

ARCHEOGENETIKA ÉS A HONFOGLALÁS KOR NÉPESSÉGTÖRTÉNETE: ÚJ MÓDSZER – RÉGI PROBLÉMÁK

Mende Balázs Gusztáv

PhD, osztályvezető,
MTA Régészeti Intézet Archeogenetikai Laboratórium
mend@archei.mta.hu

Bevezetés

A magyar őstörténet népelességtörténeti folyamatai természettudományos kutatásában több szakasz ismerhető fel. Ezek a vizsgálódások megfelelnek a tudományterületek fejlődési szakaszainak, és meglehetősen pontosan leképezik a világban zajló etnogenetikai kutatások irányait is. Érdeemes megvizsgálni, milyen alapvetések mentén zajlanak ezek a kutatások, és választ keresni arra a kérdésre, léteznek-e olyan általános érvényű problémák, amelyek, túl a vizsgálatok metodikai nehézségein, korlátozhatják a kapott eredmények történeti kontextusba helyezését, különös tekintettel a Kárpát-medence népelességtörténetére.

A legnagyobb múltra visszatekintő kutatási terület a fizikai antropológia (Bernhard – Kandler-Pálsson, 1986). Ez egyben az egyetlen olyan terület, ahol a népelességtörténeti következtetések levonásának archaikus adatra épülő jogosultsága is van. A Kárpát-me-

¹Általánosságban lásd Archaeogenetics 2000, Magyarország Bérés, 2003; Czeizel, 1990

dence népelességtörténete a provinciális idők-től – függően elsősorban a temetkezési rítusoktól – fizikailag jellemezhető nagyszámú originális, az adott történeti-régészeti időszakot reprezentáló humán variáció-mintázatokkal. Korlátozottabb mértékben, de „korba illő” adataink vannak a sztyepei útvonal, a magyar etnogenezis szempontjából fontos régészeti kultúrák emberét illetően is. A mai magyar népelesség antropológiai összetétele mind a típusok, mind a metrikus jellemzés tekintetében rendelkezésre áll. Ez az adatbázis jóval gazdagabb, mint bármely archaikus sorozat, hiszen más fenotípusos jellegzetességek is megfigyelhetők, mint a szőrzet, a pigmentáció. Néhány külső jegy írott forrásokból azonosítható, de többségük csak modern adatokkal való összevetésben nyújt többletinformációt. A legfontosabb vizsgálható, archaikus adatbázisban is megnyugtató pontossággal használható paraméterek a koponyaindexek és a testmagasság. Ezen mérhető adatok varianciáját azonban multifaktoriális tényezők befolyásolják, a fenotípusos kifejeződésben jelentős környezeti tényezők is szerepet

játszanak, főként a testmagasság alakulásában. Tehát a honfoglalás kori és a 20. századi testmagasságadatok összehasonlítása csak korlátozott mélységű konzekvencia levonására ad módot. Más a helyzet akkor, ha időben és térben egymáshoz „közele” két adatot hasonlítunk össze: *Éry Kinga* vizsgálatai alapján a klasszikus honfoglalók önmagukban nem lehettek a kora Árpád-kori népelességek közvetlen genetikai előzményei, hiszen a testmagasságadataik között jelentős eltérés mutatkozik (Éry, 1998). Bonyolultabb a helyzet a koponyaformák összehasonlításával, mert ebben az esetben jóval nehezebb elkülöníteni egymástól a külső hatások okozta változásokat és a poligénes öröklésment által determinált formákat. A klasszikus honfoglalók jelentős arányban tartalmaztak rövidfejű komponst, a mai modern népelesség túlnyomó többsége is az. Ez azonban semmiféle konkrét összefüggést nem jelent, mert jelenlegi tudásunk szerint a honfoglalás korában még jelentős rövidfejű népelem az Árpád-korra periferizálódik. A „mai” rövidfejűség fő összetevője pedig nem a honfoglaló örökség, hanem az egész európai területre jellemző, eddig nem ismert genetikai determináltságú koponyarövidülés (abszolút méretek tekintetében a szélességi dimenzió növekedéséből következik), mely folyamat a Kárpát-medencében a 13. században kezdődik. Mindkét alapvető paraméterről elmondható, hogy sok száz év alatt olyan változásokon mehet keresztül, amelyek a közvetlen összehasonlítás eredményeinek direkt interpretálását nem teszik lehetővé, azt még kevésbé, hogy az esetleges változásokat meseszerű elemekkel magyarázzuk (fejfedő viselete, lovas életmód, stb.).

Az ember külső testi jegyeinek vizsgálatával szemben konkrétabb információink vannak egyes biokémiai polimorfizmusok örök-

