

**A Kárpát-medence avar és honfoglalás kori  
lóállományának archaeogenetikai elemzése**

**Priskin Katalin**

**Ph.D értekezés tézisei**

**Témavezető: Prof. Dr. Raskó István**

**Szegedi Tudományegyetem, Biológia Doktori Iskola**

**MTA Szegedi Biológiai Központ**

**Genetikai Intézet**

**Szeged**

**2010**

## Köszönetnyilvánítás

Mindenek előtt köszönettel tartozom a MTA SZBK Genetikai Intézetében **Prof. Dr. Raskó Istvánnak**, aki bizalmába fogadott és lehetőséget nyújtott munkám elvégzésére. **Dr. Tömöry Gyöngyvérnek**, **Dr. Bogácsi-Szabó Erikának**, **Dr. Kovácsné Csányi Bernadettnek**, **Eördögh Rékának**, **Szécsényi Anitának**, **Dr. Cibula Ágnesnek** és **Dr. Mórocz Mónikának**, valamint **Radóné Dudás Máriának** és **Lehőcz Istvánnénak**, akik tudásukat átadták, és mindig, mindenben segítségemre voltak, ha szükségem volt rá. Emellett köszönöm **Szabó Krisztiánnak** a statisztikai értékelésben nyújtott nélkülözhetetlen segítségét, valamint **Prof. Dr. C. Stephen Downesnak** a kritikai tanácsait és angol nyelvi lektorálásban nyújtott támogatását.

Köszönet illeti továbbá a Magyar Nemzeti Múzeum archeozoológusát **Dr. Vörös Istvánt**, a szegedi Móra Ferenc Múzeum régészét **Dr. Horváth Ferencet**, **Dr. Kürti Bélát** és **Dr. Lőrincz Attilát** valamint a Régészeti Intézet munkatársát **Dr. Mende Balázs Gusztávot**, **Dr. Langó Pétert**, továbbá **Dr. Költő Lászlót** és **Dr. Szentpéteri Józsefet**, akik a vizsgálatához az állatcsont anyagot biztosították, illetve segítséget nyújtottak a történelmi háttér megismerésében.

Emellett hálás vagyok **Szontagh Andrásnak**, és **Nyéki Józsefnek**, aki az akhal teke lovak vizsgálatához, és **Dr. Mihók Sándornak**, valamint **Salamon Gábornak**, aki a hucul lovak vizsgálatához biztosította a szükséges mintákat.

Ezúton szeretnék köszönetet mondani **szüleimnek** és **férjemnek**, akik értékes kritikai hozzászólásokkal és türelmükkel segítették a munkámat.

## Bevezetés

Az avar és a magyar nép rokonsági kapcsolata máig tisztázatlan, és sok vitát kavaro kérdés a magyar történelemtudományban. A Kárpát-medence különböző régészeti korú népeiségeinek embertani vizsgálata több esetben is azt az eredményt hozta, hogy a klasszikus honfoglaló leletanyaggal eltemetett honfoglalás kori népesség sokkal jobban hasonlít a késő avar kori, semmint az Árpád-kori, 11. századi népességre (Éry 1994; Szathmáry 1996). Mivel az avar és a magyar szállásterületek mozaikszerűen kiegészítik egymást, ez felveti a lehetőségét, hogy a Kárpát-medencébe érkező honfoglaló magyarság nem erőszakosan rátelepült, hanem az avar szállásterületek mellé települt.

A Kárpát-medence bőséges régészeti állattani csontanyaga felvetette a lehetőségét, hogy a két népesség lehetséges rokonságának kérdését lóállományuk összehasonlító archaeogenetikai elemzése által közelíthessük meg. A választásunk három alapvető okra vezethető vissza. Először is egy esetleges népességváltást így egy független paraméterrel, a lóállománnyal vizsgálhatunk. Továbbá az erre a fajra tervezett specifikus DNS markerek használatával kiküszöbölhető az emberi DNS-sel való szennyezés, amely az archaikus DNS vizsgálatokat rendkívül megnehezíti. Végül az sem elhanyagolható szempont, hogy mindkét népcsoport szellemi kultúrájában kiemelkedő szerepet játszott a ló, mely a sírjukba is követte a gazdáját.

