

SCHÜTZ OSZKÁR

# A FELTÉTELEZETT IE ŐSNYELVET BESZÉLŐK GENETIKAI EREDETE: AKTUÁLIS NÉZŐPONTOK A KÉRDÉSKÖR LEGFRISSEBB EREDMÉNYEINEK TÜKRÉBEN

**KIVONAT:** Az indoeurópai (IE) nyelvcsalád a Föld legnépesebb nyelvcsaládja. Az összehasonlító nyelvészet eredményei alapján egyértelműen kimutatható, hogy valamennyi ága egy közös ősnyelvre, a protoindoeurópai (PIE) nyelvre vezethető vissza. A PIE-t beszélők genetikai eredetének vizsgálata már az archeogenetikai kutatások kezdetétől meghatározó téma volt. A területen megjelent több alapvető jelentőségű publikáció nyomán egyértelmű modell látszott körvonalazódni, amely az indoeurópai nyelvek elterjedését a bronzkor elején, a Fekete-tenger északi térségében élő nomád népségek vándorlásához kötötte.

Bár ez a hipotézis meggyőző magyarázatot nyújt az indoeurópai nyelvek mai elterjedésére, a PIE egy korai leágazását képviselő anatóliai nyelvek földrajzi elhelyezkedése továbbra is bizonytalan pont maradt. Az elmúlt években ugyanakkor három nagy volumenű, multidiszciplináris megközelítésű tanulmány is megjelent, amelyek a kérdéskört genetikai, régészeti és nyelvészeti szempontból egyaránt vizsgálták, és különös hangsúlyt fektettek az anatóliai nyelvek integrálására az indoeurópai eredetmodellbe.

Noha ezek a tanulmányok nagy vonalakban hasonló demográfiai folyamatokat vázolnak fel, részleteikben jelentős eltéréseket mutatnak. Jelen összefoglaló célja, hogy rávilágítson az indoeurópai nyelvek eredetével kapcsolatos, tovább-

ra is fennálló tudományos diskurzusra, amely véleményem szerint mindeddig csak részben szolgált kielégítő magyarázattal a kérdés végleges megoldására.

**KULCSSZAVAK:** archeogenetika, populációgenetika, indoeurópai nyelvcsalád, yamnaya népesség, anatóliai hipotézis

OSZKÁR SCHÜTZ

# GENETIC ORIGIN OF THE FIRST INDO-EUROPEAN SPEAKERS: CURRENT NARRATIVES BASED ON THE LATEST FINDINGS IN ARCHAEOGENETICS

**ABSTRACT:** The Indo-European (IE) language family is the most widely spoken language family in the world. Results from comparative linguistics have clearly demonstrated that all of its branches can be traced back to a single common ancestral language, the Proto-Indo-European (PIE) language. The investigation of the genetic origins of the PIE-speaking population has been a central topic since the beginning of archaeogenetic research. On the basis of several foundational publications, a coherent model emerged, linking the spread of Indo-European languages around the turn of the Late Neolithic and Copper Ages to the migration of nomadic groups originating from the northern Black Sea region.

Although this hypothesis provides a compelling explanation for the present-day distribution of Indo-European languages, the geographical location of the Anatolian languages, which represent an early branch of PIE, has remained an unresolved issue. In recent years, however, three large-scale studies employing multidisciplinary approaches have addressed the issue from genetic, archaeological and linguistic perspectives with a particular emphasis on integrating the Anatolian languages into their models.

While these studies outline broadly similar demographic processes, they differ substantially in their detailed interpretations. The aim of this summary is

to highlight the ongoing scholarly debate on the origin of the Indo-European languages, which, in my view, has so far only partially succeeded in providing a fully satisfactory explanation of the problem.

**KEYWORDS:** archaeogenetics, population genetics, Indo-Europeans, Yamnaya people, Anatolian hypothesis

---

## Bevezetés

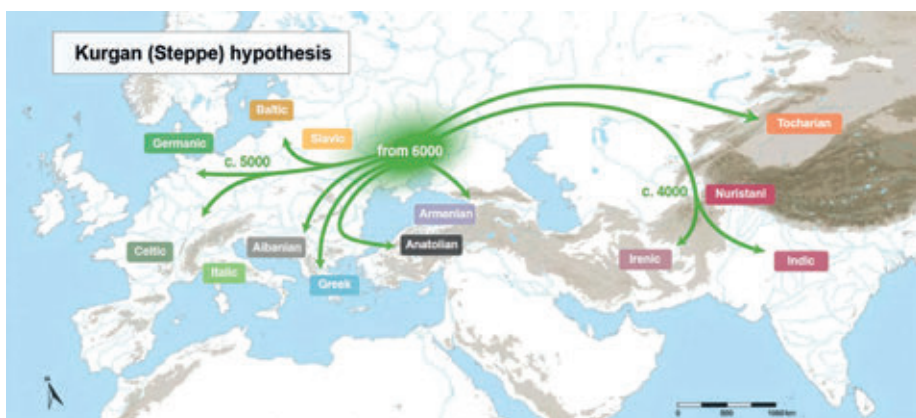
Az indoeurópai (IE) nyelvcsalád a Föld legnépesebb – legtöbbször által beszélt – nyelvcsaládja. Fő ágának elterjedését látva egyértelmű, hogy valahol Euráziában alakult ki, de később elsősorban a gyarmatosítások következtében a világ minden kontinensén elterjedt. A XVI. századtól kezdődően az európai és távol-keleti kapcsolatok erősödésével többen is felfigyeltek az európai és indiai történelmi nyelvek (szanszkrit, görög, latin) meglepő hasonlóságaira. Ezeket a hasonlóságokat intenzíven a XIX. században kezdték igazán kutatni (többek között Sir William Jones és Franz Bopp), ebből adódóan az IE nyelvek kialakulásának és leszármazásának vizsgálata meghatározónak bizonyult a történeti-és összehasonlító nyelvészet tudományának és magának a nyelvcsalád fogalmának kialakulásában is. Ebben a munkában elsősorban a témával kapcsolatos populáció genetikai eredményeket kívánom összegezni, azonban a felvetődő kérdések és bizonytalanságok megértéséhez elengedhetetlen a nyelvészeti és régészeti háttér bizonyos fokú megismerése is.

## Nyelvészeti és régészeti előzmények

A különböző nyelvészeti kutatások eredménye nyomán a kutatók nagy része már a XIX. században arra a következtetésre jutott, hogy az összes ma beszélt IE nyelv egy közös ősnelvből vezethető le, melyet proto-indoeurópainak (PIE) neveztek el. Ennek kialakulását a késő neolitikum és kora bronz-

kor közötti időszakra becsülték (Kr.e. ~4000-2000), azonban a PIE beszélők pontos földrajzi lokációját csupán nyelvészeti adatokból nem tudták még meghatározni.

A XX. században elsősorban a PIE őshaza (Urheimat) kutatásának kérdése foglalkoztatta a nyelvészeket. A különböző elméletekkel kapcsolatos döntő eredmények azonban az ekkor tájban kibontakozó régészet tudománya nyomán születtek. Az Európában feltárt növekvő számú őskori lelet kutatása révén több érdekes jelenség is megfigyelhető volt, melyek hamar nyelvészeti jelentőséget kaptak. A régészeti adatok alapján a kutatók két jelentős kulturális változás nyomait is kimutatták a történelem előtti Európában: az újkőkör hajnalán (Kr.e. VII–VI. évezred), valamint a bronzkor kezdetén (Kr.e. III–II. évezred). A különböző leletek kulturális jelentőségének interpretációja során vetődött fel az ún. „kurgán hipotézis” (1. ábra; V. Gordon Childe, Marija Gimbutas), mely a Kaszpi-steppét jelölte meg a PIE nyelvek őshazájának a Jamnaja (gödörsíros kultúra) és ehhez közeli kultúrákban (Gimbutas, 1997). A hipotézis modern szintézisét az amerikai antropológus David Anthony dolgozta ki (Anthony, 2007). Ebben a PIE nyelvet beszélők expanzióját különböző kulturális innovációk megjelenéséhez köti, mint a lovak házasítása és a szekér használatának széles körű elterjedése.



1. ábra: Az IE nyelvek terjedésének „kurgán hipotézise” (Heggarty és mtsai., 2023).



2. ábra: Az IE nyelvek terjedésének „anatoliai hipotézise” (Heggarty és mtsai., 2023).

A kurgán hipotézis nevét a nyugati steppén megjelenő, majd egész Dél- és Kelet-Közép-Európában elterjedő sírhalmok (kurgánok) megjelenéséről kapta, mely ezen kultúra terjeszkedését jelzi. Ezt a kulturális jelenséget először a jamnaji népességnél figyelték meg, és így jött az ősnyelv kapcsolása is.

