochenprobe im Reaktionspuffer aufgelöste Schlammreste.
- Es wurde nicht berücksichtigt, dass die zeitgenössische Grabzeichnung (Bild 13) auch ungenau gewesen sein konnte, weshalb die Nummer der Knochen auf der Zeichnung und am untersuchten Skelett nicht übereinstimmte.
- Im 7. Kapitel verglichen wir die Muster der A-STR Marker der unterschiedlichen Knochen des Skeletts Nr. II/52\_3 miteinander und mit dem Muster des entsprechenden Markers von König Béla III. Die Untersuchung zeigte einerseits, dass alle Knochen zum Skelett Nr. II/52 gehören, andererseits fanden

wir heraus, dass ein Allel (mütterlich) einiger A-STR Marker mit dem Muster des entsprechenden Markers von König Béla III. übereinstimmt. Diese Angabe wiederum ist der genetische Beweis dafür, dass das 1883 aufgetauchte männliche Skelett nicht ausgetauscht wurde.

Die Lehre daraus ist, dass eine so entschiedene Meinung, wie sie sich die Arbeitsgruppe von Kinga Éry gebildet hatte – wonach es sich um ein ausgetauschtes Skelett handelt – auf viel breiteren wissenschaftlichen Erkenntnissen beruhen müsste.

Mit dem Ende der Untersuchungen legte die Arbeitsgruppe von Kinga Éry die Skelette, einzeln verpackt, am äußeren Rand mit einer Metallschnur markiert in die 1989 gefertigten Kupferkisten, die man am 18. April 1986 in den Sarkophag in der Unterkirche der Matthiaskirche zurückgab.

- Zu der von Kinga Éry verfassten Monografie schrieb Dr. László Józsa eine Rezension mit dem Titel „*Die Berge kreißten und gebaren eine Maus*“, die aber bis heute nicht erschienen ist (Józsa 2014). Darin wurden mehrere kritische Anmerkungen formuliert; die größten Einwände des Autors waren allerdings Folgende:
- Es wurde in der Zusammenfassung nicht einmal versucht, die Ergebnisse der Anthropologen und im Buch aufgeführten verbundenen Wissenschaften zu erläutern oder miteinander in Zusammenhang zu bringen, um Lehren ziehen zu können, die gemeinsam bewertet werden könnten und auch auf die zeitgenössischen Lage der öffentlichen Gesundheit verweisen.
- Die meisten Irrtümer gab es bei den Auswertungen der Entzündungsprozesse. Die Autoren erwähnen nämlich nur drei



Entzündungen (Syphilis, Lepra, Tuberkulose), obwohl es in Wahrheit viel mehr Entzündungsprozesse gibt, deren Mehrzahl von den Paläopathologen mit makroskopischer Beobachtung eindeutig erkannt werden. In keinem einzigen Fall nahmen sie jedoch eine Mittelohrentzündung bzw. Mastoiditis wahr, obwohl aufgrund heimischer und ausländischer Erfahrungen zur damaligen Zeit die Hälfte der Bevölkerung Anzeichen dafür zeigte. Diese Prozesse konnte man von Fall zu Fall nur anhand der Deformierung der Gehörknöchelchen bei geringer Vergrößerung diagnostizieren.

Tumorähnliche Knochenveränderungen wurden auf Ansicht diagnostiziert und ihre Größe wurde ungenau angegeben. Es wurden keine pathologischen Experten herangezogen, deren Kenntnisse und instrumentellen Möglichkeiten ein viel breiteres Spektrum an Aufarbeitung und eine genauere Diagnose gesichert hätten.

Danach wirft Dr. Józsa im Namen der Leser die Frage auf, für wen diese riesige Arbeit erstellt wurde. Vielleicht für Historiker oder Archäologen? Sie können die tausenden anthropologischen Messdaten nicht verwerten. Für Ärzte oder für Forscher mit ärztlicher Grundausbildung, die sich mit der Urzeit beschäftigen? Wohl kaum, da sie die sehr ungenauen Diagnosen der krankhaften Veränderungen nicht verwenden können. Wir finden keine Erläuterung bzw. Zusammenfassung der anthropologischen oder wenigstens der physiologischen Daten und es werden auch keine gemeinsamen Lehren daraus gezogen. Nach alledem ist zu Recht die Frage zu stellen: wem nutzt diese sicherlich riesige Arbeit?

Die (zum Zeitpunkt der Verfassung dieses Buches letzte) Öffnung der in der Matthiaskirche behüteten Sarkophage von Béla III. und

Anna von Antiochia und die 5. Untersuchung der Skelette erfolgten am 17. März 2014. Das Protokoll, das bei der Schließung in den Glaszylinder zu den anderen Dokumenten gelegt wurde, beschreibt den Zweck der Untersuchung wie folgt: „Seit der zwischen November 1984 und April 1986 durchgeführten eingehenden anthropologischen Untersuchung der sterblichen Überreste des Königspaares macht die Entwicklung der genetischen und anderer naturwissenschaftlichen Forschung eine weitere Erforschung der einzigen unberührt erhalten gebliebenen königlichen Bestattung des Arpadenhauses und mit der genetischen Untersuchung der Knochenreste eine individuelle Identifizierung der Angehörigen der Königsfamilie des Arpadenhauses und der noch auffindbaren anthropologischen Überreste der einst in der Königsbasilika von Székesfehérvár bestatteten und in den Stürmen der Geschichte vernichteten Königsgräber sowie die Erschließung ihrer genealogischen Beziehungen möglich. Aufgrund all dessen kann eine würdige und pietätvolle Beisetzung der Knochenreste und die Ausgestaltung einer nationalen Weihestätte erfolgen“ (siehe auch Bild 3).

Das Projekt wurde von Prof. Dr. Miklós Kásler, dem damaligen Direktor des Landesinstituts für Onkologie, angeregt, organisiert und geleitet. Bei der Öffnung des Sarkophags und der Probenahme waren anwesend und leisteten Hilfe: Dr. Zoltán Szentirmay (Landesinstitut für Onkologie), Dr. Béla Melegh (Universität Pécs, Institut für Medizinische Genetik), Dr. Elek Benkő und Dr. Balázs Gusztáv Mende (Ungarische Akademie der Wissenschaften, Forschungszentrum für Geisteswissenschaften, Institut für Geschichtswissenschaft), Dr. Piroska Biczó (Ungarisches Nationalmuseum), Piroska Rácz (Museum des Königs Heiliger Stephan, Székesfehérvár) und Dr. Éva Zoltán-Csor-

ba, Oberschwester für Pflegedienste (Landesinstitut für Onkologie). Das Protokoll wurde am 1. April 2017 vom Kanoniker und Pfarrer Dr. László Sülle (Matthiaskirche) und vom Generaldirektor Prof. Dr. Miklós Kásler (Landesinstitut für Onkologie) unterschrieben.

Abschließend können wir sagen, dass wir planen, bei den jetzigen, von uns angeregten Untersuchungen nach Möglichkeit die genetische Identifizierung aller in der Matthiaskirche aufbewahrten unbekanntem Skelette durchzuführen, wozu wir die genetischen Markermuster von Béla III. und Anna von Antiochia verwenden wollten. Unser Ziel war auch eine Herkunftsbestimmung der Arpaden. Reliquien wollten wir sowohl aus Pietätsgründen noch aus wissenschaftlichen Überlegungen nicht untersuchen. Stattdessen wollten wir die gesammelten historischen, archäologischen und anthropologischen Daten, die Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode und die morphologische Untersuchung der Knochenstruktur mit den genetischen Daten in Einklang bringen, die so gemeinsam bei der geplanten Identifizierung der unbekanntem Skelette helfen könnten.

**ZUSAMMENFASSUNG:** Die früher innerhalb der Mauern der Königsbasilika von Székesfehérvár erschlossenen Grabstätten, von denen man dachte, dass sie aus der Arpadenzeit stammen, konnten nachträglich schwer lokalisiert werden, und auch die individuelle Identifizierung der darin liegenden Skelette erwies sich als schwierig. Die aus den Gräbern entnommenen Skelette beispielsweise gelangten nach sechs separaten anthropologischen Untersuchungen an ihre letzte Ruhestätte, in zwei Sarkophage der Matthiaskirche. Es stellte auch ein Problem dar, dass bei den einander folgenden anthropologischen Untersuchungen die Ergebnisse nicht mit früheren Daten abgeglichen worden waren. Indem wir mit der früheren Praxis brachen, erfassten wir die zu unterschiedlichen Zeitpunkten angegebenen Lebensalter aller von uns untersuchten Skelette in einer Tabelle, um die Genauigkeit der anthropologischen Altersbestimmung überprüfen zu können. In zwei Fällen konnten wir auch feststellen, dass die Altersbestimmung eine viel größere Streuung aufwies, als durchschnittlich angenommen; dies erklärten wir mit einer schweren postmortalen Beschädigung der Knochenstruktur. Die Skelette von Béla III. und seiner Gattin Anna von Antiochia kamen aus dem einzig unberührten Grab und ihre Identität wird bis heute von der Wissenschaft akzeptiert. Die mit einem ganzheitlichen fachlichen Konsens angenommene Bestimmung des Königspaares wurde jedoch in jüngster Vergangenheit durch den Historiker Endre Tóth verworfen, da er die im Sarg gefundenen Gegenstände als zu altertümlich für die Epoche von Béla III. hielt. Indem er einen Gegenstand für ein Pilgerkreuz hielt, betonte er beispielsweise, dass dies nicht zu den Königsinsignien gehörte,

sondern ein Zeichen des Bischofsamtes war. Die medizinische Wissenschaft spricht sich für die Identität von Béla III. und Anna aus. Nach der Geburt ihrer sieben Kinder hatten sich bei Königin Anna die Gelenkoberflächen der Schambeinknochen stark voneinander entfernt. Gyula Regöly-Mérei wies auch nach, dass die sterblichen Überreste der Ehefrau Spuren einer solchen Osteoporose bewahren, die von oftmaligen Geburten verursacht werden (Regöly-Mérei 1968). Die erste Gattin von Koloman dem Buchkundigen, Felizia von Sizilien, gebar im Vergleich dazu nur drei Kinder. Es ist bekannt, dass sich im rechten Ohr von Koloman dem Buchkundigen und im benachbarten Siebbein eine stark eitrige Entzündung entwickelt hatte und die große Menge an anfallendem Eiter über sein Ohr hinausfloss. Solche Krankheiten tragen zu schweren Schädigungen der benachbarten Knochen bei und sind mit bildgebenden Verfahren nachweisbar. Dr. Mária Gödény machte vom Schädel von Béla III. detaillierte Computertomographiebilder (CT-Aufnahmen). Der aufgrund von mehreren hundert hochauflösenden Schichten in 3D rekonstruierte Schädel veranschaulichte gut, dass sowohl der Hirnschädel, die Schädelbasis als auch der Gesichtsschädel unversehrt ist. Aufgrund dieser Kenntnisse konnte der Einwand von Endre Toth verworfen werden.

Kinga Éry und ihre Arbeitskollegen führten an den in der Mattiaskirche gehüteten Skeletten eine eingehende anthropologische Untersuchung durch und schrieben ihre Daten in ihrer Monografie mit dem Titel „Anthropologische Funde in der Königsbasilika von Székesfehérvár 1848–2002“ nieder. Von der durch ihre Arbeitsgruppe publizierte große Zahl an wertvollen Daten

haben wir lediglich zwei interessante und lehrreiche Dinge hervorgehoben: die aus einem unbekanntem Grund durchgeführte Schädelrepanation von Béla III. und das angenommene Vertauschen des von Érdy 1848 im 3. Grab gefundenen Skeletts. Die symbolische Trepanation wurde ausschließlich bei Erwachsenen beobachtet. Mit der Verbreitung des Christentums verschwand der Brauch, und gerade deshalb ist es sonderbar und bis heute unerklärlich, dass die symbolische Trepanation auch weit nach der Christianisierung ohne jeden Zweifel am Schädel von König Béla III. zu finden war.

Das auch gegenwärtig in der Unterkirche der Matthiaskirche gehütete, aus dem dritten Grab stammende Skelett Nr. II/52\_3 hielten Éry und ihre Arbeitsgruppe für nicht mit dem ursprünglichen identisch, sie dachten, es hätte einen unbekanntem Ursprung bzw. wäre vertauscht worden, weshalb sie es nicht in die Monografie aufnahmen. Bei der Feststellung des unbekanntem Ursprungs stützten sie sich übermäßig auf die anthropologische Altersbestimmung, was aber bei einem stark beschädigten Skelett nicht vertrauenswürdig ist und wie wir sahen, erwies sich ihre Schlussfolgerung als fehlerhaft.



# 4. KAPITEL

JÓZSA LÁSZLÓ, ZOLTÁN SZENTIRMAY

---

## PALÄOPATHOLOGISCHE UNTERSUCHUNGEN

### Frühere Untersuchungsbefunde:

Regöly-Mérei, Gy.: Paläopathologische Untersuchung der Skelette von König Béla III. und Anna von Antiochia. Orvosi Hetilap [Medizinisches Wochenblatt], 1968, 109, 423–427

Luzsa, Gy., Gáspárdy, G., Nemeskéri, J., Éry, K.: Paleoradiológiai tanulmány a székesfehérvári királyi bazilika 15 csontvázmaradványáról [Paläoradiologische Studie über die 15 Skelettreste der Königsbasilika von Székesfehérvár]. Magyar Radiológia [Ungarische Radiologie]. 1988, 62, 39–50

Luzsa, Gy.: Radiológiai vizsgálat III. Béla király és Antiochiai Anna királyné csontváz leletein [Radiologische Untersuchung an den Skelettfunden von König Béla III. und Anna von Antiochia].

Éry, K. (Verleger): „A székesfehérvári királyi bazilika embertani leletei 1848–2002“ [Anthropologische Funde der Königsbasilika von



Székesfehérvár 1848-2002], Balassi Kiadó [Balassi-Verlag], Budapest, 2008 (S. 148–159).

Die umfassende paläopathologische Untersuchung der von uns freigelegten vier Knochenfunde der Matthiaskirche nahm der Pathologe und Paläopathologe Prof. Dr. László Józsa vor.

### *Skelett von König Béla III.:*

Im Th9 (Durchmesser  $11 \times 6$  mm) und Th12 (Größe  $17 \times 9$  mm) sowie im Wirbelkörper L1 (Abmessungen  $14 \times 9$  mm) in der oberen Deckplatte ein ungefähr zentral befindliches Schmorl-Knötchen.

Spina bifida sacralis (offener Rücken) an den Segmenten 4 bis 5.

Spondylose im Bereich der Brust- und Lendenwirbelsäule. Kleine Wirbelgelenke unversehrt.

Manubrium sterni und Corpus sterni sind voneinander getrennt.

Arthrose in beiden Sternoklavikulargelenken, die rechts ausgeprägter ist.

Knochenkammbildung am Ursprung des medialen Kopfes des Musculus gastrocnemius an beiden Schienbeinen, die rechts 11 cm, links 10,5 cm lang ist. An beiden fibularen Oberflächen der Schienbeine befindet sich ein je 8,5 cm langer Knochenkamm.

Die zwei Kniescheiben sind unterschiedlich groß. Die rechte ist  $44 \times 40 \times 22$  mm und die linke  $49 \times 45 \times 24$  mm groß. Auf der linken Kniescheibe Bildung von Knochenkamm, an der Oberfläche des Kniegelenks hirsegroße Knochentophi (Arthrosis).

Am vorderen Rand des oberen Sprunggelenks links Knochenauswuchs. Die Gelenkflächen des Sprungbeins sind intakt.

Die Oberschenkelhälse sind ungleich lang, der rechte Oberschenkelhals ist 28 mm lang, der CCD-Winkel beträgt 123 Grad. Der linke Oberschenkelhals misst 25 mm, der CCD-Winkel beträgt 121 Grad.

An beiden Fersenbeinen Enthesopathie am Ansatz der Achillessehne, links ausgeprägter. Beide Tuberositas tibiae vorspringend mit rauer Oberfläche (geheilte Morbus Osgood-Schlatter?). Luzsa erwähnt den Röntgenbefund der Schienbeine nicht, anhand der veröffentlichten Aufnahme von anterior nach posterior lässt sich nicht feststellen, ob der Vorsprung der Tuberositas tibiae wirklich eine Läsion des geheilten Osgood-Schlatter darstellt. Da der Unterkiefer fixiert war, konnte ich keinen Zahnstein von den Schneidezähnen entnehmen. Die Zähne wiesen im Übrigen minimale Zahnsteinablagerungen auf.

### *Skelett der Anna von Antiochia:*

An beiden Kniescheiben enthesiopathische Osteophytenbildung am Ursprung der Kniescheibensehne.

Der CCD-Winkel des Oberschenkelknochens beträgt rechts 130 Grad, linker Winkel nicht messbar. Der rechte Oberschenkelhals ist 19 mm lang; steiler Stand (Coxa valga).

Schienbeine unterschiedlich lang. Rechtes Schienbein (Tibia) und Wadenbein (Fibula) sind 32 cm lang, linkes Schien- und Wadenbein sind jeweils 36 cm lang, letzteres ist geschwungen.

10 rechte Rippen, 11 linke Rippen, beide Scapulae, Claviculae, Humerus, Radius, Ulna ohne makroskopisch erkennbare pathologische Abweichung. Die Zähne wiesen keinen Zahnstein auf.

***Skelett Nr. I/3 G5:***

Arthrose im linken Kiefergelenk. Zähne Nr. 5 oben links, Nr. 1-4 oben rechts, Nr. 3 unten links sowie Nr. 6 und 8 unten rechts postmortal fehlend. Die Zähne weisen keine Anzeichen von Zahnsteinbildung auf.

Der Kehlkopfknorpel ist verknöchert, der Form nach jedoch regelmäßig und intakt.

Arthrose in beiden Sternoklavikulargelenken.

Ausbildung von 1-2 mm starken Knochenspornen (Spondylose) am Rand der Wirbelkörper der Brust- und Lendenwirbel. Kleine Wirbelgelenke unversehrt. Spina bifida sacralis im Bereich von Segment 5.

Beidseitige mittelschwere Coxarthrose. Steiler Stand des Oberschenkelhalses, der CCD-Winkel beträgt links 140 und rechts 145 Grad. An beiden Fersenbeinen enthesopathische Osteophytenbildung am Ansatz der Achillessehne.

***Skelett Nr. I/4 H6:***

Sutura metopica am Stirnbein.

Zähne Nr. 7 und 4 oben links, Nr. 1 oben rechts, Nr. 8 unten links sowie Nr. 6 und 8 unten rechts postmortal fehlend. Die Zähne sind intakt. Aufgrund der minimalen Zahnsteinbildung ließ sich keine brauchbare Mindestmenge abschaben.

Clivus (Schädelbasis) flach, nur 40 Grad (Normalwert um 60 Grad). Schwere Arthrose auf beiden Condylus occipitalis und der Gelenkfläche des gelenkbildenden Atlaswirbels, dessen Epistropheus

processus dentatus deformiert (Arthrosis). Sacroileitis osteochondritis ossis pubis.

Spina bifida sacralis in Segment 5. Der rechte CCD-Winkel beträgt 120 und der linke 125 Grad. Ausgeprägte Spondylose an den Wirbeln C1-4. Im Bereich der Wirbel Th10 bis L5 ist das Ligamentum longitudinale anterius verknöchert, die Breite (der Umfang) der Verknöcherung nimmt nach distal hin zu. Die Wirbelkörper hängen fest zusammen, doch die kleinen Wirbelgelenke zwischen den Wirbeln sind frei, die Bandscheiben zwischen den Wirbeln sind nicht verkalkt (Morbus Forestier, Bild 18).



**Bild 18.** Morbus Forestier des Skelettes Nr. I/4 H6 (Diffuse idiopathische Skeletthyperostose (DISH))

Über die Pathomorphologie des Morbus Forestier und seine Geschichte veröffentlichten Józsa bzw. Józsa und Forgács eine ausgezeichnete Zusammenfassung (Józsa 2010; Józsa–Forgács 2009). Es folgen wörtliche Zitate aus diesen Studien, die wir nach eigenem Ermessen zusammengestellt haben.

Zitat [deutsche Übersetzung]: „Forestier und Rotes-Querol bezeichneten die später nach ihnen benannte Erkrankung im Jahr 1950 als Hyperostosis ankylotica. Sie grenzten ihr klinisches und röntgenmorphologisches Erscheinungsbild von den anderen, ebenfalls mit Verknöcherung einhergehenden Beeinträchtigungen der Wirbelsäule ab. Im Anfangsstadium des Krankheitsbildes wurden Hypervaskularität, Einwanderung chronischer Entzündungszellen, fokale Ossifikation des Ligamentum longitudinale anterius, Degeneration des Annulus fibrosus und die anterolaterale Verlängerung der peripheren Fasern des Annulus in Form von L, T, oder Y beobachtet. Forestier und seine Kollegen (1983) stellten fest, dass die Ossifikation des vorderen Längsbandes von mehreren Krankheitsherden ausgeht, die Entstehung der heterotopischen Knochenschwulste beginnt in der Mittellinie der Wirbelkörper und sie breiten sich distal und proximal aus, stehen im Frühstadium jedoch nicht mit der Kortikalis der Wirbelkörper in Verbindung. Nicht nur die eigenen Beobachtungen (Józsa 2010) sondern auch sämtliche mikroskopischen Analysen legen nahe, dass eine Verkalkung auszuschließen ist. Dies bedeutet aus pathologischer Sicht eine amorphe Kalkablagerung, die um Fremdkörper oder nekrotische Krankheitsherde herum, selten auch aus unbekanntem Gründen (z. B. Kalziumgicht), entsteht.“

„Der Morbus Forestier ist eine der ältesten krankhaften Veränderungen des Skeletts. Er trat zuerst in der mittleren Epoche der Erd-

geschichte bei den Dinosauriern auf und wurde an zahllosen Exemplaren zeitgenössischer und ausgestorbener Tierarten der letzten 150 Millionen Jahre nachgewiesen. Auch heutzutage ist die Erkrankung bei den in freier Wildbahn lebenden Säugetieren und alten Haustieren häufig anzutreffen. Die größte Überraschung ist die Erkenntnis, dass sie auch bei rezenten Meeres- und Süßwasserfischen entstehen kann. Bei den Altweltaffen (Gorillas, Makaken, Meerkatzen, Rhesusaffen usw.) liegt ihre Häufigkeit zwischen 4 und 21 %. Unter den in Gefangenschaft gehaltenen Primaten kommt sie nicht häufiger vor als bei den frei lebenden Exemplaren.“ Zitat Ende.

Bei den Hominoidea (Menschenartigen) trat die Erkrankung vor 10-12 Millionen Jahren am Knochenbau des Proconsul (Urahn des heutigen Gorillas) auf. Die Überreste des Australopithecus (Vormensch, lebte vor 1 bis 3 Millionen Jahren), des Homo habilis (Urmensch, lebte vor 1 bis 2,5 Millionen Jahren) und des Homo erectus (aufgerichteter Urmensch, lebte vor 300.000 bis 1,5 Millionen Jahren) wiesen jedoch keine durch Morbus Forestier bedingten krankhaften Veränderungen auf (von den genannten drei Hominiden (Menschenaffen) sind insgesamt ca. 200 bis 300 unvollständige Skelettüberreste bekannt). An der Wirbelsäule des Neandertalers (lebte 20.000 bis 300.000 Jahre vor unserer Zeitrechnung) kommen sie jedoch häufig vor. Waldron berichtete im British Medical Journal [Britisches Medizinisches Fachblatt] über die urgeschichtliche Untersuchung der sterblichen Überreste von Mönchen aus dem Augustinerkloster in Merton (bestand zwischen 1140 und 1540). Der Titel seiner Publikation legt nahe, der bei den Mönchen äußerst häufige Morbus Forestier könne als „neue Berufskrankheit“ gelten. Janssen und Kollegen verglichen die Befunde eines Klosterfriedhofs und eines weltlichen

Friedhofs miteinander (Janssen et al. 1999). An den Skeletten sämtlicher Bewohner des Klosters, die zwischen ihrem 43. und 75. Lebensjahr verstarben, wurden Anzeichen von DISH (Diffuse idiopathische Skeletthyperostose, Morbus Forestier) nachgewiesen, im Friedhof der Bauern und Händler dagegen wurden kein einziger Forestier-Befund gemacht.

Seit den Publikationen der vorstehenden Autoren weisen unsere Kenntnisse im Zusammenhang mit der Pathogenetik von DISH auf die Rolle *genetischer Faktoren* (z. B. das vermehrte Vorkommen in der Familie Medici) sowie *umweltbedingter Ernährungsfaktoren* (Fornaciari-Giuffra 1913) hin. Gleichwohl sind unsere Kenntnisse zu Morbus Forestier weiterhin begrenzt. Bestimmte pathogenetische Erkenntnisse übernahmen wir von analogen Entitäten, wie etwa das Ligamentum longitudinale posterior (OPLL) (Mader et al. 2017). Nach der Grundkonzeption ist die übermäßige Produktion von Wachstumsfaktoren wie Insulin, insulinartigem Wachstumsfaktor 1, transformierendem Wachstumsfaktor  $\beta$ 1, Wachstumsfaktor aus Thrombozyten (PDGF), Prostaglandin E1/E2 und Endothelin 1 die Ursache für die Krankheit, welche die Transformation mesenchymaler Zellen zu Fibroblaste und Osteoblasten herbeiführen kann. Andererseits könnten auch das Knochenwachstum fördernde Peptide, wie das Matrix-Gla-Protein, das knochenmorphogenische Protein-2 oder die Blockierung von Dickkopf-1 berücksichtigt werden. Jüngst wiesen Nakajima und Kollegen im Rahmen ihrer Untersuchungen bezüglich OPLL die mögliche Rolle der ausdrücklichen Verminderung der Genfunktion von Spondin 2 (RSPO2) nach (Nakajima et al. 2016). Überdies reguliert das RSPO2-Gen (ein Mitglied der RSPO-Genfamilie) die Genfunktion des  $\beta$ -Catenins. Bei Patienten

mit Dickdarmkrebs wurden RSPO2- und RSPO3-Fusionstranskripte identifiziert, die, sich gegenseitig ausschließend, zusammen mit der APC-Genmutation auftreten, daneben aktivieren sie wahrscheinlich das Wnt-Signal und begünstigen die Entstehung von Darmkrebs (OMIM 8/16/2016).

Nakajima und Kollegen untersuchten eine bei den GWAS-Studien identifizierte vererbliche DNA-Sequenzvariation mit der Nummer rs374810k, welche sich mit 116 Basenpaaren (bp) in der als wahr angenommenen Promoterregion des RSPO2-Gens vor dessen Transkriptionsstartplatz befindet. Die Variation des SNP-116T>C-Allels mit Nr. rs374810 ist abweichend mit den nuklearen Proteinen verbunden und unter Versuchsbedingungen wies das C-Allel in der Zelllinie HSCO2/8 chondrocyta eine signifikant niedrigere Promoteraktivität als das T-Allel auf. Diese Beobachtung belegt, dass die CT- und CC-Genotypen des rs374810-SNP als Risikoallelvariationen angesehen werden können, was zu einer signifikant niedrigeren RSPO2-Genexpression führt als der TT-Genotyp in vivo. Daraus lässt sich schließen, dass das RSPO2-Gen in Gegenwart der Risikoallele des rs374810-SNP eine allerdings geringfügige Anfälligkeit für OPLL hervorruft. Da der Pathomechanismus von OPLL und Morbus Forestier wahrscheinlich identisch ist (die eine ist eine Verknöcherungserkrankung des neben den Wirbeln befindlichen hinteren, die andere des vorderen Ligamentum longitudinale), ist davon auszugehen, dass die stark reduzierte Transkriptionsaktivität von RSPO2, zusammen mit den Ernährungsfaktoren, bei der Entstehung von Morbus Forestier eine Rolle spielt.



**ZUSAMMENFASSUNG:** Die paläopathologische Untersuchung von Dr. Józsa brachte einige Neuigkeiten ans Licht. Zunächst beschrieb er Störungen der Knochenentwicklung, Sacralis spina bifida (offener Rücken) kam beispielsweise ungewöhnlich häufig vor, wie auch im vorliegenden Fall an den Gebeinen von Béla III. und den Skeletten I/3 G5 und I/4 H6. Am Skelett I/4 H6 wurde die Diagnose auf Morbus Forestier zuerst gestellt, was mit einer vererblichen, eine Anfälligkeit hervorrufenden Sequenzvariation und den krankheitsauslösenden Ernährungsfaktoren zusammenhängt. Die Beschreibung von Morbus Forestier machte deutlich, dass Skelett I/4 H6 einem sehr hohen kirchlichen Amtsträger gehört haben könnte, worauf auch die Umstände der Bestattung (Grab mit Steinverkleidung, 1. Hälfte des 13. Jahrhunderts) hindeuten. Eine Verwandtschaft mit dem Arpadenhaus wurde jedoch durch die nachfolgend behandelten genetischen Untersuchungen ausgeschlossen. An den von Dr. Józsa untersuchten Skeletten kam es auch zur präzisen Darstellung degenerativer Krankheiten diverser Knochen. Diese Erkrankungen gelten für das Alter, in dem der Träger des Skeletts verstarb, aus heutiger Sicht als ungewöhnlich, weshalb sich ein Vergleich mit der Häufigkeit vergleichbarer Krankheitsbilder in heutigen Populationen desselben Alters anbietet.

# 5. KAPITEL

ELEK BENKŐ, BALÁZS MENDE

---

## ALTERSBESTIMMUNG MIT DER RADIOKARBONMETHODE

Die Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode wurde auf Initiative von Elek Benkő im Radiokarboninstitut Glasgow durchgeführt, wo Professor Benkő bereits früher Altersbestimmungen vornehmen ließ (Tabelle 4).

Personen	Knochenprobe	Kalibriertes Jahr (68,2 %)	Kalibriertes Jahr (95,4 %)
Béla III.	Knochenmehl, Femur	993–1012	977–1025
Anna von Antiochia	2. Fingerglied	901–1012	895–1019
II/52_3	Rippe	1040–1153	1035–1155
II/53_7		nicht untersucht	nicht untersucht
II/54_9	Rippe	1400–1435	1320–1443
II/55_10	Rippe	1429–1457	1415–1487
II/56_11	Rippe	976–1020	889–1028
II/109_8	Rippe	1429–1453	1415–1477
I/3 G5	Rippe	133–218	84–245
I/4 H6	Wirbel	1191–1257	1162–1265

*Tabelle 4. Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode.*

Die Resultate von drei Proben sind offensichtlich falsch. Bei der Bestattung der sterblichen Überreste von Béla III. und Anna von Antiochia wurden diese mit einem Harz überzogen, was das Alter bei der Altersbestimmung erhöhte und auch die DNA-Isolierung schwierig machte. Laut archäologischer Altersbestimmung stammt Skelett I/3 G5 eindeutig aus der Arpadenzeit, kann somit nicht im Zeitintervall der Tabelle liegen.

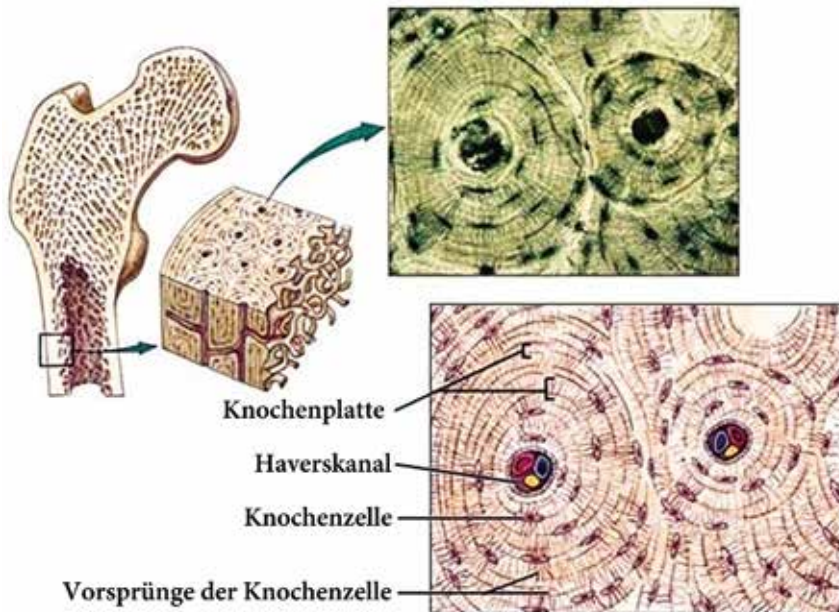
# 6. KAPITEL

LÁSZLÓ MÓDIS, TÜNDE TERDIK  
(MITWIRKUNG: ZOLTÁN MÉSZÁR)

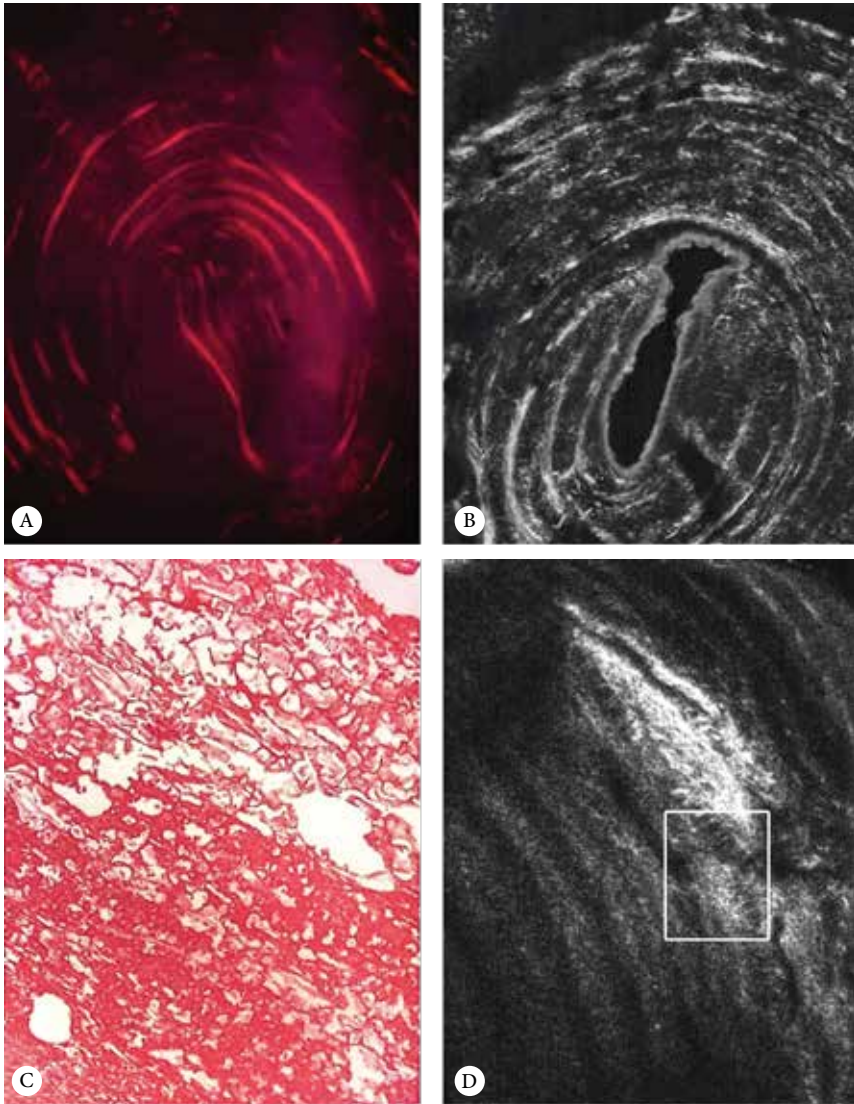
---

## MORPHOLOGISCHE UNTERSUCHUNG DER KNOCHENSTRUKTUREN

Die Untersuchung führte der Anatom Dr. László Módis durch, der sich am Institut für Anatomie, Histologie und Entwicklungsbiologie des Medizinischen Zentrums der Universität Debrecen seit langem mit der ultrastrukturellen Untersuchung der Knochen- und Knorpelstruktur beschäftigt. Wir führten die Untersuchung durch, um zu erfahren, bis zu welchem Grad sich die Knochenstruktur der mindestens 600 Jahre alten Gebeine erhalten hat und auf welche Weise sie mit der Qualität der isolierten DNA in Zusammenhang steht. Die Mikroskopaufnahmen wurden im Institut für Anatomie, Histologie und Entwicklungsbiologie angefertigt.



**Bild 19.** Knochenstruktur des Femurs. Knochen werden aus Osteonen aufgebaut, welche aus konzentrisch um den zentralen Havers-Kanal angeordneten Knochenlamellen bestehen, unter denen sich zahlreiche Knochenzellen mit Fortsätzen befinden. Die Fortsätze erzeugen die Kollagenfasern des Typs 1, welche in der Ebene waagrecht und darauf längs senkrecht angeordnet sind. Im Havers-Kanal verlaufen Arterien, Venen und Nervenfasern (Váradi et al., 2015; Bild aus dem Internet).



**Bild 20.** A: Die Knochenstruktur der Knochenrindenschicht im Oberschenkelknochen von Béla III. auf Querschnitten nach der Entkalkung. Piko-Siriusrot-Färbung, 20-fache Vergrößerung. Die sich längs von den Kollagenfasern anlagernden Farbstoffmoleküle bewirken eine außerordentliche Zunahme ihrer eigenen Doppelbrechung.