Az eddigi morfológiai elemzéseken alapuló adatok alapján a két népcsoport lóállománya sok szempontból nagy hasonlóságot mutat, azonban míg az avarok lovaira a morfológiai egyöntetűség jellemző, a honfoglalás kori lovak esetén nagy mértékben eltérő korú, és marmagasságú egyedek találhatók a sírokban (Bartosiewicz 2006; Vörös 1997).

Az eddigi archaeozoológiai kutatások, melyek a honfoglaló magyarok lovaival kapcsolatban próbáltak fajta szintű meghatározást adni, az akhal tekét és a hucult említik (Vörös 1997; Szontagh 2005). Az akhal teke a mai Türkmenisztán, Üzbegisztán és Kazahsztán területéről származik. A hucul ló teljesen egyedülálló megjelenésű. Ma az Osztrák–Magyar Monarchia

utódállamaiban, illetve Lengyelországban tenyésztik a fajtát, de genetikailag legértékesebb állományai ma is a Kárpátokban találhatóak (Mihók 2004).

A leleteken megfigyelhető jegyek az adott régészeti korra jellemző adatokkal szolgálhatnak. Nincs ez másként a DNS-sel sem, amelyet a biológiai maradványok rejtenek. Régészeti genetikai vizsgálatok során legalkalmasabb módszer az mitokondriális DNS (mtDNS) DNS vizsgálata. A populációkban ugyanis a mtDNS segítségével hosszú időre visszavezethető az anyai vonal, és több populáció mitokondriális mintázatának összehasonlítása során genetikai hálózat, készíthető, genetikai diverzitás, és távolságok elemezhetőek.

### **Célkitűzések**

- Munkánk egyik célja az volt, hogy az avar korinál idősebb minták, valamint további állatfajok hasonló korú leleteit vizsgálva igyekezzünk felmérni, vajon a használt módszer alkalmas-e a fent megfogalmazott tervünk kivitelezésére. Ezért vaskori (Kr. e. 6. század) lófogakból, késő-neolitik (Kr. e. 4800) őstulok állkapocscsontból, továbbá a magyar honfoglalás korából származó szarvasmarhafogakból és juhcsontokból is megpróbáltunk DNS-t kinyerni és egy-egy származástaniilag fontos szekvenciát leolvasni.
- Ezt követően a Kárpát-medence avar és honfoglalás kori (6.-10. századi) lóállományának genetikai diverzitását kívántuk tanulmányozni.
- Az avar és a honfoglalás kori lovak egymáshoz való viszonyából, és más, ma élő lófajtákkal való kapcsolatukból pedig az avarok és a honfoglaló magyarok történetjének megértését igyekeztünk segíteni.
- A fentiek mellett, a génmegőrzési támogatásban részesített, veszélyeztetett hucul kisló genetikai diverzitását is megkíséreltük feltérképezni.

## **Anyagok és módszerek**

Vizsgálataink során hét korai avar, hat késő avar, és 14 honfoglalás kori lelet genetikai analízisét végeztük el. A DNS izolálása régészeti hitelesen dokumentált avar és honfoglalás kori temetők leletanyagát képező lófogakból történt. Továbbá feldolgoztunk még az előbbiekkal feltételezett származási kapcsolatban álló két jelenkori fajtát, az akhal teket, amelyhez 24 türkmén, dagesztáni és orosz ló szőrmintájából izoláltunk DNS-t, és a hucult. Az utóbbi esetében az euópai kancacsaládok 80%-ából mintát vettünk, így 70 lovat vontunk be a vizsgálatba. Az ásatag DNS vizsgálata az esetek többségében örlőfogból történt. Munkánk során a háziló mitokondriális DNS-ének egy rövid, 254 bázispáros szakaszát elemeztük, amely tartalmazza a származástani jelentős pozíciókat (NCBI GenBank X79547; Xu 1994).

