

ARCHEOGENETIKAI ADATOK A HUNOKRÓL

TÖRÖK TIBOR

KIVONAT: Az európai és ázsiai hunok (xiongnuk) kapcsolata máig vitatott, azonban az archeogenetikai adatok segíthetnek megválaszolni ezt a kérdést. A mongóliai xiongnukat genom szinten már jól jellemezték, és az európai hunokról is egyre gyűlnek a genom adatok. A xiongnukról kimutatták, hogy genetikailag igen heterogének voltak, a vaskori ázsiai szkíták és a Slab-Grave-kultúra keveredésére vezethetők vissza, melyhez a késő xiongnu korszakban némi szarmata és kínai keveredés társult. Az eddig ismert xiongnu korszakot követő hun kori genomok eloszlása jól megfelel a xiongnu genomok eloszlásának. Emellett a hun kori genomok 80%-a ugyanabba a Q és R1a-Z93 Y-kromoszómás haplocsoportba tartozott, ami a xiongnukra is jellemző volt. Az eddigi genetikai adatok összességében az európai hunok xiongnu eredetét támogatják.

KULCSSZAVAK: hun, xiongnu, szkíta, Slab-Grave, főkomponens-elemzés

ABSTRACT: The relationship between the European and Asian Huns (Xiongnuk) is controversial, but archaeogenetic data may help to find answers. The Mongolian Xiongnu have been well characterized at the genome level, and genomic data are also accumulating on the European Huns. The Xiongnu have been shown to be genetically very heterogeneous, dating back to the admixture of the Iron Age Asian Scythians and the Slab-Grave culture, with some Sarmatian and Chinese admixture in the late Xiongnu period. The distribution of the Hun genomes known so far after the Xiongnu period matches well with the distribution of the Xiongnu genomes. In addition, 80% of the Hun genomes belonged to the same Q and R1a-Z93 Y-chromosomal haplogroups, which were also characteristic of the Xiongnu. Overall, the genetic data to date support the Xiongnu origin of the European Huns.

KEYWORDS: Huns, Xiongnu, Scythians, Slab-Grave, principal-component analysis

Ebben a fejezetben az ázsiai hunokról és az európai hunokról eddig közölt archeogenetikai adatokat foglalom össze, ezen belül is kizárólag a legnagyobb felbontású teljes genom adatokról lesz szó, mert ezekből vonhatók le a legbiztosabb következtetések.

Eddig három szakcikkben közöltek hun genomokat. Az elsőként megjelent közleményben Damgaard és munkatársai 2018-ban 137 genomot közöltek egy hatalmas területről, az egész eurázsiai steppéről, melyek elemzésével nagy vonalakban felvázolták az egész steppe vaskori, hun kori és középkori népességmozgásait. Témánk szempontjából fontos, hogy két xiongnu (ázsiai hun) genomot is vizsgáltak Mongólia nyugati részéről és hármat a keleti részéről. Ezen kívül a xiongnu kort követő időkből is vizsgáltak hunoknak tulajdonított maradványokat, melyek közül két általuk *hun kori nomádnak* és másik két *hun-szarmatának* nevezett minta Kazahsztánból származott, további 22 mintát pedig Türkmenisztánban tártak fel, melyeket koruk, lelőhelyük és mellékleteik alapján Tien-sani hunnak határoztak meg.

Jeong és munkatársai 2020-ban egy nagyívű munkában 214 ősi genomot vizsgáltak Mongóliából, melyek kora a kőkortól a középkorig terjedő időintervallumba esett. Ezek segítségével igen részletesen rekonstruálták Mongólia 6000 éves genetikai történetét a kőkortól Dzsingisz kán koráig. A vizsgált időszak magában foglalja az ázsiai hun korszakot is (kb. Kr. e. 3. századtól Kr. u. 1. század), melyből *60 egyént vizsgáltak*.