Az 1960-as évekre sikerrel rekonstruálták a hettita és lúvi nyelveket (más limitált nyelvveléssel rendelkező lokális nyelvek mellett), melyek az Anatólia középső területein feltárt agyagtáblákról kerültek elő. Ez a korpusz új lendületet adott az IE nyelvcsalád nyelvészeti kutatásának, minthogy ezen ősi nyelveket alaktani hasonlóságok alapján egyértelműen az IE nyelvcsaládba tudták sorolni. A jelentős grammatikai különbségek miatt azonban ezek a nyelvek egy külön alágba, az ún. anatóliai nyelvek csoportjába kerültek, mely valószínűleg már korán levált a PIE ősnyelvről. Ez azonban kérdéseket vetett fel a PIE nyelvet beszélők feltételezett vándorlásával kapcsolatban, minthogy a régészeti eredmények alapján Anatóliát nem érintették jelentős bevándorlással kapcsolatos demográfiai események (inkább pont ez a régió volt a demográfiai események kiindulópontja). Részben ezen problémák megoldására dolgozta ki 1987-ben Colin Renfrew az „anatoliai hipotézisét” (Renfrew, 1987), mely az IE nyelvek terjedését az újkőkori népvándorláshoz kapcsolta a bronzkori nagy népmozgások helyett (2. ábra), s amely a kurgán hipotézis legjelentősebb alternatívájaként maradt fenn a szakirodalomban. Elméletét a 2000-es évek elején több statisztikus

tikai (Bayesi filogenetikai) alapú kísérlettel is megerősítették (Gray & Atkinson, 2003), habár ez a nyelvészeti megközelítés azóta is sok kritikát kap, mivel a nyelvek terjedését tisztán a szavak élettartama alapján próbálja magyarázni, míg figyelmen kívül hagy sok más meghatározó kulturális jelenséget. A teória népszerűsége az azóta eltelt évtizedekben mind a nyelvészet-, mind a populációgenetika eredményei nyomán jelentősen visszaesett, és ma már nehéz eredeti formájában elfogadhatónak tartani.

## Genetikai előzmények

Az archeogenetikai szakirodalom már a kezdetektől a régészet és a történettudományban bevett kultúra nevezéktant vette át a saját genetikai egységeinek (populációk) jelölésére. Bár ezek a fogalmak sokszor csak részben átfedő egységeket takarnak (egy kultúra nem minden esetben feleltethető meg egy genetikailag homogén populációnak), de a terminológia bizonytalansága mellett is szükségszerű lépés volt ez a már létező régészeti és történeti szakirodalom populációtörténetbe való beillesztése céljából. A továbbiakban magam is – szakirodalmi összefoglalás lévén – ezeket a fogalmakat fogom alkalmazni, de következetesen genetikai értelemben, tehát minden esetben egy olyan népességet kell értenünk az egyes kulturális/nyelvészeti fogalmak alatt, melyek az adott régészeti egységet legnagyobb valószínűséggel reprezentálták.

A 2010-es évektől kezdődően a genetika – azon belül az archeogenetika – is bekapcsolódott az IE kérdéskör kutatásába. A PIE őshaza kérdése már a kezdetektől a kutatások középpontjában állt. A tudomány területen élvonalban járó David Reich egyik első publikációjában is már ezt a kérdést boncolgatta (Reich és mtsai., 2009). A közlemény konklúziója az volt, hogy a mai észak-indiai populációban kimutatható egy karakterisztikus genetikai affinitás a modern európaiak felé, melyet az IE rokonság genetikai bizonyítékeként értelmez.

A következő eredmények Európa benépesedésének vizsgálatához kötődtek. 2015-től kezdődően több jelentős publikáció született, melyek az Európát érintő nagy népmozgásokat dokumentálták (Allentoft és mtsai., 2015;

Haak és mtsai., 2015). Ezek jól összhangban voltak a régészet eredményeivel (tovább pontosították azokat), és egybehangzóan rámutattak egy a jamnajai népességhez köthető, nagy volumenű steppei beáramlásra a bronzkor kezdetén. Így a genetikai eredmények alapján is a Kaszpi-steppe régióba lokalizálták a PIE őshazát.

Reich és munkatársai 2018-ban egy újabb nagyszabású cikkben (Narasimhan és mtsai., 2019) vizsgálták az IE kérdést, ezúttal a keleti steppét véve görccső alá. A genetikai adatok alapján az IE nyelvek indoiráni alágát képviselő népeket is közvetlenül le tudták származtatni a jamnaja expanzióból egy északi – a Kaszpi-tengert a steppe felől kerülő – vándorlási útvonal révén. Így az IE nyelvek teljes leszármazási (filogenetikai) fáját rekonstruálni tudták a genetikai adatok alapján is.

## Problémák

A fentebb ismertetett előrelépések nyomán a genetikai, nyelvészeti és régészeti kép teljesnek tűnik, de több probléma is meghúzódik a háttérben, melyek árnyékot vetnek a PIE nyelvet beszélők Kaszpi-steppére lokalizált őshazájának bizonyosságára.

Bár Refrew anatóliai hipotézise ma már inkább csak kutatástörténeti érdekességként merül fel, kétségtelenül rámutat a kurgán hipotézis leggyengébb pontjára, az anatóliai nyelvek kérdésére. Ez a bazális ág az IE nyelvemlékek legkorábbi forrásgyűjteményét foglalja magába, ugyanakkor egy olyan területről származik, melyet a bronzkori demográfiai események látszólag kevésbé érintettek. Ez a felvetés a genetikai szakirodalomban is valamelyest visszaigazolást nyert, mivel, bár kevés genetikai adat állt rendelkezésre az Anatóliai-fennsíkról, az egyértelműen kimutatható volt, hogy a régió nem kapott steppei eredetű genetikai influxot (Allentoft és mtsai., 2015). Ez erős kontrasztban állt a többi IE nyelvet beszélő térséggel, ahol a steppei bevándorlás genetikai nyomai egyértelműen kimutathatóak voltak.

A kérdés végleges megoldása még nem született meg, ezért ebben a munkában a témában még mindig zajló diskurzusra szeretnék rávilágítani.

## Párhuzamos megközelítések az IE kérdés megoldására

A közelmúltban két igen különböző megközelítést tartalmazó cikk is napvilágot látott, melyek egymással párhuzamosan kísérelték meg az IE kérdés tisztázását. 2022 második felében jelent meg egy genetikai tanulmány Lazaridis és munkatársainak tollából (Lazaridis és mtsai., 2022). A közleményt jegyző csoport, David Reich vezetésével már évek óta az IE kérdés genetikai megoldásán fáradozik, ebben a közleményükben pedig kifejezetten a korábbi genetikai eredmények (Allentoft és mtsai., 2015) által jelzett anatóliai diszkrepanciát kísérelték meg feloldani.

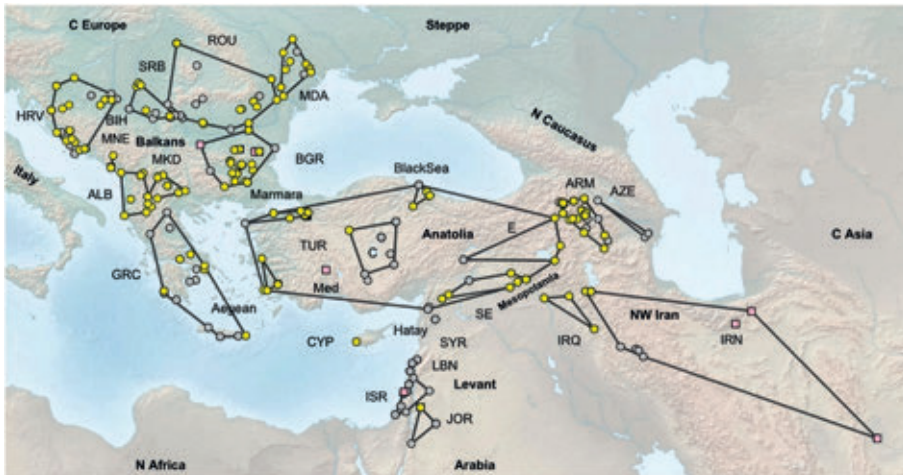
Az említett genetikai cikkel nagyjából egy időben, annak eredményeit részben felhasználva született egy további tanulmány is 2023 nyarán Heggarty és munkatársainak munkája nyomán (Heggarty és mtsai., 2023). Ez pusztán nyelvészeti szempontból közelítette meg az IE kérdést, és elsődleges célja az IE nyelvek leszármazási fájának (filogenetikai fa) rekonstruálása volt egy új, rokon szavakat tartalmazó adatbázis segítségével. A tanulmányban az így kapott fa ághosszainak becslésével próbálták a PIE nyelv eredetéről következtetéseket levonni, valamint Lazaridis cikk eredményeit is felhasználták az interpretációjuk során.

E két cikk átfogó képet ad a téma kapcsán született legfrissebb értelmezésekről, így érdemes őket külön-külön is áttekinteni.

## Anatólia és az Égei-tenger térségének demográfiai története

Lazaridis és munkatársai (2022) 727 teljes genom szekvenciát állítottak elő (3. ábra) 239 radiokarbonos korbecsléssel együtt, hogy tisztázzák az Anatólia és az Égei-tenger térségében zajlott bronzkor előtti, és az azt követő népmozgásokat. A módszertanuk a következő megfontolásokat követte: az egyéneket először csoportosították, majd egyre kisebb alcsoportokra bontva vizsgálták őket. Ennek eredményeként azonosítani tudtak 5 genetikai alapforrást, melyeknek

valamilyen kombinációjából minden egyént modellezni tudtak. Ezt követően a teljes térséget alrégiókra bontva figyelték a komponensek változását az idő függvényében. A tanulmány újszerűségét az adta, hogy a kimerítő mintázásnak köszönhetően lehetővé vált a taglalt alrégiók széles időspektrumú vizsgálata, mivel sok eddig fennálló időbeni hézagot befoltoztak.



3. ábra: A Lazaridis és mtsai. (2022) által jegyzett tanulmányban közölt minták földrajzi elhelyezkedése. A sárga pontok az újonnan generált adatokat jelzik, míg a szürke pontok a korábbi publikációkban fellelhető genomok földrajzi elhelyezkedését mutatják.