*Dieses Phänomen ist im Sichtfeld, das durch die Polarisationsfilter im Polarisationsmikroskop dunkel erscheint, sehr gut sichtbar. Durch die Doppelbrechung der konzentrisch um den Havers-Kanal verlaufenden Kollagenfasern zeichnen sich die Osteone ab.*

*B: Auf beiden Fotos ist das Mikroskopbild der 2-Photonen-Absorptionsfluoreszenz desselben Knochengewebes zu sehen. Die impulsgebende Energie des Laserstrahls erreicht die zur 2-Photonen-Stimulierung der zu untersuchenden Kollagenfaser erforderliche Lichtintensität lediglich im Brennpunkt mit einem Durchmesser von  $\sim 0.3 \mu\text{m}$  und einem Volumen von 0.1 Femtoliter, welche die Stimulierung des an die Kollagenfaser gebundenen Fluoreszenzindikators erzeugt und die Struktur mit Lichtschein anzeigt, die auch von der Doppelbrechung im Polarisationsmikroskop veranschaulicht wird. Die vertikale Anordnung der Kollagenfasern lässt sich nicht nachweisen.*

*C: Knochenrinde des Skeletts Nr. II/52\_3. Nach der Entkalkung wird mithilfe der Pikro-Siriusrot-Färbung die starke Schädigung der Knochenstruktur sichtbar. Die Osteonenstruktur ist aufgelöst, HaversKanäle sind nicht auszumachen. 40-fache Vergrößerung.*

*D: Die 2-Photonen-Mikroskopaufnahme stammt aus dem schwammartigen Bereich Richtung Markhöhlen des Kortikalis des Oberschenkelknochens. Anstelle der aufgelösten Osteon-Knochenstruktur zeigen sich lediglich verfilzte Kollagenfaserbündel. Der umrahmte Bereich zeigt den dichteren Knochenrindenbereich des Oberschenkelknochens, doch auch hier gibt es keine erhaltene Knochenstruktur, lediglich ganz wenige verfilzte Kollagenfaserbündel.*

1967 wurden die Gebeine des Königspaares durch den Budapester Pathologen und Paläopathologen Gábor Regöly-Mérei untersucht. Damals wurde von der Knochenrinde des linken Femurs der Anna von Antiochia auch ein histologischer Querschnitt angefertigt, von dem eine um 8 x 6,3 vergrößerte Abbildung veröffentlicht wurde (Regöly-Mérei 1968, 445; Bild 5). Darauf ist eine postmortal äußerst geschädigte Knochenstruktur zu erkennen, die Bild 20 ähnelt, doch Regöly-Mérei erwähnt auch jeweils einen erhaltenen Havers-Kanal. Diese histologische Untersuchung untermauerte jedoch unsere Beobachtung, wonach die DNA aufgrund der postmortal stark in Mitleidenschaft gezogenen Knochenstruktur der Anna von Antiochia stark beeinträchtigt sein muss (s. auch Unterabschnitt 5 des 7. Kapitels). Neben dem Zustand der Knochenstruktur und der diesbezüglichen DNA-Fragmentierung beeinflussen auch die Lokalisierung einiger A-STR-Marker und die Struktur der lokalisierungsgemäßen Chromosomenregion die mittels PCR-Amplifikation erfolgende Nachweisbarkeit der untersuchten Marker. Daher ist bei der Interpretation der Resultate äußerste Umsicht geboten und diese sind nach Möglichkeit auch mithilfe der DNA-Sequenzierung zu kontrollieren.



**ZUSAMMENFASSUNG:** Im Fall des Femurs von Skelett Nr. II/52\_3 erwiesen die mikroskopischen morphologischen Untersuchungen, dass keine erhaltene Knochenstruktur vorhanden ist (Bilder 20 C u. D), weshalb sich die aus diesem stammende DNA-Probe, obgleich kurze Marker-Allele selten vorkamen, für keine A-STRMarkeruntersuchungen eignet. Das bisweilen in Erscheinung tretende längere Allel ist wahrscheinlich bereits ein fehlerhaftes PCR-Produkt. Bei Béla III. ist die Knochenstruktur des Femurs weitaus besser erhalten, doch auch hier ist die Anwesenheit der falschen PCR-Produkte zu beobachten, die bei der Amplifikation der DNA-Probe einzelner Allele entstehen.

# 7. KAPITEL

ERZSÉBET CSERNÁK, SUSANNE HUMMEL,  
JUDIT OLASZ, VERENA SEIDENBERG,  
ZOLTÁN SZENTIRMAY  
(MITWIRKUNG: BÉLA MELEGH)

---

## GENETISCHE UNTERSUCHUNGEN

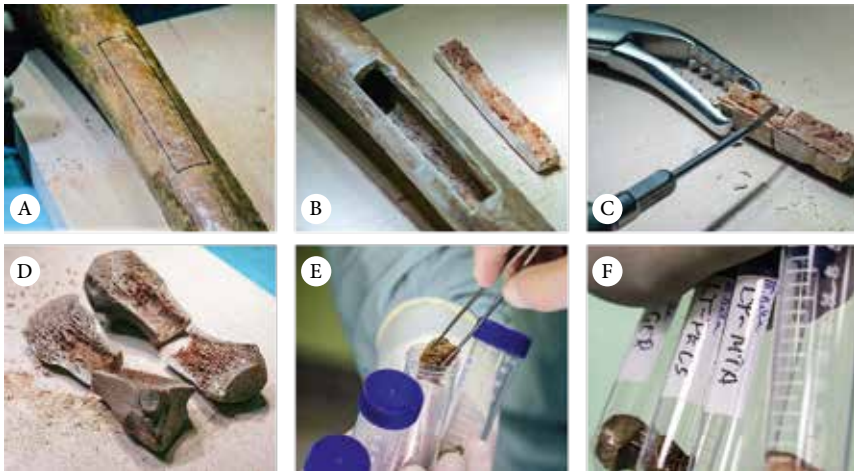
### 1. Probenahme zwecks genetischer Untersuchung an den in der Matthiaskirche verwahrten Knochen

Bereits in der Kirche, nach Öffnung des Glaskastens berührt Prof. Dr. Miklós Kásler, im sterilen weißen Kittel, mit OP-Haube auf dem Kopf und in Maske und Gummihandschuhen, die in weißen Stoff gewickelten Knochen (Bild 4/C). Er entfaltete den Stoff nicht. Nach Überprüfung der Skelette des Königspaares durch Abtasten kamen diese zurück in den offenen Glaskasten, dann verpackten wir sie in spezielle Papier-Transportkartons zur Beförderung von Proben und transportierten sie in einen sterilen OP-Saal des Ungarischen Zentrums für Onkologie, wo die Probenahme erfolgte. Die Skelette der Unterkirche wurden von uns in den ursprünglichen Kisten und mit Absperrband verklebt ins Ungarische Zentrum für Onkologie befördert.

Wie auch die Reste des herabgefallenen und eingesammelten Knochenmehls legten wir die ausgeschnittenen Proben einzeln in sterile Tuben (Bild 21).



**Bild 21.** Miklós Kásler schneidet mit einer Pendelhubstichsäge unter sterilen Bedingungen eine Knochenprobe aus dem Femur. Zur Vermeidung der Kontamination anderer Knochen wird auch die geringe Menge des dabei anfallenden schwebenden Knochenmehls abgesaugt.



**Bild 22.** A: Umriss der auszuschneidenden Knochenprobe am Oberschenkelknochen von Béla III.

B: Die ausgeschnittene Knochenprobe.

C: Aufteilung des Kortikalis-Knochenblatts auf vier Proben.

D: Mittelfußknochen, in vier Teile aufgeschnitten.

E: Die einzelnen Knochenproben werden in sterilen Tuben verstaut.

F: Serie von Knochenproben aus einem Skelett.

Aus jedem Knochen wurden je 4 Probeserien entnommen (Bild 22). Zwei Serien Knochenproben erhielt Dr. Béla Melegh, die er dem Labor von Dr. Hummel in Göttingen übergab, doch auch Professor Johannes Kruse aus Berlin bekam davon. Jeweils eine Serie erhielten Dr. Elek Benkő und Dr. Zoltán Szentirmay. Letzterer gab die Proben an Dr. Judit Olasz (Labor 1), Mitarbeiterin der Pathogenetischen Abteilung am Ungarischen Zentrum für Onkologie weiter. Die zusammengefassten Ergebnisse der entnommenen Proben enthält Tabelle 5.

Skelett	Femur	Humerus	Tibia	Fußwurzelknochen 1	Fußwurzelknochen 2	Wirbel	Rippe	Brustbein	Knochenmehl
Béla III.	X			X <sub>1</sub>	X	X			X
Anna von A.	X					X	X		X
Fötus				X					
II/52_3	X			X <sub>1</sub>			X		X-Femur
II/53_7						X	X	X	
II/54_9	X					X	X		X
II/55_10	X					X	X		X
II/56_11		X <sub>2</sub>				X	X		X
II/109_8			X			X	X		
I/3 G5	X				X		X		X
I/4 H6	X				X	X			X

**Tabelle 5.** Knochenproben aus den in der Matthiaskirche verwahrten Königsgräbern. X1: Von zwei separat verstauten Fußwurzelknochen aufgrund besserer Untersuchbarkeit ausgewählt. Von den Schädelstücken II/57\_12, II/58\_14, II/59\_18, VI/1\_13, VI/2\_15 und VI/3\_17 liegen ebenfalls Proben vor, die wir derzeit nicht untersuchen. „Knochenmehl“ ist das bei der Probenahme mit der Pendelhubstichsäge anfallende Knochensägemehl, das nicht in die Luft gelangt, somit nicht abgesaugt wird (Bild 21) und bei jeder Probenahme aus einem Skelett gesondert eingesammelt wird (siehe auch Bild 22). Knochenmehl lässt sich gut zur Einstellung genetischer Tests, z. B. bei der DNA-Isolierung, einsetzen.

Die Skelette des Königspaares, des Fötus und II/52\_3, I/3 G5 und I/4 H6 vor der Probenahme (Bilder 23-27). An jedem Skelett wurde auch eine genetische Untersuchung durchgeführt.



*Bild 23. Skelett und Schädel von Béla III.*



*Bild 24. Skelett und Schädel der Anna von Antiochia*



**Bild 25.** Skelett Nr. II/52\_3, mittels genetischer Untersuchung als ungarischer König aus dem Arpadenhaus identifiziert. Ort der früheren Probenahme an Tibia und – vergrößert – am Insert (siehe auch Unterabschnitt 3 des 11. Kapitels).





**Bild 26.** Skelett eines weiblichen Fötus, der einzigen Tochter einer bei der Geburt verstorbenen Frau aus Grab 4, später als königliche Prinzessin identifiziert (siehe auch Unterabschnitt 3 des 11. Kapitels).





**Bild 27.** I/3 G5 und I/4 H6: Die Skelette aus den 1874 von Henszlmann im Nordschiff der Königsbasilika von Székesfehérvár entdeckten Steingräbern. Überdies legen auch Bauweise und Höhenschicht der Gräber ihre Entstehung in der Arpadenzeit nahe. Die genetischen Untersuchungen ergaben keine Verwandtschaft mit dem Arpadenhaus, Skelett Nr. I/3 G5 ist weiterhin unbekannt, Nr. I/4 H6 gehörte wahrscheinlich einem Geistlichen (siehe auch Unterabschnitt 3 des 11. Kapitels).

## 2. Wissenschaftliche Vorgeschichte der STR-Markertests

Mit STR (Short Tandem Repeat) werden wiederholte Sequenzen (Mikrosatelliten) bezeichnet, die in großer Anzahl im Genom vorkommen. Die wiederholten Sequenzen werden aus DNA-Basenpaaren gebildet und die einzelnen Marker unterscheiden sich darin voneinander, aus wie vielen wiederholten DNA-Basen sie bestehen. Die zwei Haupttypen der STR-Marker sind autosomale Marker und y-chromosomale Marker.

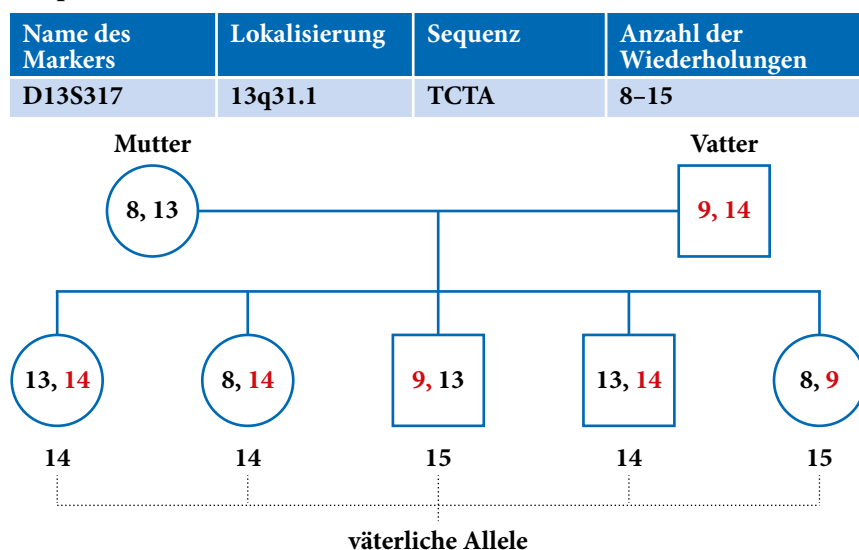
**Autosomale STR-Marker (A-STR-Marker).** Jeder A-STR-Marker enthält eine aus vier DNA-Basen bestehende väterliche und eine mütterliche Sequenzreihe (Allel), deren Längen voneinander abweichen können. Da die Nachkommen sowohl die mütterlichen als auch die väterlichen Allele oft nur mit sehr geringer Abweichung erben, sind sie imstande, Verwandtschaftsbeziehungen aufzudecken. Bild 28 zeigt die chromosomalen Lokalisierungen der A-STR-Marker und einen potenziellen Erbgang des D13S317-Markers. Auf dem Bild wird jedes Allel von einer Zahl markiert, welche die Zahl der Wiederholung der vier Basen ist. Seit 1995 gibt es im Vereinigten Königreich eine A-STR-DNA-Datenbank 1995, die US-Sicherheitsbehörde (FBI) gründete am 13. Oktober 1998 eine nationale DNA-Datenbank, die Ende 2003 bereits mehr als 1,5 Millionen A-STR DNA-Sequenzen enthielt und Combined DNA Index System (CODIS: kombiniertes DNA-Indexsystem) genannt wird. Dieses System wurde kurze Zeit später von 22 DNA-Laboren übernommen, die von den in Frage kommenden Mikrosatellitensequenzen die 13 A-STR-Sequenzen auswählten, welche in der Alltagspraxis zur individuellen Identifizierung ausreichen. Diese sind: D13S317, D21S11, D18S51, TH01,

D5S818, FGA, D16S539, CFS1PO, D7S820, VWA, TPOX, D3S1358, D2S441. Bei der Untersuchung der alten Gebeine erwies sich das Marker-Set als nicht ausreichend, deshalb ergänzten wir es um weitere acht A-STR-Marker und verwendeten D10S1248 statt TPOX. Auch die neuen Marker wurden aufgrund internationaler Erfahrungen ausgewählt.

### Mögliche chromosomale Lokalisierungen von A-STR-Markern:

2, 3, 4, 5, 7, 8, 11, 12, 13, 16, 18, 19, 21

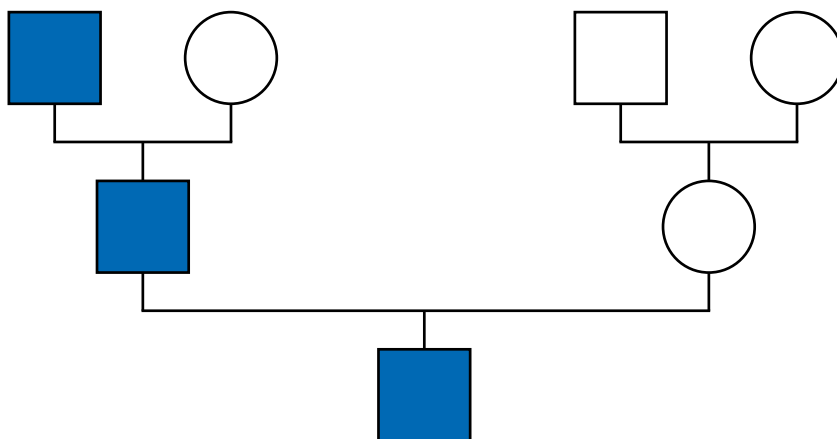
#### Beispiel



**Bild 28.** Ein potenzieller Erbgang des D13S317-A-STR-Markers. Die schwarzen Allele sind mütterlichen, die roten väterlichen Ursprungs. Der D13S317-Marker väterlichen Ursprungs besteht aus 9 oder 14 wiederkehrenden Einheiten (TCTA), der Marker mütterlichen Ursprungs wird aus 8 oder 13 solcher wiederkehrenden Einheiten gebildet. Bei der Vererbung gelangt nur ein väterliches und ein mütterliches Allel in beliebiger Verteilung in die Nachkommen.

**Y-chromosomale STR-Marker (Y-STR-Marker).** Nur das einzige vom Vater stammende Allel (Anzahl der aus 4 Basen bestehenden Wiederholungen) gelangt in den Nachkommen, weshalb wir von väterlicher Vererbung sprechen. Diese STR-Marker befinden sich nur in einem bestimmten, nicht codierenden Abschnitt des Y-Chromosoms (es kommt somit zu keiner DNA-Fehlerbehebung), weshalb sie sich jahrhundertlang praktisch unverändert erhalten. Somit werden lediglich die väterlichen Y-STR-Marker vererbt, wodurch sie sich für rückwirkende Abstammungstests (Haplogruppe) eignen (Bild 29).

#### Y-STR nur in männlichen Nachkommen vererblich



**Bild 29.** Es gibt einen DNA-Abschnitt, der sich bei der Meiose nicht rekombiniert und daher von Generation zu Generation weitervererbt wird. Hier kommt es nur durch die sich mit der Zeit häufenden Mutationen zu Veränderungen, weshalb die genetische Historie dieser Region leichter bestimmbar ist.

Der Nachweis der STR-Marker erfolgt, indem mit PCR-Methode und entsprechendem Fabrikreagensatz die Chromosomenregion der aus der Probe isolierten DNA vervielfältigt wird, in der sich der jeweilige Marker befindet. Während der Amplifikation erhält das PCR-Produkt eine Fluoreszenzmarkierung, die zur Sichtbarmachung des Resultats notwendig ist. Der Hersteller des zum Nachweis der STR verwendeten Kits fügte auch einen mit der Länge jedes Marker-Allels, d. h. mit der Zahl der wiederkehrenden Einheiten identischen Marker-Satz (Leiter) bei, mit dem wir das PCR-Produkt vergleichen und das wir auf einer Skala (Elektropherogramm) platzieren, auf der die tatsächliche Allel-Länge des Markers ablesbar ist. Diesbezüglich wird angemerkt, dass bei der Untersuchung zerstückelter (fragmentierter) DNA-Proben auch an falschen Orten erscheinende überschüssige Spitzen und ausbleibende Spitzen vertreten sein können.

### **3. Das Testresultat beeinflussende Umstände in Verbindung mit den vererbten Eigenschaften der A-STR-Marker und den individuellen Merkmalen der Proben. Literaturzusammenfassung**

#### *Wirkung der Mutationsrate auf die Untersuchung der Abstammungsverbindungen*

Besonders wichtig ist die niedrige Mutationsrate der A-STR-Marker bei der Untersuchung der Vaterschafts-/Abstammungsverbindungen. Bei der Untersuchung von Abstammungs- und somit auch Vater-Sohn-Beziehungen wird davon ausgegangen, dass die Allele bei der Weitergabe an die nächste Generation dieselben bleiben. Das ist

jedoch nicht unbedingt so, da die Länge der einzelnen Allele (die Anzahl der Wiederholungen) dem Einfluss vererbungsunabhängiger Faktoren unterliegen kann, ein Umstand, der zu falschen Resultaten führen kann.

Der Fachliteratur zufolge liegt die Mutationsrate unter 0,1 %. Auf 1000 Vater-Sohn-Transmissionen entfällt eine nicht korrigierte Mutation (Weber–Wong 1993; Sajantila et al. 1999). Sajantila untersuchte 29.640 Transmissionen von Vater-Sohn-Allelen und fand 18 A-STR-Mutationen. Zahlreiche Studien prüften die Mutationen der 13 STR-Kernmarker. Bei 1000 Allelen-Transmissionen kommt es normalerweise zu 1-5 Mutationen. Eine höhere Marker-Mutationsrate führt häufiger zur Verkürzung oder Verlängerung von Allelen, mit anderen Worten, zur Veränderung der identischen Wiederholungseinheiten. Die niedrigste Marker-Mutationsrate kommt bei folgenden A-STR-Markern vor: CSF1PO, TH01, TPOX, D5S818, D8S1197. Die höchste Mutationsrate weisen D21S11, FGA, D7S818, D16S539 und D18S51 (Butler 2005, Tabelle 6.3. und Anhang I) auf.

### *Mögliche Artefakte der A-STR-Markeruntersuchung*

Bei der Amplifikation der A-STR-Marker können zahlreiche fehlerhafte Artefakte entstehen, die die Analyse der aus der jeweiligen DNA-Matrize stammenden Allel-Genotypen stören können. Vorrangig gilt es, das sogenannte Dreibandenmuster, das Phänomen des „Stotterns“ und die außerhalb normaler Allel-Längen liegenden Spitzen (peaks) zu erkennen, weshalb wir uns mit den genannten Aspekten ausführlicher beschäftigen werden, da sie im Elektroph-

rogramm zur Veränderung der tatsächlichen Allel-Längen führen können. Weitere Faktoren, die sich auf die STR-Typisierung auswirken, sind Mikrovarianten, Off-Ladder-Allele, Allel-Ausfälle und Null-Allele (Butler 2012).

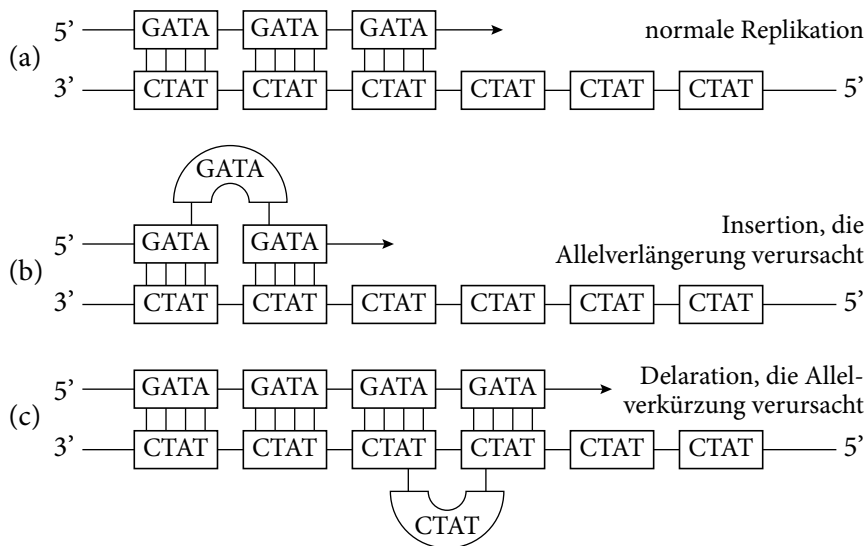
### ***Spitzen außerhalb normaler Allelen-Längen und Dreibandenmuster (three-banded pattern)***

Bei den Untersuchungen der Allel-Längen kann neben dem einen echten A-STR-Allelpaar zufällig ein neues Allel auftauchen; das kann zu Bewertungsproblemen führen. Die Spitzen können so lang wie die entsprechenden Konsens-Allelspitzen bzw. länger oder kürzer als diese sein. Dieses Phänomen zeigt sich, wenn die Prüfung mit einem anderen A-STR-Detektions-Kit wiederholt wird und nicht dasselbe Ergebnis zeitigt. Das bei den Marker-Lokalisierungen auftauchende Dreibandenmuster ist ein reproduzierbares Artefakt der Muster, nicht des Erkennungsverfahrens. Dies kann durch das Vorhandensein eines Extra-Chromosoms, eine Primer-Punktmutation oder die geringe Qualität der Matrizen-DNA verursacht werden (Crouse et al. 1999). Bis 4. August 2016 wurden insgesamt 389 Dreibandenmuster gemeldet. So wurden beispielsweise bei D2S1338 9, bei D3S1358 11, bei D7S820 20 und bei D19S433 12 solcher Peaks registriert, ein Umstand, der bei denselben Markern auch von uns festgestellt wurde. Die häufig aktualisierte Liste mit Allel-Mikrovariationen befindet sich auf der STRbase-Webseite: [http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/var\\_tab.htm](http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/var_tab.htm)

## *Stotterprodukte*

Auf dem Elektropherogramm, das die STR-Daten enthält, erscheinen gewöhnlich kleinere Peaks, die um einige Basen kürzer oder länger sind als das tatsächliche PCR-Produkt. Bei einer aus mehreren Basen bestehenden Mikrosatelliteneinheit (STR-Marker: vier Basen) kann das Stotterprodukt um eine Wiederholungseinheit kürzer oder länger als die echte PCR-Spitze sein. Das Modell des Stotterfehler-Mechanismus besagt, dass ein fragmentierter DNA-Strang fehlerhaft mit einem nachzuweisenden DNA-Strang (Matrize) hybridisiert (Fehlpaarung). Diese Wiederholungseinheit bildet auf dem Primer oder der Matrize eine nicht basengepaarte Schleife und führt zum Verrutschen der PCR-Amplifikation (Bild 30). Im Ergebnis dessen vervielfältigt sich der Primer-Matrizenkomplex bei der Primer-Extension in der Folge fehlerhaft. Das Phänomen hängt auch vom Vorhandensein folgender Umstände ab: (a) in erster Linie vom Grad des Abbaus der DNA-Matrize, (b) von den PCR-Umständen und der verwendeten Taq-Polymerase, (c) tritt häufiger bei längeren Allelen innerhalb eines bestimmten Markers auf (d) von den sonstigen individuellen Merkmalen des Markers.





**Bild 30.** Entstehung des Stotterprodukts infolge der falschen Anfügung des DNA-Stranges. (a) Bei der Replikation hybridisieren die zwei DNA-Stränge normalerweise fehlerlos und die replizierenden Einheiten werden gleich lang. Der neu entstandene DNA-Einzelstrang kann im Weiteren in der Amplifikationsregion leicht eine Verbindung eingehen und die normale DNA-Vervielfachung kann sich fortsetzen. (b) Wenn die Wiederholungseinheit auf dem neu synthetisierten Strang bei der Extension in einem neuen PCR-Zyklus eine Schleife bildet, hat dies bei der darauffolgenden Amplifikation eine Einfügung, den Rückfall der Amplifikationseinheit und eine Verlängerung des Allels zur Folge. (c) Bildet die Wiederholungseinheit auf dem Matrizenstrang eine Schleife, rutscht der synthetisierte neue Strang nach vorn und wird um eine Einheit kürzer, als das STR-Allel voller Länge (Buttler 2012).

Was die Untersuchung der Marker betrifft, ist es am günstigsten, wenn die Moleküle im jeweiligen Allel so weit wie möglich identisch sind. Bei partieller Adenylierung, wenn sich an einzelnen PCR-Produkten kein zusätzliches Adenin befindet (d. h. negative A-Spitzen), werden andere Produkte adenyliert (positive A-Spitzen) und erscheinen auf dem Elektropherogramm. All dies geht damit einher, dass die Spitze, bei schlechterer Auflösung, breiter und bei guter Auflösung als gespaltene oder getrennte Spitze erscheint. Bei mehreren Mustern wirkt sich die Variation des Adenylierungsstatus auf die aktuelle Länge und den Genotyp des Markers aus. Allel 12 des nicht adenylierten Markers D2S441 ist beispielsweise genauso lang, wie das komplett adenylierte Allel 11.2 von D2S441, da beide die gleiche Anzahl wiederholender Mikrosatelliten-Einheiten enthalten und eine Abweichung der Basenanzahl kommt nur in einer Wiederholungseinheit vor. Dasselbe trifft z. B. auf die Allele TH01 10 und TH01 9.3 zu. Aus diesem Grund wäre anstelle der Untersuchung gemischter +A/-A-Muster die Amplifikation der reinen +A- oder -A-Muster wichtig. Zur reinen +A- oder -A-Konvertierung der Muster stehen mehrere, von uns jedoch nicht genutzte Verfahren zur Verfügung.

### *Mikrovarianten- und Off-Ladder-Allele*

In der menschlichen Bevölkerung können DNA-Marker vorkommen, die sich in einem oder mehreren Basenpaaren von den üblichen STR-Allelvarianten unterscheiden. Bei den Abweichungen kann es sich um Insertionen, Deletionen und Nukleotidvariationen handeln. Allele, die Sequenzvariationen enthalten und sich nur äußerst geringfügig von unveränderten Allelen unterscheiden, werden

Mikrovarianten-Allele genannt. Da die Mikrovarianten-Allele sich in Bezug auf ihre Länge nicht von den Konsens-Allelen unterscheiden, werden sie auch „Off-Ladder“-Allele genannt (Buttler 2012). Mikrovarianten-Allele sind nicht selten und kommen am häufigsten in ausgesprochen polymorphen STR-Markern wie zum Beispiel FGA, D18S51 oder D21S11 vor.

### *Allele gleicher Länge und abweichender Sequenz*

Diverse STR-Marker-Allele enthalten variable wiederkehrende Blöcke, doch die Zahl der Basenpaare ist identisch mit der Länge der Konsens-Allele. Das kann ein Kunstprodukt sein, das bei der PCR-Amplifikation entsteht. Ein Beispiel dafür sind die Allele 14 und 15 des D3S1358-Markers von Béla III., welche die wiederkehrenden Sequenzen 11TCTA, 12 TCTA und 2 TCTG regelmäßig enthalten, gegenüber den Konsens-Allelen 14 und 15, in denen die TCTA-Sequenzen 11 oder 12 und die TCTG-Sequenz 3 vorkommen. Dieses Phänomen ließ sich nur mithilfe der Sequenzierung belegen, doch wird die Sequenzierungspraxis bei den Abstammungstests nicht angewendet, da der Genotyp lediglich auf Allel-Längenvarianten basiert.

### *Allel-Ausfall (dropout allele) und Null-Allel (silent allele)*

Bei der Amplifikation von DNA-Strängen, die STR-Wiederholungen enthalten, kann es zum Phänomen des Allel-Ausfalls kommen. Wir wissen, dass der Polymorphismus bei DNA-Sequenzen innerhalb der wiederkehrenden Sequenzen oder in ihrem Umfeld vor-

kommt. Verglichen mit den Anlagerungsorten der Primer treten diese innerhalb der wiederkehrenden Sequenzen, im Umfeld des 5'-OH-Endes oder des 3'-OH-Endes oder entsprechend des Anlagerungsortes des Primers auf. Wenn der Wechsel des Basenpaars auf der DNA-Matrize am Anlagerungsort des Primers auftritt, kommt die Primerhybridisierung nicht zustande und somit lässt sich der Marker auf der Matrize nicht nachweisen. Dieses Phänomen wird Null-Allel genannt. Beim routinemäßigen Vaterschaftstest tritt es zum Glück nur sehr selten auf, da die STR-Umgebung stabil ist und sich nicht verändert. Die Gefahr des in einem Labor auftretenden Null-Allels ist kein Problem, sofern derselbe Primer verwendet wird. Die Untersuchung derselben Probe mit anderen Primern oder der Abgleich der Proben mit in Genotyp-Datenbanken gespeicherten Proben führt zu einem falschen negativen Resultat oder zu einer fehlerhaften Nicht-Übereinstimmung von zwei verglichenen Proben. Bei degradierten DNA-Proben muss jedoch stets mit „Null-Allelen“ gerechnet werden.

## 4. Göttingen, Final report-2. Endbericht der Untersuchung der Skelette aus der Matthiaskirche. DNA-Isolierung

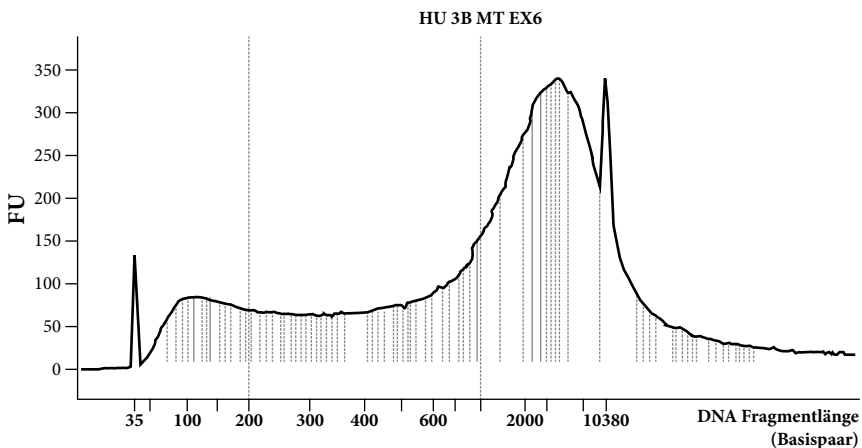
Tabelle 6 enthält die bei den Untersuchungen verwendeten Knochenproben.

Proben	Oberschenkelknochen		Fußwurzelknochen 1		Fußwurzelknochen 2		Wirbel		Rippe		Brustbein	
	G	B	G	B	G	B	G	B	G	B	G	B
Labore (G/B)												
Béla III.		X	X	X	X	X		X				
II/52_3	X		X*	X						X		
II/53_7								X	X	X**	X	
II/54_9	X								X	X		
II/55/10	X								X	X		
I/3 G5	X		X						X	X		
I/4 H6			X	X	X	X						
A.- Anna	X						X		X	X		
Fötus							X					
II/109_8							X		X			

**Tabelle 6.** Zur DNA-Isolierung verwendete Knochenproben. G: Göttingen, B: Budapest-1. \*: aus Fußwurzelknochen 1 und 2 isoliert. \*\*: aus zwei Rippenproben isoliert (s. auch Tabelle 5).

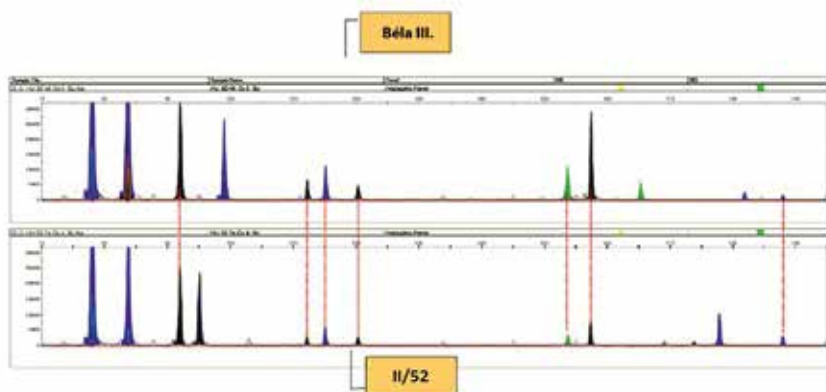
Eine erfolgreiche Isolierung von DNA war aus allen Knochenproben möglich, dazu musste jedoch das DNA-Isolierungsprotokoll optimiert werden. Dies war in erster Linie bei Béla III. notwendig, da seine Knochen in der Vergangenheit mit einem Harz behandelt wurden und davon auszugehen ist, dass diese Behandlung die erhebliche Fragmentierung der aus den Knochenproben isolierten

DNA hervorgerufen und auch die Radiokarbon-Altersbestimmung beeinträchtigt hat. Die Optimierung der DNA-Isolierung wurde am Fußwurzelknochen von Béla III. vorgenommen. Vier spezielle DNA-Isolier-Kits wurden in sechs Variationen getestet. Die 4., 5. und 6. Variation erwiesen sich als adäquat und wurden überdies zur DNA-Isolierung aus dem Fußwurzelknochen von Béla III. und aus diversen Knochen anderer Skelette verwendet (Bild 31; Fehren-Schmitz et al. 2015).



**Bild 31.** Sechste DNA-Extraktionsvariante aus der Probe des Mittelfußknochens von Béla III. mithilfe des Organic-Kits QiaVac MinElute; Bild: Agilent-Fluoreszenzgel-Elektrophorese. Die Fragmentlängen werden im Nenner in der Maßeinheit Basenpaar (bp) angegeben. Neben vielen Fragmentgruppen mit großer Streuung liegt die Spitze der häufigsten Fragmentlänge bei 3000 bp und dieses DNA-Fragment eignet sich auch für STR-Marker- und NGS-Untersuchungen (Fehren-Schmitz et al. 2015).

Wie bereits festgestellt, war die isolierte DNA trotz allem geeignet zur Amplifikation der A-STR-Marker (zur Bestimmung des genetischen Fingerabdrucks). Diese Amplifikation wurde zuerst mit dem Heptaplex-Kit durchgeführt (Seidenberg et al. 2012). Dieses Kit eignet sich zum Nachweis von 6 A-STR-Markern und der Amelogenin-Geschlechtsbestimmung. Als Vorfeldinformation ist auf Bild 32 das zusammengefasste Ergebnis der sechs A-STR-Marker angegeben, das einen Überblick der Nachweisbarkeit der ausgewählten Marker und des entstandenen fehlerhaften Amplifikationsprodukts bietet. Das Ergebnis der modifizierten DNA-Isolierung lässt auch die Schlussfolgerung zu, dass sich die auf diese Weise gewonnene DNA-Probe für die DNA-Sequenzierung eignen könnte.



**Bild 32.** Sechs A-STR-Lokalisierungen und Amelogenin-Profile wurden mithilfe des Heptaplex-Kits an den Knochenproben der Gebeine von Béla III. und des Skeletts Nr. II/52\_3 nachgewiesen. Unter den getesteten A-STR-Markern befanden sich solche, bei denen in den DNA-Proben der beiden Skelette der Nachweis mindestens eines gemeinsamen,

*aller Wahrscheinlichkeit nach väterlichen Allels gelang (die mütterlichen stimmen nicht überein). Die identischen Allele sind mit einer gepunkteten roten Linie markiert (Labor Göttingen). Darüber hinaus zeigt das Bild auch Allele, die in den beiden Knochenproben nicht identisch sind und wahrscheinlich infolge des PCR-Fehlers in Verbindung mit der qualitativen Differenz der Proben entstanden (Seidenberg et al. 2012).*

Im Labor Göttingen wurde nach Einführung von 20 A-STR-Markerpanels bei Skelett Nr. II/52\_3 die aus dem Femur isolierte DNA qualitativ für äußerst schlecht befunden, dazu kam noch die Möglichkeit der DNA-Kontamination, da die DNA-Probe im Vorfeld durch Péter Nagy auch in den USA getestet wurde, weshalb das erhaltene Ergebnis bei der Untersuchung der Verwandtschaftsbeziehungen nicht weiter berücksichtigt wurde. Das beste Ergebnis lieferte die aus dem 2. Fußwurzelknochen isolierte DNA. Dessen ungeachtet wurden bei der Amplifikation des Allels eines jeden Markers zahlreiche „Allel-Ausfälle“ (Dropouts, Null-Allele) beobachtet. Dieses Phänomen bedeutete, dass sich das Allel in vielen Fällen ein einziges Mal bei 4 bis 8 Amplifikationsversuchen nachweisen ließ. Daraus ergab sich eine starke Degradation der DNA-Probe, in der unversehrte Zielsequenzen (Targetsequenzen) nur in äußerst geringer Zahl vorkamen. Nach den Erfahrungen des Labors Göttingen treten bei der Amplifikation derartig degradiertes, sehr wenig Zielsequenzen enthaltender DNA-Proben mit zunehmender Häufigkeit Stotterprodukte und sonstige PCR-Fehler auf!



