



Bölcsészettudományi
Kutatóközpont
Történettudományi
Intézet



Árpád-ház Program



Scientia et fidalitate



„Hadak útján”

A népvándorlaskor fiatal kutatóinak
XXIX. konferenciája

29th Conference of Young Scholars on the Migration Period

Absztraktkötet

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia

A PPKE BTK Régészettudományi Intézetének kiadványai

Archaeological Studies of PPCU Institute of Archaeology

Volume 15

Bölsészettudományi Kutatóközpont

Magyar Őstörténeti Témacsoport Kiadványok

Volume 6

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia
A PPKE BTK Régészettudományi Intézetének kiadványai
Archaeological Studies of PPCU Institute of Archaeology

Bölcsészettudományi Kutatóközpont
Magyar Őstörténeti Témacsoport Kiadványok

Studia ad Archaeologiam Pazmaniensia
Nemzetközi szerkesztőbizottság /
International Advisory Board

Heinrich Härke
Eberhard Karls Universität (Tübingen, D)

Oleksiy V. Komar
Institute of Archaeology of NUAS (Kiev, Ua)

Abdulkarim Maamoun
Damascus University (Damascus, Syr)

Denys Pringle
Cardiff University (Cardiff, UK)

Dmitry A. Stashenkov
Samara Regional Historical Museum (Samara, Ru)

BTK MŐT
sorozatszerkesztők

Fodor Pál
BTK
főigazgató

Vásáry István
BTK MŐT
elnök

„HADAK ÚTJÁN”
A NÉPVÁNDORLÁSKOR
FIATAL KUTATÓINAK
XXIX. KONFERENCIÁJA

Budapest, 2019. november 15–16.

29TH CONFERENCE OF YOUNG SCHOLARS
ON THE MIGRATION PERIOD

November 15-16, 2019, Budapest

Absztraktkötet

Szerkesztők

SUDÁR BALÁZS – TÜRK ATTILA



Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Bölcsészet- és Társadalomtudományi Kar
Régészettudományi Intézet



Martin Opitz Kiadó



Bölcsészettudományi Kutatóközpont
Magyar Őstörténelmi Témacsoport

BUDAPEST 2019



PÁZMÁNY PÉTER
KATOLIKUS EGYETEM

A kötet a



Árpád-ház Program
támogatásával valósult meg



Bölcsészettudományi
Kutatóközpont

A kötet az Árpád-ház Program támogatásával készült
(IV.1. Keleti örökség – Keleti kapcsolatok. Írott források és kiadványok
IV.2. Az Árpád-ház elődeinek keleti kapcsolatrendszere)

A kötet szerkesztése az MTA Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatásával készült.

Munkatársak

Ambrus Edit – Budai Dániel – Füredi Ágnes

© szerzők

© Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténeti Témacsoport

© Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Bölcsészet és Társadalomtudományi Kar, Régészettudományi Intézet

© Martin Opitz Kiadó

ISBN 978-963-9987-57-9

HU-ISSN 2064-8162

Minden jog fenntartva. Jelen könyvet, illetve annak részeit tilos reprodukálni, adatrögzítő rendszerben tárolni, bármilyen formában vagy eszközzel – elektronikus úton vagy más módon – közölni a kiadó engedélye nélkül.

Kiadja:

Bölcsészettudományi Kutatóközpont Magyar Őstörténeti Témacsoport –
Martin Opitz Kiadó – PPKE BTK Régészettudományi Intézet

Nyomda: Pauker Nyomdaipari Kft.