## A térségre jellemző 5 genetikai alapforrás a következő volt:

Egy délnyugat-eurázsiai „keleti” forrás, melyet Észak-Mezopotámiából, a Dél-Kaukázusból vagy Iránból előkerült minták reprezentáltak a legjobban. Az analízis során a grúziai Satsurblia (SATP) és Kotias Klde (KK1) barlangokban feltárt őskőkori vadászokat használták ennek modellezésére (Jones és mtsai., 2015). A genetikai szakirodalomban ezt az őskomponenst kaukázusi vadászok (Caucasus Hunter-Gatherer, CHG) néven szokták említeni.

Egy délnyugat-eurázsiai forrás, melyet a termékeny félhold ősi földművesei reprezentálnak a legjobban. Az analízis során ezt az összetevőt Jordániában és Izraelben feltárt kerámia előtti földművelő kultúrákba tartozó egyénekből modellezték (Levant Pre-Pottery Neolithic, Levant\_PPN; Lazaridis és mtsai., 2022).

Egy nyugat-anatóliai forrás, amely az újkőkori kiáramló népességet reprezentálja. A tanulmányban a törökországi Barcin környékén feltárt újkőkori földműveseket használták a modellezésére (Turkey See of Marmara Barcin Neolithic, TUR\_Marmara\_Barcin\_N; Mathieson és mtsai., 2015).

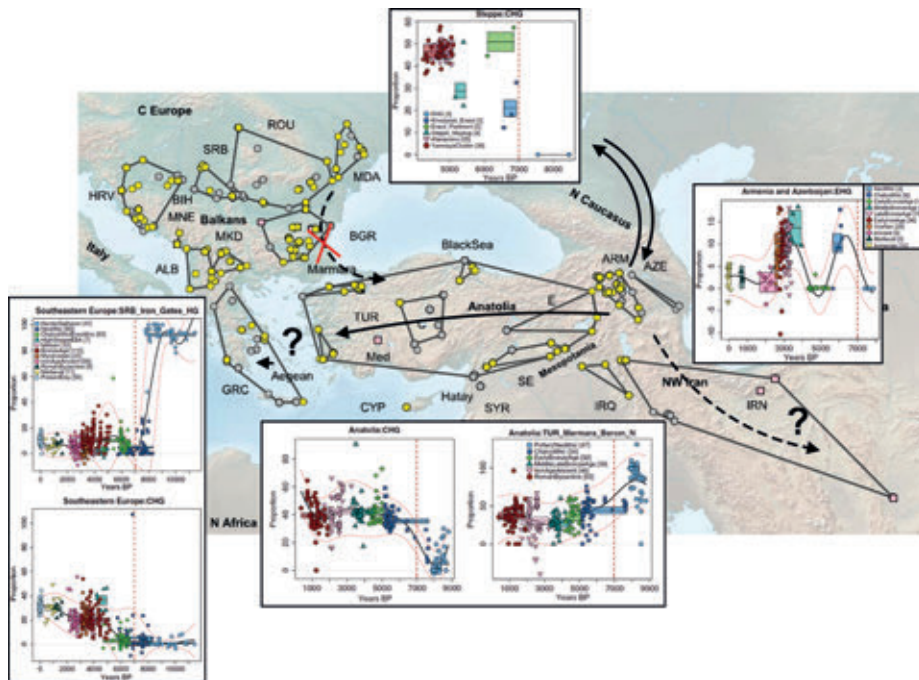
Egy kelet-európai steppei forrás, mely a jellegzetes összetételű kelet-európai vadászokat (szakirodalomban Eastern Hunter-Gatherer, EHG), vagy a részben tőlük származtatható jamnaji pásztorokat (RUS\_Yamnaya\_Samara\_EBA) reprezentálja. A korábbi genetikai tanulmányokban ehhez a komponenshez kötődtek az IE nyelvek terjedését. Ebben a cikkben a modellezésére három, Oroszországban feltárt őskőkori vadászt használtak (I0211, I0061, I0124; Mathieson és mtsai., 2015), vagy alternatív módon nagyszámú összevont jamnaji egyént (főként Mathieson és mtsai., 2015).

Egy nyugat-európai forrás, mely az egész Európában jellemző ősi nyugati vadász (szakirodalomban Western Hunter-Gatherer, WHG) populációt reprezentálja. Ezt az összetevőt a Szerbiából, a Vaskapu menti barlangokból előkerült őskőkori vadászokból (SRB\_Iron\_Gates\_HG) modellezték a szerzők (Mathieson és mtsai., 2018).

Az egyes alrégiókban az idő előrehaladtával bekövetkező komponens változásokról a szerzők részletesen beszámolnak, nekünk azonban elég az egész képet átfogóan megismerni.

Az újkőkorbán (Kr.e. VII–V. évezred) Anatólia genetikai szempontból heterogén képet mutatott. A keleti felében a kaukázusi-iráni (CHG) összetevők domináltak, míg az Égei-tenger partvidékén a Közép- és Nyugat-Európára is jellemző földművelő komponens volt a meghatározó (TUR\_Marmara\_Barcin\_N). A Balkánon jól lekövethetők az újkőkori kiáramlás demográfiai nyomai, ahogy a Kr.e. ~IX–VIII. évezredben még teljes volt a nyugati vadászok (SRB\_Iron\_Gates\_HG) komponensének dominanciája, addig a Kr.e. VII. évezredre ez jelentősen lecsökkent és ~10–20% körül stabilizálódott, míg ezzel

egyidőben ~80%-ra nőtt az anatóliai földművelőkből modellezhető komponens mérete (TUR\_Marmara\_Barcin\_N). Ebből az időszakból igen kevés minta állt rendelkezésre a Kaukázus és a Kaszpi-steppe régiókra nézve, így a szerzők nemigen tudtak messzemenő következtetéseket levonni a két alrégió ezen korszakára vonatkozóan.



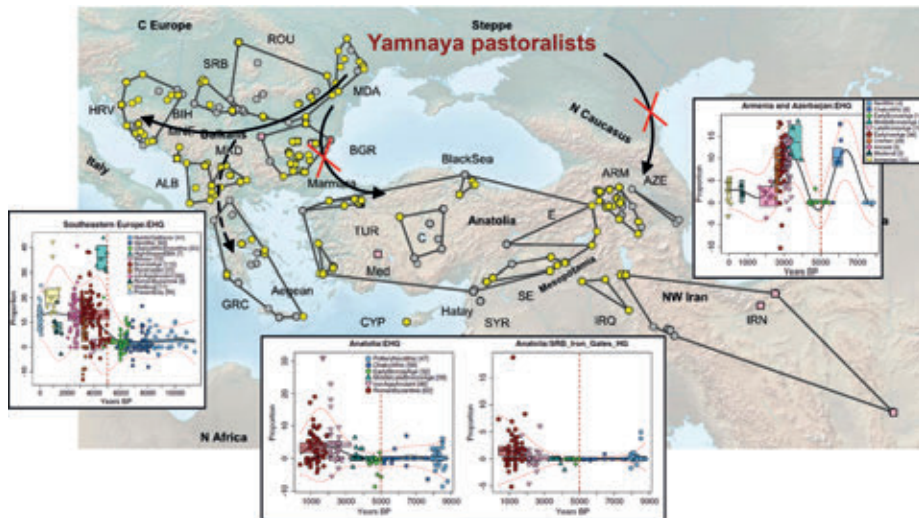
4. ábra: Délnyugat-Euráziában a rézkorban bekövetkező demográfiai események a genetikai eredmények tükrében. A kép Lazaridis és mtsai. (2022) tanulmányában közölt képek módosításával készült.

Az egész makrorégiót érintő jelentős demográfiai változásokat tudtak azonban azonosítani a rézkorban (Kr.e. V–III. évezred; 4. ábra). Ennek fókuszában látszólag a Kaukázus déli előtere állt. Anatóliában kelet–nyugati irányú általános genetikai homogenizáció volt megfigyelhető. A földművelő komponens (TUR\_Marmara\_Barcin\_N) az egész alrégióban lecsökkent, míg a kaukázusi-iráni összetevő (CHG) nyugat felé haladva jelentősen megnőtt, és ~40% körül stabilizá-

lódott. Ez a kaukázusi eredetű genetikai komponens ezzel egy időben a steppén, és sporadikusan még az Égei-tenger balkáni partvidékén is megjelent. A széles körű elterjedése egy generális kivándorlást sejtet, mely a Kaukázusból vagy az attól keletre eső térségből indulhatott. Ez a vándorlási hullám Anatóliát kelet-nyugati irányban homogenizálta, míg potenciálisan a dél-balkáni régióba is áterjedt. Balkánból induló vándorlás azonban nem volt kimutatható Anatólia felé, mivel a Balkánon továbbra is fennmaradó, nyugati vadász (SRB\_Iron\_Gates\_HG) komponens nem jelent meg Anatóliában sem ebben, sem az ezt megelőző korszakban. A nyugati kivándorlással párhuzamosan egy északi kivándorlást is detektáltak a Volga középső folyásánál, a Khvalynsk temetőben feltárt egyének egyértelmű kaukázusi affinitása nyomán (~20% CHG összetevő). A kaukázusi komponens pontos forrását nem tudták azonosítani, mivel ez az összetevő hirtelen és csak részlegesen jelent meg a steppe régióban úgy, hogy a korábbi időszakból származó mintákban kizárólagosan a kelet-európai vadász komponens (EHG) dominált (habár az alrégió mintázottsága ebben a tanulmányban még igencsak hiányos volt). A genetikai adatok arra is rámutattak, hogy ez a kaukázusi hatás nem volt teljesen egyirányú. A Khvalynsk temetővel egy időben használt örményországi Areni-1 barlangban feltárt csontokban kelet-európai vadász összetevőt is detektáltak (~10% EHG). Ez a steppei hatás azonban sporadikusnak bizonyult, mivel az alrégióból származó más mintákból és a közvetlenül ezt követő lokális kultúrákból már hiányzott. A szerzők a keleti irányú kivándorlás kérdését nem boncolgatták mélyrehatóan, mivel a Kaukázus és az Iráni-fennsík genetikai hasonlósága miatt ezt genetikai eszközökkel nemigen lehetne detektálni.