lésmenetéről. Így az ebből az összefüggésrendszerből levonható konzekvenciák sokkal megbízhatóbbak, mint az antropológiai jegyek esetében. E módszerek hátránya azonban, hogy archaikus adatbázis létrehozását többnyire nem teszik lehetővé. Ennek oka, hogy az élő (friss) emberi szövetekben jól identifikálható markerek több évszázad múltán már nem, vagy csak nagyon korlátozott mértékben vizsgálhatók. A történeti következtetéseket ezekben az esetekben abból az alapvető populációgenetikai törvényszerűségekből vonják le, hogy egy genetikai jellegzetesség ott a legvariábilisabb, ahol a jellegzetességet okozó mutáció eredetileg kialakult. Ezért az összehasonlításokat nem kronológiai, hanem földrajzi vonatkozásban végzik el. Például, ha megvizsgálják a mai modern magyar népelesség és a kunok egyes genetikai markereinek összefüggéseit, akkor a „történeti korú” kunokat a „mai” kunokkal helyettesítik. A vizsgálati eredményekből levont konzekvenciák azonban csak korlátozott mértékben alkalmasak a „történeti korú” kunok és a mai magyarok hasonlóságának vizsgálatára. Még kevésbé relevánsak azok az összefüggések, amelyek a magyar törzsi vándorlás korábbi etapjainak modern területi megfelelőire vonatkoznak. Így pl. a ma élő cseremis népelesség vércsoport-specifitásbeli mintázatai akkor se lennének *közvetlen* összefüggésbe hozhatók a 10. századi Kárpát-medencei adatokkal, ha azokkal egyáltalán rendelkezniénk. Annak a kimutatása, hogy a finnugor eredetű népelesség és a mai magyarság vércsoport-megoszlása között hasonlóságok vannak, új, őstörténeti szempontból használható konzekvencia levonását nem teszi lehetővé, mint ahogy a madagaszkári vércsoport-gyakoriságok sem a rokonság miatt mutattak jelentős egyezést az orosz katonák hasonló tulajdonságával.

A régészeti korú humán csontból nyerhető adatok nemcsak temetők közötti, hanem temetőn belüli felhasználhatóságát érte el *Lengyel Imre*, paleoserológiai vizsgálati módszerével (Lengyel, 1975). Az egyes minták közötti összefüggések felvázolásával lehetőség nyílt családi kötelékek rekonstruálására is, ami elsősorban kisebb temetők belső kronológiájának és homogenitásának/heterogenitásának megállapítása miatt bírt kiemelt jelentőséggel. Lengyel 1975-ben megjelentetett munkájában több mint ötezer minta elemzését összegzi, és hasonló nagyságrendű lehet az 1975–1991 között végzett vizsgálatba vont elemszám is. E kétségkívül nagy volumenű, de csak részben közölt kutatási eredményeknek az eurázsiai népmozgások kontextusába helyezése mindmáig várat magára.

Tauszik Tamás és munkatársai immunoglobulinok allélváltozatainak recens mintán történt vizsgálatából vontak le következtetéseket a modern magyar népesség ázsiai gyökereit illetően (Tauszik, 1990), *Macumoto Hideo* (*Hideo Matsumoto*) japán kutató adatbázisaira és módszerére alapozva. Eredményeket Róna-Tas András próbálta a magyar őstörténet szempontjából fontos aprópénzre váltani, jó arányérzékkel mutatva rá a módszer erényeire és következtetéseinek határos voltára (Róna-Tas, 1990).

Az archeogenetikai kutatások magyarországi meghonosodása a szegedi akadémiai kutatóintézet nevéhez köthető, ahol *Raskó István* kutatócsoportja 1994-ben kezdte meg archaikus DNS izolálását és tipizálását régészeti korú emberi maradványokból, a szegedi Embertani Tanszék nagyrészt alföldi mintáira alapozva vizsgálatait. Ehhez a kezdeményezéshez csatlakozott 2001-ben az MTA Régészeti Intézete is, önálló PCR-laboratóriumot

hozva létre Budapesten.² E kutatási együttműködés újabb eredményei e kötetben olvashatók.

Minta és adatbázis: ahogy tetszik?

Függetlenül a választott módszertől, általános elvárás, hogy a vizsgálati eredményekből levont konzekvenciák mögött milyen összehasonlított adatbázisok vannak, és azok milyen kapcsolatban állnak egymással. A különböző adatbázisokat földrajzi és kronológiai szempontok alapján állíthatjuk össze és értékelhetjük. Általánosságban elmondható, hogy a fizikai antropológia kivételével az összehasonlított adatbázisok mindegyike „modern” adatra épül. Ez azt jelenti, hogy az adott népességről rendelkezésre álló adat területi jellegű, és nem tartalmaz jelentős kronológiai mélységet, vagy éppen csak túl nagy időmélységben nyújt értelmezési lehetőséget. Erre példa, ha a mai modern magyar „mintákat” recens, a magyar őstörténet szempontjából kiemelkedően fontos területen élő, népességekkel hasonlítjuk össze, függetlenül, hogy a minta vércsoportra vagy más genetikai jellegzetesség vizsgálatának eredményeire szorítkozik. Ez a megoldás a megfelelő történeti-régészeti kort reprezentáló adatok hiánya miatt érthető. Ugyanakkor nem hagyható figyelmen kívül, hogy az összehasonlításba vont népességnek is megvan a saját „őstörténete”, azon belül kronológiai és területi mozgásteret.

Ezen okok miatt a jelenkori és a 10. századi magyarság (közkeletűbb néven a honfoglalók) összehasonlítása esetében is érdemes megnézni, milyen szempontok alapján hozzuk létre az összehasonlítandó adatbázisainkat. A modern adatbázis alapja nyelvi, kul-

² Eredményeiről részletesen: *Történeti genetika a magyar ethnogenezis kutatásában*. NKFP 2001/5/088 pályázat záróbeszámoló 2004.

turális identitás alapú, földrajzi-politikai értelemben vett összetartozás. Mindkét ágon magukat minimum két generáció mélységben magyarnak valló és magyarul beszélő felmenőkkel rendelkező egyének alkotják. A 10. századi adatbázis alapja a jelenleg használatos régészeti terminológia és az ehhez kapcsolódó (vagy ebből fakadó) kronológiai aspektus. Kimondható, hogy a két adatbázisnak egyetlen közös gyűjtő-rendező elve van: a lokalitás. Ez a tény már önmagában is a visszafogott eredmény-interpretálás mellett szól. Még nehezebb a dolgunk, ha a 10. századi magyarság és a vélt genetikai-társadalmi előzményei összehasonlítását kívánjuk elvégezni. Az a klasszikusnak nevezett régészeti kultúrkör és motívumkincs, amely alapján a 10. századi „honfoglaló magyar” kategória kialakítható, egészen minimális közvetlen előképpel rendelkezik a sztyepei területekről (Bálint, 1994). Tehát nincs közvetlen régészeti összefüggésből eredő koherencia, és nincs lokalitásbeli egyezés se.