TARTALOM

VITALIE SINICA – NICOLAI TELNOV – MAKSYM KVITNYTSKYI: Венгерские памятники IX – первой половины X в. в Северо-Западном Причерноморье – Archaeological sites of the Subbotsy horizon (legacy of the 'Etelkoz') in the Northwest Black Sea Region (9–10 th cc.).....	7
ZÁGORHIDI CZIGÁNY BERTALAN – IGOR PROHNENKO – TARAS VERBA – OLEG FJODOROV – TÜRK ATTILA: Honfoglalás kori magyar jellegű sír Rovanci (Ua) határából. Adatok a 10. századi veretes készenléti íjtartó tegezék kelet-európai elterjedéséhez	11
BALOGH BODOR TEKLA: Gömbsorcüngös fülbevalók a 10. századi Kárpát-medencében és kelet-európai kapcsolatrendszerük.....	18
POLÓNYI EMESE – TÜRK ATTILA: A Kárpát-medence 10. századi lemezes hajfonatkorongjainak klasszifikációja és a hajfonat díszítésének kora középkori kelet-európai kapcsolatrendszere	20
HARANGI FLÓRIÁN – E. NAGY KATALIN – BERTA NORBERT – TÜRK ATTILA: Honfoglalás kori temető Derecske határából. Adatok a 10. századi magyar külkapcsolatok kérdéséhez az import selyemleletek kapcsán	30
FLESCH MÁRTON – STROHMAYER ÁDÁM – TÜRK ATTILA: A honfoglalás kori tegezöv egy új rekonstrukciója a karosi II/52. sír íjászfelszerelésének átdolgozása és keleti analógiák nyomán.....	34
B. SZABÓ JÁNOS: Honfoglalás anatómia: Anonymus honfoglalás történetének e gy eddig ismeretlen keleti párhuzama	42
FEHÉR BENCE: Modern filológiai teendők a magyar őstörténet középgörög forrásai körül	43
KÁPOLNÁS OLIVÉR: A magyar eredetmonda szerkezetének mongol és mandzsú párhuzamai.....	45
SUDÁR BALÁZS: Madzsarok Anatóliában: kora újkori magyar bevándorlók vagy nomád törökök?.....	47
SZEBENYI TAMÁS: Megjegyzések a szarmata Barbaricum pecsételt kerámiájához az újabb Pest megyei leletek kapcsán.....	49
MASEK ZSÓFIA – SERLEGI GÁBOR – VÁGVÖLGYI BENCE: A jászalsószentgyörgyi késő szarmata – hun kori halomsíros temető újraértékelése	51
PIROS RÉKA ÁGNES – MOZGAI VIKTÓRIA – BAJNÓCZI BERNADETT: Hun kori lószerszámos leletegyüttesek roncsolásmentes archeometriai vizsgálatának új eredményei	53
MOZGAI VIKTÓRIA – HORVÁTH ESZTER – BAJNÓCZI BERNADETT: Archeometriai vizsgálatok 5. századi gránát- és niellóberakásos aranyozott ezüst övcsatokon.....	54
PROHÁSZKA PÉTER: Aranyérmek késő római és kora népvándorlás kori sírokban	55
RÁCZ RITA: Kronológiai kérdések, külkapcsolatok, viselet Újabb megfigyelések a jutasi 196. sír és a langobard továbbélés kérdésében, a női viselet tükrében.....	57
ZÁGORHIDI CZIGÁNY BERTALAN – KENÉZ ÁRPÁD – TÜRK ATTILA: Tiszakürt–Sziki-Kisföldek 32. objektum honfoglalás kori sír. Adatok a 10. századi hurkos végű bronzdrótok értékeléséhez, valamint a lovaglóostorok és fémszerelések faedények elkülönítéséhez a korszak hagyatékában.....	59
JANCSIK BALÁZS – GULYÁS ANDRÁS – STROHMAYER ÁDÁM – SZIGETI JUDIT – TÜRK ATTILA: A Jászság honfoglalás kori régészeti kutatásának új eredményei. Adatok a 10. századi poncolt süvegsúcsok és a csövecskés merevítésű tarsolyok elterjedéséhez	68