A bronzkorban (Kr.e. III–II. évezred; 5. ábra) egész Nyugat-Európát érintő nagy demográfiai változások tapasztalhatóak a steppei nomádok kiáramlása nyomán, melyet már több korábbi cikk is tárgyalt (Allentoft és mtsai., 2015; Haak és mtsai., 2015; Narasimhan és mtsai., 2019). Az ebben a tanulmányban vizsgált makrorégiót érintő hatása azonban koránt sem egyértelmű. Bár a steppei kiáramlás genetikai nyomai kétségtelenül detektálhatók a Balkán északi részén, ám sem Anatóliában, sem a Kaukázus vidékén nem mutatható ki jelentősebb populáció-beáramlás, a mai Görögország területén is csak marginális a steppei genetikai elemek jelenléte. A térség keleti felében a rézkorban kialakult genetikai összetétel

folytonossága figyelhető meg, míg jelentősebb genetikai változások – elsősorban az EHG-komponens növekedésével – csak a késő bronzkortól és leginkább a vaskortól kezdődően jellemzőek (elsősorban római közvetítéssel).



5. ábra: A délnyugat-eurázsiai régió demográfiai eseményei a bronzkorban, a Jamnaja kivándorlás idején. A kép Lazaridis és mtsai. (2022) tanulmányában közölt képek módosításával készült.

Összefoglalásként elmondható, hogy a tanulmányban generált új adatok nem tudták eloszlatni a bevezetőben tárgyalt PIE ősnyelv tradicionális steppei magyarázatával kapcsolatos kételyeket. Sőt a szerzők eredményei inkább csak megerősítik a korábbi genetikai sejtelmeket, miszerint Anatóliában és a Kaukázus déli előterében sem beszélhetünk jelentős steppei eredetű demográfiai mozgásokról sem a bronzkorban, sem a közvetlenül azt követő időszakban. A Balkán irányából sem tudtak kimutatni jelentős génáramlást, még akkor sem, amikor Anatóliából balkáni irányú kivándorlással számolni lehetett. Ezzel ellentétben látszólag jelentős népmozgás volt kimutatható a rézkorban, mely a régió keleti feléből indult ki, és mind észak felé a steppét, mind nyugat felé Anatóliát, és potenciálisan az Égei-tenger balkáni partvidékét is érintette. Ezen eredmények tükrében a szerzők két lehetséges hipotézist vetettek fel:

A proto-indoanatóliai (az IE és az anatóliai nyelvek közös őse, itt vezetik be ezt a fogalmat) ősnyelvet beszélők egy – steppén kialakult, magas EHG összetételű csoport lehetett, akik pusztán kulturális hatást gyakoroltak a később Anatóliában élő, és ott az anatóliai nyelveket beszélők őseire, míg genetikai nyomot nem hagytak bennük.

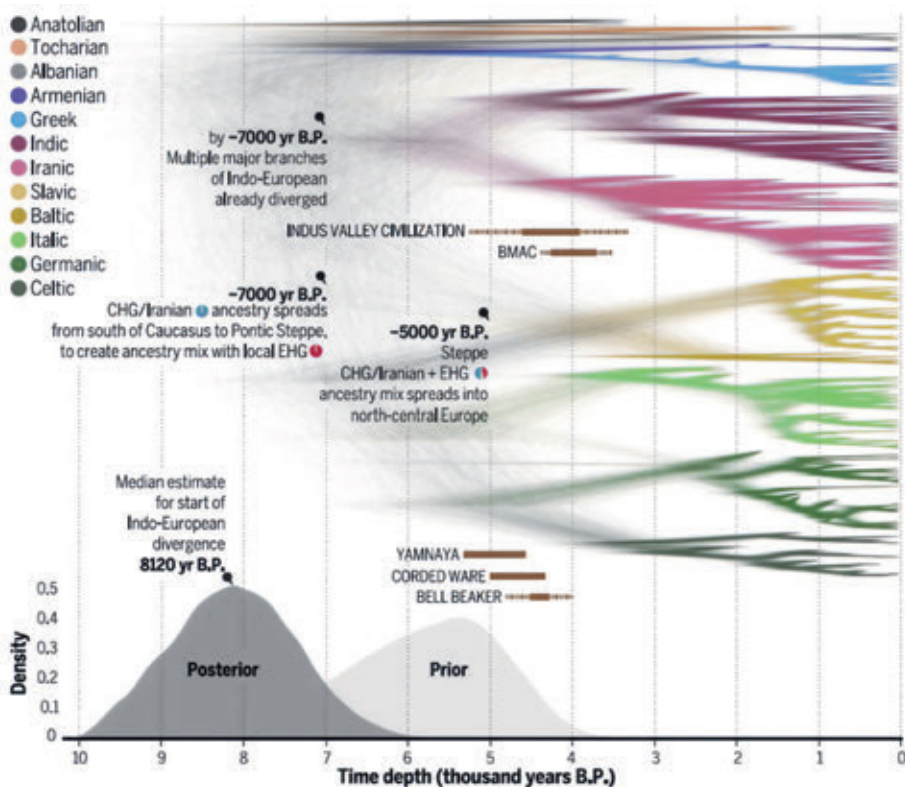
A proto-indoanatóliai ősnyelvet beszélők egy – potenciálisan a Kaukázus déli előteréből származó – nyugat-eurázsiai népcsoport lehetett, akik szimmetrikusan hatottak mind Anatólia, mind a kelet-európai steppe ősi lakosaira, és az IE nyelvek később áttételesen, már steppei közvetítéssel kerültek Eurázsia távoli pontjaira.

A genetikai bizonyítékok alapján a szerzők a második hipotézist tartották a legvalószínűbbnek, mely a bronzkori Anatóliában megfigyelhető nyelvészeti és kulturális diverzitásra is magyarázatot adna.

## Az indoeurópai nyelvek filogenetikai fája

Az utóbb tárgyalt tanulmánnyal nagyjából egy időben készült a Heggarty és munkatársai (2023) által jegyzett nyelvészeti cikk is, melyben a szerzők az IE nyelvek leszármazását kísérelték meg rekonstruálni. Ehhez azonban nem a hagyományos nyelvészeti módszertanhoz nyúltak vissza, hanem azt statisztikai alapokra helyezve, Bayesi filogenetikai analízist alkalmaztak. Bár ez a módszertan nem újkeletű, és az IE nyelvek leszármazási fáját már korábban is próbálták ily módon rekonstruálni (Gray & Atkinson, 2003), a tanulmány újszerűsége abban állt, hogy ezt a metodikát egy újonnan létrehozott, IE rokonszavakat tartalmazó adatbázissal ötvözték. Ez az adatbázis, melyet IE-CoR-nak neveztek el, 52 történelmi és 109 kortárs IE nyelv rokon szavait („cognate”) tartalmazza és több mint 80 specialista munkája nyomán született meg.

A szerzők az IE-CoR adatbázis felhasználásával – igen kiterjedt informatikai háttérmunkát követően – építették fel az IE nyelvek filogenetikai fáját (6. ábra). A fa ágainak elválási sorrendjét pusztán az adatbázisban található rokon szavak hasonlóságának paradigmái adták, míg az egyes ághosszak és elválási pontok korát jól keltezett történelmi nyelvemlékek segítségével becsülték. A tanulmány legfontosabb eredményei a következők voltak:



6. ábra: Az IE nyelvek (Forrás: Heggarty és mtsai., 2023). A képen a „Prior” eloszlás jelöli a korábbi tanulmányokban meghatározott PIE-gyöker korát, míg a Heggarty (2023) tanulmányban számított elágazási kort a „Posterior” eloszlás szemlélteti. Az egyes ágak leválásához kapcsolódó fontosabb szakirodalmi eredményeket megjegyzések szemléltetik. Az ábrán feltüntetett idővonal a korokat egységesen a B.P. (Before Present) skálán jeleníti meg, mely 1950-re mint egységes végpontra vonatkoztatva adja meg az éveket.

A leszármazási fa az IE nyelvek közös gyökerének megjelenési idejét Kr.e. 6070-re becsülte (95% konfidencia intervallum: Kr.e. 7560–4690), mely jóval korábbi, mind a korábbi Bayesi megközelítésű rekonstrukciónál, mind a tradicionálisan elfogadott nyelvészeti becsléseknél, és a PIE ősnyelv megjelenését jóval a kurgán hipotézis lehetséges időszávjá elé helyezi („Posterior” eloszlás a 6. ábrán).