## 5. Qualität der DNA-Matrizen sämtlicher Skelette und Nachweisbarkeit der A-STR-Marker anhand der Allel-Länge

Die Nachweisbarkeit der A-STR-Marker hängt von zwei Umständen ab: (1) Länge der Allele. Wir machten die Erfahrung, dass A-STR-Marker mit längeren Allelen wesentlich schwerer zu detektieren sind. Solche Marker sind: D1S1656, D2S1338, D12S391, D19S433, SE33. (2) Unversehrtheit der Knochenstruktur. Aus den untersuchten Knochen ließ sich fragmentierte DNA isolieren, deren durchschnittliche Länge 150 bis 250 bp betrug. Die Skelette wurden von uns anhand des Erhaltungsgrades der Knochenstruktur in zwei Gruppen eingeteilt: Die isolierte DNA aus den zur *1. Gruppe* gehörenden Knochenproben (Béla III., II/54, II/55, I/3 G5, I/4 H6, II/109) enthielt mehrere längere Fragmente, weshalb sich die A-STR-Marker effektiver nachweisen ließen. Die aus den zur *2. Gruppe* gehörenden Knochenproben Nr. II/52, Nr. II/53, der Anna von Antiochia und des Fötus isolierte DNA war ausgesprochen fragmentiert und enthielt viel weniger Matrizensequenzen als die DNA-Proben der vorherigen Gruppe, wodurch sich der Nachweis der A-STR-Marker als wesentlich schwieriger erwies. Die Ergebnisse werden auf Bild 33 anhand der Allel-Längen der Marker dargestellt.



**Bild 33.** Die Wahrscheinlichkeit der Nachweisbarkeit von 20 A-STR-Markern, dargestellt anhand der Allel-Länge. Zur 1. Gruppe gehören all die Knochenproben (Béla III., II/54, II/55, I/3 G5, I/4 H6, II/109), deren isolierte DNA mehrere längere Fragmente enthielt, weshalb sich die A-STR-Marker effektiver nachweisen ließen (blaue Linie). Die aus den zur 2. Gruppe gehörenden Knochenproben Nr. II/52, Nr. II/53, der Anna von Antiochia und des Fötus isolierte DNA war ausgesprochen degradiert und enthielt viel weniger unversehrte Matrizensequenzen als die DNA-Proben der vorherigen Gruppe, wodurch sich der Nachweis der A-STR-Marker als weitaus schwieriger erwies (rote Linie). Häufigkeit der Nachweisbarkeit der einzelnen A-STR-Marker: akzeptierte Anzahl der identischen Allel-Längen (Fingerabdruck)/Gesamtanzahl der Versuche. Die Berechnung erfolgte aufgrund des Endberichts 2 des Labors Göttingen.

## 6. Vergleich der A-STR-Marker diverser Knochen des Skeletts Nr. II/52\_3. PCR-Test

Sinn und Zweck der Zusammenstellung war die zahlenmäßige Darstellung der Beobachtungen des Labors Göttingen in Verbindung mit der am Skelett Nr. II/52\_3 vorgenommenen DNA-Isolierung, daneben war uns zur Auslegung der Ergebnisse auch die Einholung von Daten über die Übereinstimmung der A-STR-Marker von Femur und Fußwurzelknochen 1 wichtig. Der in zwei verschiedenen Laboratorien durchgeführte Abgleich des A-STR-Markers 20 des zum Skelett II/52\_3 gehörenden Oberschenkelknochens (Femur) mit den Markerdaten des Fußwurzelknochens 1 wird in Tabelle 7 dargestellt. An dieser Stelle sei erwähnt, dass jeder Knochen des Skeletts Nr. II/52\_3 zu ein und derselben Person gehört, die mit anthropologischen Methoden erfolgte Zuordnung der nach der Auffindung vermischten Knochen und ihre Zusammenstellung zu einem Skelett waren demnach fehlerlos. In die Labore Budapest und Göttingen gelangte jeweils ein Stück derselben Knochenprobe. Die gelb hervorgehobenen Kästchen zeigen die voneinander abweichenden Allel-Daten der durchgeführten A-STR-Analyse, was auf einen PCR-Fehler hindeutet. Aufgrund der schlechten Knochenstruktur von Skelett Nr. II/52\_3 gelang es auch nach mehrmaligen Versuchen nicht, bestimmte Marker-Allele nachzuweisen (s. auch Bilder 20 C und D im 6. Kapitel).

II/52 A-STR	Femur (Göttingen)		Fußwurzelknochen 1 (Göttingen)		Fußwurzelknochen 1 (Budapest-1)		Rippe (Budapest-1)	
	A1 (Gyak)	A2 (Gyak)	A1 (Gyak)	A2 (Gyak)	A1 (Gyak)	A2 (Gyak)	A1 (Gyak)	A2 (Gyak)
D1S1656	(0/4)	(0/4)	12 (1/4)	17,3 (1/4)	12 (6/8)	17,3 (4/8)	n.a.	n.a.
D2S441	9(1/3)	11 (3/3)	9 (1/4)	10 (1/4)	10 (1/1)	10 (1/1)	10 (1/1)	(0/1)
D2S1338	(0/4)	(0/4)	(0/7)	(0/7)	20 (3/3)	25 (1/3)	20 (1/1)	(0/1)
D3S1358	15 (1/4)	18 (3/4)	14 (5/8)	(0/8)	14 (3/3)	(0/3)	n.a.	n.a.
D5S818	(0/2)	12(1/2)	10 (4/8)	12 (6/8)	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
D7S820	n.a.	n.a.	8 (1/5)	9 (3/5)	8 (1/2)	9 (1/2)	(0/2)	9 (2/2)
D8S1179	(0/4)	(0/4)	12 (2/8)	14 (1/8)	12 (1/1)	14 (1/1)	n.a.	n.a.
D9S1120	n.a.	n.a.	15 (3/3)	16 (2/3)	15 (1/1)	16 (1/1)	n.a.	n.a.
D10S1248	13 (3/4)	13 (3/4)	13 (2/4)	13 (2/4)	12 (1/8)	13 (8/8)	13 (1/1)	13 (1/1)
D12S391	(0/4)	18 (2/4)	17 (1/4)	18 (1/4)	17 (3/4)	18 (2/4)	n.a.	n.a.
D13S317	8 (1/2)	(0/2)	8 (7/10)	13 (7/10)	8 (4/4)	13 (4/4)	8 (4/4)	13 (2/4)
D16S539	(0/4)	12 (2/4)	10 (2/12)	11 (8/12)	10 (6/7)	11 (11/11)	10 (2/2)	11 (1/2)
D18S051	15 (1/6)	(0/6)	13 (8/12)	17 (4/12)	13 (5/6)	17 (4/6)	13 (2/3)	17 (2/3)
D19S433	(0/4)	(0/4)	13 (3/4)	14 (1/4)	13 (4/4)	14 (1/4)	n.a.	n.a.
D21S11	(0/8)	(0/8)	30 (7/12)	32,2 (8/12)	30 (4/6)	32,2 (3/6)	30 (1/1)	(0/1)
D22S1045	12 (1/4)	16 (1/4)	15 (1/4)	17 (1/4)	15 (7/7)	16 (1/7)	15 (1/1)	(0/1)
CSF1PO	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	9 (5/5)	11 (5/5)	9 (2/2)	11 (1/2)
FGA	21 (1/6)	22 (1/6)	21 (5/12)	25 (5/12)	21 (5/6)	25 (2/6)	n.a.	n.a.
TH01	9 (4/4)	9,3(1/4)	9 (13/15)	9,3 (11/15)	9 (6/8)	9,3 (8/8)	9 (1/1)	9,3 (1/1)
VWA	16 (1/4)	21 (1/4)	(0/8)	(0/8)	16 (2/2)	17 (2/2)	n.a.	n.a.

**Tabelle 7.** Hier werden die Allel-Längen von A-STR-Markern gezeigt, die an DNA vorgenommen wurden, die aus dem Oberschenkelknochen, den Fußwurzelknochen und der Rippe des Skeletts Nr. II/52\_3 isoliert wurden. Im Bruch in Klammern steht der Zähler für die nachgewiesene Anzahl der Fingerabdruck-Allele und der Nenner für die Gesamtzahl der Versuche. Die aus dem Femur und anderen Knochen nachgewiesenen übereinstimmenden Allele sind mit einer halbfett gedruckten Zahl markiert. Obwohl die Fußwurzelknochenproben der Labore Göttingen und Budapest-1 (gelb markierte Kästchen) aus demselben Knochen stammen, weichen die Allel-Längen der beiden Laboratorien für diese Knochen in Bezug auf drei Marker voneinander ab (gelb markierte Kästchen), was die Möglichkeit eines PCR-Fehlers nahelegt.

Was die A-STR-Marker des Oberschenkelknochens von Skelett Nr. II/52 angeht, wurden aufgrund der umfangreichen Schädigung der Knochenstruktur lediglich 12 von 20 Markern berücksichtigt.

Bei dem Vergleich der Proben des Femurs und des Fußwurzelknochens aus Göttingen stimmten sowohl die väterlichen als auch die mütterlichen Allele der Marker D2S441 und TH01 überein, bei weiteren drei Markern war aus dem Femur lediglich ein Allel nachweisbar, das jedoch mit einem Allel des Fußwurzelknochens 1 identisch war. Bei den Markern D10S1248 und D22S1045 weicht im Labor Göttingen und im Labor Budapest jeweils eine zu identischen Markern des Fußwurzelknochens 1 gehörende Allel-Länge ab, dagegen stimmen sie mit den Daten der entsprechenden Marker-Allel-Länge des im Labor Budapest untersuchten Femurs überein. Die Allele des Femur-Markers D3S1358 werden aus 15 und 18 Wiederholungseinheiten gebildet, eine nachweisbare Allel-Länge des Markers D18S51 besteht aus 15 Wiederholungseinheiten, diese stimmten mit keinen Allel-Längendaten des Fußwurzelknochens 1 überein, dagegen stimmten die Konsens-Allel-Längen derselben Marker mit allen Markerdaten des Fußwurzelknochens 1 vollständig überein. Unsere Analysen berechtigen zu der Annahme, dass die PCR-Amplifikation von Allel-Längen, die aus einer so großen Anzahl von Wiederholungseinheiten bestehen, kein stichhaltiges Ergebnis mehr liefern kann. Berücksichtigen wir auch die Konsens-A-STR-Markerdaten von Skelett Nr. II/52\_3, zeigt sich, dass alle Daten der 12 auswertbaren Marker in bestimmten Punkten mit den entsprechenden Daten der Marker-Allel-Länge des Fußwurzelknochens 1 und/oder der Rippe übereinstimmen, woraus hervorgeht, dass alle analysierten Knochen zur selben Person gehören. Ein Vergleich der 12 nachgewiesenen Markerdaten von Skelett Nr.

II/52 mit den entsprechenden Markerdaten von Béla III. zeigt, dass ein Allel von 10 Markern in beiden Skeletten dieselbe Länge aufweist. Die Daten des Markers D2S441 sind in den beiden Skeletten wirklich unterschiedlich, bei Marker D18S051 gelang lediglich der Nachweis von einem Allel, weshalb die Differenz nicht als echt akzeptiert werden darf.

Obige Darlegungen sind deshalb bedeutsam, weil auch diese Daten die Auffassung von Éry und ihrer Arbeitsgruppe widerlegen, wonach heute in der Matthiaskirche nicht das ursprüngliche Skelett verwahrt wird. Diese Beobachtung bekräftigt vielmehr die Annahme, dass es zu keinem Skelett-Tausch kam und die späteren A-STR- und Y-STR-Tests am ursprünglichen Skelett vorgenommen wurden. Dazu kommt noch, dass das Skelett Nr. II/52\_3 auf dem Lageplan von Varsányi (Bild 13) so dargestellt ist, als ob das eine Schienbein gebrochen wäre, ein Bruch ist an dem in der Matthiaskirche verwahrten Skelett Nr. II/52\_3 jedoch nicht ersichtlich. Demzufolge ist der Lageplan ungenau und eignet sich nicht als Beleg für den Austausch von Skeletten.

Es stellt sich die Frage, warum sich der Fußwurzelknochen 1 besser zum Verwandtschaftstest der A-STR-Marker eignet als der Femur? Die Knochenstruktur des Femur cortex ist breiter und kompakter als die des Fußwurzelknochens, weshalb das Verfahren der aus diesem erfolgenden DNA-Isolierung eine Änderung erfährt. Die Entkalkung nimmt mehr Zeit in Anspruch, was wiederum zur erhöhten DNA-Fragmentierung führt und auch bei den folgenden Isolierungsschritten kann die DNA stärker fragmentiert werden und es bleiben weniger DNA-Stränge, die sich als PCR-Matrizen eignen.

## **7. Bestimmung der A-STR-Marker und des Geschlechts der Skelette im Labor Göttingen und Budapest 1**

Im Mai 2014 kamen im Labor der Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie des Johann-Friedrich-Blumenbach-Instituts für Zoologie und Anthropologie an der Universität Göttingen zehn arpadenzeitliche Knochenproben aus der Matthiaskirche für die Forscher Verena Seidenberg und Susanne Hummel an, die den Auftrag erhielten, daraus DNA in einer Qualität zu isolieren, die sich eventuell auch zur Sequenzierung der nächsten Generation eignet. Vor diesem Hintergrund kam es zur Optimierung der DNA-Isolierungsmethode. Die Tabellen 8.1 und 8.2 sowie 9.1. und 9.2 enthalten die Ergebnisse der A-STR-Markeranalysen.

Skellette	Béla III.		II/52		II/53		II/54		II/55	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2
A-STR										
D1S1656	13 (6/10)	17.3(6/10)	n.v.a.	n.v.a.	15 (2/8)	n.v.a.	15 (4/8)	17/16(2/8)	15.3(5/6)	16 (6/6)
D2S441	11(7/10)	11.3(7/10)	n.v.a.	n.v.a.	12 (7/8)	14 (8/8)	10 (7/8)	11 (4/8)	11 (6/6)	11 (6/6)
D2S1338	17 (4/14)	n.v.a.	n.v.a.	n.v.a.	n.v.a.	n.v.a.	21(3/12)	n.v.a.	17 (6/8)	24 (7/8)
D3S1358	15 (9/14)	17 (10/14)	14(4/12)	14(5/12)	14 (5/12)	n.v.a.	16(5/12)	17(5/12)	14 (7/8)	16 (7/8)
D5S818	10 (6/25)	12 (7/25)	10(4/10)	12(7/10)	12 (7/12)	n.v.a.	9 (7/10)	11(6/10)	11(11/14)	12(8/14)
D7S820	10 (4/4)	11 (4/4)	9 (2/4)	n.v.a.	10 (3/4)	12 (3/4)	11 (2/8)	n.v.a.	9 (2/2)	10 (2/2)
D8S1179	13 (6/14)	14 (7/14)	12(2/12)	14(2/12)	14 (3/12)	n.v.a.	11 (4/12)	14 (3/12)	13 (7/8)	13 (7/8)
D9S1120	15 (4/4)	16 (4/4)	15 (3/4)	16 (2/4)	16 (3/4)	n.v.a.	15 (2/4)	16 (2/4)	15 (2/2)	16 (2/2)
D10S1248	13 (6/10)	13 (6/10)	13 (5/8)	13 (5/8)	13 (8/8)	13 (8/8)	13 (4/8)	15 (4/8)	13 (5/6)	14 (5/6)
D12S391	18 (6/10)	19 (5/10)	n.v.a.	n.v.a.	18 (1/8)	25**(1/8)	23(3/8)	19**(1/8)	17 (5/6)	22 (5/6)
D13S317	9(6/25)	13(6/25)	8 (7/10)	13(6/10)	12(9/11)	n.v.a.	11(8/10)	13(8/10)	11(18/20)	13(18/20)
D16S539	11(12/15)	12(12/15)	10(2/12)	11(6/12)	12 (8/12)	13 (7/13)	11(8/12)	12(6/42)	12 (7/8)	13 (7/8)
D18S051	13(12/35)	16(12/35)	13(8/18)	17(4/18)	14(10/18)	15(7/18) 19(3/18)	14(10/18)	17(11/18)	12(17/22)	16(17/22)
D19S433	15 (9/14)	16.2(8/14)	13(4/12)	n.v.a.	13 (4/42)	14 (3/12) 17.2*(4/12)	13 (5/12)	14(6/12) 17.2*(3/12)	13 (7/8)	14 (7/8) 17.2**(1/8)
D21S11	31(8/39)	32.2(8/39)	30(7/22)	32.2(5/22)	26(7/22)	28(2/22)	29(12/22)	30(2/22)	30(18/24)	31(17/24)
D22S1045	15 (6/9)	16 (6/9)	n.v.a.	n.v.a.	14 (4/8)	n.v.a.	14 (4/8)	15 (3/8)	12 (6/6)	15 (6/6)
FGA	21(12/35)	21(12/35)	21(6/18)	25(5/18)	20(5/18)	22(6/18) 24(5/18)	21(11/18)	23(8/18)	22(16/22)	23(17/22)
SE33	20 (5/10)	27.2(2/10)	n.v.a.	n.v.a.	n.v.a.	n.v.a.	18(3/8)	28.2(2/8)	26.2(5/6)	34.2(5/6)
TH01	7 (13/35)	9 (12/35)	9(16/18)	9.3(11/18)	8 (9/18)	10(14/18)	6(18/18)	9.3(14/18)	6(20/22)	9.3(20/22)
vWA	17 (9/14)	17 (9/14)	n.v.a.	n.v.a.	19 (2/12)	n.v.a.	14 (4/12)	16 (4/12)	16 (7/8)	16 (7/8)

**Tabelle 8.1. Autosomale STR-Markerwerte. Labor Göttingen. Die Angaben stammen aus dem Gesamtbericht „Final Report 2“. Im Bruch in Klammern steht der Zähler für die Anzahl der nachgewiesenen Fingerabdruck-Allele und der Nenner für die Gesamtzahl der Versuche. \*: wahrscheinlich ein Artefakt (Seidenberg und Hummel, Göttingen) n.a.: nicht analysiert; n.v.a./\*\*.: keine auswertbaren Daten.**



Sklette	Béla III.		I/3 G5		I/4 H		Anna		II/109		Fötus	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	n.a.	n.a.
A-STR												
D1S1656	13 (6/10)	17.3(6/10)	13 (5/6)	17.3 (4/6)	11 (8/9)	17.3(9/9)	n.v.a.	n.v.a.	12(6/8)	16(5/8)	n.a.	n.a.
D2S441	11(7/10)	11.3(7/10)	11 (6/6)	11 (6/6)	10 (9/9)	11 (9/9)	11 (2/9)	n.v.a.	11(8/8)	14(6/8)	n.a.	n.a.
D2S1338	17 (4/14)	n.v.a.	24 (6/8)	25 (4/8)	18 (10/13)	18(10/13)	19(2/11)	n.v.a.	18(4/12)	19(4/12)	n.a.	n.a.
D3S1358	15 (9/14)	17 (10/14)	14 (8/8)	17 (8/8)	15(11/11)	19(11/11)	16 (2/11)	n.v.a.	15(11/12)	18(8/12)	n.a.	n.a.
D5S818	10 (6/25)	12 (7/25)	11(10/10)	12(10/10)	10(14/22)	12(18/22)	14(4/24)	n.v.a.	11(8/10)	11(8/10)	12(3/8)	13(3/8)
D7S820	10 (4/4)	11 (4/4)	8 (2/2)	12 (2/2)	11 (2/2)	12 (2/2)	n.v.a.	n.v.a.	8(4/4)	10(4/24)	n.a.	n.a.
D8S1179	13 (6/14)	14 (7/14)	13 (8/8)	13 (8/8)	12 (9/11)	12(9/11)	13(2/11)	n.v.a.	12(6/12)	15(7/12)	n.a.	n.a.
D9S1120	15 (4/4)	16 (4/4)	16 (2/2)	16 (2/2)	16 (2/2)	16 (2/2)	n.v.a.	n.v.a.	15(4/4)	16(3/4)	n.a.	n.a.
D10S1248	13 (6/10)	13 (6/10)	14 (6/6)	15 (6/6)	13 (9/9)	13 (9/9)	14 (2/9)	n.v.a.	14(8/8)	15(8/8)	n.a.	n.a.
D12S391	18 (6/10)	19 (5/10)	15 (6/6)	21 (6/6)	18 (9/9)	18 (9/9)	n.v.a.	n.v.a.	17(5/8)	23(6/8)	n.a.	n.a.
D13S317	9 (6/25)	13 (6/25)	8(10/10)	13(9/10)	8(14/22)	13(15/22)	11(6/29)	n.v.a.	9(9/10)	11(8/10)	12(3/8)	n.v.a.
D16S539	11(12/15)	12(12/15)	11 (8/8)	11 (8/8)	12(11/11)	14(11/11)	11(6/11)	n.v.a.	10(10/12)	13(10/129)	n.a.	n.a.
D18S051	13(12/35)	16(12/35)	19(16/16)	23(11/16)	14(26/31)	14(26/31)	18(2/36)	n.v.a.	14(13/18)	15(11/18)	19(2/8)	n.v.a.
D19S433	15 (9/14)	16.2(8/14)	13 (8/8)	14 (6/8)	14(9/11)	16((10/11)	n.v.a.	n.v.a.	13(8/12)	13(8/12)	n.a.	n.a.
D21S11	31 (8/39)	32.2(8/39)	25(18/19)	31.2(13/18)	30(21/33)	32.2(21/33)	33(3/40)	32.2** (1/40)	31 (6/22)	33.2 87(22)	30.2 (2/8)	n.v.a.
D22S1045	15 (6/9)	16 (6/9)	15 (6/6)	16 (6/6)	15 (8/9)	16 (8/9)	11 (2/9)	n.v.a.	15(7/8)	16(6/8)	n.a.	n.a.
FGA	21(12/35)	21(12/35)	19(14/16)	20(16/16)	19(25/31)	25(25/31)	n.v.a.	n.v.a.	22(11/18)	22(11/18)	20(3/8)	25(3/8)
SE33	20 (5/10)	27.2(2/10)	18 (6/6)	19.2(3/6)	22.2(9/9)	28.2(6/9)	n.v.a.	n.v.a.	19.2(6/8)	29.2(4/8)	n.a.	n.a.
TH01	7 (13/35)	9 (12/35)	7(16/16)	9(16/16)	6(26/31)	7(26/31)	7 (5/36)	9.3(12/36)	8(15/18)	9(14/18)	6(6/8)	9.3(6/8)
vWA	17 (9/14)	17 (9/14)	14 (5/8)	19 (7/8)	17 (9/11)	18(10/11)	n.v.a.	n.v.a.	14(8/12)	19(8/12)	n.a.	n.a.

**Tabelle 8.2. Autosomale STR-Marker, Labor Göttingen. Die Angaben stammen aus dem Gesamtbericht „Final Report 2“. Im Bruch in Klammern steht der Zähler für die Anzahl der nachgewiesenen Fingerabdruck-Allele und der Nenner für die Gesamtzahl der Versuche. n.a.: nicht analysiert; n.v.a./\*\*: keine auswertbaren Daten.**

*Bewertung des durch PCR-Amplifikation erfolgten Nachweises von Allel-Längen, die mit der Anzahl der Wiederholungseinheiten gekennzeichnet sind (Göttingen)*

1. Bei vorliegendem Test wurde bereits die optimierte DNA-Isolierungsmethode angewandt (weiterführende Informationen s. Kapitel „Getestete Knochenproben und Methoden“).
2. Die endgültige Form der A-STR-Marker wurde gewöhnlich nach 8 bis 40 durchgeführten Nachweisversuchen angenommen, überdies mussten wenigstens drei identische väterliche und mütterliche Allel-Längen-Ergebnisse vorliegen, bis sie als entsprechende Allele akzeptabel waren. Das 2. Kriterium wurde nicht immer erfüllt.
3. Bei der Untersuchung des Skeletts von Béla III. waren häufige Versuche notwendig, da auch die aus den ausgewählten Knochenproben der Fußwurzelknochen 1 und 2 isolierte DNA in hohem Maß fragmentiert war und nur wenig längere DNA-Stränge bot, die sich für Zielsequenzen eigneten. Diese DNA-Degradation lässt sich nicht auf eine Schädigung der Knochenstruktur nach dem Tod zurückführen, da sie recht gut erhalten war (Bild 20 A und B) und in anderen Fällen gelang bei einer so erhaltenen Knochenstruktur die Isolierung einer wesentlich hochwertigeren DNA. Die DNA-Fragmentation ist offensichtlich der Behandlung der Skelette mit Harz geschuldet, zu der es, eventuell zu Zwecken der Konservierung, vor der endgültigen Ablage in der Matthiaskirche kam.
4. Im Vorfeld wurde bereits festgestellt, dass die Skelette Nr. II/52 und II/53, der Anna von Antiochia und des Fötus eine starke

postmortale Schädigung erfahren, sodass die Isolierung entsprechend langer DNA-Stränge, die sich zum Nachweis der A-STR-Marker eignen, schwierig war. In derartigen Fällen wurden zum Nachweis der Marker mehrere Versuche benötigt, aber auch so kam es vor, dass kein auswertbares Ergebnis erzielt wurde oder lediglich das eine Allel des jeweiligen A-STR-Markers nachweisbar war.

5. Bei den Markern, deren Allel-Länge aus 18 oder mehr Wiederholungseinheiten mit vier Basen besteht, entstehen bei der PCR-Amplifikation sehr viele fehlerhafte PCR-Produkte, die im konkreten Fall schwierig zu erkennen sind. Da sich bei Marker SE33 die häufigen PCR-Fehler eindeutig zeigten, war die Nichtberücksichtigung dieses Markers bei der Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen zweckmäßig. All dies deutet darauf hin, dass die mechanische Auswertung der Daten bei der Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen einzelner Skelette nicht möglich ist.
6. Ferner zeigte sich eindeutig, dass die Nachweisbarkeit eines A-STR-Markers in bestimmten Fällen nicht von der Allel-Länge, sondern von der Molekülstruktur der Chromosomenregion beeinflusst wird, in der sich der Marker befindet. Dieses Phänomen war besonders bei drei A-STR-Markern auffällig. Dies sind: (1) D2S1338, hier ergaben auch häufige Versuche des PCR-Nachweises in mehreren Fällen kein auswertbares Ergebnis. (2) Der Nachweis des Markers D7S82 mithilfe diverser Detektions-Kits war deshalb problematisch, weil sich bei einzelnen DNA-Proben zumindest der eine PCR-Primer aufgrund einer dort befindlichen Sequenzvariation nur schwer in die entsprechende Chromosomenregion einbinden ließ, so dass kein PCR-Produkt

entstand (s. Bild 38 in Kapitel 8). (3) Das größte Problem verursachte der Marker D19S433. Dieser Marker befindet sich in einer Chromosomenregion mit äußerst komplizierter Molekülstruktur, was die Bewertung des Gentests erschwert und darauf weist auch die Internetdatenbank „STRbase“ hin. Ferner stießen Verena Seidenberg und Susanne Hummel (Göttingen) bei dem Nachweis dieses Markers auf zahlreiche PCR-Produkte. Bei der PCR-Amplifikation der DNA-Proben von drei Skeletten zeigte sich beispielsweise ein 17,2 bp langes fehlerhaftes PCR-Produkt (Final report-2).

7. Marker, die über Allele mit nicht mehr als 13 Wiederholungseinheiten verfügen, lassen sich mit weniger Versuchen eindeutig nachweisen und die Wahrscheinlichkeit des Auftretens von PCR-Produkten, die das Ergebnis beeinträchtigen, ist in diesem Fall geringer, d. h. die Ergebnisse kommen am ehesten für die Untersuchung von Verwandtschaftsbeziehung in Frage.

Skelette	Béla III.		II/52		II/53		II/54		II/55	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2
A-STR	13 (3/3)	17.3 (3/3)	12 (5/7)	17.3(2/7)	n.a.	n.a.	15 (2/2)	17 (2/2)	16 (2/2)	18**(1/2)
D1S1656	11 (5/5)	11.3 (5/5)	10(11/11)	10(11/11)	12 (3/4)	14 (4/4)	10 (2/2)	11 (2/2)	11 3/3	11 (3/3)
D2S441	17 (7/7)	17 (7/7)	20 (4/4)	25 (2/4)	20 (5/5)	21 (4/5)	21 (4/4)	23 (4/4)	17 (3/3)	24(3/3)
D2S1338	15(2/29)	17 (2/2)	14 (3/3)	14 (3/3)	9**(1/2)	14 (2/2)	16 (2/2)	17 (2/2)	14 (2/2)	16 (2/2)
D3S1358	10(5/6)	11(6/6)	8 (6/6)	9 (2/6)	10 (3/5)	12 (5/5)	11 (2/2)	12 (2/2)	9 (2/2)	10 (2/2)
D8S1179	13 (1/1)	n.v.a.	n.a.	n.a.	14**(1/1)	n.a.	11 (2/2)	14 (2/2)	n.a.	n.a.
D10S1248	13 (4/4)	13 (4/4)	13 (8/8)	13 (8/8)	11**(1/4)	13 (4/4)	13 (2/2)	15 (2/2)	13 (3/3)	14 (3/3)
D12S391	18 (3/3)	19 (3/3)	17 (2/3)	18**(1/3)	n.a.	n.a.	19 (2/2)	23 (2/2)	17 (2/2)	22 (2/2)
D13S317	9 (5/6)	13 (6/6)	8 (8/8)	13 (6/8)	12 (4/4)	12 (4/4)	11 (2/2)	13 (2/2)	11 (2/2)	13(2/2)
D16S539	11 (7/7)	12 (7/7)	10 (8/9)	11 (8/9)	13 (7/8)	13 (7/8)	11 (4/4)	12 (4/4)	12 (5/5)	13 (4/5)
D18S51	13 (8/8)	16 (6/8)	13 (5/10)	17 (6/10)	14 (7/7)	15 (5/7)	14 (4/4)	17 (4/4)	12 (5/5)	16 (4/5)
D19S433	15 (2/2)	16.2(2/2)	13 (3/3)	13 (3/3)	n.a.	n.a.	13 (2/2)	14 (2/2)	13 (2/2)	14**(1/2)
D21S11	31(4/6)	32.3(4/6)	30 (5/7)	32.2(3/7)	26 (5/6)	28 (5/6)	29 (3/3)	29 (3/3)	30 (3/4)	31 (4/4)
D22S1045	15 (3/4)	16 (4/4)	15 (8/8)	17 (4/8)	14(2/2)	15**(1/2)	14 (2/2)	15 (2/2)	12**(1/2)	15 (2/2)
CSFIPO	11 (5/5)	12 (5/5)	9 (7/7)	11 (6/7)	10 (5/5)	10 (5/5)	12 (2/2)	12 (2/2)	11 (2/2)	13 (2/2)
FGA	21 (7/7)	21 (7/7)	21 (6/6)	25 (5/6)	20 (5/6)	22 (6/6)	21 (3/3)	23 (3/3)	22 (5/5)	23 (3/5)
TH01	7 (4/4)	9 (4/4)	9 (8/9)	9.3 (9/9)	8 (2/4)	10 (4/4)	6 (2/2)	9.3(2/2)	6 (3/3)	9.3(3/3)
vWA	17 (3/3)	17 (3/3)	16 (2/2)	17 (2/2)	18 (2/2)	19**(1/2)	14 (3/3)	16 (3/3)	14**(1/3)	16 (3/3)

**Tabelle 9.1.** Autosomale STR-Marker, Labor Budapest I. Die Angaben stammen aus dem Gesamtbericht vom 28. September 2015. Im Bruch in Klammern steht der Zähler für die Anzahl der nachgewiesenen Fingerabdruck-Allele und der Nenner für die Gesamtzahl der Versuche. n.a.: nicht analysiert; n.v.a. \*\*: keine auswertbaren Daten.

Skelette	Béla III.		I/3 G5		I/4 H		Anna		II/109	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2
A-STR	13 (3/3)	17.3 (3/3)	13 (2/3)	17.3 (3/3)	11 (2/2)	17.3(2/2)	12**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.
D1S1656	11 (5/5)	11.3 (5/5)	11 (4/4)	11 (4/4)	10 (3/3)	11 (3/3)	10**(1/1)	14**(1/1)	n.a.	n.a.
D2S441	17 (7/7)	17 (7/7)	24 (4/4)	25 (2/4)	18 (4/4)	18 (4/4)	20 (2/2)	27 (2/2)	18 (3/3)	19 (2/3)
D2S1338	15 (2/29)	17 (2/2)	8**(1/1)	17**(1/1)	15**(1/1)	19**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
D3S1358	10 (5/6)	11 (6/6)	8 (3/3)	12 (3/3)	11 (3/3)	12 (3/4)	8 (2/4)	10 (3/4)	8 (3/3)	10 (3/3)
D7S820	13**(1/1)	n.v.a.	13 (2/2)	n.a.	12**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
D8S1179	13 (4/4)	13 (4/4)	14 (4/4)	15 (2/4)	13 (3/3)	13 (3/3)	15**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.
D10S1248	18 (3/3)	19 (3/3)	15 (3/3)	21**(1/3)	18 (2/2)	n.a.	18**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.
D12S391	9 (5/6)	13 (6/6)	8 (4/4)	13 (3/4)	8 (4/4)	13 (3/4)	10**(2/4)	11 (4/4)	9 (2/3)	11 (3/3)
D13S317	11 (7/7)	12 (7/7)	11 (6/6)	11 (6/6)	12 (3/4)	14 (4/4)	10 (3/3)	11**(1/3)	10 (3/3)	13 (3/3)
D16S539	13 (8/8)	16 (6/8)	19 (6/6)	23 (5/6)	14 (4/4)	14 (4/4)	16 (4/4)	18 (4/4)	14 (3/3)	15 (2/3)
D18S51	15 (2/2)	16.2(2/2)	13**(1/1)	14**(1/1)	14**(1/1)	16**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
D19S433	31 (4/6)	32.3 (4/6)	25 (2/4)	31.2 (4/4)	30 (4/4)	32.2 (3/4)	29 (2/3)	30 (2/3)	31 (2/3)	33.2 (3/3)
D21S11	15 (3/4)	16 (4/4)	15 (2/3)	16 (2/3)	15 (2/2)	16 (2/2)	11**(1/1)	n.a.	n.a.	n.a.
D22S1045	11 (5/5)	12 (5/5)	11 (4/4)	12 (3/4)	11 (3/3)	12 (3/3)	12 (3/3)	12 (3/3)	10 (3/3)	13 (3/3)
CSFIPO	21 (7/7)	21 (7/7)	19 (4/4)	20 (4/4)	19 (4/4)	25 (3/4)	21 (2/3)	23 (3/3)	22 (3/3)	n.a.
FGA	7 (4/4)	9 (4/4)	7 (3/3)	9 (3/3)	6 (4/4)	7 (4/4)	7**(1/1)	9**(1/1)	n.a.	n.a.
TH01	17 (3/3)	17 (3/3)	14**(1/1)	19.2**(1/1)	17 (2/2)	18 (2/2)	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.
VWA										

**Tabelle 9.2.** Autosomale STR-Marker, Labor Budapest 1. Im Bruch in Klammern steht der Zähler für die nachgewiesene Anzahl der Fingerabdruck-Allele und der Nenner für die Gesamtzahl der Versuche. Die Angaben stammen aus dem Gesamtbericht vom 28. September 2015. n.a.: nicht analysiert; n.v.a./ \*\*: keine auswertbaren Daten.

***Bewertung des mittels PCR-Amplifikation erfolgten Nachweises von A-STR-Markern, die an Knochenproben von neun Skeletten vorgenommen wurden (Budapest 1)***

1. Da Marker SE33 wegen zahlreicher PCR-Fehler in den Tabellen 9.1. und 9.2. nicht berücksichtigt wurde, überprüften wir im Labor Budapest insgesamt 18 A-STR-Marker.
2. Der PCR-Test der Knochenproben der Anna von Antiochia wurde mit weitaus weniger Wiederholungen (zwei- bis achtmal) durchgeführt als im Labor Göttingen, allerdings verwendeten wir ein anderes PCR-Kit.
3. Die Fingerabdruck-Allele der Marker D3S1368, D8S1179 und D19S433 und der weiblichen Skelette (Anna von A., Nr. II/109) mussten in den meisten Fällen nach zwei Versuchen akzeptiert werden, was bedeutet, dass die Kriterien nicht so streng wie im Labor Göttingen waren. Auch das Ergebnis einer PCR-Amplifikation ist angegeben.
4. Die mit \*\* markierten Proben gelten als nicht auswertbare Daten.
5. Die PCR-Ergebnisse der Marker, die über längere Allele als 17 Wiederholungen verfügten (D2S1338, D21S11, vWA), wiesen eine große Streuung auf.

***Gesamtergebnis der Labore Göttingen und Budapest 1***

Von wenigen Ausnahmen abgesehen, stimmten die A-STR-Markerresultate aus Göttingen und Budapest miteinander überein und waren die Ergebnisse der PCR-Analyse der voneinander teilweise abweichenden Knochenproben von Béla III. und des Skeletts Nr.

II/52\_3 identisch. Bei allen anderen Skeletten kam jeweils eine, allerdings mit dem Zustand der Knochenstruktur verbundene Allel-Differenz vor. Im Vergleich der A-STR-PCR-Daten aus Göttingen und aus Budapest wiesen ein Marker bei Skelett Nr. I/3 G5, zwei Marker bei den Skeletten Nr. I/4 H6, II/54 und II/55, vier Marker bei Skelett Nr. II/53 und sechs Marker bei den Gebeinen der Anna von Antiochia einen Allel-Längen-Unterschied auf. Die Abweichungen traten in erster Linie an weniger gut erhaltenen Knochenproben bzw. bei Markern mit langen Allelen auf. Ein Marker wurde nur im Labor Göttingen, ein anderer nur im Labor Budapest untersucht, zudem lieferten mehrere Marker nur in einem der beiden Labore ein akzeptables Ergebnis (Tabellen 8.1., 8.2. und 9.1., 9.2.).

Gemäß den Bestattungsgepflogenheiten des 12. Jahrhunderts wurden im Inneren der Königsbasilika von Székesfehérvár nur Könige und ihre Angehörigen bestattet, wobei die engsten Verwandten möglichst nebeneinander gebettet wurden (Bild 13). Diese archäologische Beobachtung legt die Möglichkeit nahe, dass das früher bestattete Skelett Nr. II/52\_3 ein König aus dem Arpadenhaus sein könnte, der in enger Verwandtschaftsbeziehung zu König Béla III. stand. Führen wir die in den Laboren Göttingen und Budapest mittels PCR bestimmten A-STR-Daten zusammen, lässt sich ein mit Konsens-Allelen ausgestattetes Marker-Set zusammenstellen. Der mittels PCR-Test erfolgte Abgleich mit den Konsens-Markern erbrachte den Beweis, dass bei 5 von 20 Markern der beiden Skelette eine unterschiedliche Allel-Länge vorliegt (Tabelle 10). Dies spricht gegen die Vater-Sohn-Konstellation, stattdessen kommen der Großvater, Béla II. (der Blinde) oder die zwei Brüder des Vaters, Ladislaus II. und Stephan IV., in Frage (Olasz et al. 2018). Die historischen Fak-



ten lassen den Schluss auf eine mögliche Bestattung neben den Brüdern schwerlich zu, da Ladislaus II. und Stephan IV. Gegenkönige waren und es somit nicht wahrscheinlich ist, dass Béla III. und seine Frau Anna von Antiochia neben einem von ihnen bestattet wurden. Überdies stellte sich heraus, dass bei mindestens drei der fünf abweichenden Chromosomenmarker die Molekülstruktur ihrer Chromosomenregion, in der sich der jeweilige Marker befand, die Nachweisbarkeit der A-STR-Marker beeinflusste, und auch ein technischer Fehler der PCR-Amplifikation war zu erwarten. Somit entschieden wir, diese Chromosomenregionen auch mit einer Sequenzanalyse der nächsten Generation zu untersuchen.