Más a helyzet, ha a mai „magyar” adatokat a nyelvészeti és történeti adatok alapján a magyar őstörténettel összefüggésbe hozható, mai populációk adataival hasonlítjuk össze. Ebben az esetben a kiválasztási szempontok hasonlóak és a minták tere különbözik. Az összehasonlítás eredménye azonban értékelhetetlen anélkül, hogy e történeti-nyelvészeti kontextusban rokonnak nevezhető populációk saját történetét is vizsgálánánk, leginkább genetikai összetevők és a népesség földrajzi megjelenésének változása tekintetében.

Az archeogenetika védelmében

Az elfogadott kutatási eredmények mint aktuális tudományos igazságok lineáris alkalmazásának, az eredmények összefűzésének szemlélete nem alkalmazható a különböző

öröklődő biológiai markerek-jellegzetességek vizsgálati eredményei interpretálásakor. Különösen igaz ez a kis minta-elemszámokon nyugvó konzekvenciákra. Ha az új archeogenetikai vizsgálatoktól a Kárpát-medence népességtörténeti folyamatainak megismerését lehetővé tevő eredményeket várunk, akkor jelentős kutatói türelemmel és még több anyagi lehetőséggel kell rendelkezünk. A két akadémiai intézetben folyó kutatás outputja (mintegy 80 db. 9–11. századi csontmintából származó mtDNS-szekvencia) *jelenleg* kevés ahhoz, hogy belőle nagy ívű, egyes elméleteket támogató, másokat periferezáló következtetéseket vonjunk le. Természetes módon adódik a kérdés, mekkora befektetés árán és milyen időintervallumban várható a minták nagyságrendjének olyan mértékű növekedése, amely mind a statisztikai mintavétel, mind az egyre növekvő társtudományi érdeklődés próbáját kiállja. Magam ezt az adatfelhalmozó időszakot minimálisan öt-tíz évben határozom meg. Természetesen adott sírcsoporton belüli összefüggések és a belőlük adódó régészeti-történeti konzekvenciák már a kutatás jelenlegi állásában levonhatók (jó példa erre a hartai temető). Függetlenül azonban a rendelkezésre álló adatbázis nagyságától, elmondható – hasonlóan a többi populációgenetikai jellegű kutatáshoz –, hogy az archeogenetikai vizsgálatok csoportosító és értelmező kategóriái túl szélesek, ezáltal a vizsgálati eredmények túlságosan általános képet mutatnak. Elég, ha csak azt tekintjük, hogy a recens mtDNS-típusok megoszlása tekintetében a magyar populáció szinte alig különül el a román, cseh, lengyel és balkáni népességektől, sőt sok esetben még a belső heterogenitásuk is hasonló mintázatú. Ez azonban nem a vizsgálati módszer hibája, sokkal inkább annak az elkerülhetetlen felis-

merése, hogy a történeti távlatban is vizsgálható (tehát régészeti korú humán maradványokból kinyerhető és tipizálható), jól követhető öröklésmenttel bíró polimorfizmusok kialakulása és mintázatának változása mint biológiai folyamat kronológiai értelemben túlságosan mély; konkrét népességtörténeti összefüggések tekintetében csak felületesen rekonstruálható. Ezért várható, hogy a létrejövő adatbázisokban szereplő molekuláris genetikailag elkülöníthető csoportegységek konkrét népességtörténeti kérdésekben „jellegtelennek” fognak mutatkozni, és közvetlen interpretálásra, főként kronológiai értelemben nem lesznek alkalmasak. Régészeti-történeti és így kronológiai adat nélkül az adatok „üresek” maradnak, bármekkora mentális és technológiai erőfeszítést is öl bele a molekuláris genetikai szakember. Látni kell, hogy azok a „nemzeti” eredetkutatások, amelyeket eddig archeogenetikai módszerekkel Európában végeztek, mind időben, mind térben, mind történeti adatok szempontjából jóval körülhatároltabbak, megköcskázottak: egyszerűbbek, mint a magyar őstörténet hasonló adottságai.

A vizsgált genetikai jellegzetességek által meghatározott mintázatok hasonlóságait-eltéréseit adott szabályok alapján, egyszerű leíró módon elemezni tudjuk. De nagyon behatárolt lehetőségeink vannak annak a kérdésnek a megválaszolására, hogyan és legfőképpen mikor jöttek létre az egyes populációk közötti eltérések. A vizsgálataink ugyanis abból a preconcepcióból indulnak ki, hogy a Kárpát-medence 10. századi népessége és a jelenkori magyar populáció közötti ázsiai haplocsoport-megoszlás eltéréseinek alapja a 10. században érkezett honfoglaló népesség keleti, hagyományos elnevezéssel ázsiai eredetű népességösszetevője. Ahhoz azonban, hogy e terület népessége haplotípus-