Az analízis azt mutatta, hogy a PIE ősnyelv kialakulását gyors ágleválások sorozata követte, melynek következtében az IE nyelvcsalád 7 főágra szakadt már jóval a bronzkor előtti időkben. Mi több, a legmélyebb gyökérágak között találjuk az anatóliai és több Európában is előforduló alágakat (görög, albán), melyek elterjedési területén az elválások feltételezett korában nem volt nyoma a steppei pásztoroknak (sem genetikai, sem régészeti eredmények alapján).

A szerzők maguk is elismerik, hogy a módszerük a korábbi nyelvészeti konvencióknak jelentősen ellentmondó eredményeket produkált, azonban a módszer hitelességét több nézőpontból is kimerítően ellenőrizték. Az egyes ágak becsült elválási idejét jól datált, történeti nyelvemlékek összehasonlításával próbálták validálni, és azt kapták, hogy a leszármazási fájuk jól reprodukálja a történelemben ismert nagyobb nyelvi szétválási események idejét (pl.: az újlatin nyelvek szétválásának kezdetét a Római Birodalom terjeszkedésének időszakára becsülték). Egy másik megközelítés a nyelvészeti szakirodalomban megalapozott klasszifikációs konvenciók ellenőrzése volt. A szakirodalom, hagyományos módszerekkel 10-12 fő alágat különböztet meg az IE nyelvcsaládon belül, ezek az anatóliai, tokhár, albán, örmény, görög, indiai+iráni (együtt indoiráninak is nevezik), balti+szláv (együtt baltoszlávnak is nevezik), germán, itáliai és kelta. A tanulmányban alkalmazott módszer a tradicionálisan számontartott valamennyi nyelvcsoporthoz pontosan azonosította, a magasabb rendű (indoiráni és baltoszláv) klasszifikációkkal együtt. Végül a módszer robusztusságát is ellenőrizték internális validációs tesztekkel. Elsősorban arra voltak kíváncsiak, hogy a statisztikai modellben használt egyes paraméterek megváltoztatása mennyire van hatással a gyökér-korbecslés idejére. A modell meglepően robusztusnak bizonyult, és a korábbi tanulmányokban produkált bronzkori szétágazást csak két esetben tudta reprodukálni: 1) amikor a szakirodalomban korábban használt IELex (Indo-European Lexical Cognacy) rokonszó adatbázist használták; és 2) amikor egy az alap modellnél jóval komplexebb többállapotos filogenetikai modellt alkalmaztak, amely azonban jóval problematikusabb leszármazási struktúrát produkált.

Ezeket egybevetve a szerzők magabiztosan állítják, hogy az IE nyelvekre vonatkozó leszármazási modelljük sem a kurgán hipotézissel, sem az anatóliai hipotézissel nem kompatibilis. Ugyanakkor egybevág azzal a genetikai model-

lel, melyet a korábbiakban tárgyalt (Lazaridis és mtsai., 2022) genetikai cikkben vetettek fel. Heggarty és mtsi „hibrid modellként” foglalják össze ezt az elméletet, mely szerint a PIE ősnyelv a Kaukázus déli előterében alakulhatott ki, ahol a rézkorban kezdett divergálódni, és vált szét alágaira. Ezek közül egyes alágak nyugat felé terjedtek el (pl.: anatóliai, görög, albán), míg más alágak észak felé terjedtek, így juttatva el a PIE ősnyelvet a kelet-európai steppére. Fontos megjegyezni, hogy ebben a modellben a jamnajai nomádok elsősorban a baltoszláv, italo-kelta és germán alágak terjesztéséért felelősek, míg – a korábbi genetikai eredményekkel (Narasimhan és mtsai., 2019) ellentétben – az indoírani alágat a szerzők az eredeti PIE nyelvet beszélők keleti irányú vándorlásából eredeztetik, annak korai leválása miatt (bár itt kételyüket fejezik ki).



7. ábra: Az IE nyelvek elterjedésének „hibrid modellje”, Heggarty és munkatársainak (2023) közleménye nyomán.

## A Pontusz–Kaszi-steppe demográfiai történetét illető legújabb eredmények

A korábban már tárgyalt Lazaridis és munkatársai 2025-ben újabb tanulmányban vizsgálták az IE nyelv eredetét. Ezúttal a kurgán hipotézisben feltételezett PIE őshazát vonták a fókuszba a Dnyeper és Volga folyók közti steppe régió kimerítő mintázásával (Lazaridis és mtsai., 2025). 435 új teljes genom szekven-

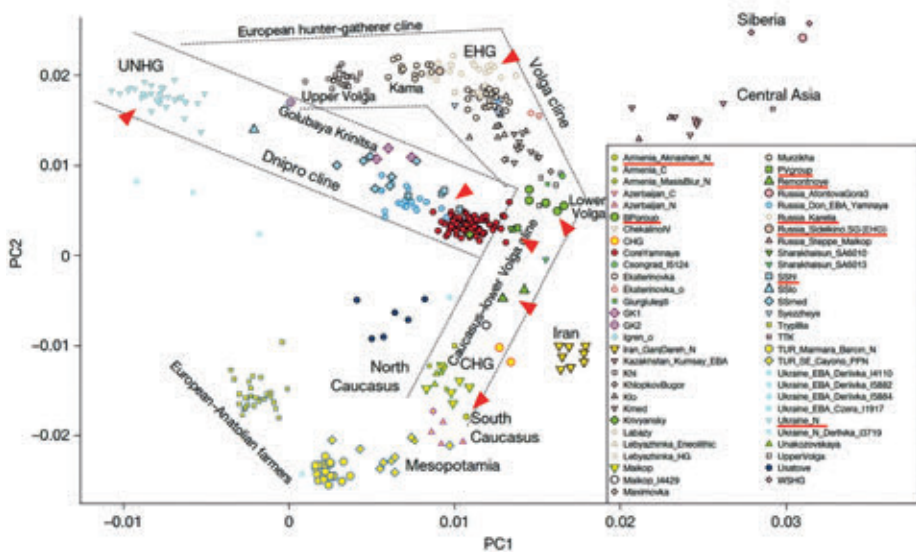
ciát publikáltak 198 radiokarbonos korbecsléssel egyetemben, melyek 4 ezer év időtávlatát fedték le (Kr.e. VI–II. évezred). A 2022-es cikküktől merőben eltérő következtetésekre jutottak, miközben a 2025-ös tanulmány nyelvezete erősen arra utal, hogy az IE kérdést ezzel a munkával kvázi lezártnak tekintik. Ezen cikk megismerése már csak ezért is indokolt lehet.



8. ábra: A Pontusz–Kaspi régióban újonnan szekvenált minták lokalizációja. Az ábra a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményben található kép módosításával készült. A piros nyilak a diszkusszió szempontjából jelentősebb mintákat és a PCA verifikációjához használt modellezésekben szereplő csoportokat mutatják. A hozzájuk tartozó jeleket piros aláhúzás emeli ki a jelmagyarázatban.

Az eredmények döntő többsége jól körüljárt, kombinált analízisek alkalmazásával született. A cikk mondanivalójának megértéséhez jelen munkában azonban elegendő a Főkomponens Analízis (Principal Component Analysis, PCA) és eredményeinek áttekintése. A PCA egy olyan statisztikai módszer, mely képes az egyes genomok között fennálló teljes genetikai varianciát azonosítani, és azt egy egyszerű genetikai távolságban összefoglalni. Ez a genetikai távolság két dimenzióban vizualizálható, mely szabad szemmel is jól értelmezhető eredményeket produkál. Mivel az egyes egyének között fennálló legnagyobb genetikai távolság elsősorban a földrajzi távolságuk függvénye, így a PCA-vizualizációban megjelenő genetikai távolságok többé-kevésbé egy valós földrajzi térképet rekonstruálnak. A PCA

analízis során a szerzők azt tapasztalták, hogy a vizsgált minták többsége jól definiálható vonalak mentén szóródott, melyek végpontjain specifikus csoportokból származó egyéneket találtak. A minták ilyen jellegű eloszlását genetikai cline-nak szokták nevezni, amely jellemzően két végpontban található csoport különböző arányú keveredéséből létrejövő egyéneket reprezentál. A vonalszerű eloszlás azért jön létre, mert a végpontokban található csoportok keveredési arányától függően az egyes egyének eltérő genetikai hasonlóságot mutatnak a végpontokhoz és a cline-ban található többi egyénhez. A közleményben azonosított genetikai cline-okat további vizsgálatoknak is alávetették, és így függetlenül is validálták, hogy a megfigyelt jelenségek valóban a végpontok keveredésének eredményei.



