

TÖRÖK TIBOR:

A Szegedi Tudományegyetem Archeogenetikai Kutatócsoportjának története

Összefoglalás

Ebben a fejezetben röviden bemutatjuk egy új kutatócsoport és kutatási irány megalakulásának történetét az SZTE Genetikai Tanszékén. A történet 2011-ben egy témaváltással kezdődött, amit a sikertelen pályázatok miatt nehéz évek követtek, de a kitartásnak, a szakmai hozzáértésnek és a szerencsés körülményeknek köszönhetően ez a kezdeményezés 2022-re egy nemzetközi színvonalon működő kutatócsoport létrejöttét eredményezte.

Kulcsszavak: archeogenetika; honfoglalás; mitogenom; PCR; újgenerációs szekvenálás

Bevezetés

A hazai archeogenetikai kutatásokat 2000-ben Raskó István indította el, az SZBK Genetikai Intézetében. A kezdeti időkben még bravúrnak számított a DNS kinyerése is a csontmaradványokból, melyből a kor színvonalának megfelelően PCR módszerrel amplifikálták a legjobban megőrződő mitokondrium DNS rövid HVR szakaszát (Kalmár és mtsai. 2000). A Raskó csoport 2008-ig 68 honfoglalás kori minta HVR szekvenciáját elemezte, melyből megállapították, hogy az elit sírokban jelentősen magasabb az ázsiai vonalak aránya, mint a szegényes mellékletű sírokban. Az archeogenetikai kutatások 2003-tól Budapesten, a Régészeti Intézet frissen alapított archeogenetikai laborjában folytatódtak, ahonnan évekig nem született publikáció.

Az Archeogenetikai Kutatócsoport megalapítása a Szegedi Tudományegyetemen

A fentiek hatására 2011-ben Raskó Istvánnal egyetértésben elhatároztam, hogy Szegeden, az SZTE Genetikai Tanszékén újraindítom az archeogenetikai kutatásokat. Ekkor csatlakozott hozzám Neparáczki Endre PhD hallgatóként. Ez mindkettőnknek igen kockázatos döntés volt, mivel *Drosophila* genetikus háttérrel kevés esélyem volt pályázatot nyerni egy új témában. Ez be is igazolódtott, mert a 2012-től 2015-ig beadott összes OTKA pályázatomból sikertelenül zárult. Ezeket az éveket azzal töltöttük, hogy áttekintettük a téma teljes szakirodalmát, saját munkával és tanszéki segítséggel berendeztünk egy használható archaikus DNS labort, valamint maradvány pénzékből beállítottuk a korabeli PCR alapú módszereket.

Az érdemi munkát 2015-től tudtuk elkezdeni egy 20 millió Ft-os Avicenna pályázatból, amit Raskó István segítségével kaptunk. Közben 2013-tól Kocsy Klaudia, 2015-től pedig Tóth Gábor Endre csatlakozott hozzánk szakdolgozó-

ként, akik sikerrel befejezték a diplomamunkájukat csoportunkban. Az Avicenna pályázat lezárásáig 2016-ban egy MGG, 2017-ben pedig egy PLOS ONE cikket közöltünk a honfoglalókról (Neparáczki és mtsai. 2017a,b). Utóbbi cikkünk már egy teljes módszertani megújulás része volt, melynek során adaptáltuk a legmodernebb újgenerációs szekvenálási módszert, teljes mitogenom dúsítással kombinálva. Az eredményeknek köszönhetően 2017-ben elnyertem egy OTKA pályázatot, mely megalapozta a további fejlődést. 2018-ra először sikerült reprezentatív mintaszámmal (102 mintából) leírni a honfoglaló elit mitogenom összetételét, amit a PLOS ONE-ban tettünk közzé (Neparáczki és mtsai. 2018). Kimutattuk, hogy a honfoglaló elit a mai volgai tatárokhoz hasonló összetételű lehetett, akik európai és ázsiai eredetű ősök keveredéséből származtak. Az ázsiai összetevő az ázsiai szkítákra, és hunokra volt visszavezethető.

Közben ebből a munkából Neparáczki Endre sikerrel megvédte a PhD tézisét. 2016-ban csatlakozott hozzánk Maár Kitti, 2017-ben pedig Schütz Oszkár, akik azóta PhD hallgatók a csoportunkban.