LANGER DÁNIEL – LÖRINCZY GÁBOR – TÜRK ATTILA: Szeged-Szabadkai út, Négyhalom dülő honfoglalás kori leletei. Adatok a 10. századi rozettás lószerszámveretek értékeléséhez és elterjedéséhez az új keleti analógiák fényében	77
TOMPA BALÁZS – ZÁGORHIDI CZIGÁNY BERTALAN: 9–10. századi egyenes pengéjű szablyák és szablamarkolatú kardok a Kárpát-medencében.....	84
TAKÁCS RICHÁRD – PUSZTAI TAMÁS: A Hernád-völgy 10–11. századi településtörténetéhez.....	86
SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA – MENDE BALÁZS GUSZTÁV: Mire jó az archeogenetika és hogyan használjuk?	88
CSÁKY VERONIKA – GERBER DÁNIEL – KONCZ ISTVÁN – CSIKY GERGELY – SZEIFERT BEA – EGYED BALÁZS – PAMJAV HOROLMA – MENDE BALÁZS GUSZTÁV – SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA – VIDA TIVADAR: Az avar kori elit eredetének és rokoni szerveződésének paleogenetikai vizsgálata.....	92
NÉMETH ENDRE – FEHÉR TIBOR: Az apai vonalú N haplocsoport szerepe a mai baskírok, tatárok és magyarok genetikai kapcsolatrendszerében	95
GERBER DÁNIEL – CSÁKY VERONIKA – MENDE BALÁZS GUSZTÁV – SZEIFERT BEA – EGYED BALÁZS – SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA – TÜRK ATTILA: Betekintés az Urál vidéki népességek első évezredbeli genetikai összetételébe	97
SZEIFERT BEA – CSÁKY VERONIKA – GERBER DÁNIEL – EGYED BALÁZS – STÉGMÁR BALÁZS – TÜRK ATTILA – MENDE BALÁZS GUSZTÁV – SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA: Korai magyarsággal kapcsolatba hozható oroszországi lelőhelyek csontanyagának archeogenetikai vizsgálata.....	100
MAÁR KITTI – NEPARÁCZKI ENDRE – MARÓTI ZOLTÁN – KALMÁR TIBOR – NAGY ISTVÁN – LATINOVICS DÓRA – KUSTÁR ÁGNES – PÁLFI GYÖRGY – RASKÓ ISTVÁN – TÖRÖK TIBOR: Honfoglalás kori köznépi temetők anyai vonalainak jellemzése, archeogenetikai módszerekkel.....	104
SZÜCS MELINDA: Meroving-kori lovas temetkezések a Dunántúlon.....	106
BEDE ILONA: Lótemetkezés és temetési folyamat elemzése tafonómiai elváltozások megközelítéssel és a funkcionális anatómia segítségével	108
ZBIGNIEW ROBAK: The Early Medieval stronghold Bojná-Valy – a seat of the elites or a garrison?	110
SZÜCSI FRIGYES: „Az ismeretlen ismerős.” Új eredmények a csákberény-orondpusztai avar kori temető kutatásából.....	112
POSZTERELŐADÁSOK	
LIBOR CSILLA: A gyermekek bioarchaeológiai kutatásainak lehetőségei.....	113
GULYÁS GYÖNGYI – GALLINA ZSOLT – TÜRK ATTILA: Újabb régészeti adatok a Duna–Tisza köze honfoglalás kori településtörténetéhez és a 10. századi bolgár–magyar kapcsolatok kérdéséhez egy tázlári sír kapcsán.....	115
A KONFERENCIA ELŐADÓI	122