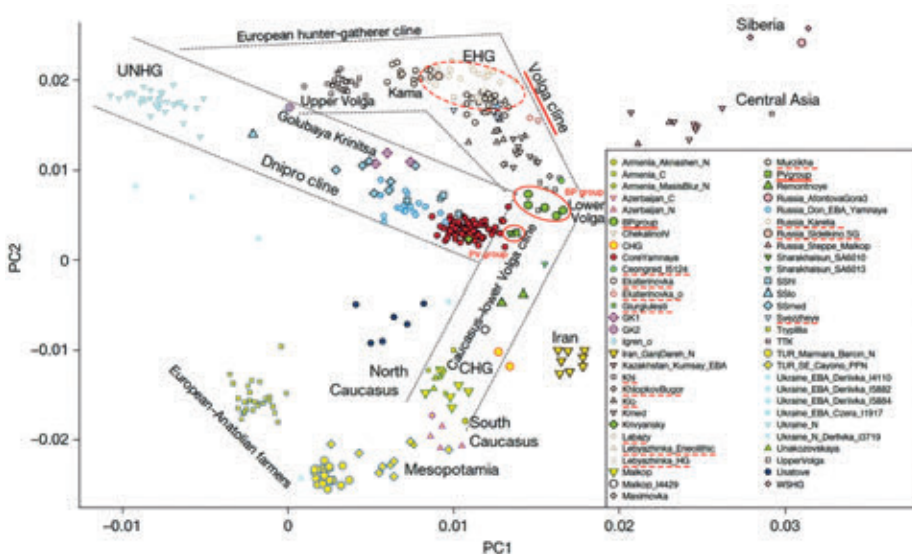
9. ábra: A tanulmányban vizsgált egyének PCA-eloszlása. Jól látható az egyes genomok cline-szerű elrendeződése. Az ábra a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményben található kép módosításával készült. A piros nyilak a diskusszió szempontjából jelentősebb mintákat és a PCA-verifikációjához használt modellezésekben szereplő csoportokat mutatják. A hozzájuk tartozó jeleket piros aláhúzás emeli ki a jelmagyarázatban.

A vizsgált egyének a genetikai összetételük alapján 3 nagy genetikai cline-t alkottak (9. ábra), melyek többé-kevésbé a Pontusz–Kaspii steppe 3 alrégióját

reprezentálták. Ezen régiók a Dnyeper folyó menti területek (Dnyeper-cline), a Volga-menti területek (Volga-cline), valamint a Volga alsó folyása és a Kaukázus közti régió (Kaukázus–Volga-cline) voltak. A közleményben ezen három cline sajátosságait többé-kevésbé külön tárgyalják az eredmények ismertetése során, így érdemes ezeket nekünk is külön-külön áttekinteni.

## Volga-cline

A Volga-cline egy jól körülhatárolható földrajzi régiót reprezentált, mely északon a már jól ismert kelet-európai halász-vadászokat (EHG) foglalta magába, míg a Volga mentén dél felé haladva olyan egyéneket, akikben ez az EHG-összetevő csökkenő tendenciát mutat, és a helyét kaukázusi halász-vadász (CHG) komponens váltja föl (10. ábra).



10. ábra: A Volga-cline-ba tartozó egyének PCA-eloszlása. A diszkusszió szempontjából releváns csoportokat a képen karikázás jelöli, míg a jelmagyarázatban aláhúzás. Az ábra a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményben található kép módosításával készült.

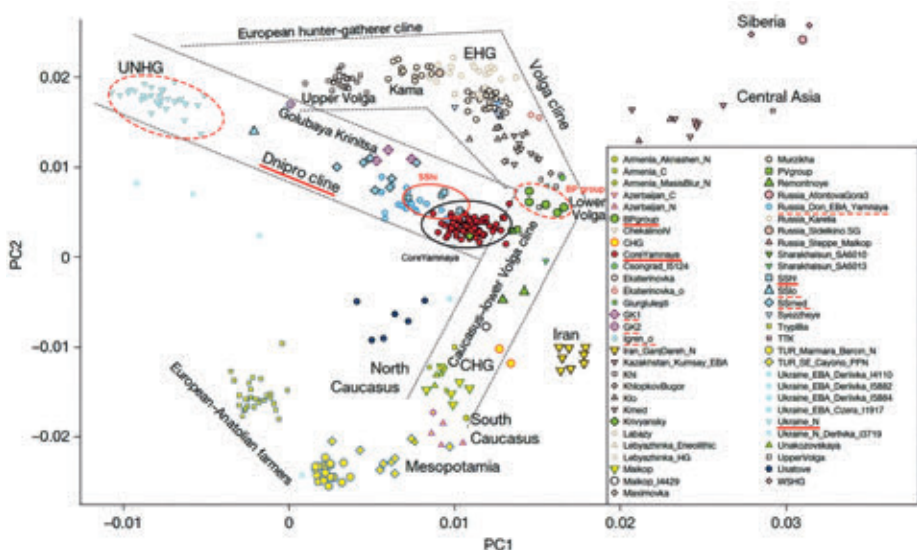
A cline „déli” végén 2 elkülönülő, de nagyon hasonló genetikai klasztert tudtak azonosítani. Az egyikbe 4 egyén esik az alsó volgai Berezhnovka-2 temetőből, valamint 1 egyén (PG2004, 4240-4047 BC) az észak-kaukázusi Progress-2 temetőből. Ezt a klasztert BPgroupnak nevezték el (a két temető kezdőbetűiből). A másik klaszterbe 2 egyén tartozott, egy további egyén a korábban említett Progress-2 temetőből (PG2001, 4994-4802 BC), valamint egy másik személy (VJ1001, 4337-4177 BC) az észak-kaukázusi Vonyuchka-1 temetőből. Ezt a klasztert PVgroup-nak nevezték el.

A Volga-cline-ba tartozó egyéneket – pár kivétellel – modellezni tudták a felső-Volga vidékéről származó EHG és a BPgroup keverékeként. Míg a BPgroup és PVgroup egy eddig ismeretlen genetikai összetevőként jelentkezett a régió populációtörténetében, mivel egyik korábbi csoportból sem voltak kizárólagosan leszármaztathatók.

## Dnyeper cline

A Dnyeper cline újkőkori halász-vadászokat (36 egyén; Kr.e. 6242–4542; Ukraine Neolithic Hunter-Gatherers / UNHG), a Sredny Stog kultúrából származó egyéneket (13 egyén; Kr.e. 4996–3372; a közleményben konzisztensen Serechnii Stih néven hivatkoznak rájuk), valamint a későbbi, bronzkori Jamnaja kultúrába tartozó egyének döntő többségét (104 egyén) foglalta magába (11. ábra). Itt fontos megjegyezni, hogy a három alrégióról elnevezett cline a cikkben végig genetikai fogalomként szerepelt. Példának okáért a jamnaja egyének igen széles földrajzi elterjedésből kerültek elő (a Dnyeper mentén csak egy lokalizációból), így ebbe a cline-ba csupán a genetikai összetételük miatt sorolták be őket.

A Sredny Stog-kultúra különösen érdekes, mivel az ehhez tartozó lelőhelyeken találták meg a lovak háziasításának első régészeti nyomait, és a régészeti adatok alapján ezt tartják a Jamnaja kultúra elődjének. Genetikai szempontból a csoport igen heterogén képet mutatott a Dnyeper cline mentén. Egyes egyének magas affinitást mutattak a későbbi jamnajai egyének felé, ezeket SShi-nak nevezték el („Sredny Stog high Yamnaya affinity”). Míg mások közepes (SS-med) vagy semmi (SSlo) affinitást nem mutattak a jamnajai csoport irányába.



11. ábra: A Dnyeper cline-ba tartozó egyének PCA eloszlása. A diszkusszió szempontjából releváns csoportokat a képen karikázás jelöli, míg a jelmagyarázatban aláhúzás. Az ábra a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményben található kép módosításával készült.

Ezzel a genetikai diverzitással szemben a jamnajai egyének magasfokú homogenitást mutattak. Ez különösen érdekes a több ezer kilométeres mintázási térséget tekintve, és arra utal, hogy a jamnajai egyének különösebb lokális bekeveredések nélkül tudtak elterjedni Euráziában. A csoporton belül is kitűnt egy belső klaszter, melyet a szerzők CoreYamnaya csoportnak neveztek el. Bár ez a csoport genetikai összetételét tekintve közel esett a Volga-cline-nál tárgyalt PVgroup és BPgroup egyénekhez, sem ezekből, sem más regionális csoportból nem volt kizárólagosan modellezhető. Ugyanakkor a clineba tartozó többi egyén jól modellezhető volt a korai UNHG és a CoreYamnaya keverékeként. Ez a megközelítés azonban problémásnak mutatkozott, mivel a Jamnaja a régió legkésőbbi lakosait reprezentálja, így a szerzők más csoportokat is megpróbáltak forrásként használni. A BPgroupot használva másik komponensként képesek voltak modellezni a Dnyeper-clineba tartozó egyéneket, azonban a Co-

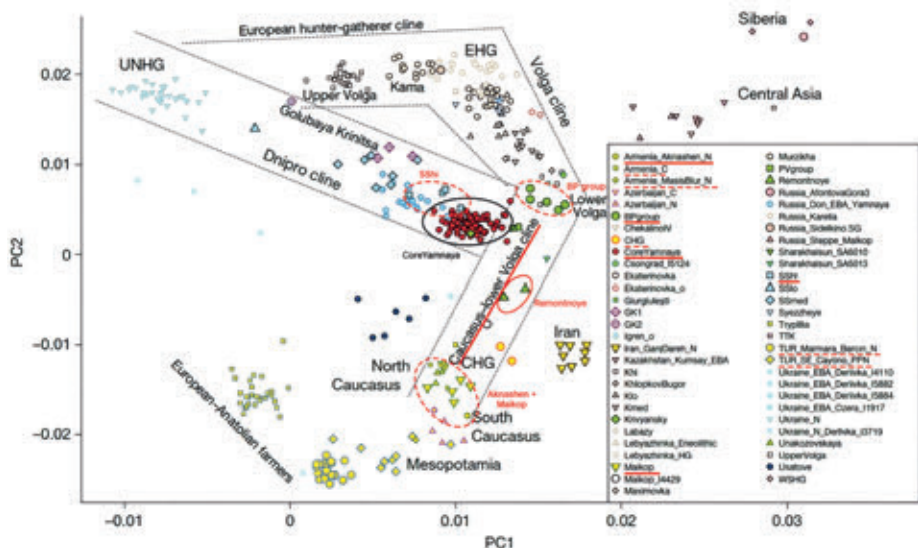
reYamnaya csoportra nem illett ez a modell sem. Tehát a jamnaja populáció nem volt levezethető a Dnyeper és a Volga közti populációk keverékeként sem.