Újabb kutatási irányok

2018-ban sikerült egy újabb pályázatot nyernem az Árpád-ház Program keretében, ami további módszertani fejlődést tett lehetővé; sikerrel adaptáltuk az Y-kromoszóma dúsítás módszerét, ami sokkal nehezebb és költségesebb, mint a mitogenomé. A hun, avar és honfoglaláskori férfi vonalakat leíró munkánkat 2019-ben közzeltük a Scientific Reports-ban (Neparáczki és mtsai. 2019). A honfoglalók apai vonalai az anyai vonalakéhoz hasonló összetételt és származást mutattak, a hun minták az ázsiai hunokkal, az avar apai vonalak pedig északkelet szibériai népekkel mutattak kapcsolatot.

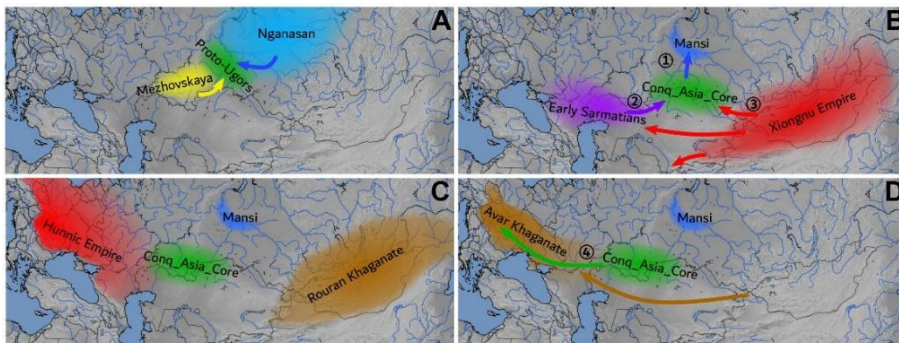
Ezt követően 2021-ben közzeltük a honfoglalás kori köznépi temetők mitogenom összetételét ismét reprezentatív (202) mintaszámból a Genes lapban

(Maár és mtsai. 2021). Ebben kimutattuk, hogy a honfoglalás kori köznép összetétele szignifikánsan eltér az elittől, mert kisebb arányú elit behatástól eltekintve túlnyomórészt helyi, európai génkészletet mutat. Ez megerősítette korábbi következtetéseket, miszerint a 10. században egy viszonylag csekély létszámú honfoglaló elit telepedett rá a nagyszámú helyi lakorrágra.

Kapcsolat a Magyarorsággkutató Intézettel

Eredményeink felkeltették a 2019-ben alakult Magyarorsággkutató Intézet figyelmét, és közös munkára kaptunk felkérést, így ezután az MKI és az SZTE között létrejött szerződés keretében a két intézmény közös archeogenetikai laborjaként folytathattuk a munkát. Ez egy Tématerületi Kiválósági Program pályázat elnyerésével lehetővé tette a legmagasabb szintű, és egyben legköltésesebb módszer bevezetését, a teljes archaikus genomok szekvenálását. Ekkor kezdtük el a Kárpát medence népvándorlás kori leleteinek genom szintű vizsgálatát óriási mintaszámmal. A nagy vállalkozáshoz új munkatársakat is sikerült toboroznunk, így két éven belül két újabb PhD hallgatóval és két tudományos munkatárssal egészült ki a csapatunk. Nagyszámú régész és antropológus együttműködésével sok 100 csontmintát gyűjtöttünk be a hazai múzeumokból és antropológiai gyűjteményekből, melyek a hun korszakból, az avar korból, és a honfoglalás korból származtak. A genomok elemzése óriási számítógép kapacitást igényel, melyhez sikerült beszereznünk egy nagy teljesítményű szervert. Az elemzésekhez nélkülözhetetlen bioinformatikai módszerek professzionális alkalmazását a kezdetektől velünk együttműködő Maróti Zoltán, a Gyermekgyógyászati Klinika munkatársának szakértelme biztosítja. A teljes genomokból soha nem látott pontossággal sikerült kiderítenünk a hun, avar és honfoglaláskori népesség származását, az ezt bemutató munkánk az idén jelent meg a *Current Biology* szaklapban (Maróti és mtsai. 2022). A honfoglaló elit

genetikai múltját a Bronzkortól sikerült rekonstruálnunk. Kimutattuk, hogy ekkor a Mezhovskaya kultúra népessége és a mai szamojédek (nganasan) keveredésével jött létre az a „elő-ugor” populáció, amely a mai Kazahsztán északi részén nomadizált, és melyben a legközelebbi nyelvrokaink, a manysik még együtt éltek a honfoglalók őseivel. Ezt követően a vaskorban a manysik északra húzódhattak, mert megőrizték bronzkori genomjukat, miközben a honfoglalók a vaskor közepén a korai szarmata nomádokkal keveredtek, amit i.sz. 200 és 300 között a korai hunokkal történő keveredés követett. A hun kori és avar kori genomok többsége az ázsiai hunokra volt visszavezethető, de az avar vezető réteg a mongóliai zsuan-zsuan birodalom vezető rétegéből származott (1. ábra).