Skelette	Béla III.		II/52	
	A1	A2	A1	A2
A-STR				
<b>D1S1656</b>	13	<b>17.3</b>	13	<b>17.3</b>
<b>D2S441*</b>	11	11.3	10	10
<b>D2S13388*</b>	17	17	18	18
<b>D3S1358*</b>	15	17	14	14
<b>D5S818</b>	10	<b>12</b>	10	<b>12</b>
<b>D7S820*</b>	10	11	<b>8</b>	9
<b>D8S1179</b>	13	<b>14</b>	12	<b>14</b>
<b>D9S1120</b>	15	<b>16</b>	15	<b>16</b>
<b>D10S1248</b>	<b>13</b>	13	<b>13</b>	13
<b>D12S391</b>	18	19	<b>18</b>	18
<b>D13S317</b>	9	<b>13</b>	8	<b>13</b>
<b>D16S539</b>	<b>11</b>	12	10	<b>11</b>
<b>D18S51</b>	<b>13</b>	16	<b>13</b>	17
<b>D19S433*</b>	15	16.2	<b>13</b>	13
<b>D21S11</b>	31	<b>32.2</b>	30	<b>32.2</b>
<b>D22S1045</b>	<b>15</b>	16	<b>15</b>	17
<b>CSF1PO</b>	<b>11</b>	12	9	<b>11</b>
<b>FGA</b>	21	21	<b>21</b>	25
<b>SE33</b>	20	27.7	n.a.	n.a.
<b>TH01</b>	7	<b>9</b>	<b>9</b>	9.3
<b>vWA</b>	<b>17</b>	17	16	<b>17</b>

**Tabelle 10.** Alle zusammengefassten (Konsens)-A-STR-Markerdaten von Béla III. und des Skeletts Nr. II/52 aus Göttingen und Budapest zur Aufdeckung der Verwandtschaftsbeziehungen. Die zahlenmäßige Verschiedenheit der Wiederholungseinheiten der fünf Marker ist in der Liste mit einem Stern markiert. Die identischen A-STR-Allele der beiden Skelette sind halbfett gedruckt hervorgehoben. Der Marker SE33 ist aufgrund der voraussichtlich hohen Zahl der PCR-Fehler nicht nutzbar und wurde daher im Vergleich nicht berücksichtigt.

Das Ergebnis der Geschlechtsbestimmung mithilfe des Amelogenin-Gens zeigt Tabelle 11. Das Geschlecht des Fötus war bisher unbekannt.

Skelette Labore	Béla III.	II/52_3	II/53	II/54	II/55	I/3 G5	I/4 H6	A. Anna	Fötus	II/109
Göttingen	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/X	X/Y	X/X
Budapest	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/Y	X/X	X/X	X/X

**Table 11.** Bestimmung des Geschlechts der untersuchten Skelette mithilfe des PCR-Tests des Amelogenin-Gens. Im Labor Göttingen wurde das Geschlecht des Fötus anhand eines gemessenen Wertes aus der stark fragmentierten DNA-Probe fälschlich als männlich bestimmt. Unsere neueren, mehrfach bestätigten Untersuchungen ergaben, dass das Geschlecht des Fötus tatsächlich weiblich ist.

**ZUSAMMENFASSUNG:** Die Öffnung der Glaskästen in der Matthiaskirche, in denen die Skelette liegen, fand unter sterilen Bedingungen statt. Die in Stoff gewickelten Gebeine des Königs-paares wurden nicht herausgenommen sondern kamen, nach Überprüfung durch Abtasten, zurück in den offenen Glaskasten, dann verpackten wir sie in spezielle Papier-Transportkartons zur Beförderung von Proben und transportierten sie in einen sterilen OP-Saal des Ungarischen Zentrums für Onkologie, wo die Probenahme erfolgte. Die Vorfeldversuche erwiesen, dass die Isolierung von DNA aus allen Knochenproben erfolgreich möglich war, dazu musste jedoch das DNA-Isolierungsprotokoll optimiert werden. Anhand ihrer Degradation lassen sich sämtliche aus den Knochenproben der Matthiaskirche isolierte DNA in zwei Gruppen unterteilen. Die geringfügig fragmentierten DNA-Proben wurden aus den Skeletten Bélas III., Nr. II/54, II/55, I/3 G5, I/4 H6 und II/109 isoliert (1. Gruppe), hier beträgt die wahrscheinliche Nachweisbarkeit der Allele, abhängig von ihrer Länge, 80

bis 90 %. Die DNA-Proben der zur zweiten Gruppe gehörenden Skelette Nr. II/52 und II/53, der Anna von Antiochia und des Fötus waren dermaßen stark degradiert, dass sie nur wenige amplifikationsfähige Matrizen-DNA-Stränge enthielten. Infolgedessen ging die Nachweisbarkeit der A-STR-Allele in Abhängigkeit von der Allel-Länge, das heißt, der Anzahl der Wiederholungseinheiten, dramatisch auf nahezu 10 % der Häufigkeit zurück. Die 20 bis 33 bp langen Allele sind nicht mehr als real akzeptabel anzusehen.

Die A-STR-Marker des Oberschenkelknochens von Skelett Nr. II/52\_3 wurden von uns gründlich untersucht und dabei verglichen wir sie mit den A-STR-Markern anderer Knochen des Skeletts und mit dem Markermuster der Gebeine von Béla III. Diese Testreihe ist einerseits bedeutsam, weil sie nachweist, dass die Sortierung der nach der Auffindung vermischten Einzelknochen mithilfe eines anthropologischen Verfahrens und ihre anschließende Einfügung in ein Skelett fehlerfrei gelungen war, andererseits, weil diese Angaben erneut die Ansicht von Éry und ihrer Arbeitsgruppe widerlegen, in der Matthiaskirche würde man heute nicht mehr das ursprüngliche Skelett aufbewahren.

Bezüglich des autosomalen STR-Markertests ist hervorzuheben, dass die Nachweisbarkeit auch von den individuellen Merkmalen der betreffenden Chromosomenregion, in der der Marker sich befindet, beeinflusst wird.

Die A-STR-Ergebnisse aus Göttingen und Budapest stimmten, von wenigen Ausnahmen abgesehen, überein, die Abweichungen traten primär bei Knochenproben mit schlecht erhaltener Struktur oder bei Markern mit langen Allelen auf. Bei einer Zusam-

menführung der in den Laboren Göttingen und Budapest mittels PCR bestimmten A-STR-Daten des Skeletts Nr. II/52 und der Gebeine von Belá III. lässt sich ein mit Konsens-Allelen ausgestattetes Marker-Set zusammenstellen. Der durch PCR-Test erfolgte Abgleich mit den Konsens-Markern erbrachte den Beweis, dass bei 5 von 20 Markern der beiden Skelette eine unterschiedliche Allel-Länge vorliegt. Dies spricht gegen die Vater-Sohn-Konstellation, stattdessen kommen der Großvater, Béla II. (der Blinde) oder die zwei Brüder des Vaters, Ladislaus II. und Stephan IV., in Frage. Die historischen Fakten lassen den Schluss auf eine mögliche Bestattung neben den Brüdern schwerlich zu, da Ladislaus II. und Stephan IV. Gegenkönige waren, und somit ist es nicht wahrscheinlich, dass Béla III. und seine Frau Anna von Antiochia neben einem von ihnen bestattet wurden.

# 8. KAPITEL

ERZSÉBET CSERNÁK, JÁNOS MOLNÁR,  
ZOLTÁN SZENTIRMAY

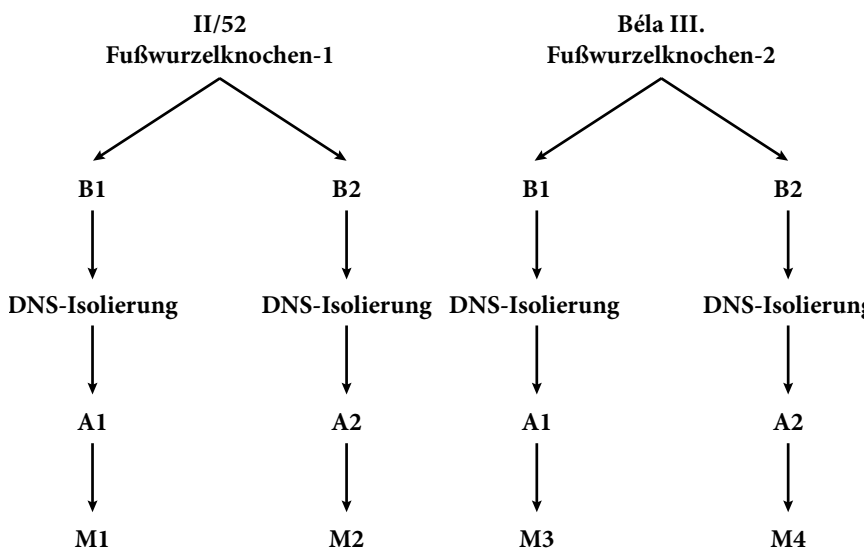
---

## PCR- UND NGS-TESTS

### 1. PCR- und NGS-Test der Chromosomenregion fünf ausgewählter A-STR-Marker

Es wird sich später zeigen, dass sich die Alleltypen dieser Marker bei den Skeletten von Béla III. und Nr. II/52\_3 unterscheiden, wodurch der DNA-Sequenztest der zu diesen Markern gehörenden Chromosomenregionen notwendig wurde. Genauer gesagt wollten wir nur die fünf A-STR-Markerregionen sequenzieren, die sich bei dem PCR-Test von den DNA-Proben unterschieden, die aus den Knochen von Béla III. und des Skeletts Nr. II/52 isoliert wurden. Diese Marker sind: D2S441, D2S1338, D3S1258, D7S820 und D19S433. Die in der Region des mittels PCR amplifizierten Chromosoms entstandenen Matrizen-DNA-Stränge wurden von uns zunächst mithilfe der Sequenzierung (capture) und später, nach einer magnetischen Separierung und darauf folgender Erstellung einer Amplikon-Bibliothek, mit NGS analysiert.

Zu Skelett Nr. II/52\_3 gehört der Fußwurzelknochen 1, zu den Gebeinen von Béla III. der Fußwurzelknochen 2. Aus dem Fußwurzelknochen von Skelett Nr. II/52\_3 und von Béla III. entnahmen wir je zwei Knochenproben. Zur besseren Unterscheidung wurden die Proben Budapest 1 (B1) und Budapest 2 (B2) genannt und aus diesen wurde zwecks Sequenzierung einzeln DNA isoliert. Die aus jeder B1-Probe isolierte DNA wurde mit A1 bzw. die aus den B2-Proben mit A2 gekennzeichnet. Das Ergebnis des an den A1- und A2-DNA-Proben durchgeführten Tests wurde bei Skelett II/52 mit M1 und M2 bzw. bei Béla III. mit M3 und M4 gekennzeichnet.



**Bild 34.** Flussdiagramm der an den Proben der Fußwurzelknochen von Skelett Nr. II/52\_3 und der Gebeine von Béla III. in den Chromosomenregionen der folgenden A-STR-Marker vorgenommenen Sequenzierung der nächsten Generation: D2S441, D2S13388, D3S1358, D7S820 und D19S433.

Zum Vergleich der Sequenzierungsdaten der STR-Marker verwendeten wir die vom US-amerikanischen National Institute for Standards and Technology betriebene „Short Tandem Repeat Internet Database“ (STRBase) (Butler–Reeder 1997; Ruitberg et al. 2001). In der Datenbank werden je Marker der Name und alternative Name, die genaue Chromosomenlokalisierung, die GenBank-Erreichbarkeit, die Struktur der „sequence motif“-Wiederholung, die zur Untersuchung der Regionen notwendigen PCR-Primersequenzen, die zu den einzelnen Allel-Längen gehörenden Allelsequenzen und die in Basenpaaren (bp) ausgedrückte Region der Wiederholungen angegeben. Der Hersteller des zum STR-Nachweis notwendigen Kits fügt dem Produkt einen Marker-Satz (Leiter) bei, dessen Länge mit jeder einzelnen Marker-Allel-Länge, d. h. mit der Anzahl der Wiederholungseinheiten, übereinstimmt. Damit wird das PCR-Produkt abgeglichen. Es gilt zu berücksichtigen, dass die durch die Leiter bestimmte Konsens-Allel-Länge wegen der komplexen Struktur der betreffenden Chromosomenregion in gewissen Fällen nicht unbedingt mit der Anzahl der Wiederholungseinheiten in der aktuellen Probe übereinstimmt. Dies ist der Fall bei Marker D19S433. (Hinweis der Datenbank STRbase: „nomenclature for supplied allelic ladders does not agree with repeat structure shown.“)

Die Chromosomenlokalisierung des jeweiligen Markers, die Genomregion, die seinen Standort angibt, und die von uns verwendeten PCR-Primer werden im Kapitel „Getestete Knochenproben und Methoden“ aufgeführt. Die Ergebnisse enthält Tabelle 12.



III/52_3									
Marker	PCR				NGS				Fp-Allel
	A1	Verhältnis	A2	Verhältnis	M1	Read-Nr.	M2	Read-Nr.	
D2S441-B1	n.v.a.	-	n.v.a.	-	10	A1=8376	10	A1=7682	10/10
D2S441-B2	10	11/11	10	11/11	10	A2=7682	10	A2=7682	
D2S1338-B1	n.v.a.	-	n.v.a.	1/12	18	A1=481	17	A1=1680	17/20
D2S1338-B2	20	4/4	25	2/4	20	A2=1171	20	A2=750	
D3S1358-B1	14	4/12	14	5/12	14	A1=19747	13	A1=5400	14/14
D3S1358-B2	14	3/3	14	3/3	14	A2=19747	14	A2=37062	
D7S820-B1	9	2/4	n.v.a.	0/4	8	A1=446	8	A1=790	8/9
D7S820-B2	8	6/6	9	2/6	n.a.	-	9	A2=195	
D19S433-B1	13	4/12	n.v.a.	0/12	12	A1=405	12	A1=800	12/13
D19S433-B2	13	3/3	13	3/3	13	A2=3480	13	A2=7845	
Béla III.									
Marker	A1	Verhältnis	A2	Verhältnis	M3	Read-Nr.	M4	Read-Nr.	Fp-Allel
D2S441-B1	11	7/10	11.3	7/10	11	A1 = 666	11	A1 = 1404	11/11.3
D2S441-B2	11	5/5	11.3	5/5	11.3	A2 = 288	11.3	A2 = 953	
D2S1338-B1	17	4/14	n.v.a.	-	17	A1 = 371	17	A1 = 128	17/19
D2S1338-B2	17	7/7	17	7/7	19	A2 = 211	n.a.	-	
D3S1358-B1	15	9/14	17	10/14	14	A1 = 4479	14	A1 = 724	14/15
D3S1358-B2	15	2/29	17	2/2	15	A2=9871	15	A2 = 5940	
D7S820-B1	10	4/4	11	4/4	n.a.	-	8	A1 = 2	8/-
D7S820-B2	10	5/6	11	6/6	n.a.	-	11	A2 = 1	
D19S433-B1	15	9/14	16.2	8/14	12	n.v.a.	13	A1 = 2083	13/13
D19S433-B2	15	2/2	16.2	2/2	13	A1 = 21	13	A2 = 2083	

**Tabelle 12.** Vergleich von A-STR-Markerdaten, deren Nachweis mit traditioneller PCR-Methode und DNA-Sequenzierung in DNA-Proben erfolgte, die aus den Knochen der Skelette von ungarischen Königen aus dem Arpadenhaus, Nr. II/52\_3 und Béla III., isoliert wurden. Die ausgewählten Knochenproben werden in den Tabellen 6 und 7 aufgeführt. Die PCR-Ergebnisse der Labore Göttingen und Budapest 1 wurden aufgrund der entsprechenden Berichte mit der Häufigkeit der Nachweisbarkeit zusammen, doch einzeln nach Labor aufgeführt. Die Kennzeichnungen B1 und B2 nach den Markernamen stehen für die Laborproben Budapest 1 und Budapest 2. Die zu den einzelnen Markern gehörenden Sequenzierungsangaben wurden nach Proben und zusammen mit der Abdeckung der Allele (mit der Anzahl der diese ausweisenden Abschnitte [reads]) dargestellt. Abkürzungen: A1: Allel 1, A2: Allel 2; Verhältnis: Der Zähler steht für die Anzahl der nachgewiesenen Fingerabdruck-Allele, der Nenner für die Gesamtanzahl der Versuche. Fp-Allel: Fingerabdruck-Allel; Read-Nr.: Anzahl der sequenzierten DNA-Stränge (Abdeckung).

Bei der Sequenzierung erhalten wir entweder Vorwärts-Sequenzen (D2S441, D3S1358) oder Rückwärts-Sequenzen (D2S1338, D7S820, D19S443), was aus den beigefügten Sequenzierungsabbildungen hervorgeht, doch nachstehende Tabelle (Tabelle 13) enthält immer die Vorwärts-Sequenz einer Wiederholungseinheit.

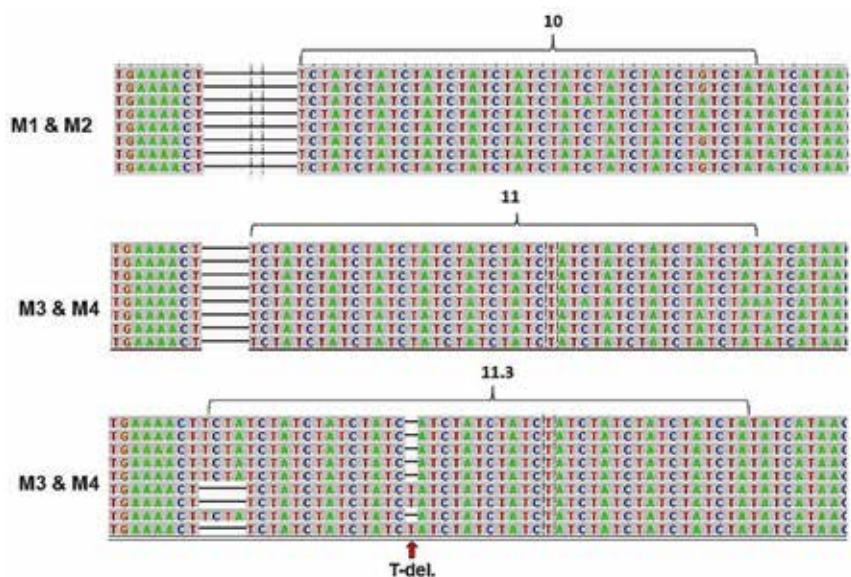
Marker	Skelett	Allel (bp)	Sequenz der Wiederholungseinheit [in Klammern] und am Rand befindliche (obere/untere) Sequenzteile
D2S441	II/52 M1	A1 = 10	5'-TCTATGAAAAC [TCTA] <sub>10</sub> TATCATAACACC-3'
		A2 = 10	5'-TCTATGAAAAC [TCTA] <sub>10</sub> TATCATAACACC-3'
	II/52 M2	A1 = 10	5'-TCTATGAAAAC [TCTA] <sub>10</sub> TATCATAACACC-3'
		A2 = 10	5'-TCTATGAAAAC [TCTA] <sub>10</sub> TATCATAACACC-3'
	Béla III. M3	A1 = 11	5'-TCTATGAAAAC [TCTA] <sub>11</sub> TATCATAACACC-3'
		A2 = 11.3	5'-TCTATGAAAATC [TCTA] <sub>12</sub> -T TATCATAACACC-3' (T del.)
Béla III. M4	A1 = 11	5'-TCTATGAAAAC [TCTA] <sub>11</sub> TATCATAACACC-3'	
	A2 = 11.3	5'-TCTATGAAAATC [TCTA] <sub>12</sub> -T TATCATAACACC-3' (T del.)	
D2S1338	II/52 M1	A1 = 18	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>7</sub> [TTCC] <sub>11</sub> GTCCTTCCTCCCTCCCTGCA-3'
		A2 = 20	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>7</sub> [TTCC] <sub>13</sub> GTCCTTCCTCCCTCCCTGCA-3'
	II/52 M2	A1 = 17	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>7</sub> [TTCC] <sub>10</sub> GTCCTTCCTCCCTCCCTGCA-3'
		A2 = 20	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>7</sub> [TTCC] <sub>13</sub> GTCCTTCCTCCCTCCCTGCA-3'
	Béla III. M3	A1 = 17	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>6</sub> [TTCC] <sub>11</sub> CTCCTGCAATCC-3'
		A2 = 19	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>7</sub> [TTCC] <sub>12</sub> CTCCTGCAATCC-3'
	Béla III. M4	A1 = 17	5'-CTTGGCCT [TGCC] <sub>6</sub> [TTCC] <sub>11</sub> CTCCTG. -3'
		A2 n.a.	n. a.
D3S1358	II/52 M1	A1 = 14	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>11</sub> TGAGACAGGGTC-3'
		A2 = 14	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>11</sub> TGAGACAGGGTC-3'
	II/52 M2	A1 = 14	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>11</sub> TGAGACAGGGTC-3'
		A2 = 13	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>10</sub> TGAGACAGGGTC-3'
	Béla III. M3	A1 = 14	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>11</sub> TGAGACAGGGTC-3'
		A2 = 15	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>12</sub> TGAGACAGGGTC-3'
	Béla III. M4	A1 = 14	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>11</sub> TGAGACAGGGTC-3'
		A2 = 15	5'-GGCTTGCATGTA [TCTA] <sub>1</sub> [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>12</sub> TGAGACAGGGTC-3'
D7S820	II/52 M1	A1 = 8	5'-GTCATAGTTTGAATGAAC TAACG [GATA] <sub>8</sub> GACAGATTGATAGTTT-3'
		A2 = 8	5'-GTCATAGTTTGAATGAAC TAACG [GATA] <sub>8</sub> GACAGATTGATAGTTT-3'
	II/52 M2	A1 = 8	5'-GTCATAGTTTGAATGAAC TAACG [GATA] <sub>8</sub> GACAGATTGATAGTTT-3'
		A2 = 9	5'-GTCATAGTTTGAATGAAC TAACG [GATA] <sub>9</sub> GACAGATTGATAGTTT-3'
	Béla III. M3	A1= n.a.	n. a.
		A2 = n.a.	n. a.
	Béla III. M4	A1 = 8	5'-GTCATAGTTTGAATGAAC TAACG [GATA] <sub>8</sub> GACAGATTGATAGTTT-3'
		A2 = n.v.a.	
D19S433	II/52 M1	A1 = 12	5'-AAGGAAAG [AAGG] <sub>1</sub> [TAGG] <sub>1</sub> [AAGG] <sub>10</sub> AGAGAGGAAGAAAGAGAGAA-3'
		A2 = 13	5'-AAGGAAAG [AAGG] <sub>1</sub> [TAGG] <sub>1</sub> [AAGG] <sub>11</sub> AGAGAGGAAGAAAGAGAGAA-3'
	II/52 M2	A1 = 12	5'-AAGGAAAG [AAGG] <sub>1</sub> [TAGG] <sub>1</sub> [AAGG] <sub>10</sub> AGAGAGGAAGAAAGAGAGAA-3'
		A2 = 13	5'-AAGGAAAG [AAGG] <sub>1</sub> [TAGG] <sub>1</sub> [AAGG] <sub>11</sub> AGAGAGGAAGAAAGAGAGAA-3'
	Béla III. M3	A1 = n.v.a.	n. v. a.
		A2 = n.v.a.	n. v. a.
	Béla III. M4	A1 = 13	5'-AAGGAAAG [AAGG] <sub>1</sub> [TAGG] <sub>1</sub> [AAGG] <sub>11</sub> AGAGAGGAAGAAAGAGAGAA-3'
		A2 = 13	5'-AAGGAAAG [AAGG] <sub>1</sub> [TAGG] <sub>1</sub> [AAGG] <sub>11</sub> AGAGAGGAAGAAAGAGA-GAA-3'

**Tabelle 13.** Die aus 4 Basen bestehenden Wiederholungseinheiten [in Klammern] und die Anzahl der nachgewiesenen Wiederholungen pro Allel. Bei den Markern D2S1334, D3S1358 und D19S443 wurde zwischen den Wiederholungseinheiten auch eine mutante tetramere Einheit integriert, die bei der Bestimmung der Allel-Länge mitzählt. Auch der Abschnitt der mit den Wiederholungseinheiten in Kontakt kommenden oberen (5') und unteren (3') genomischen DNA-Sequenz ist angegeben.

## 2. Auswertung der Sequenzierungsdaten

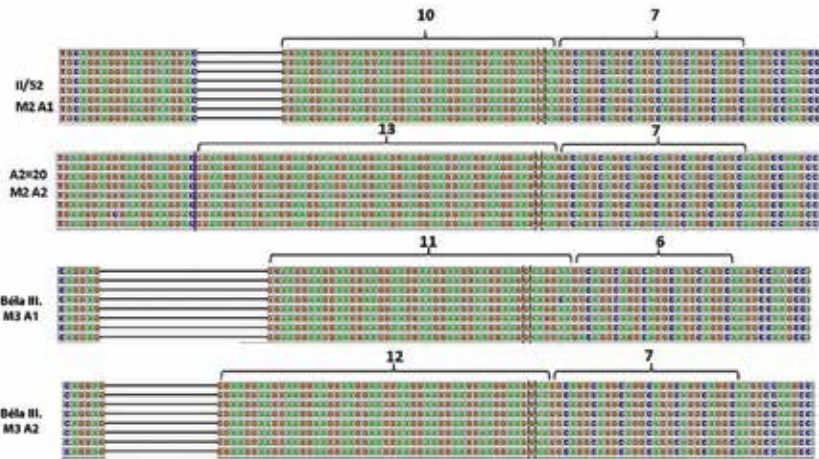
D2S441: Die Ergebnisse der mit PCR- und NGS-Methode getesteten Skelette Nr. II/52 und von Béla III. stimmen vollständig überein. In diesem Fall hat somit auch die NGS das PCR-Ergebnis bestätigt, wonach die Allele A1 und A2 der Skelette von Béla III. und Nr. II/52 voneinander abweichen. Wegen der kurzen Allel-Längen ist ein PCR-Fehler nicht sichtbar (Tabelle 13, Bild 35).

D2S1338: Die PCR-Markerdaten von Skelett Nr. II/52 und Béla III. weichen voneinander ab. Bei einer Sequenzierung der nächsten Generation in der aus demselben DNA-Isolat entnommenen Probe M1 des Skeletts Nr. II/52 (Skelett II/52) ist ein nicht so häufiges A1 (wahrscheinlich ein „Stotterfehler“) vorhanden, das länger als das um eine Einheit kürzere, jedoch häufigere A1-Allel in Probe M2 (Skelett II/52) ist.



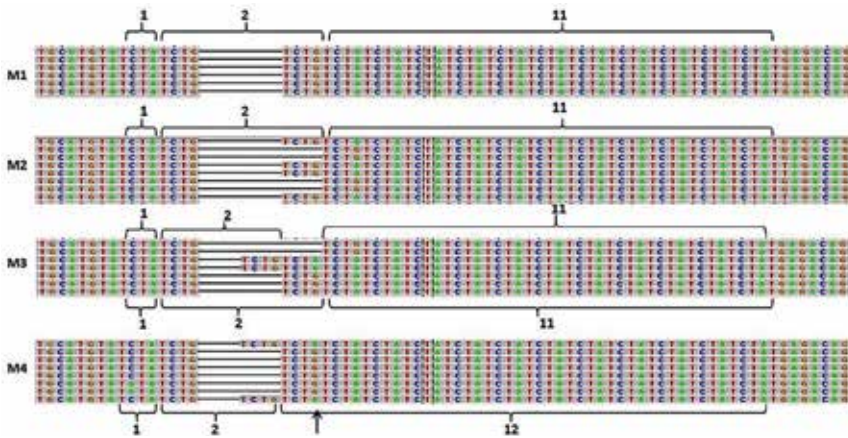
**Bild 35.** In Klammern stehen der Marker D2S441, die Vorwärts-Sequenz und die TCTA-Wiederholungseinheiten. Die vierte Wiederholungseinheit enthält eine T-Deletion, was zu einer TCA-verstümmelten Sequenz und einer Allel-Länge von 11.3 führte.

Davon abgesehen stimmen die A1-Allel-Daten des Skeletts II/52 und der Gebeine von Béla III. miteinander überein (Tabelle 13 und Bild 36).



**Bild 36.** Marker D2S1338, Rückwärtssequenz. Die GGAA-Wiederholungseinheiten (Motive) stehen in Klammern. Probe A1 M2 von Skelett Nr. II/52 stimmt mit Probe A1 M3 von Béla III. überein (Allel-Länge 17 bp).

D3S1358: Die Testergebnisse M1, M2 und M3 für Skelett II/52 und Béla III. stimmen vollständig überein. Die Allel-Länge beträgt 14 bp. In Muster M4 kommen auch 14 bp und 15 bp lange Allele vor. In den Mustern M3 und M4 befindet sich die Mutation G>A (Pfeil), weshalb Reads gleicher Länge, doch abweichender DNA-Sequenz anzutreffen sind. (Tabelle 13, Bild 37).

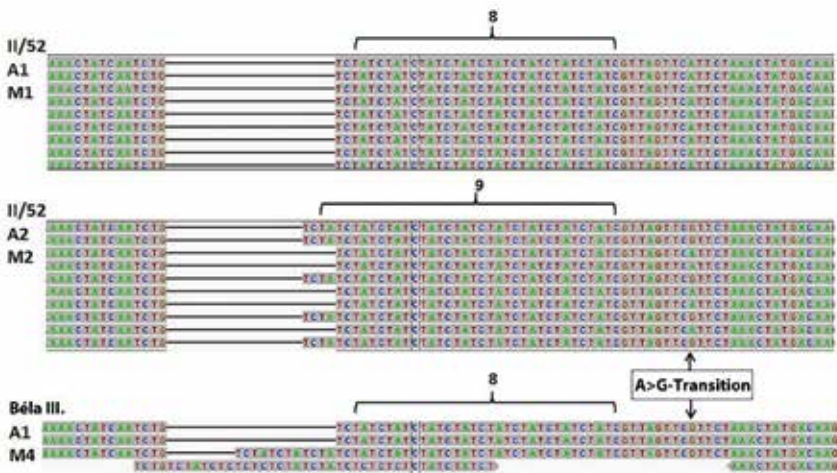


**Bild 37.** Der Marker D3S1358, die Vorwärtssequenz und die TCTA-Motive stehen in Klammern. Die Muster M2, M3 und M4 enthalten einen Stotterfehler, verursacht durch die Schleifenbildung auf diesem Matrizenstrang, der zur Verlängerung bzw. Verkürzung der Reads führte (Bild 27). An der Stelle mit dem Pfeil ist auf dem Rückwärtsstrang eine G>A-Sequenzvariation zu sehen, diese entspricht auf dem Vorwärtsstrang einer A>G-Transition, sie ist am 3'-Ende der Sequenz lokalisiert und entstand möglicherweise durch den Mikrosatellitenfehler der Taq-Polymerase und vervielfachte sich in der Folge. Es ist auch ein durch PCR-Fehler erheblich verstümmeltes Read zu sehen (nicht markiert).

D7S820: Dieser Marker war in den DNA-Proben (M1, M2) des Skeletts II/52 sowohl mit PCR als auch mit NGS leichter zu testen als in den DNA-Proben (M3, M4) von Béla III. Obwohl die Struktur des Skeletts von Béla III. einen besseren Erhaltungszustand aufweist, war die daraus gewonnene DNA, wie bereits mehrfach erwähnt, fragmentierter als die DNA-Probe des Skeletts Nr. II/52 mit schlechter erhaltener Knochenstruktur. Bei Skelett II/52 gelang es dem Labor Göttingen

nicht, das A2-Allel nachzuweisen, auch eine Sequenzierung brachte kein Ergebnis, die mit PCR und NGS nachgewiesenen A1-Allele stimmten jedoch miteinander überein. Die aus der Knochenprobe von Béla III. nachgewiesenen Markerallele weichen von den obigen PCR-Daten ab. Mittels Sequenzierung wurde kein auswertbares M3-Ergebnis erzielt. Auch das M4-Sequenzierungsergebnis der A1-Probe von Béla III. erbrachte nur sehr wenige auswertbare Reads, das auf diese Weise erhaltene A1-Allel und das A1-Allel von Skelett II/52 stimmten jedoch völlig miteinander überein. Neben der DNA-Fragmentierung konnten die dargestellten Nachweisprobleme auch andere Gründe haben, da sich an der mit dem Pfeil markierten Stelle auf dem Bild eine Sequenzvariation befindet (was auf dem Rückwärtsstrang einer A>G-Transition bzw. auf dem Vorwärtsstrang einer T>C-Transition entspricht), welche die Hybridisierung des PCR-Primers beeinflusste. Wir wissen, dass Polymorphismus bei DNA-Sequenzen innerhalb der wiederkehrenden Sequenzen und in ihrem Umfeld vorkommt. Verglichen mit ihren Anlagerungsorten treten die Primer im Umfeld des 5'-Endes oder des 3'-Endes der wiederkehrenden Sequenzen, entsprechend des Anlagerungsortes des Primers, auf. Entspricht der Basenwechsel auf der DNA-Matrize dem Anlagerungspunkt des Primers (was hier der Fall ist), kommt die Hybridisierung des Primers nicht oder nur bei niedriger Hybridisierungstemperatur zustande, sodass sich der Marker auf der Matrize nicht nachweisen lässt. Wahrscheinlich war es dieser Umstand, der den Nachweis des Markers D7S818 mittels PCR- und NGS-Technik und die Entstehung fehlerhafter PCR-Produkte erschwerte (Tabelle 11, Bild 38). Die Knochenproben von Skelett II/52 und Béla III. stimmen trotz der genannten technischen Schwierigkeiten hinsichtlich der Allel-Länge 8 bp überein.





**Bild 38.** Der Marker D7S818, die Rückwärtssequenz und die CTAT-Motive stehen in Klammern. An der Stelle mit dem Pfeil, am 3'-Ende des Rückwärtsstranges, ist in unmittelbarer Nähe zu den Wiederholungssequenzen eine A>G-Sequenzvariation lokalisiert, welche die Hybridisierung des Rückwärtsprimers immens behinderte und ein Ergebnis mit eingeschränktem Wert zur Folge hatte.

D19S433: Die Analyse des Markers wurde von dem Biologen und Bioinformatiker János Molnár vorgenommen, der sich zahlreichen Schwierigkeiten gegenüber sah. Herr Molnár fand duplizierte bzw. kürzere oder längere Reads, auch Sequenzvariationen kamen häufig vor. Daher behandelte er die Reads einzeln, die Basenabweichungen (Sequenzierungsfehler) jedoch nicht, und berücksichtigte nur vollständige Übereinstimmungen. Die Proben M1 und M2 von Skelett II/52 ließen sich leichter analysieren und es wurden 12/13 Genotypen identifiziert. Die berücksichtigten M1- und M2-Sequenzen sind:

13 Motive:

AAGGAAAG–AAGGTAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG  
AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG–AGAGAG

12 Motive:

AAGGAAAG–AAGGTAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG  
AAGG AAGG AAGG AAGG–AGAGAG

Die Auswertung der Sequenzierungsdaten von Béla III. erwies sich als wesentlich schwieriger, da Probe M3 13 und 15 bzw. Probe M4 11 und 13 Genotypen enthielt. Der prozentuale Anteil der kurzen und langen Wiederholungen war niedrig und sie konnten als PCR-Fehler gewertet werden. Der schließlich angenommene Genotyp ist 13/13.

Probe M3, 15 Motive (Abdeckung 21):

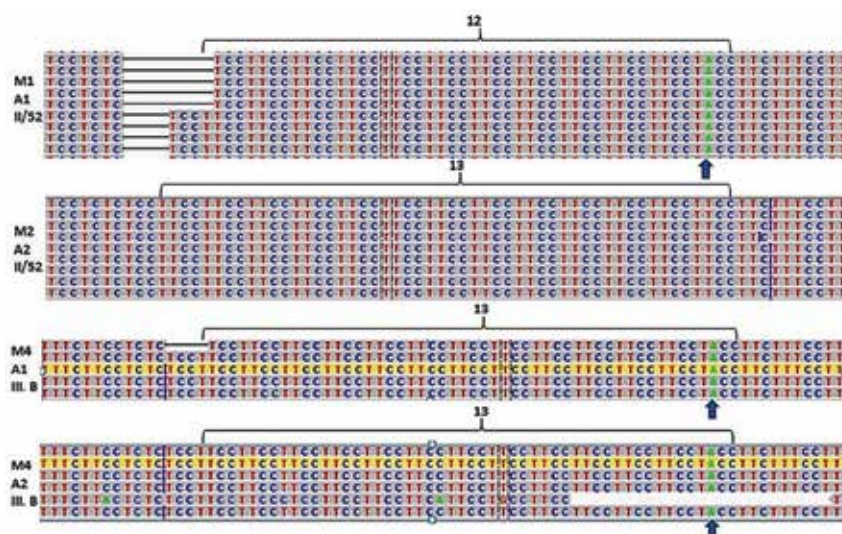
AAGGAAAG–AAGG TAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG  
AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG–AGAGAGGAAGAAA-  
GAGAGAAGATTTTTATTTCGGGTAATGGGTGC

Muster M4, 13 Motive (Abdeckung 2083):

AAGGAAAG–AAGG TAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG  
AAGG AAGG AAGG AAGG AAGG –AGAGAGGAAGAAAGAGAGAA-  
GATTTTTATTTCGGGTAATGGGTGC

Anhand obiger Darstellungen lässt sich sagen, dass die Anzahl der Muster der Wiederholungssequenz A2 bei Skelett Nr. II/52 und den Gebeinen von Béla III. übereinstimmen und jeweils 13 Motive umfassen.

Auch wir analysierten diesen Marker und fanden zahlreiche PCR-Fehler (Bild 39). Beide Skelette wiesen Stotterfehler auf, in der Probe M3 von Béla III. fanden sich keine auswertbaren Allele, die Probe M4 war auswertbar, neben verstümmelten Reads kam bei den Wiederholungen auch der eine oder andere Basenwechsel vor, von denen auf dem Bild nur der T>A-Basenwechsel (beim Pfeil) zu sehen ist. In lebenden Zellen unterlaufen dem Taq-Polymeraseenzym bei der Synthese der Mikrosatelliten-Sequenzen relativ häufig Fehler und es verfehlt die genaue Anzahl der Wiederholungen. Das dort vorhandene DNA-Reparatursystem (Fehlpaarungsreparatur) korrigiert dies umgehend. Die PCR-Testumgebung bietet kein DNA-Reparatursystem, weshalb die PCR-Fehler darin enthalten bleiben und bisweilen zu Auswertungsfehlern führen.