mintázatának változását jól ítéljük meg, szükséges az ázsiai elemek korábbi vagy későbbi megjelenési lehetőségét is számba vennünk. Nem szabad figyelmen kívül hagyni, hogy eddigi vizsgálati eredményeink nem alkalmasak a modern magyar populáció ázsiai eredetű anyjai ága csupán a 10. századi gyökerekből való származtatására. Több egymás utáni időmetszet adatai kellenek ahhoz, hogy a változásokat folyamatukban értelmezhesük. A recens magyar népességben kimutatható néhány százalékos és a jelenleg rendelkezésre álló archaikus adatbázis mintegy 15 százalékos ázsiai haplocsoportarány-adata önmagában semmilyen meglepetéssel nem szolgál abban a tekintetben, hogy mintegy ezer év, ca. 35–40 generáció leforgása alatt a vélhetően a honfoglalókkal a Kárpát-medencébe érkező ázsiai eredetű csoportok genetikai lenyomata természetesen módon kihígulhatott. Kérdés azonban, hogy ez a hígulási folyamat egyenletes módon, évszázadonként csökkenő tendenciát mutatva ment végbe, vagy már az Árpád-kor első évszázadának végére minimálisra csökkent az ázsiai eredetű népességcsoportok aránya. Ez utóbbi esetben ugyanis arra a következtetésre kell jutnunk, hogy a Kárpát-medence népessége nagyságrendileg múlta felül az újonnan érkezők számát, és/vagy a honfoglaló népességnek sem alkották lényeges összetevőjét az általunk vizsgálatba vontak. Így igazolódna az az előfeltevés, hogy a régészeti meghatározás által „klasszikus honfoglalóként” kategorizált csoport népességtörténetileg nem értelmezhető, sem számarányát, sem más biológiai karakterét tekintve nem használható fel más csoportokkal történő direkt összehasonlításra. Az ázsiai elemek honfoglaló csoportjaihoz történő kötésének alapvető feltétele lenne az is, hogy legyenek ismereteink a honfoglalás előtti évszázad(ok) Kárpát-

medencei népességének hasonló jellemzőiről. Ha ugyanis bebizonyosodna, hogy a 8–9. századi népességekben szintén magas és hasonló megoszlású az ázsiai eredetű népelemek aránya, akkor a honfoglalók hasonlóan magas arány-adata már nem jelentené egyértelműen, hogy az idekerülésük a 10. században beköltözött népelemekhez köthető.

*Egy visszatérő kérdés:
a honfoglalás kor reprezentativitása*

Ha elősoroljuk, hogy a honfoglalás korának és a magyar őstörténet népességtörténeti kérdései érdemi megvitatásához milyen kérdéseket kell feltennünk, látni fogjuk, hogy a kérdések nagy része jelenlegi ismereteink alapján nagyon nehezen vagy egyáltalán nem válaszolható meg. Mekkora, milyen összetevőkből áll, és földrajzilag hogyan oszlik meg a Kárpát-medence népessége a 9. század végén? Mekkora létszámú, mennyire homogén és milyen demográfiai státusú a honfoglaló népesség? Kimutatható-e származási eltérés a férfi és a női népesség között, és van-e esély generációk elkülönítésére a 10. században? Meddig és hova vezethető vissza a honfoglaló népesség karaktere?

A kérdések megválaszolására az eddigi egyedüli, teljességre törekvő és koncepciózus reakció Éry Kinga nevéhez köthető (Éry, 1983, 1994). Éry a Kárpát-medence különböző régészeti korú népességeinek vizsgálata, a koponyasorozatok Kárpát-medencén túli genetikai kapcsolatainak felvázolása mellett a honfoglalás kori embertani anyagot a koponyák metrikus adatai alapján csoportokba osztotta. A közölt eredmények közül a legnagyobb visszhangot a honfoglalás kori és az Árpád-kori regionális csoportok összehasonlításának antropológiai konklúziója váltotta ki: a klasszikus rítussal temetkező honfoglalók

nagy része nem hozható semmiféle morfológiai kapcsolatba az Árpád-kori népességekkel, viszont a Kárpát-medence egyes területein kimutatható a késő avar kori népességek és az Árpád-kori népességek hasonlósága. Más módszerrel, de hasonló következtetésekre jutott Szathmáry László is alföldi és Felső-Tisza-vidéki temetők vizsgálatával (Szathmáry, 1996). A honfoglalók és az Árpád-kor népességének különállását megerősítették a Kárpát-medencei népességek termetadatainak összehasonlító vizsgálatai is. Megállapításai lényege, hogy a minimálisan 40 százalékos arányban európo-mongolid elemeket is tartalmazó, rövid és kimondottan széles koponyadimenziójú, klasszikus temetkezési rítusú honfoglalók biztosan nem lehettek a kora Árpád-kor nagy létszámú temetőiben temetkezők genetikai előzményei. Úgy vélem, hogy e paradoxnak látszó és sajnos a mai napig annak tekintett megállapítás is indokolja, hogy elejét vegyük a molekuláris genetikával szemben a magyar őstörténeti kutatás által állított elvárásoknak. Nem járok messze az igazságtól, ha azt gondolom, hogy az alapvető probléma ebben az esetben (is) a vizsgálati minták reprezentativitásában rejlik.