## Kaukázus–Volga-cline

A CoreYamnaya csoport csak egy bizonyos típusú 2 forrást tartalmazó modellel lehetett jellemezni, amely a korábban említett SShi egyéneket (~75%; „Sredny Stog high Yamnaya affinity”) és az észak-kaukázusi Remontnoye település környékéről előkerült egyéneket (~25%; I28683, I28682) tartalmazta. Ezek a Remontnoye egyének nem voltak beilleszthetők a Dnyeper cline-ba, mivel nem rendelkeztek UNHG affinitással. Sokkal inkább egy független, harmadik genetikai cline részét képezték, mely genetikailag a BPgroup és egy dél-kaukázusi ősi populáció között húzódott. Ezt a szerzők Kaukázus–Volga-cline-nak nevezték el (12. ábra). A cline kaukázusi összetevőjét két forrásból is – az örményországi Aknashen temető újkőkori földműveseiből (I3931; Kr.e. 5985–5836), vagy az észak-kaukázusi, bronzkori Maikop kultúra egyéneiből (8 egyén; Kr.e. 3700-2934) – megfelelően modellezni tudták, azonban mindkettő forrás problémásnak bizonyult. Az Aknashen egyének jóval korábbi és térben távoli csoportot reprezentálnak, míg a Maikop egyének jóval későbbi, a Jamnaja kort követő időkből származnak. Tehát továbbra is fennáll az a helyzet, melyre a szerzők már korábbi közleményükben is felhívták a figyelmet (Lazaridis és mtsai., 2022), nevezetesen, hogy a régióban megjelenő kaukázusi genom összetevőt még mindig nem tudják egy pontos csoporthoz kötni, mivel a komponenst reprezentáló források mindig vagy túl késeiek, vagy nagyon távoli lokalizációból származnak.

Ezek az eredmények tehát azt mutatták, hogy a CoreYamnaya csoport a Kaukázus–Volga-cline-ba is beleesik, és a megfelelő modellezéséhez mind a 3 genetikai cline-ba tartozó egyénekre szükség van. A szerzők ezt konkrét eredményekkel is alátámasztották, mivel megfelelő három forrású modelleket tudtak előállítani UNHG, BPgroup és az Aknashen egyének bevonásával, sőt ez a modell különböző forrásarányokkal a Dnyeper cline többi egyénére is alkalmasnak bizonyult, ami azt mutatja, hogy a Dnyeper cline valójában nem

a BPgroup és UNHG között húzódik, hanem az UNHG és egy a Kaukázus–Volga-cline-ba tartozó csoport között (a cikkben a Remontnoye jó reprezentánsnak bizonyult).



12. ábra: A Kaukázus–Volga-cline-ba tartozó egyének PCA eloszlása. A diskuszió szempontjából releváns csoportokat a képen karikázás jelöli, míg a jelmagyarázatban aláhúzás. Az ábra a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményben található kép módosításával készült.

## Kaukázus–Volga-cline anatóliai hatása

A szerzők arra is rámutattak, hogy a Kaukázus–Volga-cline genetikai hatása a Kaukázustól délre eső területeken is felfedezhető, mivel jelentős BPgroup affinitást (~30%) tudtak kimutatni az örményországi Areni-1 barlangban feltárt bronzkori egyénekből (erről már volt szó a szerzők korábbi publikációjában). Sőt ez az affinitás túlmutatott a Zagrosz-mikrorégió. A rézkori anatóliai mintákat tüzetesebben megvizsgálva azt találták, hogy specifikusan a Közép-Anatóliából származó minták több ízben is kimutatható BPgroup affinitással rendelkeznek, míg az égei partvidéken ez már nem volt felfedezhető. Bár ez

az affinitás nem volt jelentős (~5-15%), a Dél-Kaukázus és a Közép-Anatóliai-fennsík között egy vékony sávban több ízben is ki tudták mutatni, mely alapján ezt a genetikai szignált egy vándorlási útvonal nyomaként azonosították. Ez alapján arra a következtetésre jutottak, hogy a Kaukázus–Volga-clineból származó emberek a rézkorban (Kr.e. ~4400) dél felé vándoroltak és a Dél-Kaukázuson keresztül elérték Közép-Anatóliát, ahol a helyiekkel keveredtek.

## Összefoglaló

A legfontosabb eredményeket még egyszer röviden összefoglalva:

A Volga-cline (10. ábra) olyan egyéneket tartalmazott, akik a Volga folyó mentén fölfelé haladva növekvő EHG-összetevőt hordoztak, míg a torkolat felé haladva ezt felváltó, növekvő CHG-összetevőt mutattak. Ennek a cline-nak a „déli” végpontjában 2 csoportot találunk, akik genetikailag nagyon hasonlóak voltak, de mégsem alkottak egymásból teljesen leszármaztatható klasztert. Ezen csoportoknak a BPgroup és PVgroup nevet adták a szerzők. A Dnyeper cline (11. ábra) látszólag az UNHG és a Volga-cline „déli” végét képező BP/PVgroup között szóródó egyéneket tartalmazott. Ennek részét képezték a Sredny Stog kultúrába tartozó egyének is, de a változatos földrajzi lokalizációban feltárt bronzkori Jamnaja kultúra egyénei is (CoreYamnaya). A Sredny Stog egyének genetikai szempontból igen heterogén képet mutattak és – többek között – tartalmaztak egy olyan alcsoportot, amely jamnaja affinitása jóval magasabb volt a cline-ba tartozó többi egyénhez képest. Ezt a csoportot SShi-nek („Sredny Stog high Yamnaya affinity”) nevezték el. Ezzel nagyjából egyidőben egy harmadik genetikai cline is létezett a régióban, mely nagyrészen a Kaukázus és a Volga alsó folyása között feltárt egyéneket foglalta magába (Kaukázus-Volga-cline, 12. ábra). Genetikai szempontból ez a cline a BPgroup egyénei és valamely Kaukázus környéki ősi populáció között húzódnak, melyet azonban nem tudtak pontosan azonosítani, csak időben vagy térben valószínűleg távolabbi reprezentánsokkal helyettesíteni (a cikkben az Aknashen temetőből feltárt és a Maikop kultúrából származó egyéneket használták). Ebbe a cline-ba tartozott a Remontnoye lelőhelyen feltárt 2 egyén is. A CoreYamnaya egyéneket

– de a Dnyeper cline-ba tartozó többi egyént is – ebből a két csoportból (az SShi és Remontnoye) megfelelően modellezni lehetett, mely arra is rámutatott, hogy a Dnyeper cline valójában az UNHG és a Kaukázus-Volga-cline egy specifikus pontja között húzódott. A CoreYamnaya tehát mind a 3 genetikai cline nyomait tartalmazta, és ennek megfelelően a szerzők a cline-ok alapkomponeenseiből is modellezni tudták azt, amikor UNHG, BPgroup és CHG-forrásokat adtak meg. A Kaukázus-Volga-cline genetikai hatása a Kaukázustól délre eső területeken is detektálható volt, ahova feltehetőleg a rézkorban északról egy a cline-ba tartozó csoport bevándorolt, majd nyugat felé a Közép-Anatóliai-fennsíkig is eljutott.

Ezen eredmények alapján a szerzők mégis kitartanak a kurgán hipotézis eredeti megállapításai mellett, mely szerint a PIE nyelv a keleti steppén alakult ki, és eredeti beszélői a Jamnaja vagy valamely ehhez kapcsolódó (pl. Sredny Stog) kultúra tagjai lehettek. Ezt a következő eredmények alapján gondolják:

A Jamnaja populáció kialakulása és expanziója Kr.e. ~4000-ben történt, mely egybevág a PIE-anatóliai nyelvek becsült szétválási idejével (Kr.e. 4300–3500).

A Minuszinszki-medencében megjelenő Afanaszjevói kultúra egyértelműen a Jamnaja expanzióhoz köthető, mely magyarázatot ad a tokhár nyelv kelet-ázsiai elterjedésére és korai leválására. Ezt a pontot már korábbi cikkekben taglalták (Allentoft 2015, Mathieson 2015, Zhang 2021), itt az eredmények szintjén minimális továbblépés volt, ezért is nem taglaltam korábban.

A jamnaja népesség közvetlen kapcsolatban állt a Kaukázus déli előterének népességével, valamint a Balkán északi területeinek lakosságával, ami magyarázatot adna az örmény, görög és egyéb már kihalt, de feltételezhetően korán leváló IE nyelv lokalizációjára (pl. illír, trák).

## Diszkusszió

A fent tárgyalt tudományos publikációk eredményei alapján látható, hogy merőben eltérő perspektívák is tudományos elismeréshez juthatnak a kérdéskör tanulmányozása során. A részben ellentétes megállapítások ellenére fontosnak tartom megjegyezni, hogy mind a három tanulmány tudományosan megalapozott, és a saját módszertanát tekintve alaposan körbejárta a tárgyalt kérdés-

köröket. A szerzők elkötelezettsége elvitathatatlan, de az interpretációk néhány helyen kételyeket ébresztőek.