**Bild 39.** Der Marker D19S433, die Rückwärtssequenz und die TTCC-Motive stehen in Klammern. (Das Vorwärtsmotiv ist AAGG.) An der Stelle mit dem Pfeil ist auf dem Rückwärtsstrang eine T>A-Se-

*quenzvariation zu sehen, diese entspricht auf dem Vorwärtsstrang einer A>T-Transition, sie ist am 3'-Ende des DNA-Stranges lokalisiert und entstand möglicherweise durch den Mikrosatellitenfehler der Taq-Polymerase und vervielfachte sich in der Folge. Aufgrund eines PCR-Fehlers ist auch ein erheblich verstümmeltes Read zu sehen (nicht markiert).*

### **3. Mögliche Erklärungen für die Abweichungen zwischen den PCR- und den Sequenzierungsdaten**

Es stellt sich die Frage, was zu den in Tabelle 11 dargestellten Abweichungen des mit traditioneller PCR-basierter A-STR-Feststellung und Sequenzierung durchgeführten Markernachweises führte. Bei der Untersuchung alter, degradierte DNA enthaltender Knochenproben sind diverse Schwierigkeiten zu berücksichtigen.

1. Ein gebrochener (fragmentierter) DNA-Strang hybridisiert fehlerhaft mit einem anderen DNA-Strang, weshalb in der Folge auch der Primer-Matrizenkomplex während der Primer-Extension fehlerhaft hybridisiert. Dieses Phänomen wird „Stotterfehler“ genannt. In unserem Fall lässt sich dieses Phänomen mit NGS gut nachweisen, sobald wir sehen, dass zwei zu A-STR-Markern mit längeren Allelen gehörende parallele DNA-Bibliotheken, die aus derselben DNA-Matrize gestartet wurden, nach der PCR-Vervielfältigung abweichende Sequenzierungsdaten aufweisen. Mit Ausnahme des Markers D2S441 trat dieser Fehler mit Sicherheit bei allen anderen getesteten Markern auf.
2. Auf die Phänomene Allel-Ausfall (Dropout) und Null-Allel (silent allele) weist der Marker D7S820 im Test der Probe von Béla

III. hin. Wir wissen, dass Polymorphismus bei DNA-Sequenzen innerhalb der wiederkehrenden Sequenzen oder in ihrem Umfeld vorkommen kann. Beim Marker D7S820 ist unweit der Wiederholungssequenzen am  $-3'$ -Ende der Sequenzmotivreihe ein C>T-Basenwechsel zu sehen. Entspricht der Basenwechsel auf der DNA-Matrize dem Anlagerungspunkt des Primers (was hier der Fall ist), dann kommt die Hybridisierung des PCR-Primers nicht oder nur bei niedriger Hybridisierungstemperatur zustande, sodass sich der Marker auf der Matrize gar nicht oder nur schwer nachweisen lässt.

3. Bei den Untersuchungen der Allel-Längen kann neben einem echten A-STR-Allelpaar zufällig ein neues Allel auftauchen und ein Bewertungsproblem verursachen. Dieses Phänomen wird „Spitze (peak) außerhalb normaler Allel-Längen“ genannt. Die Spitzen (Peaks) können so lang wie die entsprechenden Konsens-Allelspitzen bzw. länger oder kürzer als diese sein. Dieses Phänomen kann theoretisch bei den Markern D2S1338 und D19S433 auftreten. Im Labor Göttingen zeigte sich bei 13 Versuchen am Marker D2S1338 von Skelett II/52 lediglich einmal eine Allel-Länge (25/-), die sich stark von dem im Labor Budapest 1 mit einem anderen Detektions-Kit erhaltenen Ergebnis und auch von dem Ergebnis der Sequenzierung unterscheidet, weshalb sie als Fingerabdruck inakzeptabel war. Die bei den Marker-Lokalisierungen auftauchende Spitze außerhalb normaler Allele ist ein reproduzierbares Artefakt der Proben, nicht des Erkennungsverfahrens.
4. Das Labor Göttingen erwähnt technische Probleme, welche die A-STR-Markertests erschweren und das Ergebnis beeinflussen:

(a) Die von Dr. N. P. aus den USA zurückgesandte Restprobe der aus dem Fußwurzelknochen von Béla III. isolierten DNA wurde möglicherweise kontaminiert. (b) Die Markerergebnisse aus der DNA, die aus dem Femur des Skeletts II/52 isoliert wurde, wichen in drei von sieben Fällen von den Ergebnissen ab, die aus der DNA beider Fußwurzelknochen gewonnen wurden. Daher könnte auch hier eine schwere Kontamination oder ein wie bereits zuvor erwähnter PCR-Amplifikationsfehler vorliegen. Die Möglichkeit, dass der Femur einer anderen Person gehört, wurde durch den in Unterabschnitt 6 des 7. Kapitels beschriebenen Vergleichstest und durch den Mitochondrial-DNA-Test des Labors Budapest 1 ausgeschlossen (siehe auch Tabelle 7). (c) Bei den Skeletten II/53 und II/54 besteht der Verdacht, das Allel 17.2 von Marker D19S433 könnte ein Artefakt sein.

**ZUSAMMENFASSUNG:** Die Marker D2S441 von Skelett II/52 und Béla III. weichen nicht nur im PCR-Test sondern auch in der Sequenzierung tatsächlich voneinander ab. Außerdem zeigte die DNA-Sequenzanalyse, dass jeweils ein Allel von vier mit traditioneller PCR als abweichend ausgewiesenen Markern in Wirklichkeit miteinander übereinstimmt. Dies bedeutet, dass von den 20 getesteten A-ST-Markern des einem Arpadenkönig gehörenden Skeletts Nr. II/52 und von König Béla III. 19 miteinander übereinstimmen, was auf eine enge verwandtschaftliche Beziehung schließen lässt.

In der menschlichen Bevölkerung können DNA-Marker vorkommen, die sich in einem oder mehreren Basenpaaren von den Referenz-STR-Allelvarianten unterscheiden. Allele, die Sequenz-

variationen (SNP) enthalten und sich nur äußerst geringfügig von unveränderten Allelen unterscheiden, werden Mikrovarianten-Allele genannt. Hinsichtlich ihrer Länge unterscheiden sich Mikrovarianten-Allele nicht von Konsens-Allelen. Das erste Allel (A1) des Markers D3S1358 weist sowohl bei Skelett II/52 als auch bei Béla III. folgende Sequenzen von Mikrovarianten auf: TCTA [TCTG]2 [TCTA]12, die von der Konsensvariation TCTA [TCTG]3 [TCTA]11 desselben Allels abweicht, die Allel-Längen stimmen jedoch überein. Zudem stellten wir in den Proben beider Skelette in Marker D7S820 am 5'-Ende vor den Wiederholungssequenzen eine C>T-Sequenzvariation (SNP) fest (entspricht auf dem Rückwärtsstrang dem SNP A>G). Die bei der Person von Skelett II/52 und Béla III. gleichermaßen anzutreffenden DNA-Sequenzvariationen sind nur dann auf diese Weise präsent, wenn eine verwandtschaftliche Beziehung zwischen ihnen besteht.

Die Suche nach einer möglichen Erklärung für die Abweichungen zwischen den PCR- und den Sequenzierungsdaten erbrachte mehrere mögliche Ursachen, z. B. ein gebrochener (fragmentierter) DNA-Strang, der fehlerhaft mit einem anderen DNA-Strang hybridisierte, das Auftreten des reproduzierbaren Artefakts der einzelnen Proben, aber auch die schwere Kontamination der zurückgesandten DNA-Probe oder der oben bereits erwähnte PCR-Amplifikationsfehler sind vorstellbar.

# 9. KAPITEL

SUSANNE HUMMEL, JUDIT OLASZ,  
VERENA SEIDENBERG, ZOLTÁN SZENTIRMAY,  
GÁBOR TUSNÁDY

## STATISTISCHE UND GENETISCHE UNTERSUCHUNGEN ZU IDENTIFIKATIONSZWECKEN

### 1. Statistische Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen anhand der A-STR-Marker der Gebeine von Béla III. und des Skeletts Nr. II/52\_3

Die Analyse wurde von Akademiker Dr. Gábor Tusnáy mithilfe der von ihm entwickelten negativen Log-Wahrscheinlichkeitsmethode durchgeführt (siehe auch Kapitel „Knochenproben und Methoden“).

*Die Ausgangserwägungen und -parameter sind:*

a) Das Skelett Nr. II/52\_3 gehört einem Mann, der im 12. Jahrhundert bestattet wurde. Bei der Untersuchung der Verwandtschaftsbeziehungen kamen nur Könige in Frage, die im 12. Jahrhundert in der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet wurden und deren



Gebeine von dort in die Matthiaskirche gelangten. Dies sind: Béla II. der Blinde (†1141), Géza II. (†1162), Ladislaus II. (†1163), Stephan IV. (†1165) und Béla III. (†1196).

b) Die autosomalen STR- (A-STR)-Markeruntersuchungen wurden im Labor von Dr. Susanne Hummel (Deutschland, Göttingen) sowie im Labor von Dr. Judit Olasz (Budapest, Labor 1) durchgeführt, die DNA-Sequenzierung erfolgte im Zentrum für Onkologische Pathologie des Landesinstituts für Onkologie (Labor 2).

c) Angesichts der Tatsache, dass wir in unseren eigenen Tests mit fragmentierten, aus archaischen Knochen isolierten DNA-Proben arbeiten mussten, ergänzte das Labor Göttingen bzw. das Labor Budapest die CODIS-13-A-STR-Marker auf insgesamt 20 bzw. insgesamt 18 A-STR-Markertests.

d) Bei allen Markern wurden die Vorkommenshäufigkeit und die Mutationsrate beider Allele angegeben.

e) Die statistische Analyse verwendet die aktuellsten validierten Werte der grundlegenden Messdaten.

f) Bei dem Test mit traditioneller PCR-Methode wurden in Hinsicht auf den Genotyp von Skelett II/52\_3 und der Gebeine von Béla III. bei 20 A-STR-Markern im Labor Göttingen vier und im Labor Budapest 1 fünf Markerabweichungen festgestellt. Die fünf Markerabweichungen wurden von uns im Labor Budapest 2 auch mit einer DNA-Sequenzanalyse der nächsten Generation getestet und wir konnten lediglich eine Abweichung nachweisen. Bei der statistischen Aufarbeitung wurden die Allel-Daten in allen drei Laboren jedoch nicht als Konsensdaten, sondern gesondert berücksichtigt.

g) Bei ihren Messungen berücksichtigte die statistische Analyse messbedingte Fehlerwahrscheinlichkeiten in unterschiedlichem

Ausmaß. Bei größeren Fehlerwahrscheinlichkeiten geht die statistische Untersuchung davon aus, das Skelett II/52\_3 dem Vater von Béla III., bei geringeren Fehlerwahrscheinlichkeiten seinem Großvater zuzuschreiben. Das Resultat der statistischen Untersuchung wird in Tabellen 14/A, /B, /C und /D dargestellt.

**Tabelle 14/A**

Verwandschaftliche negative Log-Wahrscheinlichkeit					
Fehlerwahrscheinlichkeit 0.12500					
VATER	GROSSVATER	ONKEL	KEIN VERWANDTER	DIFF.	A-STR
7.8165	8.2296	8.5249	8.9458	0.4131	D1S1656
8.2421	6.7098	6.3790	6.1309	-1.5323	D2S441
9.0463	8.8645	8.7846	8.7107	-0.1818	D2S1338
7.1077	6.1455	5.8762	5.6643	-0.9622	D3S1358
4.7313	4.9018	4.9993	5.1075	0.1705	D5S818
10.7437	10.1016	9.8889	9.7137	-0.6421	D7S820
4.8872	5.0714	5.1780	5.2974	0.1842	D8S1179
3.8043	3.9025	3.9555	4.0114	0.0982	D9S1120
2.3701	2.8852	3.2960	4.0056	0.5151	D10S1248
6.5607	6.8570	7.0462	7.2798	0.2962	D12S39
8.4157	8.8384	9.1436	9.5851	0.4227	D13S313
6.1300	6.4897	6.7336	7.0569	0.3597	D16S539
9.3674	9.9280	10.3994	11.3213	0.5606	D18S51
7.5888	7.1716	7.0141	6.8780	-0.4173	D19S433
8.5171	8.8779	9.1228	9.4479	0.3608	D21S11
4.7118	4.9335	5.0661	5.2189	0.2218	D22S1045
4.5013	4.7181	4.8472	4.9954	0.2168	CSF1PO
5.2315	5.6549	5.9609	6.4040	0.4234	FGA
4.1589	4.1589	4.1589	4.1589	0.0000	SE33
6.8308	7.1226	7.3082	7.5363	0.2918	TH01
3.4368	3.6483	3.7736	3.9168	0.2115	VWA
<b>134.2000</b>	135.2107	137.4572	141.3866	<b>1.0106</b>	GESAMT

**Tabelle 14/B**

Verwandschaftliche negative Log-Wahrscheinlichkeit					
Fehlerwahrscheinlichkeit 0.06250					
VATER	GROSSVATER	ONKEL	KEIN VERWANDTER	DIFF.	A-STR
7.5391	7.9880	8.3211	8.8241	0.4489	D1S1656
9.3893	6.3393	5.9498	5.6702	-3.0500	D2S441
10.2740	9.8306	9.6658	9.5244	-0.4435	D2S1338
8.2966	6.1072	5.7398	5.4717	-2.1894	D3S1358
5.3011	5.5358	5.6776	5.8429	0.2346	D5S818
11.7512	10.4430	10.1320	9.8951	-1.3082	D7S820
4.9987	5.2727	5.4443	5.6514	0.2740	D8S1179
4.0246	4.1575	4.2313	4.3109	0.1330	D9S1120
2.0962	2.6352	3.0770	3.8880	0.5390	D10S1248
6.6653	7.0412	7.3001	7.6504	0.3759	D12S39
8.1888	8.6557	9.0089	9.5597	0.4669	D13S313
5.7884	6.1723	6.4388	6.8033	0.3839	D16S539
9.4988	10.0754	10.5698	11.5898	0.5766	D18S51
8.8130	7.5453	7.2384	7.0038	-1.2677	D19S433
9.0230	9.4206	9.7005	10.0906	0.3976	D21S11
4.7665	5.0383	5.2081	5.4127	0.2718	D22S1045
4.9447	5.2514	5.4492	5.6961	0.3067	CSF1PO
4.9741	5.4299	5.7706	6.2913	0.4558	FGA
5.5452	5.5452	5.5452	5.5452	0.0000	SE33
6.4715	6.7922	7.0018	7.2673	0.3207	TH01
3.4433	3.7053	3.8675	4.0613	0.2620	VWA
141.7934	138.9822	141.3375	146.0502	-2.8112	GESAMT

**Tabelle 14/C**

<b>Verwandschaftliche negative Log-Wahrscheinlichkeit</b>					
<b>Fehlerwahrscheinlichkeit 0.03125</b>					
<b>VATER</b>	<b>GROSSVATER</b>	<b>ONKEL</b>	<b>KEIN VERWANDTER</b>	<b>DIFF.</b>	<b>A-STR</b>
7.3389	7.7955	8.1371	8.6601	0.4567	D1S1656
10.6591	6.1118	5.7098	5.4239	-4.5474	D2S441
11.5741	10.7522	10.5051	10.3072	-0.8219	D2S1338
9.5689	6.0037	5.6077	5.3248	-3.5653	D3S1358
5.6832	5.9522	6.1198	6.3212	0.2690	D5S818
12.9438	10.9328	10.5729	10.3089	-2.0110	D7S820
5.0455	5.3699	5.5827	5.8532	0.3244	D8S1179
4.1475	4.2993	4.3848	4.4783	0.1518	D9S1120
1.9651	2.5091	2.9576	3.7923	0.5440	D10S1248
6.7061	7.1190	7.4143	7.8351	0.4130	D12S39
8.0006	8.4771	8.8412	9.4197	0.4765	D13S313
5.5752	5.9644	6.2360	6.6101	0.3891	D16S539
9.8917	10.4732	10.9745	12.0271	0.5814	D18S51
10.0933	7.6026	7.2252	6.9518	-2.4907	D19S433
9.5974	10.0031	10.2911	10.6971	0.4057	D21S11
4.8525	5.1485	5.3374	5.5706	0.2959	D22S1045
5.2785	5.6332	5.8725	6.1878	0.3547	CSF1PO
4.8132	5.2759	5.6244	6.1637	0.4627	FGA
6.9315	6.9315	6.9315	6.9315	0.0000	SE33
6.2515	6.5787	6.7938	7.0682	0.3272	TH01
3.4509	3.7367	3.9175	4.1385	0.2858	VWA
150.3685	<b>142.6702</b>	145.0369	150.0710	<b>-7.6984</b>	<b>GESAMT</b>

**Tabelle 14/D**

Verwandschaftliche negative Log-Wahrscheinlichkeit					
Fehlerwahrscheinlichkeit 0.01563					
VATER	GROSSVATER	ONKEL	KEIN VERWANDTER	DIFF.	A-STR
7.2254	7.6839	8.0275	8.5552	0.4584	D1S1656
11.9891	5.9912	5.5865	5.2993	-5.9979	D2S441
12.9170	11.6080	11.2968	11.0599	-1.3090	D2S1338
10.8952	5.9301	5.5270	5.2405	-4.9651	D3S1358
5.9149	6.2014	6.3828	6.6046	0.2865	D5S818
14.2336	11.5181	11.1350	10.8586	-2.7154	D7S820
5.0679	5.4184	5.6539	5.9625	0.3504	D8S1179
4.2131	4.3746	4.4663	4.5673	0.1615	D9S1120
1.9011	2.4463	2.8963	3.7366	0.5451	D10S1248
6.7280	7.1590	7.4729	7.9330	0.4310	D12S39
7.8900	8.3687	8.7354	9.3206	0.4787	D13S313
5.4589	5.8492	6.1220	6.4984	0.3904	D16S539
10.4303	11.0137	11.5180	12.5847	0.5834	D18S51
11.4215	7.5739	7.1756	6.8915	-3.8476	D19S433
10.2264	10.6341	10.9239	11.3337	0.4076	D21S11
4.9232	5.2311	5.4298	5.6781	0.3078	D22S1045
5.5122	5.8911	6.1529	6.5086	0.3789	CSF1PO
4.7256	5.1900	5.5402	6.0840	0.4644	FGA
8.3178	8.3178	8.3178	8.3178	0.0000	SE33
6.1333	6.4620	6.6784	6.9550	0.3287	TH01
3.4567	3.7541	3.9443	4.1793	0.2974	VWA
159.5813	146.6166	148.9835	154.1690	-12.9647	GESAMT

**Tabellen 14/A/B/C/D.** Verwandtschaftsbeziehung zwischen Skelett II/52 und Béla III. bei einer messbedingten Fehlerwahrscheinlichkeit von 0,1250, 0,06250, 0,03125 und 0,01563 (12,5 %, 6,25 %, 3,125% und 1,563 %). In der Tabelle erscheinen die Daten aufgrund der negativen logarithmischen Wahrscheinlichkeit, das heißt, die Wahrscheinlichkeit einer Beziehung ist umso größer, je kleiner der diesbezügliche Wahrscheinlichkeitswert ist. Der Zahlenwert in der Datenreihe „Differenz“ (DIFF) zeigt die Wahrscheinlichkeitsdifferenzen zwischen Großvater und Vater an, der positive Wert legt den Vater, der negative Wert den Großvater nahe. Je größer der Wert der negativen Wahrscheinlichkeitsdifferenz ist, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit des Resultats.

Die (messbedingte) Fehlerwahrscheinlichkeit zum Allel-Nachweis in Bezug auf Skelett II/52\_3 wurde von uns schrittweise von 12,5 % auf 1,563 % gesenkt. Der Ausgangswert ist die Fehlerwahrscheinlichkeit 0,1250, die akkumulierte Wahrscheinlichkeitsdifferenz beträgt hier 1,0106. Dieser Wert deutet noch auf die zwischen Skelett II/52 und den Gebeinen von Béla III. bestehende Vater-Sohn-Beziehung hin. Wir prüften die Veränderung der Wahrscheinlichkeitswerte vor dem Hintergrund des kontinuierlichen Rückgangs der Wahrscheinlichkeit. Bei einer Messabweichung von 0,06250 betrug die akkumulierte Wahrscheinlichkeitsdifferenz bereits -2,8112 Fehlerwahrscheinlichkeit, was auf die Beziehung Großvater-Enkel zwischen Skelett II/52 und Béla III. hindeutet. Die immer größere Wahrscheinlichkeit der Beziehung Großvater-Enkel zwischen Skelett II/52 und Béla III. liegt bei einer messbedingten Fehlerwahrscheinlichkeit von 0,03125 und 0,01563, die akkumulierten negativen Log-Wahr-

scheinlichkeitswerte liegen regelmäßig bei -7,6984 und -12,9647. Die statistische Untersuchung legt deutlich den Eindruck nahe, dass das Skelett II/52 die Gebeine von Béla II. sind.

## **2. Aufgrund von Konsens-A-STR- und NGS-Daten bestimmter väterlicher A-STR-Genotyp aus dem Arpadenhaus**

Aufgrund der Angaben in Tabellen 8/1–2 und 9/1–2 und der Sequenzierungsdaten von fünf Markern (Tabelle 12) konnte ein gemeinsamer väterlicher A-STR-Marker-Genotyp aus dem Arpadenhaus bestimmt werden. Tabelle 15 zeigt den gemeinsamen Y-STR-Genotyp. Dieser Umstand ist auch deshalb bedeutsam, weil er – zusammen mit weiteren ergänzenden Daten – reelle Schlüsse auf die zwischen den Skeletten bestehenden Verwandtschaftsbeziehungen zulässt (Y-STR, archäologische, geschichtswissenschaftliche, anthropologische Erwägungen, Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode).

Skelett Marker	Béla III. PCR		Béla III. NGS		II/52 PCR		II/52 NGS		II/53		II/54		II/55		I/3 G5		I/4 H6		Arpadenhaus väterlicher Genotyp
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	
Allele																			
D1S1656	13	17.3			13	17.3			15	n.a.	15	17	15.3	16	13	17.3	11	17.3	17.3
D2S441*	11	11.3	11	11.3	10	10	10	10	12	14	10	11	11	11	11	11	10	11	11
D2S1338*	17	17	17	19	18	18	17	20	20	21	20	21	17	24	24	25	18	18	17
D3S1358*	15	17	14	15	14	14	14	14	14	n.v.a.	16	17	14	16	14	17	15	19	14
D5S818	10	12			10	12			12	n.a.	9	11	11	12	11	12	10	12	12
D7S820*	10	11	8	11	8	9	8	9	10	12	11	12	9	10	8	12	11	12	8
D8S1179	13	14			12	14			14	n.a.	11	14	13	13	13	13	12	12	14
D9S1120	15	16			15	16			16	16	15	16	15	16	16	16	16	16	16
D10S1248	13	13			13	13			13	13	13	15	13	14	14	15	13	13	13
D12S391	18	19			18	18			18	25	19	23	17	22	15	21	18	18	18
D13S317	9	13			8	13			12	12	11	13	11	13	8	13	8	13	13
D16S639	11	12			10	11			12	13	11	12	12	12	13	11	12	14	11
D18S51	13	16			13	17			14	15	14	17	12	16	19	23	14	14	13
D19S433*	15	16.2	13	13	13	13	12	13	13	14	13	14	13	14	13	14	14	16	13
D21S11	31	32.2			30	32.2			26	28	29	29	30	31	25	31.2	30	32.2	32.2
D22S1045	15	16			15	17			14	15	14	15	12	15	15	16	15	16	15
CSF1PO	11	12			9	11			10	10	12	12	11	13	11	12	14	14	11
FGA	21	21			21	25			20	22	21	23	22	23	19	20	19	25	21
SE33	20	27.7			n.a.	n.a.			n.a.	n.a.	18	28.2	26.2	34.2	18	19.2	22.2	28.2	k. a. A.
TH01	7	9			9	9.3			8	10	6	9.3	6	9.3	7	9	6	7	9
vWA	17	17			16	17			18	19	14	16	16	16	14	19	17	18	17



**Tabelle 15.** Bestimmung der väterlichen Konsens-Genotypen der Könige aus dem Arpadenhaus mittels PCR-A-STR-Sequenzierungen und Sequenzierungen der nächsten Generation (NGS) an den Knochenproben von Béla III. und Skelett Nr. II/52\_3. Die A-STR-Tests wurden im Labor Göttingen und in einem Budapester Labor (Labor 1) parallel durchgeführt, die NGS-Daten stammen aus dem anderen Budapester Labor (Labor 2). Die Tabelle zeigt die Allel-Längen der einzelnen Konsens-Marker. Die Marker, bei denen die mittels PCR bestimmten Allel-Längendaten von Skelett II/52\_3 und Béla III. voneinander abweichen, sind mit einem Sternchen (\*) markiert. Identische Allel-Längen sind, ungeachtet der Methode ihrer Erhebung, fett gedruckt hervorgehoben. Der aus 20 A-STR-Markern bestehende väterliche Genotyp des Arpadenhauses ist mit fett gedruckten roten Zahlen hervorgehoben. Den väterlichen Ursprung eines Allels betrachteten wir als gegeben, sofern es gleichzeitig in beiden Proben von zwei Arpadenkönigen auftauchte. Wegen der Streuung der Daten der SE33-Marker-Allel-Länge nehmen wir derart schwerwiegende PCR-Fehler an, dass wir diesen Marker bei der Bestimmung des Arpadenhaus-Genotyps nicht berücksichtigen. n.a.: keine Angaben, n.v.a.: keine auswertbaren Angaben.

### 3. Gentest der Y-STR- und mtDNA-Marker

#### *Y-STR-Markerdaten:*

Y-STR	Béla III.	II/52	II/53	II/54	II/55	I/3 G5	I/4 H6
DYS19	16	16	<b>16</b>	<b>16</b>	<b>14</b>	15	<b>14</b>
DYS385	11-13	11-13	11-15	<b>11-14</b>	<b>11-14</b>	12-17	11-16
DYS389 I	13	13	<b>13</b>	<b>13</b>	<b>13</b>	14	<b>13</b>
DYS389 II	33	33	<b>30</b>	<b>30</b>	29	<b>30</b>	29
DYS390	25	25	<b>25</b>	<b>25</b>	<b>25</b>	23	24
DYS391	11	11	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>10</b>
DYS392	11	11	<b>11</b>	<b>11</b>	14	<b>13</b>	<b>13</b>
DYS393	13	13	<b>13</b>	<b>13</b>	<b>13</b>	12	<b>13</b>
DYS437	14	14	<b>14</b>	<b>14</b>	16	<b>14</b>	15
DYS438	11	11	<b>11</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	10	<b>12</b>
DYS439	10	10	<b>10</b>	<b>10</b>	13	<b>11</b>	<b>11</b>
DYS448	20	n.a.	<b>20</b>	<b>20</b>	19	21	29
DYS456	16	16	<b>15</b>	17	<b>15</b>	<b>15</b>	<b>16</b>
DYS458	15	15	<b>15</b>	<b>15</b>	18	19.2	17
DYS635	23	23	22	<b>23</b>	<b>23</b>	21	<b>23</b>
GATA H4	13	13	11	12	11	11	11
Markerü- bereins- timmung	16/16		10/16	11/16	4/16	1/16	4/16

**Table 16.** 16 Haplotypen von Konsens-Y-STR-Markern aufgrund der Daten aus den Laboren Göttingen und Budapest 1. Die Y-STR-Marker von Béla III. und dem Skelett II/52 stimmen völlig miteinander überein. In Bezug auf die anderen Skelette sind die miteinander übereinstimmenden Allele fett gedruckt, rot markiert sind die, die auch mit den Markern von Béla III. übereinstimmen.

## *Y-STR-Haplotypen und genealogische Zusammenhänge*

Die Bestimmung der genetischen (verwandtschaftlichen) Distanz zwischen zwei Individuen basiert auf einem Y-STR-Marker-Set und die Angabe der genetischen Distanz (Allel-Distanz) sowie die Feststellung der Wahrscheinlichkeit der Verwandtschaftsbeziehung wird durch die mathematische Formel „Berechnung der Zeit bis zum letzten gemeinsamen Vorfahren“ (TMRCA) ermöglicht:

([http://www.nevgen.org/NevGen\\_TMRCA\\_Calculator.html](http://www.nevgen.org/NevGen_TMRCA_Calculator.html);  
<https://genealogy.stackexchange.com/questions/9186/genetic-distance-to-generations-calculation-for-y-str-dna-tests>)

Die anthropologisch identifizierten männlichen Skelette weisen alle den Haplotyp X/Y, die anthropologisch identifizierten weiblichen Skelette den Haplotyp X/X auf. Der vermeintliche Fötus stellte sich als kleines Mädchen heraus. Die Y-STR-Marker weisen aufgrund der Allel-Übereinstimmungen (Haplotypen) lediglich mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit auf die Verwandtschaftsbeziehungen hin. Bei den Gebeinen von Béla III. und Skelett Nr. II/52\_3 stimmten insgesamt 16 Y-STR-Marker vollständig überein (Tabelle 16), eine solche Markeranzahl weist auf eine enge verwandtschaftliche Beziehung hin. Alle anderen Skelette weisen eine Abweichung von mindestens vier Y-STR-Markern von den Gebeinen Bélas III. und Skelett II/52 sowie voneinander auf, das heißt, abweichende Haplotypen kommen vor und eine Verwandtschaftsbeziehung zu Béla III. ist nicht wahrscheinlich (Tabelle 17, Bild 40).

Im Fall der STR-Marker des Y-Chromosoms kommen in der direkten Vater-Sohn-Konstellation auch hier die zahlenmäßigen Veränderungen der Wiederholungssequenzen, anders gesagt, Punkt-

## Wahrscheinlichkeit von Verwandtschaftsbeziehungen

Anzahl der Y-STR Markern: 16	Übereinstimmung von Y-STR						
	16/16	15/16	14/16	13/16	12/16	11/16	10/16
	Enge Verwandte	Verwandte	Wahrscheinlich Verwandte	Wahrscheinlich nicht Verwandte	Nicht Verwandte		

**Bild 40.** Mithilfe der mathematischen TMRCA-Formel bestimmte Wahrscheinlichkeit der Verwandtschaftsbeziehung aufgrund von Y-STR-Markerübereinstimmungen.

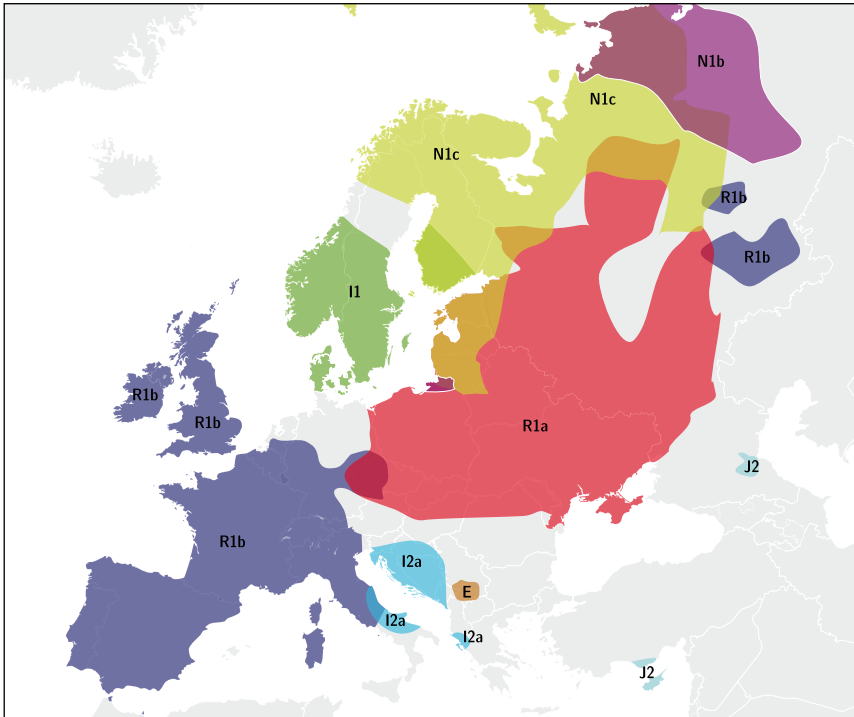
mutationen vor, die in folgenden Fällen zu erwarten sind: (a) bei längeren Wiederholungssequenzen, (b) bei der Wiederholung bestimmter Basenreihenfolgen, (c) bei einzelnen Chromosomenlokalisierungen, (d) im Fall einer stärkeren Mutationsneigung des Markers (Kayser et al.). Bei Vater-Sohn-Beziehungen wurde die Tetranukleotid-Allel-Längenveränderung von 11 Y-chromosomalen Mikrosatelliten festgestellt (Kayser et al. 2000).

Die Y-STR-Daten ermöglichen auch eine Ursprungsbestimmung aufgrund der väterlichen Haplogruppe (die Gesamtheit der Marker) (Walsh 2011), diese Daten sind über die internationale Datenbank YHRD (<https://yhrd.org>) und über das Vorhersageprogramm NEVGEN (<http://www.nevgen.org> Version von 2016) abrufbar. In der mehr als 100.000 Einträge umfassenden YHRD-Datenbank kam lediglich das Y-STR-Muster des Skeletts Nr. II/52 vor. Der Wert der Haplogruppen-Vorhersage wird von drei Parametern angezeigt: Fitnesswert, relativer Fitnesswert und Wahrscheinlichkeit der Vorhersage. Je niedriger Fitnesswert und relativer Fitnesswert sind, umso unzuverlässiger ist die Haplogruppen-Vorhersage, aus dem Grund, dass die derzeitige Version des Vorhersageprogramms die Proben nicht angemessen bedienen kann. Ausführliche Angaben enthält Tabelle 17.

Skelette	YHRD-Datenbankrecherche	Haplogruppen-Vorhersage	Fitnesswert	Relativer Fitnesswert	Wahrscheinlichkeit %
<b>II/52 und Béla III.</b>	Nicht identisch mit Haplotyp 145816	R1a*	34.49	0.73	99.98
<b>II/53</b>	Nicht identisch mit Haplotyp 145816	R1a	48.29	1.02	100
<b>II/54</b>	32 Übereinstimmungen mit Haplotyp 145816 gefunden	R1a	63.67	1.35	100
<b>II/55</b>	Nicht identisch mit Haplotyp 145816	R1b	38.98	0.84	99.99
<b>I/3 G5</b>	Nicht identisch mit Haplotyp 145816	J1a*	29.04	0.65	30.71
<b>1/4 H6</b>	Nicht identisch mit Haplotyp 145816	R1b*	28.45	0.62	99.72

**Table 17.** Die mittels Recherche in der internationalen Datenbank YHRD vorgenommene Haplogruppen-Vorhersage der in der Mattiaskirche aufbewahrten männlichen Skelette. Die Y-STR-Daten von Béla III. und Skelett II/54 sind völlig identisch. Die Haplogruppen-Vorhersage ist im Fall der mit Sternchen markierten Genotypen aufgrund der niedrigeren Fitnesswerte und relativen Fitnesswerte weniger zuverlässig.

Bild 41 zeigt die globale Verteilung der humanen Y-Haplogruppen. Es ist ersichtlich, dass sich die finnougri-schen Haplogruppen N1c und N1b eindeutig von der Haplogruppe R1 der Arpaden unterscheiden, sodass zwischen ihnen keine direkte genetische Verwandtschaft besteht.



**Bild 41.** Die globale Verteilung der humanen Y-STR-DNA-Haplogruppe. Das Bild zeigt die typischen finnougri-schen Haplogruppen (N1c, N1b) und die des Arpadenhauses (R1a) klar voneinander ab-gesondert. (Erstellt von János Jeney nach MMG 233 2014 Genetics & Genomics Wiki.)

#### 4. Gentest der mitochondrialen DNA

Der Test der Kontrollregion (hypervariable Region) der mito-chondrialen DNA erfolgte im Labor Budapest 1 an mtDNA, die aus Knochenproben von Skelett II/52, Béla III., Anna von Antochia und dem Fötus isoliert wurde. Dabei wurden die in den variablen HVR1- und HVR2-Regionen der mitochondrialen (mütterlichen) Gene von

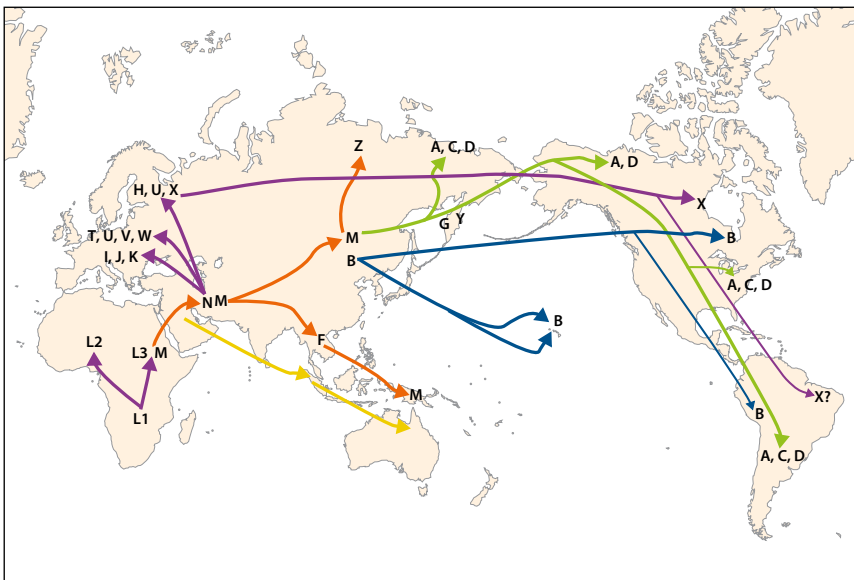
Béla III., Anna von Antiochia und Skelett II/52 gefundenen SNPs verglichen und auch eine Haplogruppen-Vorhersage erstellt (Olasz et al. 2018, Tabelle 5). Die Sequenzvariationen stehen in Tabelle 18.

Béla III.	Anna von Antiochia	Skelett II/52_3
<b>HRV1 SNV</b>	<b>HRV1 SNV</b>	<b>HRV1 SNV</b>
16138C	16240G	16126C
16189C	16519C	16192T
16353C		16294T
		16519C
<b>HRV2 SNV</b>	<b>HRV2 SNV</b>	<b>HRV2 SNV</b>
263G	263G	263G
315.1C	315.1C	315.1C
		73G
		517G
<b>Haplogruppen-Vorhersage</b>	<b>Haplogruppen-Vorhersage</b>	<b>Haplogruppen-Vorhersage</b>
Haplogruppe: <b>H1b</b> (100 %)	Haplogruppe: <b>H1j &amp; H1bz</b> (100 %)	Haplogruppe: T (81,07 %)
<b>EMPOP: H1b</b>	<b>EMPOP: H</b>	<b>EMPOP:T2b2b1</b>

**Tabelle 18.** Abgleich der in den hypervariablen Regionen HRV1 und HRV2 (HRV1/2) der zu Béla III., Anna von Antiochia und Skelett Nr. II/52 gehörenden mitochondrialen Gene gefundenen Sequenzvariationen (SNV) (Olasz et al. 2018, Tabelle 5). HRV: hypervariable Region; SNV: Einzelnukleotidvariation.