Végül 2021-ben jelent meg Gneecchi-Ruscone és munkatársai cikke 111 genom elemzéséről, melyben elsősorban a vaskori ázsiai szkíták és szarmaták eredetét vizsgálták, de emellett 8 hun kori mintát is közöltek, az egyiket épp Magyarországról.

A hunok története ugyan Mongóliából indult, de a hun korszak megértéséhez ismerni kell annak előzményeit is, mégpedig az eurázsiai steppén a középső Bronzkortól lejátszódott legfontosabb eseményeket, ezért először röviden ezt

foglalom össze. Témánk szempontjából legfontosabb esemény, hogy az Ural vidékről induló Szintasta-kultúra (Kr. e. 2050–1900) leszármazottja az Andronovo-kultúra nomád népsége Kr. e. 2000 és 1450 között egészen Mongóliáig belakta az egész steppét.

Az európai steppén ekkor egy ikerkultúrát találunk, a Gerendavázás, oroszul Szrubnaja kultúrát. A Szintasta, Andronovo és Szrubnaja kultúrák népsége genetikailag egyöntetű volt, és ezt a túlnyomórészt Európából származott homogén összetételű népséget a genetikusok *Steppe Middle-Late Bronze Age* (*steppe_MLBA*) népségnek nevezik. Mongólia északi és keleti területeinek környékén egy ettől teljesen eltérő ősi észak-kelet ázsiai genetikai típusú népesség élt, melynek markáns képviselője a késő bronzkori Kövshgöl régészeti kultúra.

A steppe életében ezeken kívül egy harmadik genetikai típus volt meghatározó, mégpedig az Amu-darja felső folyásánál egykor élt magas városi kultúrájú Oxus civilizáció, régészeti nevén Bactria-Margiana Archaeological Complex, röviden BMAC iráni népsége. Ez a három markánsan eltérő genetikai típusal jellemezhető népesség a késő Bronzkortól kezdve fokozatosan terjeszkedett egymás irányába és elkeveredett egymással. A Gneccchi-Ruscone közleményben ezeket a bronzkori steppei keveredéseket részletesen bizonyították. A szerzők kimutatták, hogy a vaskorra (Kr. e. 900-tól Kr. e. kezdete között) mind az Ural vidéki szarmaták, mind az Altáj vidéki ázsiai szkíták ennek a három fő összetevőnek különböző arányú keverékét hordozták. A vaskorban aztán további népesség-mozgások és -keveredések történtek, a szarmaták elfoglalták az egész pontuszi steppét, de kelet felé is terjeszkedtek, az ázsiai szkíták pedig Mongólia közepéig hatoltak.

Az ázsiai hunok (xiongnuk) szempontjából kiemelt jelentőségű Mongólia vaskori őstörténete. Az altáji szkíták legismertebb csoportjai a Pazyryk, Tagar, Saka és Aldy-Bel régészeti kultúrákba tartoznak, melyek az Altáj Kazahsztán és Oroszország felé eső lejtőin éltek, és akik nagyjából 50% *steppe_MLBA*, 20–40% Khövsgöl, 10–20% BMAC genetikai örökséget hordoztak.

Az Altáj Mongólia felé eső lejtőin nagyjából Mongólia közepéig ugyanezek a szkíták éltek, de ezeket a régészek Sagly, Uyuk és Chadman, néven ismerik. Mongólia keleti részén ekkor az úgynevezett Slab-Grave-kultúra népsége élt, akik változatlan formában őrizték a több ezer éves ősi Khövsgöl genomjukat,

amit az egyszerűség kedvéért proto-Mongolnak is nevezhetünk. Ez a kétféle népesség azonban csak genetikailag és embertanilag tért el egymástól, egyébként már a korai bronzkortól kezdődően teljesen azonos nomád életmódot folytatott.