Aggodalomra ad okot, hogy Lazaridis és munkatársainak (2025) cikkében egyszer sem hivatkoznak a két évvel korábbi Heggarty-féle nyelvészeti cikkre (Heggarty és mtsai., 2023). Ez véleményem szerint különösen problematikus, mivel a közleményben prezentált érvelésük döntően a PIE ősnyelv feltételezett késő elvállási idején alapszik. Ha el is fogadjuk, hogy a Heggarty-cikkben közölt modell leegyszerűsített és bizonytalan, akkor is látnunk kell, hogy ebben a kérdésben még nincs teljes konszenzus, tehát erre az elméletre érvelést felépíteni csak annyira erős, amennyire az elválási időt alátámasztó adatok. A cikkben tárgyalt anatóliai irányú vándorlás genetikai bizonyítékai (maximum 15%-os affinitás, mely közelíti a szakirodalomban ajánlott biológiai detektálhatóság határát) pedig korántsem elég erősek ahhoz, hogy kizárólag ezen bizonyíték mentén érvelhessenek. Természetesen lehet a kulturális transzmisszió elsőbbsége mellett is érvelni, de ekkor felmerül a kérdés, hogy mi értelme az egész IE-kérdés genetikai megközelítésének.

További problémának tartom, hogy a cikkben továbbra is kitartanak az indo-iráni nyelv északi vándorlási útvonalának tényszerű tárgyalása mellett. Ezt a modellt a Narasimhan és mtsai. (2019) cikkben dolgozták ki először részletesen, és azóta tényszerű megállapításként bukkan fel a szakirodalomban újra és újra. Ez az elmélet – bár valóban jó magyarázatot adna a steppén megfigyelt demográfiai jelenségekre – még a Lazaridis és mtsai. (2025) közlemény alapján is bizonytalan, mivel a feltételezett közép-anatóliai vándorlással egyidőben semmi sem zárja ki egy keleti, Iráni-fennsík irányú vándorlás lehetőségét.

A görög és albán nyelvek kurgán hipotézis szerinti balkáni elterjedése is csak akkor állja meg a helyét, ha ezen nyelvek egy igen késői elválásával számolunk, mivel az Anatóliából a Balkánra vezető vándorlást a rézkorban, a steppei összetevők mentén, a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményében nem tudták detektálni.

Ezzel szemben sokkal egységesebb képet ad a Lazaridis és mtsai. (2022) közleménye. Ennek genetikai eredményei jól összhangban állnak a Heggarty és mtsai. (2023) által generált nyelvészeti eredményekkel. A hibrid modell sokkal egyértelműbb magyarázatot szolgáltat az IE nyelvcsalád korai ágainak elterje-

désére, sőt az indoiráni alág elterjedésére is. A 2022-es közleményben tárgyalt genetikai eredményeket a 2025-ös tanulmány gyakorlatilag csak akkor írja felül, ha elfogadjuk az abban közölt ~5-15% Volga-cline affinitású minták szignifikanciáját, míg ezzel egyidőben figyelmen kívül hagyjuk az Alsó-Volga környékén jelentkező 50-75%-os kaukázusi affinitás jelentőségét. A hibrid modell leggyengébb pontjának mindenképpen a tokhári nyelv távol-keleti elterjedése mutatkozik, mely a kurgán hipotézissel kétségtelenül jobban magyarázható. Ez azonban inkább csak arra mutat rá, hogy a kérdés teljes tisztázása még mindig nem megoldott.

Az itt ismertetett tudományos közlemények eredményei alapján – véleményem szerint – a Heggarty és mtsai. (2023) közleményében prezentált hibrid modell írja le az IE nyelvek elterjedésének legvalószínűbb eseménysorát, míg a Lazaridis és mtsai. (2025) közleményében tárgyalt genetikai eredmények koránt sem olyan döntőek, mint ahogy azokat bemutatják.

## Felhasznált irodalom

- Allentoft et al. 2015.** Allentoft, M. E., Sikora, M., Sjögren, K.-G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P. B., Schroeder, H., Ahlström, T., Vinner, L., Malaspinas, A.-S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Baron, J., Casa, P. D., Dąbrowski, P., ... Willerslev, E.: Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522(7555), 2015. 167–172. <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Anthony 2007.** Anthony, D. W.: *The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World*. Princeton University Press, 2007
- Gimbutas 1997.** Gimbutas, M.: *The Kurgan culture and the Indo-Europeanization of Europe: Selected articles from 1952 to 1993*. Institute for the Study of Man, 1997.
- Gray–Atkinson 2003.** Gray, R. D. – Atkinson, Q. D.: Language-tree divergence times support the Anatolian theory of Indo-European origin. *Nature*, 426(6965), 2003. 435–439. <https://doi.org/10.1038/nature02029>

- Haak et al. 2015.** Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., Nordenfelt, S., Harney, E., Stewardson, K., Fu, Q., Mittnik, A., Bánffy, E., Economou, C., Francken, M., Friederich, S., Pena, R. G., Hallgren, F., Khartanovich, V., ... Reich, D.: Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522(7555), 2015. 207–211. <https://doi.org/10.1038/nature14317>
- Heggarty et al. 2023.** Heggarty, P., Anderson, C., Scarborough, M., King, B., Bouckaert, R., Jocz, L., Kümmel, M. J., Jügel, T., Irlinger, B., Pooth, R., Liljegren, H., Strand, R. F., Haig, G., Macák, M., Kim, R. I., Anonby, E., Pronk, T., Belyaev, O., Dewey-Findell, T. K., ... Gray, R. D.: Language trees with sampled ancestors support a hybrid model for the origin of Indo-European languages. *Science*, 381(6656) 2023. eabg0818 <https://doi.org/10.1126/science.abg0818>
- Jones et al. 2015.** Jones, E. R., Gonzalez-Fortes, G., Connell, S., Siska, V., Eriksson, A., Martiniano, R., McLaughlin, R. L., Gallego Llorente, M., Cassidy, L. M., Gamba, C., Meshveliani, T., Bar-Yosef, O., Müller, W., Belfer-Cohen, A., Matskevich, Z., Jakeli, N., Higham, T. F. G., Currat, M., Lordkipanidze, D., ... Bradley, D. G.: Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians. *Nature Communications*, 6(1), 2015. 8912. <https://doi.org/10.1038/ncomms9912>
- Lazaridis et al. 2022.** Lazaridis, I., Alpaslan-Roodenberg, S., Acar, A., Açıklol, A., Agelarakis, A., Aghikyan, L., Akyüz, U., Andreeva, D., Andrijašević, G., Antonović, D., Armit, I., Atmaca, A., Avetisyan, P., Aytekin, A. İ., Bacvarov, K., Badalyan, R., Bakardzhiev, S., Balen, J., Bejko, L., ... Reich, D.: The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe. *Science*, 377(6609) 2022. eabm4247. <https://doi.org/10.1126/science.abm4247>
- Lazaridis et al. 2025.** Lazaridis, I., Patterson, N., Anthony, D., Vyazov, L., Fournier, R., Ringbauer, H., Olalde, I., Khokhlov, A. A., Kitov, E. P., Shishlina, N. I., Ailincăi, S. C., Agapov, D. S., Agapov, S. A., Batieva, E., Bauyrzhan, B., Bereczki, Z., Buzhilova, A., Changmai, P., Chizhevsky, A. A., ... Rei-

- ch, D.: The genetic origin of the Indo-Europeans. *Nature*, 639(8053), 2025. 132–142. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08531-5>
- Mathieson et al. 2018.** Mathieson, I., Alpaslan-Roodenberg, S., Posth, C., Szécsényi-Nagy, A., Rohland, N., Mallick, S., Olalde, I., Broomandkshobacht, N., Candilio, F., Cheronet, O., Fernandes, D., Ferry, M., Gamarra, B., Fortes, G. G., Haak, W., Harney, E., Jones, E., Keating, D., Krause-Kyora, B., ... Reich, D.: The genomic history of southeastern Europe. *Nature*, 555(7695), 2018. 197–203. <https://doi.org/10.1038/nature25778>
- Mathieson et al. 2015.** Mathieson, I., Lazaridis, I., Rohland, N., Mallick, S., Patterson, N., Roodenberg, S. A., Harney, E., Stewardson, K., Fernandes, D., Novak, M., Sirak, K., Gamba, C., Jones, E. R., Llamas, B., Dryomov, S., Pickrell, J., Arsuaga, J. L., de Castro, J. M. B., Carbonell, E., ... Reich, D.: Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature*, 528(7583), 2015. 499–503. <https://doi.org/10.1038/nature16152>
- Narasimhan et al. 2019.** Narasimhan, V. M., Patterson, N., Moorjani, P., Rohland, N., Bernardos, R., Mallick, S., Lazaridis, I., Nakatsuka, N., Olalde, I., Lipson, M., Kim, A. M., Olivieri, L. M., Coppa, A., Vidale, M., Mallory, J., Moiseyev, V., Kitov, E., Monge, J., Adamski, N., ... Reich, D.: The formation of human populations in South and Central Asia. *Science*, 365(6457) 2019. eaat7487. <https://doi.org/10.1126/science.aat7487>
- Reich et al. 2009.** Reich, D., Thangaraj, K., Patterson, N., Price, A. L., & Singh, L.: Reconstructing Indian population history. *Nature*, 461(7263), 2009. 489–494. <https://doi.org/10.1038/nature08365>
- Renfrew 1987.** Renfrew, C.: *Archaeology and Language: The Puzzle of Indo-European Origins*. Cambridge University Press, 1987.