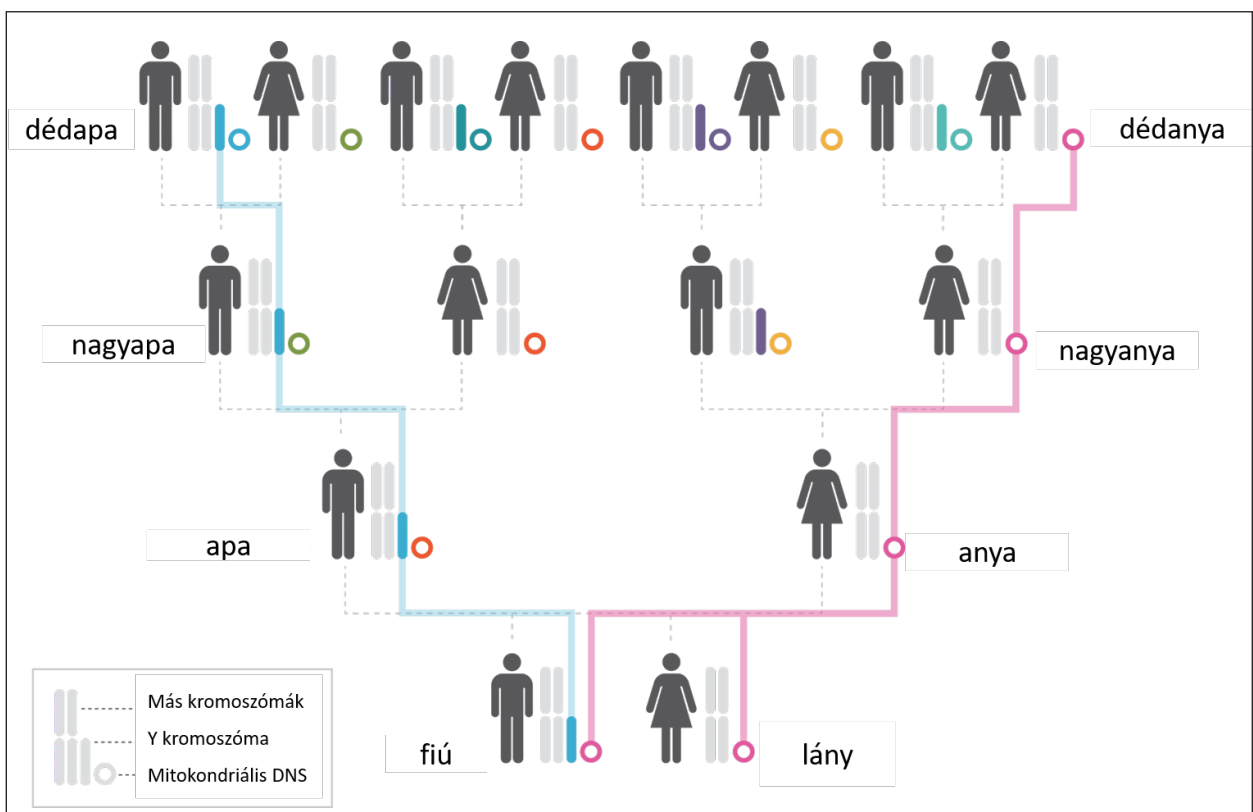
MIRE JÓ AZ ARCHEOGENETIKA ÉS HOGYAN HASZNÁLJUK?

SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA – MENDE BALÁZS GUSZTÁV

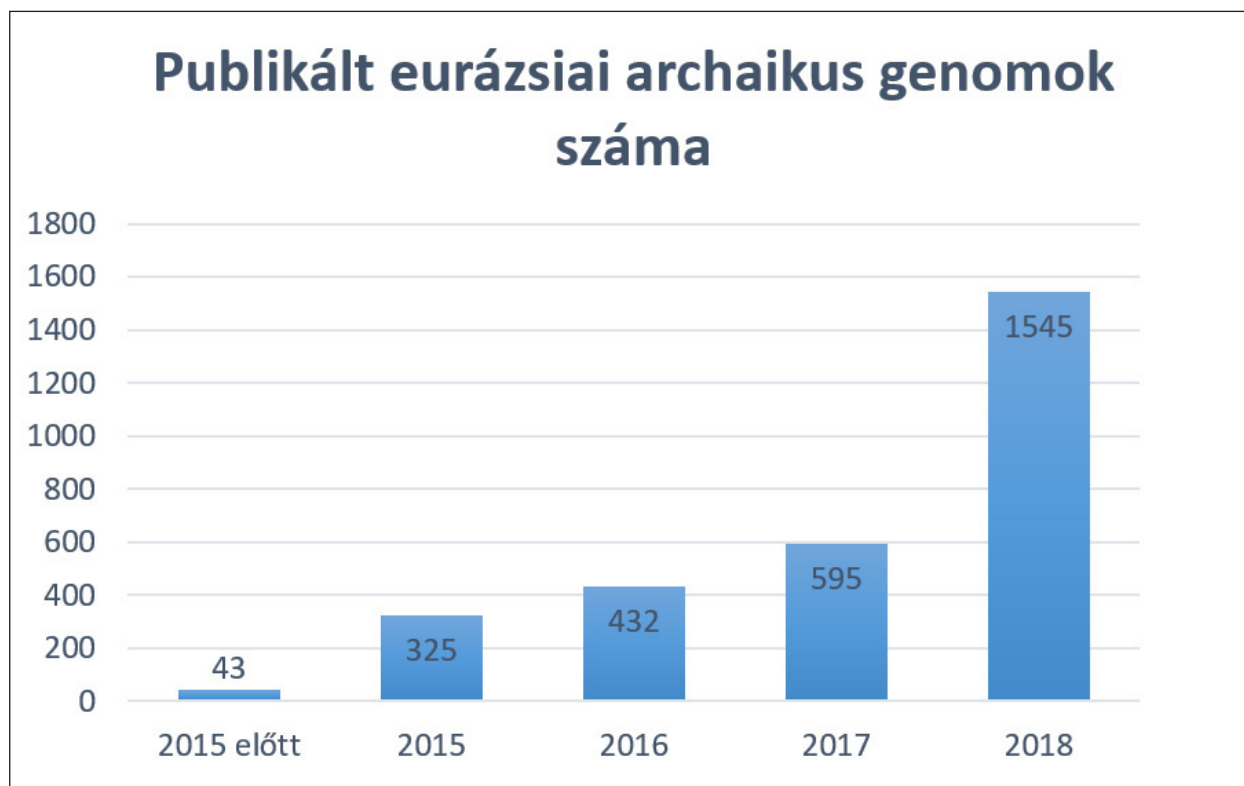
A régészeti genetika az elmúlt évtizedben rohamosan fejlődő tudományterület, amely napjainkban egyre több régészeti kutatási programban szerepet kap. A 2000-es évek archeogenetikai kutatásaiban az anyai öröklésmentű mitokondriális DNS játszott a kulcsszerepet, aminek elsődleges oka az volt, hogy állománya viszonylag könnyen és egyszerűen vizsgálható. Az anyai és apai (Y kromoszomális) leszármazási vonalak törzsfákba rendezettek, segítségükkel filogenetikai és filogeográfiai elemzéseket végezhetünk. Mivel a testi kromoszómákkal (autoszómákkal) ellentétben vizsgált szakaszaik nem rekombinálódnak, így az évezredek alatt felhalmozódott mutációkat nyomon tudjuk követni. Vannak olyan Y kromoszomális és mitokondriális vonalak, amelyek a régmúltba vezetnek, megőrzik egy-egy felmenő karakterisztikus genetikai történetét. Azonban ezekkel a markerekkel a vizsgált egyén csupán

két őséről nyerhetünk információt (1. ábra), ezért nagy mintaszámokra van ahhoz szükség, hogy ezen adatokkal populációkat jellemezhessünk, és azok közötti genetikai kapcsolatot vagy távolságot határozhatunk meg.

A 2010-es évek közepére elért technikai újítások révén napjainkra már a nagy mintaszámú teljes genom szintű, újgenerációs szekvenálást (NGS) használó vizsgálatokra helyeződött a hangsúly. A sejtmagi autoszómák az ivarsejtek kialakulása során rekombinálódnak, így apai és anyai génállomány keverten kerül át az utódokba. Az autoszómák vizsgálata sokkal alkalmasabb csoportok, populációk keveredésének a vizsgálatára, keveredési arányok és időpontok meghatározására. A „teljes genom” adatok többsége a testi kromoszómák elszórt helyeiről válogatott, közel 1,2 millió nukleotid variáns (SNP) leolvasására kifejlesztett módszerrel



1. ábra. Anyai (mitokondriális, rózsaszínnel) és apai (Y kromoszomális, kézzel jelölt) leszármazási vonalak
Készült a <https://genographic.nationalgeographic.com> forrás alapján