Die mtDNA des Skeletts Nr. II/52\_3 gleicht weder der von Béla III. noch der von Anna von Antiochia, was bedeutet, dass die Person dieses Skeletts kein Sohn oder Bruder König Bélas sein konnte. Die mithilfe der Vorhersageprogramme EMPOP (<http://empop.online>) und HAPLOGREP (<https://haplogrep.uibk.ac.at>) geschätzten mitochondrialen Haplogruppen sind: Béla → H1b, Anna von Antiochia → H (H1j8 oder H1bz), II/52 → T2b (T2b2b1).

Die mitochondriale Haplogruppe L1 trat zuerst, vor 120.000 bis 150.000 Jahren, in Afrika auf und verbreitete sich vor 55.000 bis 75.000 Jahren auch außerhalb Afrikas, wobei es zur Entstehung weiterer Haplogruppen kam. Die Haplogruppe L1 kam in Asien vor 40.000 bis 70.000 Jahren und in Europa vor 35.000 bis 50.000 Jahren vor. Damals erschienen auch bereits die Haplogruppen H und T (Bild 42). Die mitochondriale Haplogruppe H kommt in Europa zu 46 % vor (Richards et al. 2000) und die Haplogruppe H1b überall dort, wo auch die Haplogruppe H auftritt, am häufigsten (zu 5 %) jedoch in Mittel- und Osteuropa (Loogväli et al. 2004). Die Haplogruppe T2b kommt ebenfalls häufig vor, in erster Linie, zu etwa 4,16 %, in Nordwesteuropa (Pala et al. 2012). Die weltweite Ausbreitung und Vielfalt der mitochondrialen Haplogruppen zeigt Bild 42.



**Bild 42.** Migrationskarte der mitochondrialen DNA-Haplogruppen.  
(Quelle: Mathilda's Anthropology Blog; Bearbeitung: János Jeney.)



**ZUSAMMENFASSUNG:** Unter Berücksichtigung aller verfügbaren deutschen und ungarischen A-STR-Markerdaten, die nicht in Konsensform zusammengelegt, sondern gesondert berücksichtigt wurden, wobei auch die nach der Sequenzierung für falsch befundenen PCR-Daten belassen wurden, legen alle statistischen Marker-Analysen dennoch die Wahrscheinlichkeit nahe, dass Skelett Nr. II/52\_3 dem Großvater von Béla III., Béla II. (dem Blinden), gehört.

Aufgrund von Daten, die an 15 mit PCR und 5 mit DNA-Sequenzierungen der nächsten Generation untersuchten A-STR-Markern gewonnen wurden, gelang die Identifikation eines gemeinsamen männlichen, zum Arpadenhaus gehörenden Marker-Genotyps (Tabelle 15). Dieser Umstand ist auch deshalb von Bedeutung, weil er reale Schlüsse auf die Verwandtschaftsbeziehungen der Skelette untereinander zulässt.

Sämtliche Allele der 16 getesteten väterlichen Y-STR-Marker stimmten bei Béla III. und dem Skelett Nr. II/52 vollständig überein. Alle anderen männlichen Skelette weisen einen Haplotyp auf, der in mehr als drei Markern von Béla III., Skelett II/52 und den anderen Skeletten abweicht, ein Umstand, der die Verwandtschaft mit Béla III. nicht belegt. Hier ist anzumerken, dass bei den finnougri-schen Völkern die Haplogruppen N1c und R1a gleichermaßen anzutreffen sind. Lediglich in der ungarischen und der mordwinischen Bevölkerung liegt die Häufigkeit von R1a bedeutend über der N1c-Häufigkeit. Am höchsten ist die N1c-Rate in Völkern, die geografisch relativ abgeschlossen leben, so etwa die Finnen, die Hantis, die Lappen und die nördlichen Komis, also Völker, von denen wir erwarten, dass sie

den ursprünglichen finnougri-schen Genbestand besser bewahrt haben. Von diesen unterscheidet sich die Haplogruppe R1a des Arpadenhauses klar, was keine enge genetische Verwandtschaft nahelegt. Mithilfe der Gesamtheit der väterlichen Y-STR-Marker (Haplogruppe) wurde eine genealogische und geografische Bestimmung durchgeführt. Bei Béla III. und Skelett Nr. II/52\_3 ist die Haplogruppe R1a identisch, daher gehören beide Skelette zur Arpadendynastie und stammen aus dem Nahen Osten oder aus angrenzenden Regionen Westasiens. Der PCR-Test des Y-Chromosoms der anderen Skelette ergab eindeutig, dass keiner seiner Träger dem Arpadenhaus angehörte.

Die mitochondrialen (mütterlichen) DNA-Tests widersprechen der These, Skelett Nr. II/52\_3 gehöre Géza II. oder seinen Geschwistern, schließen jedoch nicht aus, dass es Béla II. (dem Blinden) gehört.



# 10. KAPITEL

ERZSÉBET CSERNÁK, JUDIT OLASZ,  
ZOLTÁN SZENTIRMAY  
(MITWIRKUNG: BALÁZS HOLCZMANN)

---

## INDIVIDUELLE IDENTIFIZIERUNG DER SKELETTE

### 1. Ursprung der Gebeine von Béla III. und der Skelette Nr. II/53, II/54, II/55, I/3 G5 und I/4 H6

Alle fünf Skelette waren im Innenbereich der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet und gelangten deshalb in den Sarkophag der Matthiaskirche in Budapest, weil man früher annahm, sie gehörten Verwandten von Arpadenkönigen (Reges Hungariae). Diese Annahme wurde von den Daten in Tabelle 19 nicht bestätigt.

Skelett	A-STR	Y-STR	Haplotyp-Metapopulation	
	Übereinstimmung	Übereinstimmung	PCR	
<b>Béla II. und II/52_3</b>	PCR: 17/22 NGS: 21/22	16/16	R1a	Naher Osten, benachbarte Regionen Westasiens
<b>II/53</b>	9/20	10/16	R1a	Kommt in Afrika und auf dem Südbalkan (insbesondere in Griechenland) vor, byzanti- nischer Ursprung
<b>II/54</b>	11/20	11/16	R1a	Verbreitung: Nordrussland, Ukraine, Weißrussland, Nordpolen
<b>II/55</b>	13/20	4/16	R1b	Frankreich, Norditalien, Nor- dengland, Baltikum
<b>I/3 G5</b>	14/20	1/16	J1a	Häufig auf der Arabischen Halbinsel und an der West- küste des Kaspischen Meeres
<b>I/4 H6</b>	13/20	4/16	R1b	Häufigste Verbreitung: Frank- reich und Norditalien

**Tabelle 19.** Vergleich der genetischen Markerdaten der männlichen Skelette.

Da es bei Skelett II/53 keinerlei Grabfunde gab, kann die archäologische Untersuchung seine Herkunft aus der Arpadenzeit weder beweisen noch widerlegen. Die Tatsache, dass es im Kircheninneren im Südschiff bestattet war, bedeutet nicht, dass es sich um eine Person königlichen Rangs handelt, da zu dieser Zeit nicht mehr nur Könige im Kircheninneren – zumeist in Erdgräbern – bestattet wurden. Das anthropologische Alter des Skeletts beträgt 21 bis 27 Jahre, die Sterbezeit wird archäologisch auf das 14.-15. Jahrhundert geschätzt. Laut A-STR-Daten handelt es sich um keinen Verwandten aus dem Arpadenhaus. Der Gentest besagt, dass Skelett II/53 zur Haplogruppe R1a gehört. Dieser Haplotyp kommt in Afrika und auf dem Südbalkan (insbesondere in Griechenland) vor, was die Möglichkeit na-

helegt, dass eine hochrangige Person byzantinischen Ursprungs in der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet wurde, deren Gebeine nun in der Krypta der Unterkirche in der Matthiaskirche ruhen.

Mit der PCR-Methode kann Skelett Nr. **II/54** der Haplogruppe R1a zugerechnet werden. Diese Haplogruppe kommt in Nordrussland, in der Ukraine, in Weißrussland und in Nordpolen vor und stammt aus östlichen Regionen, die näher liegen als das Abstammungsgebiet der Ungarn, zudem ist sie bei der Arpadendynastie nicht anzutreffen. Die Volksgruppe der Person von II/54 bevölkerte Nordpolen. Daher rückt eine entfernte Verbindung zwischen der frühen ungarischen und der polnischen Bevölkerung in den Bereich des Möglichen. Die Tests weisen weder eine enge genetische Verwandtschaft mit R1a noch mit N1b, der häufigsten finnougri-schen Haplogruppe, nach.

Skelett **II/55** gehört laut PCR-Test in die Haplogruppe R1b. Diese Haplogruppe kommt in Frankreich, Norditalien, Nordengland und im Baltikum vor und ähnelt daher der eurasischen, europäischen, westeuropäischen Metapopulation. Auch dieses Skelett wurde im Inneren der Königsbasilika von Székesfehérvár im Südschiff entdeckt, sein anthropologisches Alter beträgt 36 bis 42 Jahre, die Körpergröße lag bei 173 bis 174 cm, die Bestattungszeit wird archäologisch auf das 15. Jahrhundert geschätzt. Dieser Zeitpunkt wird auch von der Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode bestätigt. Aufgrund der Haplogruppe gehört Skelett II/55 einer Person aus Westeuropa, die mit unbekanntem Auftrag nach Ungarn kam und eventuell vom römischen Papst gesandt wurde.

1874 öffnete Imre Henszlmann im nördlichen Seitenschiff vier mit Stein ausgekleidete Gräber, die aufgrund des Baustils und auch

der Tiefenlage aus der Arpadenzeit stammen. Zu diesen gehören auch die Gräber G5 und H6.

Skelett Nr. **I/3 G5** gehört laut PCR-Methode in die Haplogruppe J1a. Die Haplogruppe J1a ist häufig auf der Arabischen Halbinsel und an der Westküste des Kaspischen Meeres anzutreffen. Das Skelett kam aus dem steinverkleideten Grab im Nordschiff der Königsbasilika von Székesfehérvár zum Vorschein, sein anthropologisches Alter liegt bei 36 bis 40 Jahren, die archäologische Bestattungszeit liegt im 12. Jahrhundert, über eine Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode liegen keine Daten vor. Laut den A-STR- und den Y-STR-Markern kann es sich hierbei nicht um einen Verwandten aus dem Arpadenhaus, sondern um eine aus dem Osten nach Ungarn gelangte, nicht näher bestimmbare hochrangige Person handeln.

Das in Grab H gefundene Skelett **I/4 H6** stammt laut archäologischen Angaben aus der 2. Hälfte des 12. Jahrhunderts, eventuell aus dem beginnenden 13. Jahrhundert. Das Grab wurde später geplündert, sodass es als Beigabe nur einen Ring mit Bronzeadler und einer Darstellung des Agnus Dei enthielt. Der Gebrauch von Ringen dieser Form begann im 13. Jahrhundert und wurde später auch in breiteren Gesellschaftsschichten gängig. Eine präzise Altersbestimmung wird dadurch erschwert, dass der Ring nicht mehr auffindbar ist. Über die gesellschaftliche Stellung der in den vier entdeckten Gräbern im nördlichen Seitenschiff bestatteten Personen fand die Archäologie keine Anhaltspunkte, doch bei Berücksichtigung der Funde aus den beiden anderen, inzwischen verloren gegangenen Gräbern deutet das als Reliquienbehältnis genutzte Bronzekreuz aus Grab E, das ein aufwendigeres Stück als die sonst in Gräbern üblichen Brustkreuze ist, auf einen ranghohen Bestatteten hin. Grab **I/4 H6** kann kein Königsgrab sein, da in der Kö-

nigsbasilika von Székesfehérvár zu Beginn des 13. Jahrhunderts keine ungarischen Könige bestattet wurden, zudem wird diese Möglichkeit auch von den A-STR- und Y-STR-Markertests ausgeschlossen. Die von Dr. Józsa vorgenommene paläopathologische Untersuchung lässt aufgrund des am Skelett diagnostizierten Morbus Forestier (diffuse idiopathische Skeletthyperostose) einen interessanten Schluss zu. Dieses Krankheitsbild bezeichnete Waldron als „die neue Berufskrankheit“ der Mönche zwischen 1140 und 1540 (Waldron 1985). Janssen et al. entdeckten an den Skeletten sämtlicher zwischen ihrem 43. und 75. Lebensjahr verstorbener Bewohner eines Klosters die Anzeichen von Morbus Forestier, die sterblichen Überreste der Bauern und Händler auf dem zeitgenössischen Friedhof enthielten jedoch keinen einzigen Knochenfund mit Morbus Forestier (Janssen et al. 1999). Wenn wir ferner berücksichtigen, dass das Nordschiff im Mittelalter – mitunter auch früher – für gewöhnlich ein Bestattungsort des Klerus war, ist unsere wahrscheinlichste Schlussfolgerung die, dass in Grab I/4 H6 ein hochrangiger kirchlicher Amtsträger bestattet wurde, der zur R1b-Metapopulation nach Y-STR gehört. Die Personen dieser Gruppe sind am häufigsten in Westeuropa, in erster Linie in Frankreich und Norditalien, anzutreffen. Dass es sich um einen sehr hohen kirchlichen Amtsträger handelt, den der römische Papst aussandte, ist theoretisch somit nicht auszuschließen. In dieser Zeitspanne regierten die Päpste Clemens III. (1187–1191), Coelestin III. (1191–1198) und Innozenz (1198–1216). Schickte einer von ihnen einen Gesandten nach Ungarn, könnte dies im Archiv des Vatikans belegt sein.

Zusammenfassend: Skelett II/53 gehört wahrscheinlich einer hochrangigen Person byzantinischer Herkunft. Skelett II/54 stammt aus dem Nahen Osten. Skelett II/55 gehört zur westeuropäischen



Metapopulation. Skelett I/3 G5 gehört einer aus dem Osten nach Ungarn gelangten, nicht näher bestimmbar hochrangigen Person. Skelett I/4 H6 könnte einem sehr hohen kirchlichen Amtsträger gehören, den der römische Papst entsandte.

## 2. Identifizierung des Skeletts II/52\_3

1. *Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode.* Die Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode ermittelte für Skelett II/52 mit einer Wahrscheinlichkeit von 95,4 % den Zeitraum von 1035 bis 1155. In diese Spanne fällt der Tod Bélas II. (1141). Ihre Obergrenze wird vom Todesjahr Gézas II. um sieben, von dem Ladislaus II. um acht und von dem Stephans IV. um zehn Jahre überschritten. Die Radiokarbonprüfung hält es somit für wahrscheinlich, dass das Skelett II/52 Béla II. gehört.

2. *Bedeutung der durch NGS ermittelten DNA-Sequenzvariationen.* Das erste Allel des Markers D3S1358 weist sowohl bei Skelett II/52 als auch bei Béla III. die folgende Mikrovariantensequenz auf: TCTA [TCTG]<sub>2</sub> [TCTA]<sub>12</sub>, die von der Konsensvariation TCTA [TCTG]<sub>3</sub> [TCTA]<sub>11</sub> derselben Alleltypen abweicht, die Allel-Längen stimmen jedoch überein. Zudem stellten wir in den Proben beider Skelette in Marker D7S820 am 5'-Ende vor den Wiederholungssequenzen eine C>T-Sequenzvariation fest. Das Vorhandensein beider Mikrovarianten-Allele in beiden Personen deutet darauf hin, dass zwischen Person II/52 und König Béla III eine enge verwandtschaftliche Beziehung bestand.

3. *Genetische Untersuchungen mit PCR- und NGS-Methode.* Im Vergleich der A-STR-Konsensmarkerdaten mit den aktuellen PCR-Mess-

daten pro Labor wurden an fünf von 20 Markern der Gebeine von Béla III. und des Skeletts Nr. II/52-3 Abweichungen festgestellt. Dies sind zu viele Abweichungen, um eine Wahrscheinlichkeit der Beziehung zwischen Géza (Vater) II. und Béla III. (Sohn) zu belegen. Diese fünf abweichenden Marker wurden mittels Sequenzierung der nächsten Generation ermittelt und von fünf Markerabweichungen konnte nur eine belegt werden, die anderen Abweichungen scheinen Fehler der PCR-Technik zu sein. Die einzige Markerabweichung ist vollkommen annehmbar in der Beziehung Béla II. (Großvater) und Béla III. (Enkel).

4. *Statistische Untersuchungen.* Da die gleichzeitig erfolgende statistische Prüfung der A-STR-Marker der archaischen Knochen mehrerer Personen nach unseren Erfahrungen mit herkömmlicher statistischer Kinship-Software kein annehmbares Ergebnis lieferte, wurde der Einsatz eines neuen statistischen Verfahrens notwendig (Zvénigoroszky et al, 2016). Die statistischen Untersuchungen führten wir mit der von Akademiker Gábor Tusnády entwickelten negativen Log-Wahrscheinlichkeitsmethode durch. Bei der statistischen Analyse berücksichtigten wir alle verfügbaren deutschen und ungarischen A-STR-Markerdaten sowie die Daten der Sequenzierung der nächsten Generation gesondert. Bei der Ermittlung der Verwandtschaft zwischen Skelett II/52 und Béla III. kalkulierten wir mit diversen Messabweichungswahrscheinlichkeiten. Bei einer größeren Messabweichungswahrscheinlichkeit wies die akkumulierte Wahrscheinlichkeitsdifferenz noch mit geringer Wahrscheinlichkeit auf die Vater-Sohn-Konstellation hin, bei den realitätsnahen Messabweichungen 0,06250, 0,03125 und 0,01563 identifiziert die statistische Untersuchung das Skelett II/52 mit sehr großer Wahrscheinlichkeit als Béla II. (Tabellen 14 A/B/C/D).

5. *Die mtDNA-Haplogruppe des Skeletts II/52.* An diesem Punkt sind die Abstammungsdaten der Predslawa von Kiew und von Béla II. zu berücksichtigen. Die mitochondriale Haplogruppe von Béla III. ist H1b. Dies steht im Einklang damit, dass seine Mutter Euphrosyne I., Tochter des Großfürsten Mstislaw von Kiew und seine Großmutter Helena, die Tochter des serbischen Großzupanen Uros I. sind. Daher ist die mtDNA-Haplogruppe von König Béla III. auf Kiew zurückzuführen.

Die 1. Frau von Géza I., des Großvaters von Béla II., war Herzogin Sophie von Loos, seine 2. Frau war die byzantinische Prinzessin Synadene. Ihr gemeinsamer Sohn war Álmos, Prinz aus dem Arpadenhaus (auch König Kroatiens), dessen Frau Predslawa von Kiew war. Predslawas Großvater war der böhmische Herzog Spytihněv II. (1031-1061), dessen Frau deutscher Herkunft war. Ihre gemeinsame Tochter, die Großmutter Bélas II., heiratete Swjatopolk II., den Großfürsten von Kiew. Da die Mutter der Person II/52\_3 Predslawa ist, bei der die mitochondriale Haplogruppe T2b in der mütterlichen Linie durchgehend weitervererbt wurde, ist es nicht weiter verwunderlich, dass die Haplogruppe der Person II/52 mit den westlichen Haplogruppen übereinstimmt. Dies erklärt, warum die mitochondriale Haplogruppe der Person II/52\_3 nicht serbischer Herkunft ist, sondern auf einen westlichen Ursprung hinweist; dies ist gleichzeitig ein starker Beweis dafür, dass dieses Skelett König Béla II. gehören muss.

Der von J. Olasz et al vorgenommene mitochondriale (mütterliche) Haplogruppentest erbrachte keinen Beleg für die Auffassung, das Skelett II/52 wären die Gebeine von Géza II., dem Vater von Béla III. (Olasz et al. 2018).

### 3. Gentest und Verwandtschaftsbeziehung des in Grab 4 gefundenen Fötus mit Skelett II/52\_3, der als Béla II. (der Blinde) identifizierten Person

1. *Archäologische Daten.* In unmittelbarer Nähe der Gräber von Béla III. und Anna von Antiochia, zu Füßen des Königspaares, legte János Érdy noch ein 4. und 5. Grab frei (Bild 13). Nach zeitgenössischem Brauch wurden neben Königinnen nur ihre Familienmitglieder bestattet. Im Holzsarg im 4. Erdgrab lagen die Skelette einer Frau und eines Fötus. Das Erdgrab könnte gut das gleiche Alter wie das Grab von Béla III. gehabt haben. Das Skelett der im Sarg bestatteten Frau ging verloren, das Skelett des zwischen den Hüftknochen gefundenen Fötus dagegen blieb erhalten und trägt die Registrierungsnummer I/52\_4 (die Nummerierung erfolgte durch Éry und ihre Arbeitsgruppe). Archäologischen Einschätzungen zufolge ruht in Grab 4 möglicherweise das Enkelkind von Béla III., nach dem aktuellen Gentest spricht die Wahrscheinlichkeit jedoch für die Prinzessin Predslawa von Kiew. Das 5. Grab, das neben dem Erdgrab freigelegt wurde, mit Steinen ausgekleidet war und einen Holzsarg enthielt, weist keine fragmentierten Knochen auf. In Kenntnis der damaligen Bestattungsbräuche kommt der Gedanke auf, die Person in Grab 5 könnte Álmos, der aus dem Arpadenhaus stammende Ehemann von Predslawa gewesen sein.

2. *Gentest des Fötus-Skeletts.* Die Identität der Personen in den Gräbern 4 und 5 war bisher unbekannt, da lediglich das Fötus-Skelett aus Grab 4 erhalten blieb, daher können nur daran weitere genetische Untersuchungen ausgeführt werden. Der Fötus wurde im Labor Göttingen als Junge identifiziert. Bei uns wurde zweimal festgestellt, dass

die Geschlechtsbestimmung fehlerhaft ist, da der Fötus in Wirklichkeit ein Mädchen war (J. Olasz und E. Csernák).

In Göttingen und in Budapest wurde an den Knochen des Fötus mittels PCR-Methode ein A-STR-Test durchgeführt. Im Labor Göttingen gelang es bei insgesamt drei Markern (D5S818, FGA, TH01), die Allele A1 und A2 zu bestimmen, und ein Allel aller drei Marker stimmte mit dem einen (mütterlichen) Allel des Skeletts II/5\_3 überein. In den anderen drei Fällen (D10S, D18S51, D21S51) war lediglich das eine Allel der A-STR-Marker nachweisbar, von denen keines mit dem A-STR-Markern des Skeletts II/52\_3 übereinstimmte. Die im Budapester Labor 2 von Dr. Erzsébet Csernák vorgenommene A-STR-Untersuchung erstreckte sich auf 15 Marker, von diesen ließen sich bei 11 Markern beide Allele, in zwei Fällen ein Allel nachweisen, in weiteren zwei Fällen erhielten wir kein auswertbares Ergebnis. Die PCR-Einzelergebnisse der A-STR-Marker wurden auch mit einer Sequenzierung der nächsten Generation ausgewertet und beim Abgleich berücksichtigten wir die Sequenzierungsdaten (NGS). Bei der Zusammenfassung der um die Daten des von Dr. Judit Olasz getesteten CSF1PO-Markers ergänzten Resultate aller Ergebnisse aus Göttingen und Budapest zeigt sich, dass von den sicher auswertbaren 16 A-STR-Markern lediglich die Marker D10S1248, D21S11 und D22S1045 mit keinem Allel des Konsens-A-STR-Markers von II/52\_3 übereinstimmten. Bei dem nicht übereinstimmenden Marker D21S11 finden sich, wie auch bei dem wegen der PCR-Fehler nicht berücksichtigten Marker SE33, sehr lange A-STR-Allele (siehe Tabelle 16). Auch bei dem Marker D21S11 wird die Möglichkeit eines PCR-Fehlers für äußerst wahrscheinlich gehalten, weshalb wir in der Folge auch diese Daten nicht berücksichtigen, das heißt, letz-

ten Endes werteten wir nur 15 A-STR-Markerergebnisse aus. Die zusammengefassten A-STR-Markerergebnisse stimmten im Verhältnis 13/15 mit einem (dem mütterlichen) Allel des Skeletts Nr. II/52\_3 überein. Dies zeigt eine enge verwandtschaftliche Beziehung zwischen dem Fötus und Skelett Nr. II/52 (Tabelle 20) an.

	Aus dem Arpadenhaus Konsens II/52 A-STR		Fötus, Göttingen		Fötus, Budapest				II/52 mtDNS Haplogruppe T2b2b1
			II/52_3, A-STR		II/52_3, A-STR				Fötus mtDNS Haplogruppe T2b
A-STR	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	
D1S1656	13	17.3	17.3	17.3	13	17.3	13	17.3	
D2S441	10	10	n.a.	n.a.	11.3	10**	Sequenzierung		
D2S1338	20	18	n.a.	n.a.	17**	20**	Sequenzierung		
D3S1358			n.a.	n.a.	15*	16*	15*	16*	
D3S1358	14	14	n.a.	n.a.	14**	14**	Sequenzierung		
D5S818	10	12	12	13	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	
D7S820	8	9	n.a.	n.a.	8**	9**	Sequenzierung		
D8S1179	12	14	n.a.	n.a.	n.a.	13*	n.a.	n.a.	
D9S1120	15	16	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	
D10S1248	13	13	n.a.	n.a.	12	14	12	14	
D12S391	18	18	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	
D13S317	8	13	12	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	
D16S539	10	11	n.a.	n.a.	11	12	11	12	
D18S51	13	17	19	n.a.	17	19	17	19	
D19S433			30.2*	n.a.	14*	15*	n.a.	15	
D19S433	13	13	30.2	n.a.	13**	13**	Sequenzierung		
D21S11	30	32.2	30.2	-	29.2*	30.2*	n.a.	30.2*	
D22S1045	15	17	n.a.	n.a.	11	16	11	16	
CSFIPO	9***	11***	9***	11***	n.a.	n.a.	n.a.	n.a.	
FGA	21	25	20	25	20	25	20	25	
TH01	9	9.3	9	9.3	6	9.3	6	9.3	
vWA	16	17	n.a.	n.a.	17	18	17	18	

**Tabelle 20.** Vergleich der A-STR-Marker des Fötus mit den skelettähnlichen Markern des Skeletts Nr. II/52\_3. Jedes Allel des am Skelett des Fötus in Göttingen und Budapest vorgenommenen A-STR-Tests

*stimmt mit einem A-STR-Allel des Skeletts Nr. II/52\_3 überein (halbfett gedruckt und gelb hervorgehoben). \*: mit PCR bestimmte Daten; \*\*: Sequenzierungsdaten; \*\*\*: der CSF1PO-A-STR-Marker wurde nur im Labor Budapest 1 von Dr. Judit Olasz untersucht und in der Tabelle stehen ihre Daten; k. A.: keine Angaben; n. v. a.: keine validen (auswertbaren) Angaben; A1/2: Allel.*

Der mtDNA-HVR-1/2-Genest wurde von Dr. Judit Olasz vorgenommen. Sie stellte fest, dass der Fötus kein Enkel von Béla III. (ein Kind einer seiner Töchter) sein kann, da die mitochondriale DNA des Fötus von der Annas von Antiochia abweicht. Am Fötus wurde keine für die Königin typische SNV 16240G entdeckt und an der Königin sind die am Fötus vorhandenen SNVs 16294T und 16296T nicht feststellbar.

Sofern die mütterlichen Marker des Fötus mit den mütterlichen Markern von Skelett II/52\_3 übereinstimmen (Übereinstimmung: 13/15) oder seine mtDNA-Haplogruppe T2b2b1 ist, gehört das weibliche Skelett nach der von Balázs Holczmann aufgestellten Hypothese Predslawa von Kiew und das Skelett Nr. II/52\_3 Béla II. dem Blinden (Holczmann 2019A). Die in der mtDNA-HVR-1-Region von Skelett Nr. II/52 gefundenen Sequenzvariationen 16194T und 16296T bestimmen an sich schon die Haplogruppe T2b des Fötus (Pike et al. 2010). Somit stimmen die mütterlichen genetischen Marker des Fötus und dessen mitochondriale Haplogruppe mit den mütterlichen Markern von Skelett II/52 überein. Das ist nur möglich, wenn die Mutter des Fötus Predslawa von Kiew und der Fötus die Schwester von Béla II. war (siehe Bild 44). SNV 16294T ist nicht nur am Fötus sondern auch an Skelett Nr. II/52 (Béla II.) anzutreffen, was ein weiterer Beweis dafür ist, dass der Fötus tatsächlich eine Schwester von Béla II. war.

Die Ukrainer sind stolz auf ihre königlichen Beziehungen und gaben eine Briefmarkenserie mit den Ehefrauen der europäischen Könige heraus, die Kiewer Abstammung waren. Von diesen sind die Ehefrauen ungarischer Könige Folgende: Euphemia von Kiew, die Frau von Koloman, Anastasia von Kiew, die Frau von Andreas I, Predslawa von Kiew, die Frau von Álmos und Euphrosina von Kiew, die Frau von Géza II. (Bild 43). Predslawa heiratete Prinz Álmos aus dem Arpadenhaus, über ihr weiteres Schicksal ist bis heute nichts bekannt.



**Bild 43.** Serie von Gedenkbriefmarken über die Kiewer Ehefrauen europäischer Könige. Ungarische Bezüge:

- 1. Spalte, 2. Zeile: Euphemia von Kiew, Frau von Koloman
  - 1. Spalte, 3. Zeile: Anastasia von Kiew, Frau von Andreas I.
  - 1. Spalte, 4. Zeile: Predslawa von Kiew, Frau von Álmos
  - 3. Spalte, 4. Zeile: Euphrosina von Kiew, Frau von Géza II.
- (B. O. Holczmann: persönliche Mitteilung)



Balázs Holczmann erforschte, ordnete und interpretierte den Lebensweg von Predslawa und Béla II., zudem war er es, der auf die Gedenkbriefmarken stieß (Holczmann 2019A; 2019B).

#### **4. Erfahrungen der archäologischen, anthropologischen, radiologischen und morphologischen Tests, der Altersbestimmungstests sowie der Sequenzierungs- und Gentests**

1. Jedes der Skelette war im Innenraum der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet. Mit Ausnahme von Béla III. und Anna von Antiochia gelangten die Skelette deshalb in den Sarkophag der Unterkirche in der Matthiaskirche von Budapest, weil zuvor angenommen wurde, sie gehörten Verwandten, Herzogen oder Gefolgsleute von Königen aus dem Arpadenhaus (Reges Hungariae). Von den im „Codex Diplomaticus Hungariae Ecclesiasticus ac Civilis. Ab anno Christi 1367–1374“ aufgezählten Reges Hungariae erwähnen wir drei als Beispiele: „Relatio Ladislai Ducis Palatini per Blasium Notarium.“ „Sigillum istud reformarunt Sigismundus, Ladislaus Posthumus et Wladistaus II.“ „Paulus, filius Nicolai de Scephlak, pro quo Ladislaus de Koxo cum procuratoriis litteris.“ Kein Träger der Skelette II/52\_3, II/53, II/54, II/55, I/3 G5 und I/4 H6 kann als Reges Hungariae im obigen Sinne gelten.

2. Éry et al. nahmen an dem in Grab 3 gefundenen und 1883 wiederentdeckten Skelett, dem damals bereits der Kopf fehlte, eine anthropologische Altersbestimmung vor und bestimmten das Alter mit 21 bis 27 Jahren. Davon ausgehend und nach Abgleich mit der Zeich-

nung von Varsányi auf Bild 13 wiesen Éry et al. die Annahme ab, dieses Skelett sei das ursprüngliche, von Érdy freigelegte Skelett. Die von der Arbeitsgruppe als provisorisch gedachte Nummer II/52\_3 für die in Grab 3 gefundenen Person ist von vornherein falsch, da in Gruppe II die in Erdgräbern bestatteten Personen gelangten, dieses Skelett wurde jedoch in einem steinverkleideten Grab entdeckt (Bild 13), was zum Zeitpunkt seiner Freilegung auch angezeigt wurde.

3. Anhand der vorgenommenen 2-Photonen- und Polarisationsmikroskoptests war die Knochenstruktur von Skelett II/52\_3 bereits stark geschädigt, die DNA war erheblich fragmentiert und es kamen äußerst wenig heile Zielsequenzen darin vor. Nach den Erfahrungen des Labors Göttingen treten bei der Amplifikation derartig degradiertes DNA-Proben mit zunehmender Häufigkeit Stotterprodukte und sonstige PCR-Fehler auf!

4. In Budapest und Göttingen wurden mittels PCR- und NGS-Methode A-STR-Tests durchgeführt. Die A-STR-Tests wurden im Labor Göttingen und im Labor Budapest 1 parallel durchgeführt, die NGS-Daten stammen aus dem anderen Budapester Labor (Labor 2). Die A-STR-Daten dieser drei Labore wurden von uns zusammengeführt und wir stellten ein über Konsens-Allele verfügendes Marker-Set zusammen (Tabelle 15). Mittels PCR-Test wurden an den Knochenproben der Gebeine von Béla II. und des Skeletts II/52\_3 bei 5 von 20 Markern Abweichungen festgestellt, was die Vater-Sohn-Beziehung ausschloss.

5. Die DNA-Sequenzanalyse in der Chromosomenregion der in Punkt 5 beschriebenen fünf voneinander abweichenden Marker erwies, dass der eine per PCR als abweichend ermittelte Marker (D2S441) bei Béla III. in Wirklichkeit anders ist, als in Skelett II/52-3, doch weitere vier Marker stimmen in beiden Skeletten überein.

Die übereinstimmenden 19 der 20 A-STR-Marker deuten auf eine enge Verwandtschaftsbeziehung zwischen den beiden Skeletten hin.

6. Mithilfe eines NGS-Tests wiesen wir Mikrovarianten-Allelvariationen nach, die an Skelett II/52 und den Gebeinen von Béla III. gleichermaßen anzutreffenden und nur dann auf diese Weise präsent sind, wenn die zwei Personen in direkter verwandtschaftlicher Beziehung miteinander stehen.

7. Alle bekannten anthropologischen, archäologischen und genetischen Daten, die statistischen Tests und die Daten der Radiokarbon-Altersbestimmung identifizierten Skelett II/52-3 als zu Béla II. gehörend. Zur Bestätigung dieses Befunds verglichen wird die genetischen Daten von Béla III. und den anderen Skeletten in Tabelle 21 miteinander.

Skelett	A-STR	Y-STR	Haplotyp-Metapopulation	
	Übereinstimmung	Übereinstimmung	PCR	
<b>Béla III. und II/52_3</b>	PCR: 17/22 NGS: 21/22	16/16	R1a	Naher Osten, benachbarte Regionen Westasiens
<b>II/53</b>	9/20	10/16	R1a	Kommt in Afrika und auf dem Südbalkan (insbesondere in Griechenland) vor, byzantinischer Ursprung
<b>II/54</b>	11/20	11/16	R1a	Verbreitung: Nordrussland, Ukraine, Weißrussland, Nordpolen
<b>II/55</b>	13/20	4/16	R1b	Frankreich, Norditalien, Nordengland, Baltikum
<b>I/3 G5</b>	14/20	1/16	J1a	Häufig auf der Arabischen Halbinsel und an der Westküste des Kaspischen Meeres
<b>I/4 H6</b>	13/20	4/16	R1b	Häufigste Verbreitung: Frankreich und Norditalien

**Tabelle 21.** Vergleich der genetischen Markerdaten der männlichen Skelette.

In Verbindung mit der Beurteilung der anderen in der Unterkirche der Matthiaskirche aufbewahrten Skelette ergaben sich ebenfalls Schwierigkeiten bei der Identifizierung. Henszlmann stieß bei seinen Grabungen in den Jahren 1862 und 1874 in einem der Gräber auf ein weibliches Skelett (spätere Nummer II/109), in den anderen beiden Gräbern befanden sich männliche Skelette (Skelette Nr. II/53 und Nr. II/54). Das Grab eines weiteren Skeletts mit Nummer II/55 ist nicht weiter bestimmt, wahrscheinlich befand es sich in der Nähe der Gräber der Personen II/53 und II/54. Die Tatsache, dass die Skelette im Kircheninneren im Südschiff bestattet waren, bedeutet nicht, dass es sich um Personen königlichen Rangs handelt, da zu dieser Zeit nicht mehr nur Könige im Kircheninneren der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet wurden. 1874 legte Henszlmann im nördlichen Seitenschiff weitere vier steinverkleidete Gräber frei, von denen derzeit noch zwei erhalten sind.

Unmittelbar neben dem 4. Grab wurde zudem ein weiteres, 5. Grab mit Steinwänden und Holzsarg freigelegt; das darin enthaltene Skelett war jedoch dermaßen fragmentiert, dass es nicht aufbewahrt wurde. Mithilfe des am Fötus vorgenommenen Gentests wiesen wir nach, dass die neben ihm in Grab 4 gefundene Person Prinzessin Predslawa von Kiew ist. Wir haben ein fundiertes Wissen darüber, dass die sterblichen Überreste von Álmos, Arpadenprinz und Gatte von Prinzessin Predslawa, der 1127 im Exil in Konstantinopel verstarb, 1137 von seinem Sohn Béla II. (dem Blinden) heimgeholt und in der Königsbasilika von Székesfehérvár bestattet wurden. Die zehnjährige Odyssee der Gebeine von Álmos, die ihrer endgültigen Bestattung vorausging, hat diese ganz offensichtlich stark geschädigt und das Skelett so brüchig gemacht wie das des in Grab 5 gefun-

denen Mannes. Angesichts der damaligen Bestattungsbräuche, wonach enge Verwandte nebeneinander bestattet wurden, in diesem Fall neben der 1116 verstorbenen Ehefrau, und bei Berücksichtigung der obigen Angaben, kommt der Gedanke auf, die Person in Grab 5 könnte Prinz Álmos aus dem Arpadenhaus gewesen sein.

**ZUSAMMENFASSUNG:** Die am Skelett von Person Nr. II/52\_3 vorgenommene Radiokarbon-Altersbestimmung, die Anwesenheit der mittels Y-STR-Tests und DNA-Sequenzanalyse aufgedeckten gemeinsamen Mutationen, die statistische Untersuchung und der mitochondriale DNA-Test bekräftigen allesamt die Wahrscheinlichkeit, dass diese Person als Béla II. (der Blinde) anzusehen ist.

Von Skelett II/53 nehmen wir an, dass es zu einer hochrangigen Person byzantinischer Herkunft gehörte. Person II/54 ist kein Verwandter der Arpaden, doch ihre Volksgruppe bewohnte Nordpolen. Daher rückt eine entfernte Verbindung zwischen der frühen ungarischen und der polnischen Bevölkerung in den Bereich des Möglichen. Von den hochrangigen Personen II/55 und I/3 G5 wissen wir nur wenig, sie kamen mit unbekanntem Auftrag nach Ungarn. Von der aus dem Westen nach Ungarn gelangten hochrangigen kirchlichen Person I/4 H6 darf angenommen werden, dass der römische Papst sie schickte.