Az avar, a honfoglalás kori, az akhal teke és a hucul mintacsoport közötti kapcsolatrendszer genetikai távolság-alapú populációgenetikai, és haplotípus-alapú hálózat analízissel tártuk fel.

A haplotípusok és a diverzitási paraméterek megállapítása után illesztettük őket az adatbázis szekvenciáihoz is, azonosítottuk, mely fajtában van egyező haplotípus. A genetikai távolság számításába 28 fajtát vontunk be. Az avar, a honfoglalás kori, az akhal teke és a hucul mintacsoport haplotípusaiból hálózatot készítettünk.

## **Eredmények és következtetések**

- A késő neolitik östulok, valamint a szkíta korú háziló és a honfoglalás kori szarvasmarhák és házijuh sikeres mtDNS vizsgálata bizonyította, hogy a használt módszerrel az avar korinál jóval idősebb biológiai minták archaeogenetikai analízise is elvégezhető (Priskin 2007).
- A Kárpát-medence avar és honfoglalás kori (6.-10. századi) lóállományának vizsgálata arra adott választ, hogy a két mintacsoport származástaniilag különböző vonalon található (Priskin 2010). Bár mindkét

csoportra nagy genetikai variabilitás jellemző, mégis, mind a genetikai távolság számítás, mind a haplotípus hálózat az eltérő származást támogatja. Az avarok és a honfoglaló magyarok lovai között leírt fenotípusban megfigyelt morfológiai különbség ezáltal genetikailag is megerősíthető. Az a megfigyelés, hogy az avar és honfoglalás kori lovak hasonlósága az említett keveredés ellenére is csekély, nem támasztja alá a kettős honfoglalás által sugallt avar-magyar kontinuitás elméletét, legalábbis a lótarthatás terén. Hiszen, ha az avarok továbbéltek volna a magyar népességben, nem csak stílust (viselet, temetkezési szokás), de gazdaságot is kellett volna váltaniuk. Emellett nem támogatja az avar és a honfoglaló népesség rokonságát sem, hiszen ha az avarok ugyanannak a népnek a később idekerült tagjai lennének, mint a késő avarok, akkor a lóállományok között nagyobb genetikai hasonlóságot kéne tapasztalnunk. Természetesen az sem zárható ki, hogy a két mintacsoport között észlelt különbség a két nép által a temetéshez kiválasztott lovak jellemzőinek különbségéből fakad. Azonban az avarok és a honfoglaló magyarok kulturális szokásai sok szempontból nagyon hasonlóak. A régészeti minták elemzése során mindig figyelembe kell venni, hogy ami a vizsgálat tárgyát képezheti, már soklépcsős „szelekció” átesett mintacsoport. Az előkerült minták ugyanis csak töredékei a korabeli állománynak. Ebben az esetben, bár az avarok és magyarok lovait szerettük volna megismerni, csak azt láthatjuk, hogy a régészeti feltárt sírokba milyen lovakat temettek. A különböző társadalmi rétegek más-más típusú lovakat helyezhettek a sírba. Maga a tény, hogy a mintául szolgáló leletek lovas temetkezésekből kerültek elő, meghatároz egy társadalmi kört.

- A két archaikus mintacsoportot összehasonlítva a jelenkori fajtákkal, beleértve az akhal teké és a hucult, kiderült, hogy az akhal teke lovak az avar lovaktól nagy genetikai távolságra helyezkednek el, a honfoglalás kori lovakkal viszont az összehasonlításban résztvett fajták közül a legkisebb távolságot mutatják. A hálózat analízis alapján a honfoglaló és az akhal teke lovak között sok közeli rokon szekvencia van. Az eredményeket magyarázhatja az a feltételezés, hogy a népvándorlás során a magyar törzsek az egykori iráni és

török lovas nomádok szokásos útvonalán vándoroltak Ázsiából Nyugat-Szibéria, a Kaszpi-vidék száraz sztyeppéiről Európába, így volt alkalmuk megismerni az itt tenyésztett turáni lovat, melynek mai leszármazottja az akhal teke.