Abból kell kiindulnunk, hogy pontos népességtörténeti adatok híján a honfoglalás kori populációt nem értelmezhetjük jól körülírható, adott időpillanatban jellemezhető népességnek. Ezért annak elfogadásához, hogy a régészeti adatok mentén létrehozott embertani vagy akár molekuláris genetikai adatbázis jól reprezentálja a Kárpát-medence honfoglaló népességének egészét, azt a kikötést kell tennünk, hogy a mintaválasztás alapjául szolgáló régészeti jelenségek, leletegyüttesek is jól reprezentálják a honfoglaló népesség egészének anyagi kultúráját, vagyis nagy valószínűséggel lefedik a népesség genetikai össze-

tevőinek többségét is. Ellenkező esetben a teljes népesség csak egy, régészeti adatokkal jellemzett, adott csoportjáról kapunk információt. Tehát *csak akkor tekinthetjük a természettudományos vizsgálatokba bevont honfoglalókat a honfoglaló népesség egésze reprezentánjának, ha a kiválasztás fő szempontjaként szolgáló, többnyire klasszikus leletanyagú temetkezési formákat reprezentatívnak tekintjük a temetkező népesség egészére.* Ennek belátása után nem kerülhető ki a kérdés: várható-e a kulturális jelenségek mögött genetikai összefüggés? Szervezi-e és milyen módon a genetikai kapcsolat a Kárpát-medence népességének anyagi kultúráját? Lehet-e természettudományos adatokkal választ adni a leletanyag eloszlása, vélt szociális struktúrája mögött rejlő kérdésekre? Erősen kétséges.

Vegyünk egy példát a kutatástörténet egy olyan jól preferált területéről, mint amilyen a sebészi trepanáció. Tegyük fel, hogy a Kárpát-medence területén fellelt, a honfoglalók anyagi kultúrájával fémjelzett sírokból összegyűjtjük a sebészilag trepanált koponyaleleteket, és modern molekuláris genetikai módszerekkel megvizsgáljuk a trepanáltak genetikai összefüggéseit. Tételizzük fel, hogy a vizsgálati eredmény szoros összefüggést jelez a vizsgálatba bevontak származási vonalában. Következik-e ebből bármiféle konzekvencia, és ha igen, mire/kire vonatkozik? Következik-e a megállapításból, hogy a kulturális tradíciónak genetikailag meghatározható háttere van? A válasz nemleges, mert ebben az esetben a tradíció nem a jelenség tárgya, azaz a trepanáltat, hanem az alanyát, a trepanálót jellemzi. Az összefüggés csak a trepanációt elvégzők csoportján belül vizsgálva lenne releváns, csak hogy őket nem tudjuk megnevezni, és nem tudjuk egy adatbázisban vizsgálni, miként a trepanáción átesettekről sem

tudjuk, hogy lefedik-e a népesség összetevőinek genetikai sokféleségét. A kulturális jelenség hátterében természetesen lehet vizsgálható és értelmezhető genetikai összefüggés, de a sebészi trepanáció oka nem egy közös származási vonal, hanem egy koponyatrauma, ami leginkább a harci cselekményekkel hozható összefüggésbe. Az elhibázott kérdésfelvetés így szükségszerűen vezet a vizsgálati eredmények rossz interpretálásához.

Csupán népességtörténeti megfontolásból azt mondhatjuk, hogy a klasszikus honfoglalónak minősített temetkezések nem felelnek meg a Kárpát-medencébe érkezett népesség egészét, csupán egy-egy jellegzetes, morfológiailag vagy akár haplocsoportok alapján elkülöníthető típusait. Ha ennek ellenkezőjét állítjuk, akkor viszont a honfoglalóknak nagyon kis számban kellett a Kárpát-medencébe érkezniük. Minthogy az is egyenes következménye az előbb mondottaknak, hogy a Kárpát-medence népességének száma jóval nagyobb volt a honfoglalás előestéjén, mint ahogyan azt feltételezzük. A 200–300 ezer fő önmagában nem megalapozatlan becslés, de a 10. század második felétől induló és a kora Árpád-kori temetők magas sírszáma ezt nem támasztja alá. A néhány ezer honfoglalóból és az itt élők számából nem következik az a nagyságrend, amit a kora Árpád-kor soros és a templom körüli temetőiben tapasztalunk, hacsak az itt talált népesség száma a feltételezettnél jóval nagyobb. Durva általánosítással azt is mondhatnánk, hogy míg a 10. század első felében „kevesen” temetkeznek, de többnyire gazdagon, addig a 970 után már „sokan” teszik ezt, többnyire példás szerénységgel. Ez történetileg talán (kalandorokból származó nemesfém elmaradása, később a keresztény temetkezési szokások térnyerése), de demográfiai, ha tetszik, popu-

lációgenetikai szempontból nem védhető. Kikerülhetetlen annak a belátása: nem mindenkit vettünk számításba, ill. nem mindenkit találtunk meg eddigi módszereinkkel.

A kis létszámú temetők általában a klasszikus leletanyaggal jellemzett népességet karakterizálják, a nagy, több százas sírszámúak a 10. század második felét, bár néhány esetben (például Sárrétudvari–Hízóföld) a nagyobb sírszámúak is rejtenek néhány klasszikus leletanyagú sírt. Ha a néhány 10. század második felétől keletkezett temető összes sírjának a számát összehasonlítjuk a jóval több lelőhelyről összegyűjtött klasszikus honfoglaló sírszámával, a képzeletben felállított mérleg majd összedől. A sírszámok összességét tekintve a későbbi temetkezések „agyonnyomják” a kisebb, családi temetkezéseket, pedig a megtalálás *elméleti* valószínűsége ugyanakkora: Halimba–Cseres sírmezőjének feltárása 932 elhalt egyén csontozatával gazdagított minket, ami megfelel harminc-negyven kis-családi temető sírszámának. Kiindulva abból, hogy a 10. század közepétől egyre erősödő – a jelenlegi történeti kutatás szerint az Árpádok törzséhez köthető – hatalmi központosítást figyelhetünk meg (Kristó, 1995), a kisebb sírszámú temetők eltűnésén és a nagyobb sírmezők felbukkanásán nem csodálkozunk nagyon. Ez azonban a probléma demográfiai paradoxonjára nem nyújt megfelelő választ.