1. ábra: A honfoglaló elit genetikai múltjának rekonstrukciója. Az eredeti közleményből átvett alábbi ábra (Maróti és mtsai. 2022) a legfontosabb eredményeink alapján készült őstörténeti modellt foglalja össze a késő bronzkortól (A), a vaskoron keresztül (B), az ókoron át (C) a középkorig (D).

A legújabb projekt: Magyar királyok és nemesek kutatása

A népségek eredetére irányuló archeogenetikai kutatásaink időközben kiegészültek „archaikus orvosi igazságügyi vizsgálatokkal” is, mert elvállaltuk a székesfehérvári koronázó bazilika területéről előkerült, és a történelem viharjaiban összekevert csontgyűjtemény vizsgálatát, az ott eltemetett magyar kirá-

lyok azonosítása céljából. Ez a projekt menet közben fokozatosan bővül a különféle feltárásokból előkerült egykori nemesi családok maradványainak vizsgálatával, mint például az Abák, vagy a Báthoriak.

Összefoglalás

Összefoglalásként elmondhatjuk, hogy a nehéz indulás ellenére a kutatási témaváltás teljes sikerrel járt, néhány év alatt a szegedi archeogenetikai kutatásokat a nemzetközi élvonal szintjére emeltük, miközben hozzájárultunk a magyar őstörténet számos nyitott kérdésének megválaszolásához. A jövőben hasonló szinten és nagyságrendben kívánjuk folytatni ezt a munkát, és a Kárpát medence, valamint Eurázsia további őstörténeti korszakaiból tervezünk genom szintű vizsgálatokat. Emellett egy új, fiatal generáció képzésével lehetővé kívánjuk tenni, hogy a nemzetközi gyakorlatnak megfelelően az archeogenetika a régészet, nyelvészet és történettudomány mellett a hazai őstörténeti kutatásoknak is teljes jogú, nélkülözhetetlen résztvevőjévé váljon.

Köszönetnyilvánítás

Kutatásainkat a Török Tibor által elnyert OTKA (K-124350) és Árpádház Program (2018–2023), valamint a Neparáczi Endre által elnyert Tématerületi Kiválósági Program (TUDFO/5157-1/2019-ITM és TKP2020-NKA-23) pályázatok támogatása segítette.

Irodalom

- Kalmár, T., Bachrati, C. Z., Marcsik, A., Raskó, I. (2000). A simple and efficient method for PCR amplifiable DNA extraction from ancient bones. *Nucleic Acids Research*, 28(12), e67-e67.
- Maár, K., Varga, G. I., Kovács, B., Schütz, O., Maróti, Z., Kalmár, T., ... Neparáczi, E. (2021). Maternal lineages from 10–11th century commoner cemeteries of the Carpathian Basin. *Genes*, 12(3), 460.

- Maróti, Z., Neparáczki, E., Schütz, O., Török, T. (2022). The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology*, 32, 2858-2870.
- Neparáczki, E., Juhász, Z., Pamjav, H., Fehér, T., Csányi, B., Zink, A., ... Török, T. (2017a). Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery. *Molecular Genetics and Genomics*, 292(1), 201-214.
- Neparáczki, E., Kocsy, K., Tóth, G. E., Maróti, Z., Kalmár, T., Bihari, P., ... Török, T. (2017b). Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing. *PLoS One*, 12(4), e0174886.
- Neparáczki, E., Maróti, Z., Kalmár, T., Kocsy, K., Maár, K., Bihari, P., ... Török, T. (2018). Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians. *PLoS One*, 13(10), e0205920.
- Neparáczki, E., Maróti, Z., Kalmár, T., Maár, K., Nagy, I., Latinovics, D., ... Török, T. (2019). Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin. *Scientific reports*, 9(1), 1-12.