- A hucul fajta vizsgálatába bevont 22 kancacsalád az európai hucul állomány 4/5-ét jelenti. Ez a kis létszámú fajta, mely már többször elszenvedte a palacknyak-hatást, anyai vonalaiban jelentős diverzitást mutat. A haplotípusok nagy számban fordulnak elő a többi vizsgált csoportban. Az avar lovakkal hét esetben fordul elő egyező haplotípus, amely felveti a genetikai rokonság lehetőségét. A honfoglaló és az akhal teke lovakkal is két, illetve négy esetben találunk közös haplotípusokat. Ezek a mintázatok azonban további 4-26 fajtában is előfordulnak. Az adatok nem támasztják alá a honfoglalás kori lovaknak a hucul lovakkal feltételezett rokonságát. A többi lófajtában megtalálható haplotípusokkal összehasonlítva fény derült olyan kancacsaládokra, amelyek feltehetőleg a fajta egy eredeti típusát képviselik, és fenntartásuk, tenyésztésbe való bevonásuk különösen fontos. Emellett azonosítottunk néhány, a méneskönyvi regisztrációban esett hibát is. Ez nem meglepő egy olyan fajta esetében, ahol a két világháború helyrehozhatatlan csapásokat mért a lóállományra, és az 50-es években, számos esetben magántulajdonosoktól történő visszavásárlások révén lehetett az állami ménest felállítani.

Arra következtethetünk, hogy önmagában a mitokondriális kontroll régió vizsgálata nem elegendő, és további markerekre is szükség van a lovak esetében a fajták elkülönítéséhez. Mivel túl nagy a variancia egyetlen populáción belül is, a jelenlegi populációgenetikai modellek algoritmusai nem alkalmasak ennek feloldására. Az embercsont-leletek haplotipizálásához hasonlóan, ahol számos mitokondriális kódoló régiós marker bizonyult szükségesnek az anyai vonalak részletes elkülönítéséhez, a lovak esetében sem elegendő csak a D-loop régió legvariábilisabb szakaszának vizsgálata. Fajtaspecifikus mitokondriális, vagy sejtmagi DNS markereket kell bevonni, hogy közelebb juthassunk a korabeli lófajtákhoz.

## Irodalomjegyzék

Bartosiewicz L. (2006) **Phenotype and age in protohistoric horses: a comparison between Avar and Early Hungarian crania.** Recent Advances in Ageing and Sexing Animal Bones. Oxbow Books, Oxford.

Éry K. (1994) **A Kárpát-medence embertani képe a honfoglalás korában.** Honfoglalás és régészet. Balassi, Budapest.

László Gyula (1978) **A „kettős honfoglalás”.** Magvető, Budapest.

Mihók S. (2004) **A hucul ló. (A fajta monográfiája és közép-európai helyzete).** A Póni és Kislótenyésztők Országos Egyesülete kiadványa, Debrecen.

Szathmáry L. (1996) **Honfoglalás kori népességünk struktúrája.** Honfoglaló magyarság Árpád-kori magyarság. JATE, Szeged.

Szontagh A, Ban B, Bodo I, Cothran EG, Hecker W, Jozsa C, Major A. (2005) **Genetic diversity of the Akhal-Teke horse breed in Turkmenistan based on microsatellite analysis.** European Association for Animal Production, 116:123-8.

Vörös I. (1997) **A honfoglaló magyarok állatai az írott források és a régészeti leletek alapján.** Honfoglalás és Árpád-kor. A Verecke híres útján tudományos konferencia anyagai. Kárpátaljai Magyar Kultúrális Szövetség, Ungvár.

Xu X, Arnason U. (1994) **The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, Equus caballus: extensive heteroplasmy of the control region.** Gene,148:357-62.