Der mtDNA-HVR-1/2-Gentest am Fötus-Skelett erwies, dass der Fötus nicht, wie früher angenommen, ein Enkelkind Bélas III. (ein Kind seiner Töchter) sein kann, da die mitochondriale DNA des Fötus vom mtDNA-Muster von Béla III. und Anna von Antiochia abweicht. Die mütterlichen Allele der A-STR-Marker des

Fötus stimmen im Verhältnis 13/15 mit den mütterlichen Allelen von Skelett II/52\_3 überein und seine mtDNA-Haplogruppe stimmt mit der mitochondrialen Haplogruppe der Predslawa von Kiew überein. Das ist nur möglich, wenn die Mutter des Fötus Predslawa von Kiew und der Fötus eine Schwester von Béla II. war (siehe Bild 44). SNV 16294T ist nicht nur am Fötus, sondern auch an Skelett Nr. II/52 (Béla II.) anzutreffen, was ein weiterer Beweis dafür ist, dass der Fötus tatsächlich eine Schwester von Béla II. war.



# 11. KAPITEL

ZOLTÁN SZENTIRMAY

---

## ZUSAMMENFASSUNG

### 1. Beweise der Identifizierung des Skeletts II/52 als Gebeine von Béla II.

1. *Archäologische Daten.* Grab II/52 lag 40 cm tiefer als das Grab von Béla III., was auf eine frühere Bestattung hindeutet. Die Gebeine des im Grab ruhenden Mannes lagen in einem Sarg aus gemeißeltem Sandstein, der auf Pfählen stand, die im sumpfigen Gelände in den Boden getrieben wurden. Die Umstände der Bestattung deuten auf das Grab eines ungarischen Königs aus dem 12. Jahrhundert hin. Grab II/52\_3 lag unmittelbar neben dem Grab von Béla III., was angesichts der zeitgenössischen Bestattungsbräuche auf eine enge Verwandtschaftsbeziehung hinweist. Im 12. Jahrhundert wurden nur Könige und ihre Familienmitglieder im Inneren der Königsbasilika bestattet. Bei der Untersuchung der Verwandtschaftsbeziehungen kamen somit ausschließlich die früher verstorbenen Könige in Frage. Dies sind Béla II. (†1141), Géza II. (†1162) und die zwei Brüder von Béla



III., Ladislaus II. (†1163) und Stephan IV. (†1165). Die Brüder von Béla III. waren Gegenkönige und schon deshalb ist es unwahrscheinlich, dass Béla III. neben einem von ihnen bestattet wurde. Aus dem Kreis der möglichen Kandidaten wurde Géza II. durch Gentest und statistische Untersuchung ausgeschlossen, sodass es sich bei Person II/52\_3 nur um Béla II. (den Blinden) handeln kann.

2. *Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode.* Die Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode ermittelte für Skelett II/52\_3 mit einer Wahrscheinlichkeit von 95,4 % den Zeitraum von 1035 bis 1155. In diese Zeitspanne fällt der Tod Bélas II. (1141). Ihre Obergrenze wird vom Todesjahr Gézas II. um sieben, von dem Ladislaus II. um acht und von dem Stephans IV. um zehn Jahre überschritten. Die Radiokarbonprüfung hält es somit für wahrscheinlich, dass das Skelett II/52 zu Béla II. gehört.
3. *Konsensmarkerdaten.* Die Untersuchung der aufgrund der Ergebnisse der Labore Göttingen und Budapest aufgestellten Konsensmarkerdaten, ergänzt um die Sequenzierungsdaten der nächsten Generation, ergab im Vergleich der A-STR-Marker von Skelett Nr. II/52\_3 und Béla III. bei 20 Markern nur eine Abweichung, diese Markerverteilung macht die Beziehung Großvater-Enkel zwischen Béla II. (dem Blinden) und Béla III. wahrscheinlich.
4. *Statistische Untersuchung.* Bei unabhängiger Berücksichtigung aller genetischen Daten legt die mittels negativer Log-Wahrscheinlichkeitsmethode vorgenommene statistische Untersuchung mit großer Wahrscheinlichkeit nahe, dass das Skelett II/52\_3 zu Béla II. gehört.

5. *Y-STR-Markertests.* Sämtliche Allele der 16 väterlichen Y-STR-Marker stimmten bei den Gebeinen von Béla III. und bei Skelett Nr. II/52\_3 vollständig überein. Dieser Befund zeigt einerseits, dass Skelett II/52\_3 zu den Arpadenkönigen gehört und andererseits, dass es in engster Verwandtschaftsbeziehung mit König Béla III. steht.
6. *Mitochondrialer DNA-Test.* Der Großvater von Béla II. (dem Blinden) war Géza I., dessen 1. Frau die Herzogin Sophie von Looz und dessen 2. Frau die byzantinische Prinzessin Synadene war. Ihr Sohn war Álmos, Prinz aus dem Arpadenhaus, und dessen Frau Predslawa von Kiew. Bei Béla II. und Predslawa wurde die mitochondriale Haplogruppe westlicher Prägung in der mütterlichen Linie durchgehend weitervererbt. Auch die mitochondriale Haplogruppe von Skelett II/52 weist keine serbische, sondern eine westliche Prägung auf, dementsprechend muss das Skelett II/52 zu König Béla II. gehören.
7. *Gentest des Fötus-Skeletts.* Die mütterlichen A-STR-Marker des Fötus stimmten im Verhältnis 13/15 mit einem (dem mütterlichen) Allel des Skelette Nr. II/52\_3 überein. Die in der HRV1-Region der mitochondrialen Gene gefundenen SNVs 16294T und 16296T bestimmten die Haplogruppe T2b des Fötus. Die Gesamtheit dieser Daten belegt, dass die Mutter des Fötus keine andere als Predslawa von Kiew sein kann und das Skelett II/52\_3 zu Béla II. (dem Blinden) gehört, infolge dessen der Fötus der Bruder bzw. die Schwester von Béla II. ist.

## 2. Neue Ergebnisse aus dem Gentest der mittelalterlichen Skelette in der Matthiaskirche

1. Indem wir die historischen, archäologischen, paläopathologischen, morphologischen bzw. genetischen Daten und die Daten der Altersbestimmung mit der Radiokarbonmethode aufeinander abstimmten, ermöglichten wir den erfolgreichen Abschluss der uns gestellten Aufgabe. Für eine so breit angelegte multidisziplinäre zusammenfassende Bewertung gab es bisher kein Beispiel in der Vergangenheit.
2. Die anthropologische Untersuchung von 1984 hielt Skelett II/52\_3 nicht für identisch mit der ursprünglich entdeckten Person, sondern hielt es für ein unbekanntes Skelett und schloss es aus dem Kreis der Arpadenkönige und ihrer nahen Verwandten aus. Im Rahmen der erwähnten multidisziplinären Zusammenarbeit gelang der Nachweis, dass das Skelett II/52\_3 zu Béla II. (dem Blinden) gehörte.
3. Von den Skeletten in den fünf nebeneinander angeordneten Gräbern, die János Érdy im Dezember 1848 freilegte, gelang bisher nur die Identifizierung von König Béla III. und König Anna von Antiochia, die in Grab 1 und Grab 2 ruhten. Wir bewiesen, dass Béla II. (der Blinde) in Grab 3 bestattet wurde. In Grab 4 wurden Predslawa von Kiew und der Fötus bestattet, der die Schwester bzw. der Bruder von Béla II. (dem Blinden) ist. Im Grab 5 ruhte wahrscheinlich der Arpadenprinz Álmos.
4. Der Archäologe Endre Tóth verwarf die Identifizierung von Béla III. und seiner Frau und hielt es stattdessen für wahrscheinlich, dass die Gebeine zu Koloman dem Buchkundigen und seiner

Frau gehörten. Wir bewiesen mithilfe archäologischer, paläopathologischer und computertomografischer (CT) Untersuchungen, dass die Annahme von Ende Tóth einer Überprüfung nicht standhält.

5. Zunächst untersuchten wir die histologische Struktur der Jahrhunderte alten archaischen Knochen im Rahmen der morphologischen Polarisations- und 2-Photonen-Mikroskopie auf ihren Erhaltungszustand hin. Diese Untersuchung trug dazu bei, festzustellen, an welchen Knochen die späteren Gentests vorzunehmen sind.
6. Zur Untersuchung der archaischen Knochen arbeiteten wir eine DNA-Isolierungsmethode aus, die sich für A-STR- und Y-STR-Tests und Sequenziertests der nächsten Generation eignete.
7. Wir wendeten das neue, von Herrn Akademiker Tusnády ausgearbeitete statistische Verfahren an, das sich im Gegensatz zu den allgemein verbreiteten sogenannten Kinship-Analysen zum gleichzeitigen Abgleich von DNA-Proben mehrerer Skelette eignete.
8. Mithilfe der A-STR-Daten und einer Sequenzierung der nächsten Generation bestimmten wir den väterlichen Konsensgenotyp der Arpadenkönige. Diese Vorgehensweise gestattet es uns, reale Schlussfolgerungen bezüglich der Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Inhabern der Skelette zu ziehen.
9. Imre Henszlmann registrierte 1862 vier Skelette, die im inneren Bereich der Basilika von Székesfehérvár bestattet waren und für Arpadenkönige oder ihre engen Verwandten gehalten wurden, 1874 legte er dann im nördlichen Seitenschiff in weiteren vier steinverkleideten Gräbern Skelette unbekannter Personen

frei. In Bezug auf diese Skelette erbrachten wir den Beweis, dass keines einem Verwandten aus dem Arpadenhaus gehörte, ihre wahrscheinliche Identität beschreiben wir in Unterabschnitt 3 des 11. Kapitels.

10. Wir bestimmten die Haplogruppe der Arpaden mit R1a, was auf einen indoiranischen Ursprung und somit auf eine nahöstliche, westasiatische Nachbarschaft hinweist.
11. Die Haplogruppe R1a der Arpaden unterscheidet sich von den häufigsten Haplogruppen der finnougri-schen Völker, N1b und N1c, was darauf hindeutet, dass zwischen ihnen und den finnougri-schen Völkern keine genetische Verwandtschaft besteht.
12. Doktor Józsa berichtete von degenerativen Knochenveränderungen an den Skeletten I/3\_G und I/4\_H sowie den Gebeinen von Béla III. und Anna von Antiochia, die zur Sterbezeit dieser Personen aus heutiger Sicht merkwürdig erscheinen. Diese Veränderungen könnten mit ähnlichen Krankheitsbildern in der heutigen gleichaltrigen Population verglichen werden, um einen Eindruck von der Lebensqualität der Menschen in der Arpadenzeit zu erhalten.

### 3. Identifizierungsliste der unbekanntenen Knochenproben aus der Matthiaskirche

**Skelett II/52\_3:** König Béla II. (der Blinde), Großvater von Béla III.

**Skelett II/53:** Gehört wahrscheinlich einer hochrangigen Person byzantinischer Herkunft.

**Skelett II/54:** Gehört zu einer aus näheren östlichen Regionen stammenden Person mit Haplotyp R1a, die nicht mit den Arpaden verwandt ist, eine diesem Haplotyp angehörende Volksgruppe bevölkerte einst Nordpolen.

**Skelett II/55:** Gehört zu einer Person aus Westeuropa, die mit unbekanntem Auftrag nach Ungarn kam und eventuell vom römischen Papst gesandt wurde.

**Skelett I/3 G5:** Gehört zu einer unbekanntenen, hochrangigen Person, die nicht mit dem Arpadenhaus verwandt ist und aus dem Osten nach Ungarn kam.

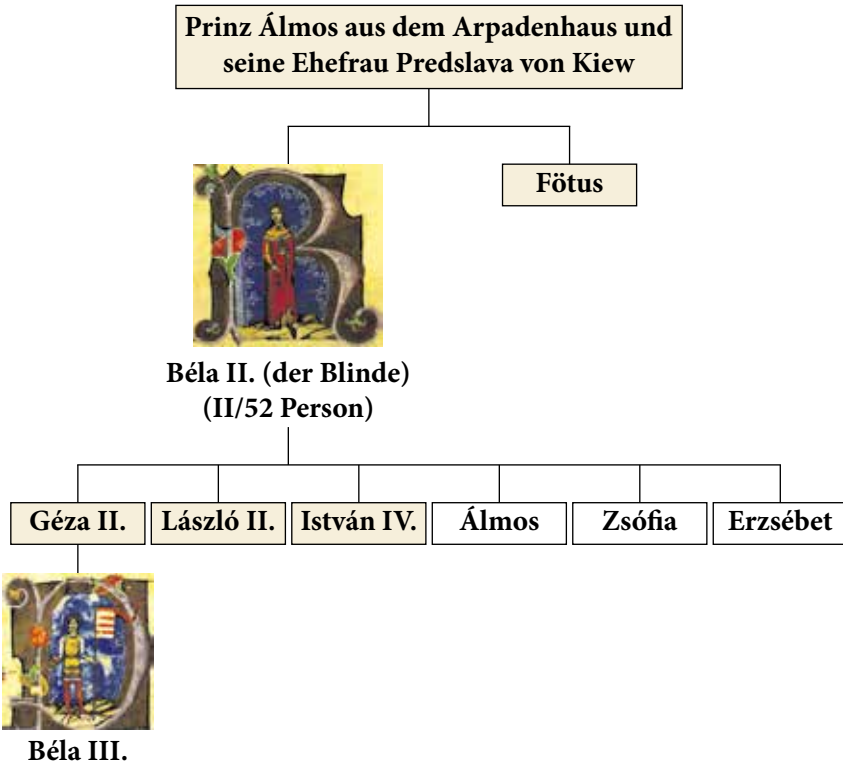
**Skelett I/4 H6:** Gehört wahrscheinlich zu einem sehr hohen kirchlichen Amtsträger, den der Papst in Rom gesandt hatte.

**Weibliches Skelett aus Grab 4:** Predslawa von Kiew, die Mutter von Béla II.

**Fötus des weiblichen Skeletts aus Grab 4:** das Kind von Álmos, dem Prinzen aus dem Arpadenhaus, und Predslawa von Kiew, der Mutter von Béla II.

**Ergänzung:** Die in Grab 5 gefundenen Knochen waren derart fragmentiert, dass sie nicht aufbewahrt wurden. Zudem ist bekannt, dass der Ehemann der Predslawa von Kiew, Prinz Álmos aus dem

Arpadenhaus, dessen Knochen bis zu ihrer Bestattung im Jahr 1137 zehn Jahre lang keinen endgültigen Ruheplatz fanden, in der Königsbasilika beigesetzt wurde. Bei Berücksichtigung der damaligen Bestattungsbräuche, wonach enge Verwandte nebeneinander bestattet wurden, und aller sonstigen Informationen, konnten wir annehmen, dass **die Person in Grab 5** Prinz Álmos aus dem Arpadenhaus sein könnte, der neben seiner in Grab 4 ruhenden Frau, der 1116 verstorbenen Predslawa von Kiew, bestattet wurde.



**Bild 44.** Nachfahren von Predslava von Kiew und Prinz Álmos. König Béla III. ist der Enkel von König Béla II. (dem Blinden) (Skelett II/52\_3), der weibliche Fötus ist die Schwester von Béla II. Alle Personen wurden in der Basilika der Jungfrau Maria von Székesfehérvár beigesetzt, von wo sie in die Matthiaskirche kamen. Die Bildnisse von Béla II. und Béla III. stammen aus der Ungarischen Bilderchronik.





# NACHWORT

MIKLÓS KÁSLER, GÁBOR NYÁRI

---

„Danach herrschte Béla der Blinde, Sohn von Prinz Álmos dem Blinden. Er mied alles Übel und verschrieb sich der demütigen Ausübung guter Taten. Er suchte Beistand nicht in seinem starken Arm, vertraute keinem Menschen, sondern suchte Zuflucht bei Gott im Himmel, sein Helfer war der Herr, der ihn mit übergroßer Barmherzigkeit leitete und die Frucht seiner Lenden auf seinen Thron setzte. Zu Beginn erstarkte das Land und der Herr ließ seine Feinde bis zum heutigen Tag dem Verderben anheimfallen. [...] Béla der Blinde regierte neun Jahre, elf Monate und zwölf Tage. Am 13. Februar im Jahre des Herrn 1141, an einem Donnerstag, nahm der Herr ihn zu sich, seine sterbliche Hülle ruht in Székesfehérvár.“ So weiß über Béla II. der Chronist der Bilderchronik aus dem 14. Jahrhundert zu berichten, bei dem es sich höchstwahrscheinlich um den Márk Kálti handelt, der das Grab des zweihundert Jahre zuvor verstorbenen Königs als Domkustos der Marienbasilika von Székesfehérvár selbst gesehen haben könnte.

Es gilt als eines der wichtigsten Ergebnisse der zwischen 2012 und 2017 durchgeführten Forschungen, dass auch wir nunmehr zweifelsfrei wissen, was Márk Kálti und seine Zeitgenossen wussten: dass es sich bei Skelett Nr. II/52\_3 in Wirklichkeit um die sterblichen Über-

reste des ungarischen Königs Béla II. handelt. Die Beteiligten der Forschungsarbeit hoffen, mit dieser Entdeckung zur Aufhellung der Vergangenheit Ungarns beizutragen, ein neues Kapitel in der Geschichte der Forschungsarbeit rund um das Arpadenhaus zu schreiben und es der Nachwelt zu ermöglichen, einem mittelalterlichen ungarischen König die Ehre zu erweisen.

Auch wenn sich dies dem externen Betrachter nicht unbedingt erschließt, geht der Mehrwert dieser Forschungsarbeit weit über das Genannte hinaus. Das Forschungsteam hat bewiesen, dass es möglich ist, mit den zur Verfügung stehenden Mitteln und dem institutionellen Hintergrund wertvolle neue Forschungsergebnisse zu erzielen, selbst wenn dies im Vorfeld von vielen Experten auch angezweifelt wurde. Es ist darüber hinaus möglich, dass Fachleute zahlreicher Wissenschaftsgebiete aus mehreren Nationen zusammen einem gemeinsamen Ziel zuarbeiten und herausragende Leistungen erbringen und dabei bisher gar nicht oder nur wenig bekannte Untersuchungsmethoden ausarbeiten und anwenden.

Neben der Identifizierung von König Béla III. ist es den Forschungen zu verdanken, einen weiteren Schritt in die Richtung getan zu haben, im Wege der archäogenetischen Untersuchung der Überreste aus den Gräbern der Marienbasilika von Székesfehérvár die ungarischen Herrscher aus dem Arpadenhaus, ihre Familien und mit ihnen die Geschichte des gesamten Ungarntums besser kennenzulernen.

Die Teilnehmer der Forschungen hoffen, mit ihrer Arbeit andere Historiker, Archäologen und Genetiker zu inspirieren und eine wissenschaftliche Grundlage geschaffen zu haben, die es in naher Zukunft ermöglicht, konkrete Elemente der ältesten Geschichte des Ungarntums noch besser kennenzulernen.

Der vorliegende Band fasst zwar die Ergebnisse einer mehrjährigen multidisziplinären Forschung zusammen, doch wir hoffen, dass er nicht das Ende sondern den Anfang eines neuen wissenschaftlichen Prozesses markiert.



# GLOSSAR

**Allel:** Die mit einer DNA-Basenzahl ausgedrückte Länge einer Wiederholungseinheit innerhalb eines Gens

**AMELX und AMELY:** Das Amelogenin ist ein Kopiegen, das in den Chromosomenregionen Xp22.1-Xp22.3 und Yp11.2 homolog vorkommt. Am X-Chromosom wird es AMELX, am Y-Chromosom AMELY genannt. Die Bestimmung des Geschlechts beruht darauf, dass das AMELX-Intron-1 in einer festgelegten Region über eine 6-Basenpaar-Deletion verfügt, die es im AMELY-Gen nicht gibt.

**Amplifikation:** Steht für die Vermehrung bestimmter Nukleinsäuresequenzen

**Annealing:** Anlagerung einzelsträngiger Nukleinsäureteile (Gegenteil von Denaturierung)

**Antisense:** Zur transkribierenden Nukleinsäuresequenz komplementäre einzelsträngige DNA-oder RNA-Abschnitt

**bp:** Basenpaar, komplementäres Nukleotidpaar

**cDNS:** Von einer spezifischen mRNS-Matrize durch umgekehrte Transkription hergestellte komplementäre einzelsträngige DNA

**Klonierungsvektor:** Prokaryoten-DNA (Plasmid), in die sich zwecks Einführung in lebende Bakterien fremde DNA einbauen lässt

**Komplementarität:** Basenpaare in doppelsträngigen Nukleinsäuren, die über Wasserstoffbrücken spezifisch miteinander verbunden sind

**DAM:** („deletierter Amelogenin-Mann“) Äußerst selten kommt es vor, dass sich auch im AMELY eine sechs Basen lange Deletion befindet, in so einem Fall wird ein Mann als Frau identifiziert

**Degeneriertes Primer:** Ein bei der Polymerase-Kettenreaktion verwendeter kurzer Nukleinsäurenabschnitt, bei dem nicht jede Basis komplementär zur Sequenz ist, an der sie sich letztlich anlagert

**Denaturierung:** Die Auslöschung der nativen Konfiguration von Makromolekülen durch Hitze, chemische oder sonstige Wirkungen; bei einer DNA wird darunter die Entwindung der Doppelhelix verstanden

**DISH:** (Diffuse idiopathische Skeletthyperostose) Morbus Forestier, die Ossifikation des vorderen Längsbandes der Wirbelsäule

**DNA-Klonierung:** Eine Technik, mit der eine spezifische DNA-Sequenz in Elemente eingeführt wird, die fähig sind zur Selbstreproduktion (Plasmide, Viren), mit dem Ziel, dass diese sich vermehren, sodass identische Kopien in sehr großer Zahl gewonnen werden

**Dot/Slot Blot:** Übertragung isolierter DNA oder RNA aus Zellen auf Nitrozellulose oder eine Nylonmembran, die wir mit der markierten Sonde sichtbar machen. Das Resultat wird „Dot“ oder „Slot Blot“ genannt.

**Downstream:** die Position nach dem 3'-Ende des Gens (das Gegenteil ist „upstream“)

**Epitop:** antigener Determinant (ein Molekül weist mehrere davon auf).

**Exon:** eine eingeschobene DNA-Sequenz gespaltener Gene, von denen der finale mRNA-Strang transkribiert wird

**Phänotyp:** morphologisches Erscheinungsbild der genetischen

Struktur einer Zelle, eines Gewebes oder eines Organismus

**Formamid:** kleines, organisches Molekül, das die DNS denaturiert; es lagert sich an den freien NH<sub>2</sub>-Gruppen des Adenins an und verhindert die Entstehung von A-T-Basenpaaren

**Genom:** die Gesamtheit des genetischen Bestands einer Zelle (oder Mitochondriums)

**Gen:** ein Abschnitt der DNA, der für die Codierung eines Proteins und die Regelung der Transkription verantwortlich ist

**Genotyp:** angeborene, durch Nukleinsäuren codierte Informationen

**GWAS:** (genomweite Assoziationsstudie) zahlreiche einheitliche genetische Abweichungen, die aus vielen Laboren stammen

**Haplogruppe:** der ethnische und geografische Ursprung der väterlichen Y-STR-Reihe

**Haplotyp:** die Kombination der Allele der Y-STR-Marker an unterschiedlichen Genloci

**Heteroduplex:** verbundener homologer DNA-RNA-Strang

**hnRNA:** heterogene nukleare RNA; noch vor dem Spleißen stehende, auch Intronsequenzen enthaltende mRNA unmittelbar nach der Transkription

**Hybridisierung:** Verbindung zueinander komplementärer DNA- oder RNS-Abschnitte

**Insert:** fremdes DNA-Fragment in einem Plasmidvektor oder einer Zelle

**In-situ-Hybridisierung:** Nachweis spezifischer DNA- oder RNA-Sequenzen auf Chromosomen, in Zellen und Geweben

**Intron:** ein für sein Protein nicht codierender DnA-Abschnitt in einem gespaltenen Gen, der transkribiert, beim Spleißen jedoch aus der mRNA verschwindet



**Wiederholungssequenzen (repetitive Sequenzen):** ca. 30 % des gesamten DNA-Bestands einer Zelle besteht aus nicht codierenden Wiederholungssequenzen (Tandemwiederholungen, Satelliten-DNA), deren Funktion unbekannt ist

**Karyotyp:** die chromosomale Zusammensetzung einer Zelle

**2-Fotonen-Mikroskopie:** Die Mikroskopie der 2-PhotonenAbsorptionsfluoreszenz ist eine neuartige Fluoreszenzmikroskopie, die nach dem nicht-linearen optischen Prinzip funktioniert. Die Methode fußt darauf, dass der stimulierende Laser die Energie in ultrakurzen Impulsen abgibt, sodass Stimulierung und Fluoreszenz nur während der Dauer der Impulse im Brennpunkt entstehen können.

**Konsenssequenz:** Nehmen wir eine Virusart, z. B. HPV. Die Basenreihenfolge der identischen Gene der zu dieser gehörigen unterschiedlichen Virenarten stimmt nicht überein, doch sie verfügen über kürzere bis längere Nukleinsäureabschnitte, deren unterschiedliche Arten miteinander übereinstimmen. Dies sind die Konsenssequenzen.

**Abdeckung:** zeigt an, von wie vielen neu synthetisierten DNA-Strängen eine gesuchte DNA-Sequenz bei einer Sequenzierung der nächsten Generation ausgewiesen wird

**Lokus:** die physische Position oder der Ort an einem Chromosom

**Messenger:** damit wird ein generell kleines Molekül bezeichnet, das Signale in einer Zelle oder zwischen zwei Zellen überträgt

**Motiv:** Wiederholungseinheit, Muster

**Fehlpaarung:** fehlerhafte Anfügung falscher Basenpaare bei der Hybridisierung

**mtDNA:** mitochondriale DNA

- Mutation:** eine wie auch immer geartete Veränderung einer heilen DNA-Sequenz infolge einer Punktmutation, Deletion, Translokation usw.
- MSY:** männerspezifische Region des Y-Chromosoms
- Nicht codierende DNA:** mehr als 90 % des DNA-Bestands einer Zelle, der weder für Peptide noch für strukturelle RNA codiert
- NGS:** (New Generation Sequencing) Sequenzierung der nächsten Generation, die bislang modernste Bestimmungsmethode der DNA-Basenreihenfolge
- Nick (Einzelstrangbruch):** das Nichtvorhandensein der Phosphodiesterbindung zwischen zwei benachbarten Nukleotiden an einem Strang der DNA-Doppelhelix
- Nick-Translation:** Einführung von Nukleotidphosphaten, die radioaktiv oder auf sonstige Weise markiert sind, in eine doppelsträngige DNA, um daraus eine Sonde herzustellen
- Northern-Blot-Hybridisierung:** Hybridisierung von RNA, die auf Nitrozellulose oder eine Nylonmembran aufgetragen wurde, mit einer markierten Probe
- NRV:** nicht rekombinierende Region des Y-Chromosoms
- NRPY:** nicht rekombinierende Portion des Y-Chromosoms
- Oligonukleotid:** kurzes, 20-100 Basen langes, einzelsträngiges DNA-Fragment
- Schmelztemperatur (T<sub>m</sub>):** Temperatur, bei der 50 % der DNA-Doppelhelix einzelsträngig vorliegen
- Offenes Leseraster (ORF):** eine translatierbare Sequenz der Codone, die nicht durch ein Stopcodon unterbrochen werden, und somit ein Stück, das ein Polypeptid codiert
- OPLL:** (ossification of the posterior longitudinal ligament) Verknö-

cherung des hinteren Längsbands der Wirbelsäule

**PCR:** Polymerase-Kettenreaktion, Verfahren, das sich zur Vervielfältigung der unterschiedlichen Segmente eines DNA-Moleküls eignet, ob in vitro oder in der Zelle (in situ)

**Polarisationsmikroskopie:** Verfahren zum Nachweis geordneter biologischer Strukturen, welches das Phänomen der Doppelbrechung nutzt. Polarisiertes Licht bedeutet, dass die Lichtstrahlen in einer Ebene, parallel zueinander schwingen. Das polarisierte Licht, das in geordnete molekulare Strukturen eintritt, wird in zwei Bündel gespalten, von denen das eine die Materie (z. B. Kollagenfaser, Zellmembran) schneller durchläuft, das andere langsamer. Beim Austritt vereinigen sich die beiden Lichtbündel wieder, doch die Schwingungsebene des polarisierten Lichts dreht sich. Die doppelbrechenden biologischen Strukturen erscheinen in dem Polarisationsmikroskop, dessen Sichtfeld dunkel eingestellt ist, hell erleuchtet, ein Effekt, der sich mit diversen Färbungsmethoden noch intensivieren lässt.

**Read:** DNA-Sequenz, die bei einer Sequenzierung der nächsten Generation entsteht und in Erscheinung tritt

**p, q:** der kurze (p) und lange (q) Arm des Chromosoms

**Plasmid:** doppelsträngige zirkuläre DNA, die in Bakterien zur autonomen Replikation fähig ist; wird zur Klonierung der DNA verwendet

**Polymerasen:** Enzyme, die den Einbau von Nukleotiden am 3'-Ende einer DNA- oder RNA-Kette bei der DNA-Replikation oder der RNA-Transkription katalysieren

**Polymorphismus:** diverse alternative Erscheinungsformen von Protein-, DNA- oder RNA-Sequenzen, die in der Population auch

sonst vorkommen

**Punktmutation:** die Ersetzung einer Base durch eine andere in Nucleinsäuren

**Primer:** Kurze, normalerweise 20-30 Basen lange, einzelsträngige DNA-Sequenz, die komplementär zu einem DNA-Strang ist. Am freien 3'-OH-Ende beginnt die DNA, eine Polymerase-Desoxyribonukleotidkette zu synthetisieren.

**Sonde:** DNA- oder RNA-Fragment, das zur Feststellung benutzt wird, ob die getestete unbekannte DNA oder RNA die fragliche komplementäre Nukleotidsequenz enthält

**Pyrosequenzierung:** DNA-Sequenz-Bestimmungsverfahren der nächsten Generation, das auf der Chemolumineszenzdetektion des nach Einbau des Nukleotids freigesetzten Pyrophosphats basiert. Ermöglicht eine massive und präzise Basenidentifizierung.

**Renaturierung:** Fähigkeit denaturierter DNA zur Zurückgewinnung ihrer Doppelspiralstruktur

**Restriktionsendonukleasen:** Enzyme, welche die DNA-Doppelspirale an bestimmten Positionen schneiden. Der Name deutet auf den bakteriellen Ursprung hin.

**Reverse Transkriptasen:** Enzyme der Retroviren, die von der RNA-Matrize mittels Transkription in umgekehrter Richtung cDNA herstellen

**RFLP:** Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus. Das Schnittstellenmuster des Restriktionsenzym, das für einen DNA-Abschnitt typisch ist und individuell abweichen kann. Eignet sich zur individuellen Personenidentifizierung.

**Sense:** Nucleinsäuresequenz, die für eine Aminosäurekette codiert

**Southern-Blot-Hybridisierung:** Standardverfahren zur Identifizie-

rung spezifischer DNA-Sequenzen. Die gesamte isolierte chromosomale DNA wird mit einem Restriktionsenzym verdaut, die Fragmente werden mittels Gelelektrophorese getrennt, auf Nitrozellulose oder eine Nylonmembran übertragen (Blotten) und das gesuchte Fragment wird mit einer markierten Sonde nachgewiesen.

**SNP:** (Einzelnukleotid-Polymorphismus). Variation einer einzelnen Base an einem bestimmten Punkt einer DNA-Sequenz, die nicht zur Veränderung der Proteinstruktur führt, jedoch gewisse Eigenschaften vorgibt und anfällig für Krankheiten macht. Ihr Vorkommensmuster wird zur Bestimmung des Haplotyps verwendet.

**SNV:** (Einzelnukleotidvariante) Abweichung vom unversehrten Zustand, die ein Basenpaar der DNA betrifft

**Spleißen:** Ein Vorgang, in dem Stücke aus der hnRNA geschnitten werden, die den Intronsequenzen entsprechen, so dass die für die Proteinkette codierenden Abschnitte nebeneinander gelangen und die mRNA entsteht.

**STR:** (Short tandem repeat). Kurze Wiederholungssequenz (Mikrosatellit). Eignet sich zur individuellen Personenidentifizierung.

**Stringenz:** Gesamtheit der Bedingungen, die eine Hybridisierungsreaktion beeinflussen (Salz- und Formamid-Konzentration, Hybridisierungstemperatur, Länge und GC-Gehalt der Sonde, Prozentsatz der Fehlpaarungen). Diese lassen sich durch Anhebung oder Senkung der Hybridisierungsgenauigkeit (Stringenz), anders gesagt, der Reaktionsspezifität, verändern.

**Transfektion:** Einbringung von Fremd-DNA in vivo in die Zelle

**Transkription:** Ablauf der RNA-Synthese auf der DNA-Matrize

**Translation:** Proteinsynthese von einer mRNS-Matrize aus

**Upstream:** Position vor dem 5'-Ende der DNA

**Vektor:** DNA, die aus einem Prokaryot mit fremdem DNA-Fragment stammt und sich in Bakterien autonom repliziert

**VNTR:** 10-100 bp lange Tandemwiederholungen variabler Anzahl

**Western Blot:** Verfahren zur Identifizierung bestimmter Proteine



# GETESTETE KNOCHENPROBEN UND METHODEN

## *Verwendete Knochenproben*

<b>Personen</b>	<b>Göttingen PCR</b>	<b>Budapest-1 PCR</b>	<b>Budapest-2 Sequenzierung</b>
<b>Béla III.</b>	Mittelfußknochen <b>Fußwurzelknochen</b> Oberschenkelknochen Wirbel	Mittelfußknochen <b>Fußwurzelknochen</b> Oberschenkelknochen Wirbel	<b>Fußwurzelknochen</b> <b>Fußwurzelknochen</b>
<b>Anna von Antiochia</b>	<b>Rippe</b> Wirbel Oberschenkelknochen	<b>Rippe</b>	-
<b>Fötus</b>	Wirbel	n.a.	-
<b>II/52_3</b>	<b>Fußwurzelknochen 1</b> <b>Fußwurzelknochen 2</b> Oberschenkelknochen	<b>Fußwurzelknochen 1</b> Rippe	<b>Fußwurzelknochen 2</b> Fußwurzelknochen 2
<b>II/53_7</b>	Brustbein <b>Rippe</b>	Wirbel <b>Rippe</b>	-
<b>II/54_9</b>	<b>Rippe</b> Oberschenkelknochen	<b>Rippe</b> Oberschenkelknochen	-
<b>II/55_10</b>	<b>Rippe</b> Oberschenkelknochen	Rippe	-
<b>II/109_8</b>	<b>Rippe</b> Wirbel	Rippe	-
<b>I/3 G5</b>	Rippe Fußwurzelknochen Oberschenkelknochen	Rippe	-
<b>I/4 H6</b>	Mittelfußknochen Fußwurzelknochen	Mittelfußknochen <b>Fußwurzelknochen</b>	-
<b>Alle Proben</b>	25	16	4

***Tabelle 22.** Die zu den Skeletten gehörenden verarbeiteten Knochenproben. Die Knochenproben, die von mindestens zwei unterschiedlichen Laboren getestet wurden, sind fett gedruckt. n.a.: nicht analysiert.*



***Die STR-Markertests erfolgten gleichzeitig in drei Laboren:***

1. Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie, Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland (Verena Seidenberg, Dr. Susanne Hummel)
2. Landesinstitut für Onkologie, Abteilung Pathogenese, Budapest-1, Ungarn (Judit Olasz, Dr. Orsolya Csuka)
3. Landesinstitut für Onkologie, Zentrum für Tumorphathologie, Abteilung Chirurgie und Molekularpathologie, Budapest-2 (Dr. Erzsébet Csernák, Dr. Zoltán Szentirmay)

***DNA-ISOLIERUNG***

- Ausschluss der Kontamination der Matrizen-DNA durch die eigene DNA der Forscher:
- Nach Öffnung der Sarkophage aus der Matthiaskirche und der darin enthaltenen Metall- und Glassärge, ihrer Beförderung in das Landesinstitut für Onkologie erfolgte die Entnahme der Skelette und die Probenahme unter sterilen Bedingungen wie bei einer Operation.
- Die Zerstäubung der Knochenproben vor der DNA-Isolierung erfolgte in einer zu diesem Zweck eingerichteten und mit Luftabsaugung ausgestatteten geschlossenen sterilen Räumlichkeit, der die Probe verarbeitende Forscher trug eine spezielle Schutzkleidung.
- Alle Gentests erfolgten anhand der Vorschriften guter Laborpraxis (GLP) in den bereits vorhandenen und für Gentests eingerichteten Räumlichkeiten.

Vor dem Hintergrund, dass die aus den archaischen Knochen isolierbare DNA stark fragmentiert ist, nahm jedes Labor bei der DNA-Isolierung methodologische Optimierungen vor.

*DNS-Isolierung Labor Göttingen (Verena Seidenberg, Dr. Susanne Hummel)*

Im Vorfeld wird erwähnt, dass die aus diversen Knochenproben isolierte DNA aufgrund der postmortalen Knochenschädigung in unterschiedlichem Maße degradiert war und dass die Knochenproben von Béla III. und Anna von Antiochia mit einem Hemmstoff behandelt wurden, was die PCR-Tests nahezu unmöglich machte. Daher wurden auf Grundlage der Fußmittelknochenprobe von Béla III. mithilfe von vier speziellen DNA-Extraktions-Kits (EZ1, QiaVac MinElute Standard, QiaVac MinElute Short, QiaVac MinElute Organic) sechs DNA-Extraktionsvariationen ausgearbeitet, von denen sich die 4., die 5. und die 6. Version zur Isolierung von PCR-DNA-Matrizen aus verschiedenen Knochen eigneten.

Zunächst wurde die DNA aller zehn Proben mit zwei verschiedenen Extraktionsmethoden gewonnen („*QiaVac MinElute Standard*“ und „*EZ1*“; vgl. unten). Bei vielen Proben wurden mithilfe dieser Extraktionsmethoden vielversprechende Amplifikationsergebnisse erzielt. Insbesondere bei den Proben von Béla III. (HU 3B Mt) und Anna (HU AA Co) wurde jedoch festgestellt, dass sie für eine erfolgreiche Amplifikation zu viele Hemmstoffe enthalten. Zur Optimierung des DNA-Extraktionsprozesses wurden daher zwei neue Extraktionsmethoden („*QiaVac MinElute Short*“ und „*QiaVac MinElute Organic*“; vgl. unten) entwickelt.

### ***Probenvorbereitung (für alle DNA-Extraktionsmethoden)***

Die Oberfläche eines jeden Knochenfragments wurde durch 15-minütige Inkubation in einem handelsüblichen Bleichmittel (6 % NaOCl), gefolgt von einer 15-minütigen Spülung mit bidestilliertem Wasser dekontaminiert. Die Proben wurden zunächst über Nacht bei 37 °C getrocknet, dann in einem Stahlmörser zerstoßen und in einer Kugelmühle (Retsch) zerstäubt. 0,25 g Knochenmehl wurden für 18 h bei 37 °C inkubiert und mit 3.900 µl EDTA (0,5 M; pH 8) und 100 µl Proteinase K rotiert.