Nem szabad alulbecsülni annak a problémának a jelentőségét sem, ami a különböző minták vizsgálatra való alkalmasságából fakad. Főként azokban az esetekben, ha nincs módunkban a vizsgálati mintát több közül kiválasztani. Az eddigi vizsgálatok azt mutatják, hogy a csontok DNS-megtartó képessége, ennek elemzési sikeressége és az abszolút fekvési idő közötti összefüggés nem olyan erőteljes, mint ami a betemetési hely makro-

és mikrokörnyezeti hatásai, a temetkezési rítus és az izolálás és a PCR reakció sikeressége között fennáll. A Kárpát-medencében például legendásan rossz megtartásúak a szarmata kori népességek csontmaradványai, ezért keveset tudunk a morfológiai karakterükről. Lehet, hogy a molekuláris genetikai profiljukat sem sikerül annyira megismerni, hogy az hozzájárulhasson népességtörténeti kérdések megválaszolásához. Különösen problémás lehet az akkor, ha a sikertelenség egy kiemelt, kronológiai jelentőséggel is bíró sírban talált csontozat esetében áll fenn.

Nem kétséges, és ezt a szegedi genetikus kollégáink is bizonyították, hogy az ázsiai eredetű haplocsoportok jelentősebb szerepet töltöttek be a 10. század népességében, mint jelenleg. De a „probléma” nem a jól elkülönülő, jól bizonyíthatóan keleti eredetű népelemekkel van, hanem az „átmeneti”, illetve mind morfológiai, mind molekuláris genetikai vonatkozásban európainak minősített csoportokkal. Mind a jelenkori népességek, mind a 10–11. század népességének e nagy csoporton belüli heterogenitása elbizonytalanító, ha a honfoglaló népelemeket, legalábbis történeti vonatkozásban egyivásúnak tartjuk. De mindemellett a 10–11. századi vizsgált népesség keleti elemeinek homogenitására – az ázsiai eredetű haplocsoport adatbázisok statisztikailag kisebb kutatási preferáltsága miatt – sem beszélhetünk. Figyelmeztetőleg tekintsünk a morfológiai antropológiai kutatás azon székletjére, amely „keleti” elemeket keres a honfoglaló népesség összetételében, különös tekintettel a gazdagon, klasszikus leletanyaggal temetkező népelemekre, mintegy előre meghatározva a levonható, levonandó konzekvenciák többségét. Ugyanakkor nem veszi figyelembe, hogy a „ázsiai”, pontosabban mongolid morfológiai összetete-

vők állandó keresgélése, a régészeti megfigyelésekkel való kényszeres összevetése, az ázsiai eredet minél nagyobb arányú, szinte „elvárt” kimutatása mint tudományos megközelítés már az avarok kutatása kapcsán csődöt mondott. Az avar kor népességeinek reprezentációja az adatolt vázak jóval tízezer feletti számával a Kárpát-medence történeti embertani kutatását tekintve kiemelkedőnek mondható. Az embertani kutatások főként Lipták Pál és munkatársai közléseinek következtében már az 1970-es évek végén leszámoltak a Kárpát-medencei avarság mongolid típusú népelemként való interpretálásával, jóllehet, a mongolid-euro-po-mongolid típusok számos, régészeti szempontból kiemelkedő fontosságú temetőben (főként a Duna vonalától keletre) meghatározó elemét képezték a népesség morfológiai arculatának (Lipták, 1983). Az azonban nyilvánvalóvá vált, hogy az avar kor egyetlen kronológiai etapjában és a Kárpát-medence egyetlen természetföldrajzi régiójában sincsenek olyan meghatározó arányban, hogy általuk az avar népesség egésze történeti szempontból karakteresen felosztható és jellemezhető volna. Ezért úgy gondolom, hogy a jóval rosszabbul adatolt 10. század tekintetében sem érdemes a kutatásokat az ázsiai elemek arányának szüntelen keresgélésével és ismételtetésével mellékvágányra terelni.

A többségében európai lokalizációjú másik fő csoport haplocsoport-összetételének problémája véleményem szerint kiemelt jelentőségű, annak ellenére, hogy az archeogenetikai kutatás eredményeiből levonható történeti következtetések diszkriminációs ereje talán ebben az esetben a leggyengébb. Antropológiai adatok bizonyítják, hogy a Kárpát-medencétől az Ural–Volga vonaláig élt egy *fibb* embertani karakterében homogénnek nevezhető (hosszú, keskeny koponyadimenziójú)

alpnépesség, melynek gyökerei a morfometrikus összehasonlítások alapján az Alsó-Dnyeper–Kárpát és Don-könyök térségének vaskori alpnépességében keresendők, a Kr. e. első évezred közepéig visszavezethetően. A Kárpát-medence területét a Kr. u. első évezredben erről a területről, illetve ezen a területen keresztül több hullámban érte el jelentős számú népesség: szarmaták, hunok, hunkori keleti-germán és iráni népelemek, avarok, honfoglalók. Az elkülöníthető formai jellegzetességeket mutató csoportok azonban a teljes népességnek csak kisebb hányadát teszik ki. Azért csupán embertani megfontolásból semmi okunk az azt várni, hogy az avarok *tömegei* elkülönüljenek egy korábbi/későbbi avar vagy akár honfoglaló magyar betelepítési hullám *tömegeitől*. Folytatva a gondolatmenetet, belátható, hogy ha egy adott természetföldrajzi közeg népességét adott időpillanatban olyan új népesség-hullám éri el, amely *genetikai gyökereit* tekintve hasonlóságot mutat az ott tartózkodókkal, akkor az újonnan megjelent népelemként várhatóan csak anyagi kultúrájában, temetkezési rítusaiban lesz megfogható, az embertan jelenleg rendelkezésre álló vizsgálati módszereivel aligha. Vagyis, népességtörténeti értelemben a Kárpát-medencében nem kettős, hanem többszörös egymásra rétegződés, ha úgy tetszik, többszörös honfoglalás zajlott le a 1. század után. Ennek csak utolsó nagy etapja esik a 10. századra, nem számítva az Árpád-házi királyaink alatti telepítéseket (például kunok). Nem lenne meglepő, ha ugyanez a konzekvencia az archeogenetikai adatok értékelése kapcsán is előállana. Ha elfogadjuk, hogy a Kárpát-medence népessége például az Alsó-Dnyeper vidékéről egymás után többször kaphatott népesség-injekciókat – a molekuláris genetikai órák jelentéktelennek nevezhető évszázadok