Jeong és munkatársai kimutatták, hogy a korai xiongnu korszak emberei két markánsan eltérő genetikai típusba tartoztak. A Mongólia nyugati részén feltárt lelőhelyekről származó minták szinte változatlan formában hordozták a vaskori szkíta génösszetételt, de ahhoz képest kissé magasabb iráni (BMAC) aránnyal. A Mongólia keleti részén feltárt korai xiongnu minták viszont 90%-ban Slab-Grave genomot hordoztak, de immár 10%-os szkíta keveredéssel. Ebből két jelenségre következtethetünk: 1. a BMAC területéről történő folyamatos népesség-beáramlásra; 2. a szkíta leszármazottak Mongóliába keleti területeire áramlására, és ezt követő szkíta-Slab-Grave keveredésre.

A késő xiongnu korszakban ezek a keveredések tovább folytatódtak, de a korszak vége felé két új összetevő is megjelent Mongóliában, a szarmata, és a kínai. A kínai keveredést a történeti források is említik, de az európai szarmaták megjelenése Mongóliában korábban teljesen ismeretlen volt. A xiongnu korszak tehát genetikai és kulturális értelemben a korábban ott élő népességek keveredéséről szólt, ami nyilvánvalóan a birodalmi politikának köszönhető, miközben a késő xiongnu korszakban további európai szarmata, iráni BMAC és han kínai népesség is megjelent ebben a keveredésben. Számomra a közlemény egyik legnagyobb meglepetése az volt, hogy az europid embertani típusú népesség milyen óriási arányban volt jelen Mongóliában a xiongnu korban. A szerzők azt is kimutatták, hogy Mongólia csak Dzsizsig Kán korában nyerte el mai homogén mongoloid embertani arculatát.

További genetikai munkák arra is rálátást nyújtottak, hogy mi történt a step-pén az ázsiai Hun Birodalom megszűnése után. Több tudományos közleményben is kimutatták, hogy a vaskor közepétől kezdve a népvándorlások uralkodó iránya megfordult. Míg korábban az europid népesség nyugat-keleti áramlási iránya dominált, az ókorban és a középkorban ez megfordult, és a kelet-ázsiai embertani típus tömegesen jelent meg Mongóliától nyugatra, ami az európai Hun korszakban majd az ezt követő Türk-Mongol időszakokban különösen fel erősödött. A xiongnu Birodalom felbomlását követően komoly átrendeződések történtek a step-pén. Időszámításunk szerint 48-ban egy örökösödési vita ket-

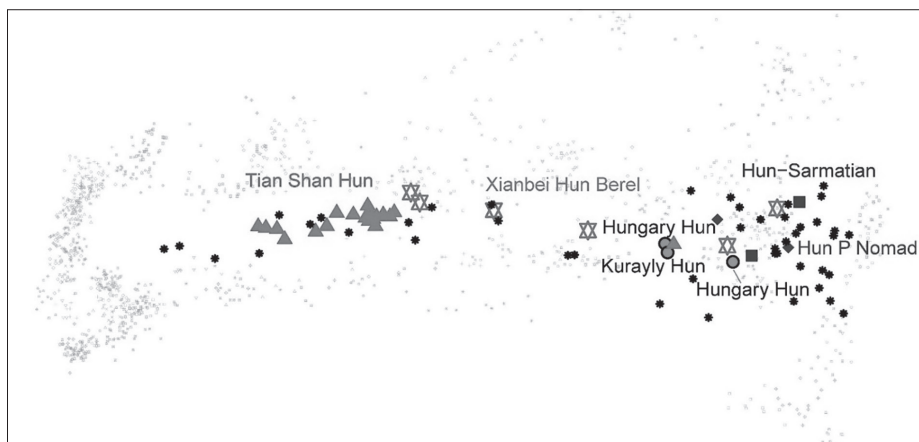
tészakította a xiongnu birodalmat, majd a déli hunok a kínaiakkal, valamint a korábban alávetett Xianbeiekkal (szienpik) szövetkezve Kr. u. 150-re kiűzték az északi hunokat Mongóliából. Ezt követően a déli hunokat a kínaiak asszimilálták, és a Xianbeiek alakítottak birodalmat.