## Közlemények jegyzéke

**Priskin K**, Szabó K, Tömöry G, Bogácsi-Szabó E, Csányi B, Eördögh R, Downes CS, Raskó I. (2010) **Mitochondrial sequence variation in ancient horses from the Carpathian Basin and possible modern relatives.** *Genetica*, 138:211-8. IF (2008):1,98

**Priskin K**, Tömöry G, Bogácsi-Szabó E, Csányi B, Eördögh R, Raskó I. (2007) **Mitochondrial DNA control region analysis of a late neolithic aurochs (*Bos primigenius* Boj.1827) from the Carpathian Basin.** *Acta Biol Hung*, 58:131-7. IF: 0,447

Bogácsi-Szabó E, Kalmár T, Csányi B, Gyöngyvér Tömöry G, Czibula Á, **Priskin K**, Horváth F, Downes CS, Raskó I. (2005) **Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more Western Eurasian mitochondrial DNA lineages.** *Hum Biol*, 77:639-662. IF: 0.996

Csányi B, Bogácsi-Szabó E, Tömöry G, Czibula Á, **Priskin K**, Csősz A, Mende B, Langó P, Csete K, Zsolnai A, Conant EK, Downes CS and Raskó I. (2008) **Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin.** *Ann Hum Genet*, 72:519-534. IF: 2,307

**Tömöry G, Csányi B, Bogácsi-Szabó E, Kalmár T, Czibula Á, Csősz A, Priskin K, Mende B, Langó P, Downes CS and Raskó I. (2007) Comparison of maternal lineage and biogeographic analysis of ancient and modern Hungarian populations.** *Am J Phys Anthropol*, 134:354-68. IF: 2,273

Összesített impakt faktor: 8,003

### Impakt faktoral rendelkező absztraktok:

Csányi B- Tömöry Gy, Bogácsi-Szabó E, Czibula Á, **Priskin K**, Mórocz M, Szécsényi A, Csősz A, Mende B, Langó P, Csete K, Zsolnai A, Raskó I (2007) **Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations.** *Eur J Hum Genet* 15 Supplement 1, IF: 4.003

## **Előadások:**

**Priskin Katalin**, Eördögh Réka, Tömöry Gyöngyvér, Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, Raskó István (2008) Genetikai időutazás honfoglaló eleink nyomában; **Kutatók éjszakája**, (Szeged, 2008. szeptember 26.)

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

**Priskin Katalin**, Eördögh Réka, Tömöry Gyöngyvér, Csányi Bernadett, Bogácsi-Szabó Erika, Raskó István (2007) „**A honfoglaló magyarok lovainak mtDNA alapú származástani vizsgálata**.” „Genetikai Műhelyek Magyarországon” VI. Minikonferencia, (2007.szeptember 7.)

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Gyöngyvér Tömöry, Aranka Csős, **Katalin Priskin**, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó (2006) **Y chromosomal analyses on ancient bone samples (10<sup>th</sup> century) and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin**. 15<sup>th</sup> Congress of the European Anthropological Association. Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology, Budapest (2006. augusztus 31.-szeptember 3.)

Gyöngyvér Tömöry, Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Cibula, Aranka Csős, **Katalin Priskin**, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó (2006) **Comparison of maternal lineages and phylogenetic analysis of ancient and modern Hungarian populations**. 15<sup>th</sup> Congress of the European Anthropological Association. Man and Environment: Trends and Challenges in Anthropology, Budapest (2006. augusztus 31.-szeptember 3.)

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

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

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

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

Tömöry Gyöngyvér, Bogácsi-Szabó Erika, Csányi Bernadett, Kalmár Tibor, Csősz Aranka, **Priskin Katalin**, Mende Balázs, Langó Péter, Németh István, Raskó István (2005) **Populáció eredetvizsgálat 9-11. századi magyar csontmintákon**. Magyar Molekuláris és Prediktív Epidemiológiai Társaság II. Nemzetközi Kongresszusa, Pécs (2005. április 1-2.)

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

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

**Poszterek:**

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

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

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

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