időközökkel követve egymást – akkor szembe kell nézni azzal, hogy e népségek a vizsgálható molekuláris genetikai polimorfizmusok tekintetében nagyon hasonló összetételűek lehetnek. Ugyanakkor azt sem szabad elfelejteni, hogy egy ugyanazon terület néhány száz évvel egymást követő népességkarakterek összességében lehet sokkal szűkébb, homogénebb, mint amilyen ugyanezen terület egy-egy időszakon belüli mintáinak variációja.

Hogyan tovább?

Megfelelő nagyságrendű és legalább földrajzi tekintetben reprezentatívnak mondható molekuláris genetikai adatbázis elkészültével, amely szándékaink szerint a második kutatási időszak végét (2007) követően kezdődik meg, az eddigi méret- és formahasonlóságon nyugvó morfológiai antropológiai eredményeket össze kell vetni az új molekuláris genetikai eredményekkel. Kérdés, hogy a molekuláris genetikai új kategóriák hogyan feleltethetők meg a hagyományos történeti embertani fogalmainak. Meg kell vizsgálni, hogy az eddigi morfológiai és metrikus vizsgálatok által létrehozott kategóriák (például a rövidfejűség) hogyan viszonyulnak a haplokatégorizálás által létrehozott csoportokhoz. Az eddigi ismeretek mellett szólnak, hogy az olyan fenotípusosan megjelenő tulajdonságokat, mint például a koponya-, illetve fejforma, többnyire a sejtmagi DNS testi kromoszómáin elhelyezkedő, rekombinálandó gének/géncsoportok határozzák meg és nem egy-egy gén (Weiss, 1999). Az ún. poligén öröklésmentű tulajdonságok kifejeződését pedig külső, nem genetikai tényezők is befolyásolhatják (életföldrajzi közeg, fehérjebevitel, vitaminhiány). A természeti közegekkel leginkább ellenállóbb történeti korú emberi ma-

radványok (csont, fogazat) kis mennyiségű, rossz állapotú, töredezett örökítőanyagot tartalmaznak, az egyes morfológiai jegyekért felelős szakaszok megtalálása és öröklésmentének feltárása nagy nehézségekbe fog ütközni. A csontozaton megjelenő jellegzetességek genetikai alapjainak feltárását csak a teljes örökítőanyag ismeretében lehet megkísérelni. Még ebben az optimális esetben sem biztos, hogy a formai jegyek öröklésmentéje leírható. A lehetőséget bizonyos, ismert lókuszon lévő, betegséget okozó allélvariációk megfigyelése jelentheti, amelyek biztosan köthetők egy-egy morfológiai jellegzetességhez.

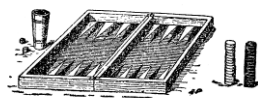
Nagy a valószínűsége, hogy a különböző genetikai vizsgálati módszerekkel kimutatott származási csoportok nem fogják fedni a hagyományos embertani vizsgálatok által létrehozott kategóriákat, sokkal valószínűbb, hogy csak a két adatbázis komplementaritása várható. Ez az eredmény pedig csalódást kelthet azokban, akik az archeogenetikától egymagában várják a megvilágosodást és a hiánynak vélt antropológiai kutatási eredmények kiigazítását. Amikor a magyarság genetikai összetételének kutatásáról beszélünk, sokszor elfelejtjük, hogy csupán a vizsgálati metódusunk megválasztása, jelen esetben az mtDNS és Y-kromoszóma polimorfizmusainak vizsgálata, csupán a más módszerekkel szembeni jelentősen nagyobb diszkriminációs erejéből fakadóan nem fog a magyar őstörténet számára valamiféle égi jelként szolgálni. A népességtörténeti folyamatok megismerhetőségének határait tiszteletben kell tartanunk, főként az európai népességtörténeti folyamatokban egyedülállóan bonyolult magyar etnogenezis tekintetében.

Lehet, hogy ismét ugyanabba a folyóba léptünk?