A kiűzött hunok Közép-Ázsiába húzódtak, majd később még tovább nyugat felé, ahol addig a szarmaták uralkodtak. Szergej Botalov orosz régész szerint hun vezetéssel egy hun-szarmata vegyes kultúra jött létre, és szerinte a késő szarmata sírok jelentős része Kr. u. 100-at követően részben már európai hunokat rejt. Amit a xiongnu genomokról megtudtunk, jól alátámasztja Botalov elméletét, hiszen a Mongóliából kivonuló hunok jelentős része europid típusú lehetett, köztük jelentős arányú szarmatával. Ez bizonyára nagyban megkönnyítette a nyugati szarmaták asszimilációját. Akár igaza van Botalovnak, akár nem, az európai hunok biztosan keletről érkeztek, és 370-körüli feltűnésük az európai forrásokban közel esik ahhoz, amikor a xiongnuk eltűnnek a kínai forrásokból. Márpedig a Volgától keletre épp az a Közép-Ázsia fekszik, ahova az északi xiongnukat kiűzték.

Ezután vizsgáljuk meg, hogy mit mutatnak a genetikai adatok a xiongnu korszak utáni hunokról. A szakirodalomból kigyűjtöttem az összes olyan lelőhelyet, ahonnan ez idáig a régészek által hunnak minősített mintákat jellemezték genetikailag, mely minták a xiongnu korszak utánra datálódnak. A legkeletibb lelőhely az Altájban, a híres Pazyryki kurgánok mellett található, ahol hat hun kori egyént mellékleteik alapján Xianbei-hunnak neveztek el.

Kazahsztánban találtak továbbá két hun-nomádnak és további két hun-szarmatának keresztelt mintát, valamint a lelőhely alapján Kurayly hunnak nevezett magányos hun elit sírt az Ural vidékén. Ezek mellett közölték a Budapesten feltárt Vezér utcai hun elit harcos genomját, melyhez én hozzáadtam egy másik hun harcost Marosszentgyörgyről, akit épp most vizsgálunk. A továbbiakban ezeket a hun genomokat fogom összehasonlítani az előzőleg bemutatott xiongnu genomokkal.

A xiongnu és hun kori genomokat felvetítettem egy genetikai térképre (1. ábra), amely az úgynevezett főkomponens analízis (PCA) módszerével készült. A PCA eljárás lényege az, hogy a hasonló genomok egymás közelébe térképeződnek, a különböző genomok pedig egymástól távolra.



1. ábra. xiongnu és hun-kori genomok főkomponens analízise.
A fekete pöttyök a Jeong és munkatársai (2020) által közzétett xiongnu minták
genetikai térképhez tartoznak, a színes szimbólumok pedig a feliratoknak
megfelelő hun-kori genomok térképhez tartoznak.

Az 1. ábrán az európai típusú szarmata, szkíta és iráni genomok a térkép bal oldalára, az ázsiai Slab-Grave típusú genomok pedig az ábra jobb oldalára térképeződnek, a kettő keverékei pedig ezek közé. Jól látszik, hogy a hun kori genomok eloszlása (színes szimbólumok) jól megfelel a xiongnuk eloszlásának (fekete pöttyök).

Még ennél is meggyőzőbb, hogy a három barna körrel jelölt, biztosan európai hun minta egészen keletre térképeződik, valamint három igen távoli lelőhelyről feltárt minta – a Budapesten (Hungary Hun), az Urálban (Kurayly Hun) feltárt hunok, és az egyik Tien-Sanban feltárt hun (piros háromszög) – genomja szinte teljesen megegyező, mivel közvetlenül egymásra térképeződnek annak ellenére, hogy a világ igen távoli pontjairól származtak. Emellett a Tien-sani hunok többsége az európai térfélre térképeződik, a kazahsztáni hun-szarmaták és hun kori nomádok pedig egészen keletre, a Slab-Grave típusok közelébe, ami a hun korban komoly népességmozgást jelez Mongólia irányából nyugat felé.