### ***EZ1***

Danach wurden weitere 50 µl Proteinase K hinzugefügt und die Proben weitere zwei Stunden lang bei 56 °C rotiert. Dann wurden 50 µl SDS hinzugefügt, gefolgt von einer Inkubation von fünf Minuten bei 65 °C. Das Lysat wurde für drei Minuten bei 3.300 rcf zentrifugiert.

Der Überstand wurde auf die Zentrifugalfilter des Typs Amicon® Ultra-4 Centrifugal Filter Devices 30 K (Millipore) übertragen und durch Zentrifugierung bei 5.000 rcf auf ca. 250 ml konzentriert. Das restliche Lysat wurde, unter Verwendung des Trace-Protokolls auf der Forensic Card und des EZ1-DNA-Gewebe-Kits, im BioRobot EZ1 aufgereinigt (alle Komponenten, Soft- und Hardware-Qiagen). Das Elutionsvolumen betrug 50 µl. Die Extrakte wurden bei -20 °C aufbewahrt.

### ***QiaVac MinElute Standard***

Die Dauer der EDTA-/Proteinase-K-Inkubation betrug 18 h. Danach wurden weitere 50 µl Proteinase K hinzugefügt und die Proben

weitere zwei Stunden lang bei 56 °C rotiert. Dann wurden 50 µl SDS hinzugefügt, gefolgt von einer Inkubation von fünf Minuten bei 65 °C. Das Lysat wurde für drei Minuten bei 3.300 rcf zentrifugiert.

Der Überstand wurde mit 16 ml PB-Puffer (Qiagen) und 100 µl Natriumacetatpuffer (pH 5,2) vermischt, für 3 Minuten bei 3.300 rcf zentrifugiert und mithilfe eines QIAvac-24-Plus-Vakuumsystems (beide Qiagen) auf MinElute-Säulen mit großvolumigen Trichtern übertragen. Das Lysat wurde mit einem Vakuum angesogen, gefolgt von drei Waschphasen mit 700 µl PE-Puffer, bei jeweils 5 Minuten Wartezeit vor Öffnung der Vakuumventile. Die MinElutes wurden in Entnahmegefäße gefüllt und eine Minute lang bei 15.700 rcf zentrifugiert und danach für 20 Minuten mit offenen Abdeckungen bei Raumtemperatur abgestellt, um das restliche Ethanol aus dem PE-Puffer zu entfernen. Zur Elution der DNA wurden 20 µl warmes RNase-freies Wasser (Qiagen) auf die Membrane pipettiert und nach einer Wartezeit von 5 Minuten wurden die Säulen eine Minute lang bei 15.700 rcf zentrifugiert. Die Elutionsphase wurde bei jeder Probe dreimal wiederholt. Die Extrakte wurden bei -20 °C aufbewahrt.

### ***QiaVac MinElute Short***

Die Dauer der EDTA-/Proteinase-K-Inkubation betrug 1 h. Danach wurden weitere 50 µl Proteinase K hinzugefügt und die Proben eine weitere Stunde lang bei 56 °C rotiert. Das Lysat wurde für drei Minuten bei 3.300 rcf zentrifugiert.

Der Überstand wurde mit MinElute-Säulen mit großvolumigen Trichtern unter Verwendung eines QIAvac-24-Plus-Vakuumsystems (vgl. oben) ausgereinigt. Die Extrakte wurden bei -20 °C aufbewahrt.

### *QiaVAc MinElute Organic*

Die Dauer der EDTA-/Proteinase-K-Inkubation betrug 18 h. Danach wurden weitere 50 µl Proteinase K hinzugefügt und die Proben eine Stunde lang bei 56 °C rotiert. Das Lysat wurde für drei Minuten bei 3.300 rcf zentrifugiert.

Der Überstand wurde durch 6-minütiges Umdrehen mit 3 ml Phenol vermischt. Zur Phasenseparation wurden die Proben für 10 Minuten bei 56 °C abgestellt. Die organische Phase wurde entfernt und die Proben wurden durch 6-minütiges Umdrehen mit 4,5 ml Chloroform vermischt. Die Phasen wurden erneut wie oben beschrieben separiert. Die wässrige Phase wurde mit MinElute-Säulen mit großvolumigen Trichtern unter Verwendung eines QIAvac-24-Plus-Vakuumsystems (vgl. oben) ausgereinigt. Die Extrakte wurden bei -20 °C aufbewahrt.

### *DNA-Isolierung im Labor Budapest 1 (Dr. Judit Olasz, Dr. Orsolya Csuka)*

1. Eintauchen der Knochenproben in 0,5-prozentiger NaOCl-Lösung für 15 Minuten
2. Dreimaliges Waschen in hochreinem destilliertem Wasser, Trocknung über Nacht.
3. UV-Bestrahlung beider Seiten für 10 Minuten
4. Zerstäubung in Spex-Kryomühle
5. Entkalkung von 0,15-0,20 g Knochenmehl in 5 ml 0,5-M-EDTA-Lösung (pH 8,0) bei 4 °C für 72 Stunden (Die EDTA-Lösung wurde nach vorheriger Zentrifugierung alle 24 Stunden gewechselt.)

### *DNA-Isolierung mithilfe eines DNA-IQ-System-Kits (Promega)*

DNA-Isolierung im Labor Budapest 2 (Dr. Erzsébet Csernák, Dr. Zoltán Szentirmay)

Das Verfahren wurde von uns zur Erstellung der DNA-Bibliothek und zur Sequenzierung ausgearbeitet. Die Schritte sind:

1. Präparation der Knochenproben (Dekontamination zwecks Reduzierung der anwesenden Inhibitormenge):
2. Inkubation der Knochenproben in 0,5-prozentiger NaOCl-Lösung, und UV-Bestrahlung für 10 Minuten.
3. Zweimaliges Waschen erst in hochreinem destilliertem Wasser, danach in 70-prozentigem Alkohol, dann Trocknung über Nacht.
4. Zerstäubung in Spex-Kryomühle.
5. Zweimaliges Waschen von 0,15-0,3 g Knochenmehl bei Zimmertemperatur in 1 ml 0,5-M-EDTA-Lösung (pH 8,0), bei 15-minütiger Inkubation.
6. Entkalkung von 0,15-0,3 g Knochenmehl für mindestens 48 Stunden bei Zimmertemperatur, bei Hinzugabe von 1 ml 0,5-M-EDTA (mit Schütteln: 600 rpm)
7. Fermentation des Überstands in Proteinase-K-Lösung (200µg/ml) bei 56 °C für eine Nacht (mit Schütteln: 300 rpm). Vornahme der zweiten Aufdeckung am restlichen Knochenmehl wie bei der ersten Isolierung.
8. DNA-Isolierung mit Gel-Extraktions-Kit Qiagen MinElute. Elution 40 µl in 1 x TE Puffer.
9. Kontroll-PCR an Amelogenin-DNA mit Kontrollen bekannter Konzentration.

### ***Nachweis von STR-Markern mit der PCR-Methode***

Die Erfahrungen zeigen, dass der Erfolg des Nachweises von STR-Markern auch von der *angewandten Nachweismethode* abhängt, das heißt, von dem eingesetzten Detektions-Kit, der DNA-Sequenzierungsmethode und davon, auf welche Weise die Ergebnisse abgelesen wurden.

In den Laboren Göttingen und Budapest 1 wurden zum Nachweis der A-STR- und der Y-STR-Marker folgende Detektions-Kits verwendet:

Labor Göttingen (Seiderberg, Dr. Hummel)

Zur Untersuchung der **autosomalen STR-Marker** wurden die aufgezählten allgemein verfügbaren Kits verwendet: (1) Heptaplex-miniSTR-Verfahren, Seidenberg et al. (2012) (2) Decaplex-miniSTR-Verfahren. Fehren-Schmitz et al. (2015) (3) Investigator ESSplex SE plus und Investigator ESSplex SE QS (Qiagen), mit der vorherigen PCR-Amplifikation der DNA-Probe von 0,5-5 µl.

**Die STR-Markertest amY-Chromosom** wurden mit folgenden Kits vorgenommen: Powerplex-Y-Kit (Promega) und das laborinterne Decaplex-Y-miniSTR-Kit (Die Primer-Sequenzen zeigen wir an dieser Stelle nicht an).

Labor Budapest 1 (Dr. Judit Olasz, Dr. Orsolya Csuka)

**Autosomale STR-Markertests:** AmpFISTR MiniFiler (Applied Biosystems)

**Y-Chromosomen-STR-Markertests:** AmpFISTR Yfiler kit (Applied Biosystems). Die Ergebnisse wurden mit GeneMapper Software v.4.0 (Applied Biosystems) ausgewertet.

## *Sequenzierung der nächsten Generation (NGS)*

### Labor Budapest 2 (Dr. Erzsébet Csenák, Dr. Zoltán Szentirmay)

Test von fünf A-STR-Markern, zunächst mittels Sequenzerfassung (sequence capture), danach mit DNA-Sequenzierung, an DNA-Proben, die aus den Knochen von Béla III. und denen von Skelett Nr. II/52 isoliert wurden. Von den untersuchten 20 A-STR-Markern unterschieden sich bei den zwei Skeletten die folgenden fünf und wir hatten die Absicht, festzustellen, ob es sich um tatsächliche Unterschiede oder um technische Fehler handelt, die an den degradierten DNA-Proben auftreten. Diese Marker sind: D2S441, D2S1338, D3S1258, D7S820, D19S433. Das Verfahren:

- a. Erstellung eines PCR-Targetpanels mithilfe des Kits Generead DNA-seq Custom Panel v2 (Qiagen). Aufgrund der Degradation der Probe musste die Zusammensetzung des PCR-Gemischs geändert werden: Endvolumen der Reaktion 50 µl, das 25 µl Kapa Hifi HotStar Uracil+ Enzymmix (KapaBiosystems), 10 µl Primermix, 2,5 µl BSA (1mg/ml) und 12,5 µl Matrize enthält. (Anmerkung: Das Hinzusetzungsvolumen des Primermix bzw. der Matrize hängt von der DNA-Konzentration ab.)
- b. Herstellung einer Amplikonbibliothek mit dem QIAseq Ultralow Input Library Kit und mit dem Kit GeneRead Adapter I Set A 12-plex (Qiagen).
- c. Die Sequenzierung erfolgte mit dem Kit MiSeq Reagent Nano Kit v2 auf der Plattform MiSeq Illumina unter Verwendung folgender Parameter (Tabelle 23).
- d. Länge der einzelnen Reads (sequenzierte DNA-Stränge): D2S441, D2S1338, D19S1338 = 151 bp, D3S1358, D7S820 = 142 bp.



Chr	A-STR	Genomregion (bp)	PCR primer forward	PCR primer reverse
2p13.3	D2S441	2:68239063-68239103	AGGAACTGTGGCTCAT- CTATG	TTCACCTCTCCTTCC- CAAATGTTA
2q35	D2S1338	2:218879568-218879718	CATAATCATGAGTTATT- CAGTAAGTTAAAGG	GAGCCAGTGGATT- GGAAAC
3p21.32	D3S1358	3:45582186-45582336	GGCATCTCTTATACTCAT- GAAATCA	CCCCTGCAGTCCA- ATCTG
7q21.11	D7S820	7:83789519-83789619	GTAATTAAATGTTTACTA- TAGACTATTTAGTGAGAT	GGTATGATAGAA- CACTTGTTCATAGTT
19q12	D19S433	19:30417112-30417212	GCACCCATTACCCGAA- TAAAAATC	GGCTGCAAAAAGCTA- TAATTGTAC

**Table 23.** Chromosomenregionen und PCR-Primer.

Die Auswertung der Daten erfolgte mit der Software Burrows-Wheeler Alignment Tool (BWA). Beschreibung der Software: „BWA ist ein Software-Paket für die Abbildung geringfügig divergierender Sequenzen im Vergleich mit einem großen Referenzgenom, wie z. B. das menschliche Genom (HG19). Es besteht aus drei Algorithmen: BWA-backtrack, BWA-SW und BWA-MEM. Der erste Algorithmus ist konzipiert für Illumina-Sequenz-Reads bis zu 100 bp, die beiden anderen für längere Sequenzen im Bereich von 70 bp bis 1 Mbp (Lee und Durbin, 2010“).

Die Sequenzreihenfolge der bei der Sequenzierung bestimmten Allele wurde mit den Daten aus nachstehender Datenbank abgeglichen: STRbase: Internetdatenbank für Tandemwiederholungs-DNA. (Butler J M and Reeder DJ, 1997; Ruitberg et al., 2001).

#### **Häufigkeit autosomaler STR-Marker:**

Die Allel-Häufigkeiten beruhen auf ungarischen Daten aus der Datenbank AllSTR Autosomal Database (<http://allstr.de/allstr/home.seam>), mit Ausnahme der Daten des D9S1120-Markers, die

aus einem Artikel von Phillips et al. (2008) stammen, und der Daten des Markers SE33, die aus einem Buch von Butler (2015) stammen (Die erhobenen Daten werden in einer gesonderten Excel-Datei aufbewahrt).

### ***Y-STR-Häufigkeit und Mutationsrate:***

Stammen aus dem Kapitel „Y-DNA STR frequencies“ der Datenbank **International Society of Genetic Genealogy (ISOGG)**  
[HTTP://ISOGG.ORG/WIKI/Y-STR](http://isogg.org/wiki/Y-STR)

Y-STR-Mutationsdatenbank: [http://isogg.org/wiki/Mutation\\_rates](http://isogg.org/wiki/Mutation_rates)

Unterabschnitt: A table of mutation rates for 111 markers provided by Marko Heinila

Low molecular weight DNA (<300bps) enrichment from all samples was performed using AMPure XP beads (NEB). Library preparation was performed using the TruSeq Nano DNA LT kit (Illumina) according to the manufacturer's recommendations. Library size and quality was confirmed with Fragment Analyzer (Advanced Analytical) and quantitative PCR (Biorad S1000; CFX96 Real Time System). Paired-end sequencing (2X125 bps; 250 Cycles) was performed on the Illumina HiSeq 2500 System (Illumina) using high output flowcells in multiple runs following the manufacturer's recommendations.

### ***Y-chromosomal haplogroup analyses***

Y-chromosome haplogroups were determined using the SNV markers described in Karmin, Saag et al. (2015), Poznik, Xue et al. (2016), Rootsi, Behar et al. (2013)

### ***Mitochondrial haplogroup analyses***

Because of the higher copy number of mitochondrial genomes present in cells, we have obtained good coverage depth and percent of mitochondrial genome covered for all samples. The same data was used to determine the percentage of mitochondrial genome with less than ten-fold coverage. We used the PhyloTree<sub>MT</sub> (Build16) to infer the mitochondrial haplogroups (van Oven and Kayser 2009). Each marker was individually visualized and visually verified to avoid the possibility of a variant calling error.

### ***Statistische Analyse der Verwandtschaftsbeziehungen anhand der A-STR-Marker der Gebeine von Béla III. und des Skeletts Nr. II/52\_3***

Unter Berücksichtigung der A-STR-Marker-Allele, der Allel-Häufigkeiten und der Mutationshäufigkeiten der Allele in Europa und Ungarn wurde die *Wahrscheinlichkeit der Verwandtschaftsbeziehung* mit folgender Methode bestimmt (Dr. Tusnády Gábor):

Investigated persons are supposedly members of the same royal family, but the membership is not necessary. We know from other sources that persons B and A are couples, B is the husband, a King, A is the wife, a Queen. C is an infant, other persons are men but 9 are a woman. The persons C, G, H, 3, 7, 9, 0, 8 are supposed to be descendants of the couple B, A.

Let us denote by  $p(w; v; k)$  the population frequency of the allele for the

w-th locus ( $w = 1; 2; \dots; 7$ );

v-th allele ( $v = 1$  for maternal,  $v = 2$  for paternal allele);

k-th person ( $k = 1; 2; \dots; 10$ ).

For practical reasons frequency of missing data is set to 1. For example  $p(3; 2; 4) = 0.052$ ; it is

the population frequency of the third locus of the fourth person's paternal allele.

Negloglikelihood: In our analysis the basic concept is the logarithm of the likelihood of the whole sample. For avoiding negative numbers we shall multiply by (-1) the loglikelihood, and refer the number as NL (negative log-likelihood). If all the alleles were independent, then  $NL = 216.330451$  In the general case

$$NL = - \sum_{w=1}^m \sum_{v=1}^2 \sum_{k=1}^n \log(p(w, v, k)).$$

Thanks to the negative multiplier any improvement in NL refers to a better family structure of the investigated persons. It may happen, that for some structure NL is larger than the above cornerstone number, and such a situation tells us that the structure is out of question. We shall seek the appropriate family structure by trial and error method for the number of all possible structure is astronomically large. We are not going to present all the details in our research, but it will be motivated solely on corresponding NL numbers.

*In Bezug auf Vater, Großvater und Onkel ist  $NL = 205.639!$*

G	G	B	B	S	S			G	G	B	B	S	S	
1	2	1	2	1	2			1	2	1	2	1	2	
130	173	130	173	0	0	D1S1656		120	173	120	173	0	0	D1S1656
110	113	110	113	110	113	D2S441		0	0	100	100	100	100	D2S441
170	0	170	170	170	190	D2S1338		0	0	200	250	170	200	D2S1338
150	170	150	170	140	150	D3S1358		140	0	140	140	140	140	D3S1358
100	120	0	0	0	0	D5S818		100	120	0	0	0	0	D5S818
100	110	100	110	80	110	D7S820		0	90	80	90	80	90	D7S820
130	140	130	0	0	0	D8S1179		120	140	0	0	0	0	D8S1179
150	160	0	0	0	0	D9S1120		150	160	0	0	0	0	D9S1120
130	130	130	130	0	0	D10S1248		130	0	130	130	0	0	D10S1248
180	190	180	190	0	0	D12S39		0	0	170	180	0	0	D12S39
90	130	90	130	0	0	D13S313		80	130	80	130	0	0	D13S313
110	120	110	120	0	0	D16S539		100	110	100	110	0	0	D16S539
130	160	130	160	130	130	D18S51		130	170	130	170	120	130	D18S51
150	162	150	162	130	130	D19S433		130	0	130	130	120	130	D19S433
300	322	310	322	0	0	D21S11		300	322	300	322	0	0	D21S11
150	160	150	160	0	0	D22S1045		0	0	150	170	0	0	D22S1045
0	0	110	120	0	0	CSF1PO		0	0	90	110	0	0	CSF1PO
210	210	210	210	0	0	FGA		210	250	210	250	0	0	FGA
200	272	0	0	0	0	SE33		0	0	0	0	0	0	SE33
70	90	70	90	0	0	TH01		90	93	90	93	0	0	TH01
170	170	170	170	0	0	VWA		0	0	160	170	0	0	VWA

**Tabelle 24.** Endgültige validierte statistische Datenbank, welche die Allel-Längendaten der mittels PCR in den Laboren Göttingen und Budapest 1 bestimmten A-STR-Marker gesondert enthält. Unter G-G und B-B stehen die väterlichen und mütterlichen Allele aus Göttingen und Budapest sowie die mittels NGS erhaltenen väterlichen und mütterlichen Allele der S-S-Marker. Tusnády: Am Abend des 5. Februar 2017

# LITERATUR

- *150 éve történt. III. Béla és Antiochiai Anna sírjának fellelése. A Szent István Király Múzeum közleményei B. sorozat 49. szám, 1999. Szerk.: Cserményi Vajk.*
- Athey T W: *Haplogroup prediction from Y-STR values using a Bayesian-allele-frequency approach.* J. Genet. Geneol. 1:1–7, 2005.
- Athey T W: *Haplogroup prediction from Y-STR values using an allele-frequency approach.* J. Genet. Geneol. 2:34–39, 2006.
- Bernert Zs: *Pogány szertartás az Árpád-házi királyok udvarában?* [https://sirasok.blog.hu/2011/02/22/pogany\\_szertartas\\_az\\_arpad\\_hazi\\_kiralyok\\_udvaraban](https://sirasok.blog.hu/2011/02/22/pogany_szertartas_az_arpad_hazi_kiralyok_udvaraban) (geöffnet: 25.08.2019)
- Biczó P: *Érdy János leletmentésének tudományos jelentősége.* In: *150 éve történt. III. Béla és Antiochiai Anna sírjának fellelése. A Szent István Király Múzeum közleményei B. sorozat 49. szám, 1999. 16–24.*
- Biczó P: *Az Árpád-házi királysírok – A magyar történelem rejtélyei.* Kossuth, Budapest, 2016.
- Brinkmann B, Klintschar M, Neuhuber F, Hühne J, Rolf B: *Mutation rate in human microsatellites: influence of the structure and length of the tandem repeat.* Am. J. Hum. Genet. 62:1408–1415, 1998.
- Budowle B, van Daal A: *Forensically relevant SNP classes.* 44:603–610, 2008.

- Butler JM, Reeder DJ: *STRbase: A short tandem repeat DNA database*. GenPrint, 1997.
- Butler JM: *Forensic DNA typing. Biology, technology, and genetics of STR markers*. Elsevier Academic Press, 2005. Second edition, Y-STR loci.
- Butler JM: *Advanced topics in forensic DNA typing: Methodology*. Elsevier Academic Press, 2012.
- Butler JM: *Advanced topics in forensic DNA typing: Interpretation*. Elsevier Academic Press, 2015.
- Chandler FJ: *Estimating per locus mutation rates*. J. Genet. General., 2:27–33, 2006.
- Crouse C, Rogers S, Amriott E, Gibson S, Masibay A: *Analysis and interpretation of short tandem repeat microvariants and three-banded allele patterns using multiple allele detection systems*. J. Forensic Sci. 44:87–94, 1999.
- Decker A. E., Kline M. C., Redman J. W., Reid J. W., Bottler J. M.: *Analysis of mutations in father-son pairs with 17 Y-STR loci*. Anal. Bioanal. Chem. 394:1183–1192, 2009.
- Demeter Zs: *Az 1848-as királysír-leletek megtalálásának körülményei és visszhangja Székesfehérvárott*. In: 150 éve történt. III. Béla és Antiochiai Anna sírjának fellelése. A Szent István Király Múzeum közleményei B. sorozat 49. szám, 1999. 25–35.
- Engel P: *Temetkezések a középkori székesfehérvári bazilikában*. Századok, 121:613–637, 1987.
- Éry K: *Embertani vizsgálatok III. Béla és Antiochiai Anna földi maradványán*. In: 150 éve történt. III. Béla és Antiochiai Anna sírjának fellelése. A Szent István Király Múzeum közleményei B. sorozat 49. szám, 1999. 9–15.

- Éry K (szerk.): *A székesfehérvári királyi bazilika embertani leletei. 1848–2002.* Balassi, Budapest, 2008.
- Érdy J: *III. Béla király és nejének Székes-Fehérvárott talált síremlékei.* In: Kubinyi F., Vachot I.: *Magyarország és Erdély képekben.* I. Pest, 1853. 42–48.
- Fehren-Schmitz L, Llamas B, Lindauer S, Tomasto-Cagigao E, Kuzminsky S, Rohland N, Santos FR, Kaulicke P, Valverde G, Richards SM, Nordenfelt S, Seidenberg V, Mallick S, Cooper A, Reich D, Haak W: *A Re-Appraisal of the Early Andean Human Remains from Lauricocha in Peru.* PLoS One 10 (6):e0127141, 2015. doi: 10.1371/journal.pone.0127141
- Fornaciari G, Giuffra V: *The „gout of the Medici”: making the modern diagnosis using paleopathology.* Gene. 1:528(1):46–50, 2013.
- Gansauge M-T, Meyer M: *Single-stranded DNA library preparation for the sequencing of ancient or damaged DNA.* Nature Protocols, 8:737-748, 2013.
- Gombos A F (ed.): *Catalogus Fontium Historiae Hungaricae I–III.* Budapestini, Academiae Litterarum de Sancto Stephano rege nominatae necnon Academiae Litterarum Hungaricae socius ordinarius, 1937–1938.
- Guo Y et al.: *MitoSeek: extracting mitochondria information and performing high-throughput mitochondria sequencing analysis.* Bioinformatics, 29(9):1210–1211, 2013.
- Henke J, Henke L: *Mutation rate in human microsatellites.* Am. J. Hum. Genet., 64:1473–4, 1999.
- Henszlann I: *A székesfehérvári ásatások eredménye. 9 rajzzal.* (Ivr. 226 l.) Heckenast G., Pest, 1864. (Akadémia.) 2.
- Holczmann B O/A: *Identification of Bela II. (The Blind).* Rese-



archGate GmbH (Ed) [https://www.researchgate.net/publication/331834431\\_Identification\\_of\\_Bela\\_II\\_The\\_Blind](https://www.researchgate.net/publication/331834431_Identification_of_Bela_II_The_Blind)

- Holczmann B O/B: <https://www.researchgate.net> & <https://hu.wikipedia.org>
- Hóman B: *Külpolitikai irányok a magyar történetben*. Franklin, Budapest, 1931.
- Hutai G: *III. Béla király és Antiochiai Anna sírleleteinek restaurálásáról*. In: 150 éve történt. III. Béla és Antiochiai Anna sírjának fellelése. A Szent István Király Múzeum közleményei B. sorozat 49. szám, 1999. 36–59.
- Janssen H A M, Maat G J R.: *Canons buried in the stiftskapel of the Saint Servaas Basilica*. Barger's Anthropologica. Vol. 5. Springer Verl. Berlin, 1999. 1–43.
- Józsa L, Forgács S: *A Forestier betegség története*. Osteologiai Közlemények, 4:174–179, 2009.
- Józsa L: *A Forestier betegség pathomorphológiája*. Osteologiai Közlemények, 1:11–14, 2010.
- Józsa L: Személyes közlés, 2014.
- Karmin M et al.: *A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture*. Genome Res, 25(4): 459–466, 2015.
- Kayser M, Roewer L, Hedman M et al.: *Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y chromosome, as revealed by direct observation in father/sonpairs*. Am. J. Hum. Genet. 66:1580–1588, 2000.
- Kásler M, Szabados Gy: *A középkori magyar nagyhatalom*. In: Kásler M (szerk.): Nemzeti Nagyvizit, 2. köt. Pallas Athéné Domus Animae Alapítvány, Budapest, 2015. 172–180.

- *Képes Krónika*. Fordította Bellus I. Európa, Budapest, 1986.
- King TE, Fortes GG, Balaresque P et al.: *Identification of the remains of King Richard III*. Nature Communications, 5:5631, 2014.
- Kristó Gy (szerk.): *Az államalapítás korának írott forrásai*. Szegedi Középkorász Műhely, Szeged, 1995.
- Kristó Gy, Makk F: *Az Árpád-ház uralkodói*. I. P. C. Könyvek, Budapest, 1995.
- Kubinyi A: *Királyi kancellária és udvari kápolna Magyarországon a XII. század közepén*. In: Kubinyi A.: *Főpapok, egyházi intézmények és vallásosság a középkori Magyarországon*. METEM, Budapest, 1999. 7:67.
- László Gy: *Szent László Győri ereklyetartó mellszobráról*. Arrabona Múzeumi közlemények 7, 1965. 157–209.
- Li H, Durbin R: *Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler Transform*. Bioinformatics, 25:1754–60, 2010.
- Loogväli EL, Roostalu U, Malyarchuk BA., Derenko MV, Kivisild T et al.: *Disuniting uniformity: a pied cladistic canvas of mtDNA haplogroup H in Eurasia*. Mol. Biol. Evol. 21(11):2012–2021, 2004.
- Luzsa Gy, Gáspárdy G, Nemeskéri J, Éry K: *Paleoradiológiai tanulmány a székesfehérvári bazilika 15 csontváz maradványról*. Magyar Rad., 62:39–50, 1988.
- Luzsa Gy, Gáspárdy G, Nemeskéri J, Éry K: *Occurrence of Hahn's vertebral vascular channels on medieval skeleton*. Hung. Rheumat. Suppl. 1989. 99–101.
- Mader R, Verlaan J-J, Eshed I, Jacome B-A, Puttini P S, Atzeni F, Buskila D, Reinshtein E, Novofastovski I, Abdallah Fawaz A, Kurt de V, Baraliakos X: *Diffuse idiopathic skeletal hyperostosis(DISH): where we are now and where to go next*. RMD Open, 3:e000472, 2017.

- Makk F: *III. Béla emlékezete*. Szerkesztők: Zolnay László, Klaniczky Tibor, Stoll Béla, Dercsényi Dezső, Szűcs Jenő, Kristó Gyula. Magyar Helikon, Budapest, 1981.
- Makk F: *The Árpáds and the Comneni: Political Relations between Hungary and Byzantium in the 12<sup>th</sup> century*. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1989.
- Makk F: *Magyar külpolitika (896–1196)*. Szerkesztő: Kristó Gyula. Szegedi Középkorász Műhely, Szeged, 1996. 243.
- Mende B G: *Hogyan ne azonosítsuk az Árpád-házi királyokat?* In: Liska A, Szatmári I (szerk.): *Sötét idők rejtélyei. 6–11. századi régészeti emlékek a Kárpát-medencében és környékén*. Tempora Obscura 3. Békéscsaba, 2012. 561–571.
- Nakajima M, Kou I, Ohashi H, et al.: *Identification and functional characterization of RSPO2 as a susceptibility gene for ossification of the posterior longitudinal ligament of the spine*. Am. J. Hum. Genet, 99:202–207, 2016.
- Olasz J, Seidenberg V, Hummel S, Szentirmay Z, Szabados Gy, Melegh B, Kásler M: *DNA profiling of Hungarian king Béla III and other skeletal remains originating from the Royal Basilica of Székesfehérvár*. Archaeol. Anthropol. Sci. 4(11):1345–1357, 2018.
- Pala M, Olivieri A, Achilli A, Accetturo M, Metspalu E et al.: *Mitochondrial DNA signals of late glacial recolonization of Europe from near eastern refugia*. Am J Hum Genet 4 90(5):915–924, 2012.
- Pauer J: *A Székesfehérvárott földfedezett királyi sirboltról*. Székesfehérvárott, 1849.
- Phillips C A, Rodriguez A, Mosquera-Miguel A, Fondevila W, Porras-Hurtado L F, Rondon F, Salas A, Carracedo A, Lareu M V: *D9S1120, a simple STR with a common Native American-specific*

*allele: Forensic optimization, locus characterization and allele frequency studies.* Forensic Science International: Genetics, 3:7–13, 2008.

- Pike D A, Barton T J, Bauer S L, Kipp E B: *Haplogroup T phylogeny based on full mitochondrial sequences.* J. Genetic Geneal. 6(1), 2010.
- Pohl W: *A non-Roman empire in Central Europe.* In: Goetz H-W, Jarnut J, Pohl W (eds.): Regna and Gentes. The Relationship between Late Antique and Early Medieval Peoples and Kingdoms in the Transformation of the Roman World. Brill, Leiden–Boston, 2003. 571–595.
- Poznik G D, et al.: *Sequencing Y chromosomes resolves discrepancy in time to common ancestor of males versus females.* Science, 341 (6145):562–565, 2013.
- Regöly-Mérei Gy: *III. Béla magyar király és hitvese, Anna királynő hamvainak palaeopathologiai vizsgálata.* Orv. Hetil., 109(8):423–427, 1968.
- Richards M, Macaulay V, Hickey E, Vega E, Sykes B, Guida V, Rengo C, Sellitto D, Cruciani F, Kivisild T, Villems R, Thomas M, Rychkov S, Rychkov O, Rychkov Y, Gölge M, Dimitrov D, Hill E, Bradley D, Romano V, Cali F, Vona G, Demaine A, Papiha S, Triantaphyllidis C, Stefanescu G, Hatina J, Belledi M, di Rienzo A, Novelletto A, Oppenheim A, Nørby S, al-Zaheri N, Santachiara-Benerecetti S, Scozzari R, Torroni A, Bandelt HJ: *Tracing European founderlineages in the near eastern mtDNA pool.* Am. J. Hum. Genet. 67(5):1251–1276, 2000.
- Rootsi S et al.: *Phylogenetic applications of whole Y-chromosome sequences and the Near Eastern origin of Ashkenazi Levites.* Nat. Commun. 4: 2928, 2013.

- Ruitberg CM, Reeder DJ, Butler JM: *STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community*. Nucleic Acid Res. 1(29):320–322, 2001.
- Sajantila A, Lukka M, Syvanen A-C: *Experimentally observed germline mutations at human micro- and minisatellite loci*. Eur. J. Human Genet. 7:263–266, 1999.
- *Sancti Stephani regis primi Hungariae Libellus de institutione morum sive Admonitio spiritualis – Szent István: Erkölcstanító könyvecske avagy Intelmek*. A szöveget gondozta és fordította: Havas L. Debrecini, 2004.
- Seidenberg V, Schilz F, Pfister D, Georges L, Fehren-Schmitz L, Hummel S: *A new miniSTR heptaplex system for genetic fingerprinting of ancient DNA from archaeological human bone*. Journal of Archaeological Science 39:3224–3229, 2012.
- Szabados Gy: *Magyar államalapítások a IX–XI. században. Előtanulmány a korai magyar állam történelmének fordulópontjairól*. Szegedi Középkorász Műhely, Szeged, 2011. 416.
- Szabados Gy: *Könyves Béla király? Egy székesfehérvári királysír azonosításáról*. Alba Regia. Szent István Király Múzeum Közleményei. (Annales Musei Stephani Regis). Székesfehérvár, C sorozat, 44:193–204, 2016.
- Szabados Gy: *Folytonosság és/vagy találkozás? „Avar” és „magyar” a 9. századi Kárpát-medencében*. Hága T K - Kolozsi B szerkesztők: *Sötét idők túlélői. A kontinuitás fogalma, kutatásának módszerei az 5–11. századi Kárpát-medencében*. *Tempora Obscura* 4. Debrecen, 2018. 227–253.
- Szabados Gy: *Szent István Király Múzeum Közleményei*. (Annales Musei Stephani Regis). Székesfehérvár, C sorozat 44. szám. 2016.

- Szentpétery E (ed.): *Scriptores Rerum Hungaricarum* I–II. Budapestini, 1937–1938.
- Szőke B M: *A Karoling-kor a Kárpát-medencében*. Magyar Nemzeti Múzeum, Budapest, 2014.
- Thoroczky G (szerk.): *Írott források az 1116–1205 közötti magyar történelemről*. Szegedi Középkortörténeti Könyvtár, 28. Szegedi Középkorász Műhely, Szeged, 2018.
- Tóth E: *III. Béla vagy Kálmán?* *Folia Archeologica* LII, 52:141–146, 2005–2006.
- Török A: *1883. évi antropológiai vizsgált*. Idézet Éry könyvéből, 2008. 19.
- Török A<sup>a</sup>: *Jelentés III-ik Béla magyar király és neje testereklýeiről*. MTA Értekezések a Term. Tud. köréből, 23, 175–355, 1894.
- Török A<sup>b</sup>: *Adatok az Árpádok testereklýéinek embertani búvárlatához*. MTA Értekezések a Term. Tud. köréből 23, 1994. 565–630.
- Török A: *III. Béla és első hitvese földi maradványai*. In: Forster Gy (szerk.): *III. Béla magyar király emlékezet*. 1900. 200–206.
- Uzsoki A: *I. András király sírja Tihanyban és a sírlap ikonográfiai vonatkozásai*. *A Veszprém Magyar Múzeumok Közleményei* 17:145–188, 1984.
- Vanek D, Saskova L, Koch H: *Kinship and Y-chromosome analysis of 7<sup>th</sup> century human remains: novel DNA extraction and typing procedure for ancient material*. *Forensic Sci.*, 50:286–294, 2009.
- Van Oven M, Kayser M: *Updated Comprehensive Phylogenetic Tree of Global Human Mitochondrial DNA Variation*. *Human Mutation*, 2009. 30.
- Váradi O A, Horváth O, Marcsik A, Molnár E, Pálfi Gy, Bereczki Zs: *Különleges formájú jelképes trepanációk a Dél-Alföldről*. An-

thropologiai Közlemények 56:91–104, 2015.

- Waldron T: *DISH at Merton Priory: evidence for a „new” occupational disease*. Brit. Med. J. 291:1762–1763, 1985.
- Walsh B: *Estimating the time to the most recent common ancestor for the Y chromosome or mitochondrial DNA for a pair of individuals*. Genetics, 158:897–912, 2001.
- Weber J L, Wong C: *Mutation of human short tandem repeats*. Human Molec. Genet. 2:1123–1128, 1993.
- Zvánigorsky V, Crubézy E, Gibert M, Thèves C, Hollarda C, Gonzalez A, Fedorovac A S, Alexeev A N, Rozalia I. Bravinae B I, Ludesb B, and Keysera C: *The genetics of kinship in remote human groups*. Genetics 25:52–62, 2016.





Der Band wurde vom Forschungsinstitut für Hungarologie ausgegeben.

Postanschrift: 1014 Budapest, Űri utca 54–56.

Webseite: [mki.gov.hu](http://mki.gov.hu)


E-Mail: [kiado@mki.gov.hu](mailto:kiado@mki.gov.hu)

Verantwortlicher Herausgeber: Gábor Horváth-Lugossy (MKI)

Redakteur: István Virág

Umschlagsplan, technische Konstruktion: Gábor Tóth, Mihály Tóth

Druck und Bucheinband: OOK-PRESS Nyomda, Veszprém, [ookpress.hu](http://ookpress.hu)



In unserem Buch geben wir eine genaue Beschreibung unserer gemeinsamen Arbeit, die sich die genetische Untersuchung der aus der Basilika der Jungfrau Maria in Székesfehérvár stammenden und in der Unterkirche der Liebfrauenkirche (Matthiaskirche) in Budapest aufbewahrten Skelette zum Ziel gesetzt hatte. Die Voraussetzung dafür war die genetische Untersuchung der Skelette von Béla III. und Anna von Antiochia, die in der kirchlichen Kapelle von Matthiaskirche in verzierten Sarkophag aufbewahrt werden. In Kenntnis der so bestimmten Genotyp aus dem Arpadenhaus konnte die individuelle Identifizierung der im Sarkophag der Unterkirche aufbewahrten Skeletten ausgeführt werden, und wir konnten einen früher noch nicht identifizierten König des Arpadenhauses erkennen. Die Entdeckung hat auch zu der Forschung des Ursprungs der Arpaden geführt.

Wir empfehlen dieses Buch mit gutem Gewissen all denen, die sich für die glänzendste Epoche der ungarischen Geschichte interessieren, mehr über unsere namhafteste Könige erfahren möchten und vor ihren identifizierten Überresten an dem Ort, wo die Geschichte ihre ewige Ruhe gestört hat, die Ehre erweisen möchten. Wir empfehlen dieses Buch auch all jenen, die einen Einblick in die Anwendung der modernen Genetik bekommen möchten.