Kulcsszavak: *etnogenezis, genetika, magyar őstörténet, történettudomány, történeti antropológia*

IRODALOM

- Bálint Csanád (1994): A 9. századi magyarság régészeti hagyatéka. In: Kovács László (szerk.): *Honfoglalás és régészet*. Balassi, Budapest, 39–46.
- Bernhard, Wolfram – Kandler-Pálsson, Annliese (Hrsg.) (1986): *Ethnogenese europäischer Völker*. Gustav Fischer Verlag
- Czeizel Endre (1990): *A magyarság genetikája*. Csokonai, Debrecen
- Éry Kinga (1998): Length of Limb Bones and Stature in Ancient Populations in the Carpathian Basin. *Humanbiologia Budapestensis*. 26,
- Éry Kinga (1982): Újabb összehasonlító statisztikai vizsgálatok a Kárpát-medence 6–12. századi népességeinek embertanához. Veszprém megyei Múzeumok Közleményei (VMMK). 16, 35–118.
- Éry Kinga (1994): A Kárpát-medence embertani képe a honfoglalás korában. In: Kovács László (szerk.): *Honfoglalás és régészet*. Balassi, Budapest, 217–224., 291–302.
- Kristó Gyula (1995): *A magyar állam megszületése*. Szegedi Középkortörténeti Könyvtár 8. Szeged
- Fóthi Erzsébet: Összehasonlító embertani vizsgálat a Kárpát-medence népeinek etnogeneziséhez. Embertani kapcsolatok a 6–8. században az eurázsiai steppe és a Kárpát-medence között. Móra Ferenc Múzeum Évkönyve–*Studia Archaeologica*. 4, 497–521.
- Tóth Tibor: A honfoglaló magyarság etnogenezisének problémája. *Anthropológiai Közlemények*. 9, 139–49.
- Tóth Tibor: Az ősmagyarok genezisének szarmata kori etajáról. *Az MTA II. Osztályának Közleményei*. 19, 85–95.
- Colin Refrew – Katie Boyle (2000): *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*. McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge
- Weiss, Kenneth M. (1999): *Genetic Variation and Human Disease*. Cambridge University Press, Cambridge
- Lipták Pál (1983): *Avars and Ancient Hungarians*. Akadémiai, Budapest
- Lengyel Imre A. (1975): *Palaeoserology. Blood Typing with the Fluorescent Antibody Method*. Akadémiai, Budapest
- Tauszik Tamás (1990): Genetikai vizsgálatok és a magyarság történelme. *Magyar Tudomány*. 8, 904–917.
- Róna-Tas András (1990): Megjegyzések a legújabb genetikai vizsgálatok történeti felhasználhatóságáról. *Magyar Tudomány*. 8, 918–924.
- Béres Judit (2003): A magyarországi népesség genetikai rokonsága. In: Hídvégi Egon (szerk.): *A genom*. Széphalom Könyvműhely, Budapest, 171–186.
- Szathmáry László (1996): Honfoglalás kori népességünk struktúrája. In: Pálfi György – Farkas L. Gy. – Molnár E. (szerk.): *Honfoglaló magyarság Árpád-kori magyarság*. JATE, Szeged, 87–96.



A DNS MINT RÉGÉSZETI LELET

Raskó István

az MTA doktora, igazgató,
MTA Szegedi Biológiai Központ Genetikai Intézet, Szeged
rasko@brc.hu

G. H. Wang és C. L. Lu 1981-ben beszámoltak arról, hogy sikeresen tisztítottak dezoxiribonukleinsavat egy Han-dinasztia korabeli kétezere éves múmia májából (Wang – Lu, 1981). Bár ez volt az első közlemény, amely bizonyította, hogy régészeti leletekben megőrződik az örökítőanyag szerkezete, a közlést mégsem fogadta kitörő lelkesedés a tudományos világban, miután egy kínai nyelvű folyóiratban jelent meg, amit tudvalévően nem sokan olvasnak a nyugati féltekén. Körülbelül a publikáció megjelenésének idején formálódott a Kaliforniai Egyetem Berkeley campusán az a csoport, amely Allan C. Wilson vezetésével 1984-ben a *Nature* hasábjain bizonyította, hogy valóban megőrződhet a DNS a múzeumi leletekben. Ők egy 140 éves, múzeumban őrzött kipusztult lófajta, a quagga bőréből rövid mitokondriális DNS-szakaszt izoláltak, és ennek segítségével elhelyezték ezt az állatfajtát a lovak és zebrák filogenetikai fáján (Higuchi et al., 1984). Nem sokkal ezután Svante Pääbo egy 2400 éves múmiából izolált ősi DNS-t (aDNS) (Pääbo, 1985).

Miért van ezeknek a tudományos eredményeknek kiemelkedő jelentőségük? Azért, mert a DNS bizonyos szerkezeti variációi alkalmazhatók genetikai rokonsági fák szerkesztésére, különböző fajok egymáshoz való rokonsági viszonyainak meghatározására,

különböző embercsoportok eredetvizsgálatára, rokonsági szintjének a megállapítására. Ezek a variációk a DNS építőkövei, a nukleinsav bázisok sorrendjének a különböző változatai, amelyek különböző gének szintjén tanulmányozhatók.

Az emberi DNS különböző génlokuszait (lokuszoknak nevezzük azt a DNS-szakaszt, amely a klasszikus genetika szabályai szerint, mendeli öröklődésű, és egyetlen tulajdonságot határoz meg) használták ilyen célra. Ezek különböző időmélység vizsgálatát teszik lehetővé (*i. táblázat*).

Ma élő populációk vizsgálatánál az a szempont, hogy minél több genetikai bélyeg polimorfizmusait (polimorfizmus: egy allélből populáción belül legalább kettő van jelen) vizsgáljuk, annál pontosabb a rokonsági fok megállapítása. Ilyen alapon 620 allél (olyan variánsok, amelyek hasonlóak, de nem azonosak, és génjük ugyanazon a kromoszómán, ugyanazon a helyen található) vizsgálatával különböző kontinenseken élő néhány populáció egymástól jól elkülöníthetően jelenik meg az eltérések alapján szerkesztett gyökér nélküli rokonsági fán (Tishkoff, 2004).

A DNS-ben meglévő eltérések és azonoságok különböző mértékűek az egyedek és a populációk között. A Humán Genom Program bizonyította, hogy DNS-szekvencia