Ha megvizsgáljuk az 1. ábrán színnel jelzett hun kori minták apai vonalait, azt találjuk, hogy 80%-uk két fő típusba (úgynevezett haplocsoportba) tartozott, a Q-ba, valamint az R1a-Z93-ba. Ezek a vonalak szintén jellemzőek voltak az ázsiai hunokra. Az R1a-Z93 az R1a főcsoport ázsiai ága, mely Európában

igen ritka, és a népvándorlásokkal került ide. Az R1a-Z93 csoportba tartoztak az Árpádházi királyok is, de a hunok és a honfoglaló magyarok között is elég gyakori volt.

Összefoglalásként kijelenthetjük, hogy az eddigi genetikai adatok az európai hunok xiongnu eredetét támogatják. Laborunkban jelenleg több hun kori minta vizsgálata folyik, mely remélhetően további fogja pontosítani az európai hunok származását.

Hivatkozott irodalom

- Allentoft et al. 2015.** Allentoft, M. E. et al.: Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*. (2015) 522. sz. 167–172. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Botalov–Gutsalov, 2000.** Botalov, S. G.–Gutsalov, S.: *Hunno-Sarmatians of the Ural-Kazakh steppes*. Riphean, Celjabinsk, Russia, 2000.
- De Barros Damgaard et al. 2018a.** De Barros Damgaard et al.: 137 Ancient Human Genomes from across the Eurasian Steppes. *Nature*. (2018) 557. sz. 369–374. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0094-2>
- De Barros Damgaard et al. 2018b.** De Barros Damgaard et al.: The First Horse Herders and the Impact of Early Bronze Age Steppe Expansions into Asia. *Science*. (2018) 360 sz. 63–96. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aar7711>
- De La Vaissière, É. 2014.** De La Vaissière, É.: The Steppe World and the Rise of the Huns. In Michael Maas (szerk.): *The Cambridge Companion to the Age of Attila*, Cambridge University Press, Cambridge, 2014. 175–192. <https://doi.org/10.1017/CCO9781139128964.015>
- Gnecchi-Ruscone, G. A. et al. 2021.** Gnecchi-Ruscone, G. A. et al.: Ancient Genomic Time Transect from the Central Asian Steppe unravels the History of the Scythians. *Science Advances*. (2021) 7. sz. 4414–4440. DOI: <https://doi.org/10.1126/sciadv.abe4414>
- Jeong et al. 2018.** Jeong, C. et al.: Bronze Age Population Dynamics and the Rise of Dairy Pastoralism on the Eastern Eurasian steppe. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. (2018) 115. sz. E11248–E11255. DOI: https://doi.org/10.1073/PNAS.1813608115/SUPPL_FILE/PNAS.1813608115.SD03.XLSX
- Jeong et al. 2020.** Jeong, C. et al.: A Dynamic 6,000-Year Genetic History of Eurasia's Eastern Steppe. *Cell*. (2020) 183. sz. 890–904. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.015>
- Krzewińska et al. 2018.** Krzewińska, M. et al.: Ancient Genomes Suggest the Eastern Pontic-Caspian Steppe as the Source of Western Iron Age Nomads.

Science Advances. 4 (2018) 10. sz. 44–57. DOI: <https://doi.org/10.1126/sci-adv.aat4457>

Maróti et al. 2022. Maróti, Z. et al.: The Genetic Origin of Huns, Avars, and Conquering Hungarians. *Current Biology*. 32. (2022) 13. sz. 2858–2870. DOI: <https://doi.org/10.1016/J.CUB.2022.04.093>

Mathieson et al. 2015. Mathieson, I. et al.: Genome-wide Patterns of Selection in 230 ancient Eurasians. *Nature*. (2015) 528. sz. 499–503. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature16152>

Narasimhan et al. 2019. Narasimhan, V. M. et al.: The Formation of Human Populations in South and Central Asia. *Science*. 365 (2019) 6457. sz. 74–87. <https://doi.org/10.1126/science.aat7487>