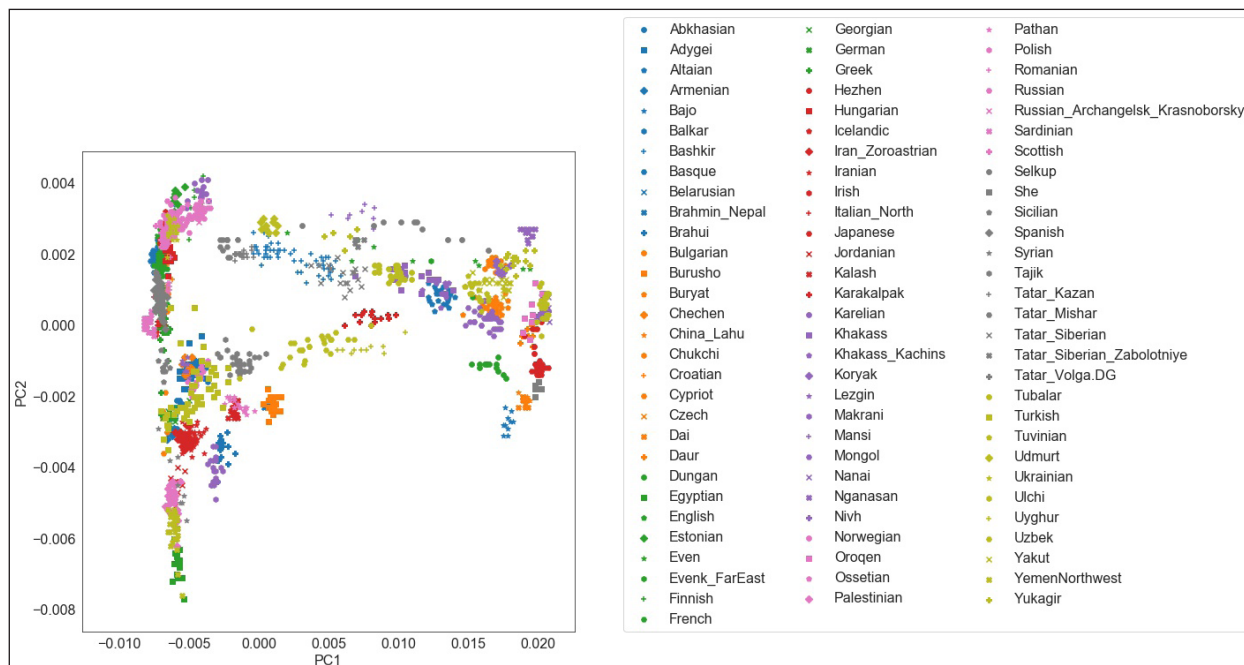
2. ábra. Az archeogenomikai eredmények bővülésének üteme a 2010-es években (Veeramah 2018 nyomán)

alapul, amely az emberi genom számunkra érdekes (genetikai eredetről árulkodó) szakaszainak hibridizációs befogását majd dúsítását és szekvenálását jelentő eljárás. Az adatok kisebb része származik csak a költségesebb és a minta DNS megtartásának, szennyezettségének jobban kiszolgáltató teljes genom szekvenálásából, azaz a sejtmagi DNS állomány három milliárd bázispárjának véletlenszerű leolvasásából. Az így kinyert adatmennyiség használhatósága nem minden esetben jobb, mint az 1,2 millió SNP dúsításával előállított eredményé. Ugyanis igen fontos tényező egy-egy eredmény értékelésénél, hogy a genomot hányszor fedik le a rövid leolvasott és informatikai eszközökkel vissza-illesztett szakaszok. Egy 0,1–1-szer lefedett teljes genom szekvenciasor sokszor kevesebb információ tartalommal bír, mint egy 3–10-szer lefedett 600–800 ezer SNP-t tartalmazó genotípus.

Az archeogenomika vagy paleogenomika kezdetben a *Homo Sapiens* evolúciójára, majd az őskori nagyobb népességtörténeti kérdésekre fókuszált. Ezek a kutatások eddig térben és időben is nagy léptékű mintasorozatokkal dolgoztak, így igen kevés volt az esettanulmány, a teljes genom szinten fel-

dolgozott temető. A népvándorláskor populációgenetikai kutatása csupán az elmúlt pár évben kezdett kibontakozni, ahogy az őskor genetikai történetének felvázolása után a kutatók időben egyre fiatalabb időszakok felé fordultak. Ugyan a hazai mitokondriális DNS adatsorok egyre bővülnek az avar korból és a honfoglalás korából (Csósz et al. 2016; Csáky et al. 2019; Neparáczi et al. 2018), teljes genom szintű vizsgálatok közül csupán egy tanulmány foglalkozik eddig a népvándorláskori Kárpát-medencével (Amorim et al. 2018). A korszak nagyobb eurázsiai paleogenetikai összefüggéseit 2018-ban vázolták fel először Damgaard és munkatársai (Damgaard et al. 2018), még igen sok történeti és régészeti kérdést megválaszoltalanul hagyva.

A tudományterület fejlődését a társtudományok művelői egyrészt reményteljes várakozással, másrészt szkepticizmussal vegyes csalódással követik. A régészeti kutatás számára gyakori probléma a kapott genetikai adatok értelmezése. Az archaikus genetikai adatok régészeti és történeti értékelhetősége és jelentősége igen változó, sokszor egy-egy kutatás kezdetén előre meg nem jósolható. Az eredmények gyakorlati haszna a régészet számára függ



3. ábra. Mai emberek közel 600 000 autoszomális SNP adata alapján készült főkomponens analízis (PCA), amelyen egy adatpont egy humán genomot (genotípust) jelent. Az egyes emberek leginkább népek és élőhelyük szerint csoportosulnak, de megfigyelhető nyelvcsaládok mentén összekapcsolódó csoportok is. Az első főkomponens (PC1) mentén Ny–K irányban szóródnak a népcsoportok, a PC2 mentén pedig Eurázsia Északi és Déli területeiről jelennek meg a vizsgálatba bevont emberek genotípusa

a genetikai vizsgálat típusától és a vizsgált korszak és népesség biológiai kapcsolatrendszerétől is.

Ahhoz, hogy a régész kollégák saját kutatásuk számára is használható adatokhoz jussanak, már a mintavételei stratégia kidolgozásában érdemes együttműködni. Mivel a csontanyag megtartási állapota, a feldolgozást végző laboratórium technológiai háttere és a legtöbbször korlátozott anyagi lehetőségek miatt a vizsgálati metódus és annak reprezentációs szintje nagyon változatos lehet, úgy a kimeneti adatokban is nagyfokú szóródás lehet. Ezért – ahogyan erre a mintavételei protokoll is kötelez – már a mintagyűjtés előtt érdemes a vizsgálati metódusokat, a kimeneti adatok értékelhetőségét egyeztetni. A vizsgálat típusának megválasztásánál az adott régészeti, történeti kutatási kérdéseket kell mérlegelni. Míg az igazságügyi genetikából kölcsönzött klasszikus módszerek alkalmasak rokonsági viszonyok feltárására, az NGS szekvenálás viszont napjainkra elengedhetetlen feltétele lett a népességtörténeti vizsgálatoknak.

Gyakori és sokszor értetlenséggel kísért jelenség, amikor az adott minta a nemzetközi kutatás egy adataként bukkan fel, illetve a vizsgálatok egy, vagy akár nagyobb részét is külföldi laborok és szakem-

berek végzik. Ez egy világtrend, amiben a legfontosabb, hogy az együttműködés tartalmi elemei a felek számára számon kérhető – írásbeli megállapodással megerősített –, illetve tudományosan és etikailag is arányos legyen. A hazai technológiai lehetőségek (és az eddigiekben elnyert források) nem teszik lehetővé például a teljes genom-jellegű vizsgálatok – tömeges és ár/kapott adat szempontjából értelmes kivitelezését. Ezt ezért kutatási megállapodások keretében nagy referenciával bíró nemzetközi laborok, illetve az utóbbi időkben tervezetten külső szolgáltatók végzik. Az elvégzett vizsgálatok mennyisége és a kapott adatok és azok felhasználhatósága közötti eltérés egyik oka a rendelkezésre álló bioinformatikai-biostatistikai humán erőforrás szűkössége. Mindezek miatt a nemzetközi kutatási keretekben történő kutatásoknak és adatértékelésnek jelenleg nincsen igazán alternatívája.

Az archaikus referencia adatsorok folyamatosan bővülnek, így az eredmények összehasonlításokon alapuló értékelhetősége is egyre jobb és több lehetőséget nyújt. A bronzkor folyamán a Kárpát-medence lakosságának genetikai összetétele a maihoz hasonlatossá vált, ezután újabb Európán belüli népmozgásokat elkülöníteni már csak

a teljes genomok alapos statisztikai összehasonlító vizsgálatával lehetséges. Az első archeogenomikai tanulmányok egymástól igen nagy távolságra élt embereket gyűjtöttek csoportokba kulturális hagyatékek alapján (Damgaard et al. 2018). Több mint kétséges, hogy ők valóban egy-egy közösséghez tartoztak volna. A populációgenetika a megfigyelt változatosságot az adatokhoz illeszkedő legegyszerűbb modellek segítségével próbálja értelmezni, melyek sokszor igen távol állnak a régészettudomány részletesen kidolgozott jelentéstartalommal bíró kategóriáitól (példa erre a migrációk különböző típusai). A lecsupaszított modellekkel és magyarázatokkal jellemezhető vázlatos „genomikai történetírást” reményeink szerint kiegészítik majd kisebb léptékkel és nagyobb részletességgel megvalósuló kutatási programok, melyek interdiszciplináris keretben releváns információt adhatnak közösségeken belüli szociális és rokonsági viszonyokról is. Ilyen a 2020-ban Walter Pohl (ÖAW) vezetésével, laboratóriumunk közreműködésé-

vel induló hat éves ERC Synergy „HistoGenes 856453” program is, amely a Kárpát-medence 5–9. századát veszi fókuszba. A Magyarországon Vida Tivadar és az ELTE Régészettudományi Intézete koordinálása alatt folyó multidiszciplináris kutatás nemcsak léptékében egyedi, de kérdésfeltevésében is újszerű. Kiindulópontként az egyén biológiai állapotát (DNS, biológiai nem, életkor, egészség, étrend) és társadalmi helyzetét szeretné megismerni. A következő szinten meghatározhatóvá válik majd az egyének alkotta kisebb közösségek szerveződése és ezek régészetileg vizsgálható kulturális és társadalmi megjelenése. A kutatásokat térben kiterjesztve a közösségek kapcsolatairól vonhatók le következtetések, míg az időbeli távlat terveink szerint a hosszú távú multidiszciplináris népességtörténeti elemzést is lehetővé teszi a történeti kutatások bevonásával. Az ilyen jellegű részletes és integratív elemzések reményeink szerint példa értékűen összekapcsolják majd a régészet és az archeogenetika eredményeit.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Ez a tanulmány a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja és az Információs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-

19-4 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának szakmai támogatásával készült.

IRODALOM

- Amorim, C. et al.: Understanding 6th-Century Barbarian Social Organization and Migration through Paleogenomics.” *Nature Communications* 9 (2018 January): 3547.
- Csáky, V. et al.: Genetic Insights into the Social Organisation of the Avar Period Elite in the 7th Century AD Carpathian Basin.” *BioRxiv* 2019. <https://doi.org/https://doi.org/10.1101/415760>.
- Csósz, A. et al: Maternal Genetic Ancestry and Legacy of 10th Century AD Hungarians. *Scientific Reports* (2016) 6: 33446. <https://doi.org/10.1038/srep33446>.
- Damgaard, P. et al.: 137 Ancient Human Genomes from across the Eurasian Steppes. *Nature* (2018) 557: 369–374. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2>.
- Neparácski, E. et al.: Mitogenomic Data Indicate Admixture Components of Central-Inner Asian and Srubnaya Origin in the Conquering Hungarians. Edited by David Caramelli. *PLOS ONE* 13 (10) (2018): e0205920. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205920>.
- Veeramah, Krishna R.: The Importance of Fine-Scale Studies for Integrating Paleogenomics and Archaeology. *Current Opinion in Genetics & Development* 53 (2018. December): 83–89. <https://doi.org/10.1016/J.GDE.2018.07.007>.