

A kora középkori Kárpát-medence lakosságának összetétele és kapcsolatrendszere az archeogenomikai eredmények fényében*

1. Bevezetés az archeogenomikába

A Kárpát-medencében a kora középkor rendkívül eseménydús időszak volt, melynek vizsgálata minden tudományterület képviselőit kihívások elé állítja. A Római Birodalom hanyatlásától számítva számos, különböző eredetű és történetű csoport érkezett a régióba, illetve élt a Kárpát-medence egyes térségeiben. Az utóbbi néhány évtizedben önálló tudományterületté fejlődött archeogenomika a biológia törvényeit alapul véve a történeti, nyelvészeti, régészeti adatok mellett a genetika eszköztárával is vizsgálhatóvá teszi a Kárpát-medence népességeit és azok idő- és térbeli változásait.

Az archeogenomika a régészeti leletekből vizsgálható örökítőanyag (DNS-állomány) összességének, vagyis a genomnak az elemzésével foglalkozik. Az emberi sejtek genomját két sejtszervecskében található DNS összessége alkotja: a sejtek energiatermelő központjaiban, a mitokondriumokban található ún. mitokondriális DNS, valamint a sejtek magjában lévő ún. sejtmagi DNS. A mitokondriális DNS kizárólag anyai ágon öröklődik. A sejtmagi DNS kromoszómákba rendeződik. Az emberi sejtek magjában normál esetben 23 pár kromoszóma van, melyből 22 pár testi, egy pár pedig ivari kromoszóma (X és Y). Míg az Y-kromoszóma kizárólag apai ágon öröklődik (X-kromoszómát bármelyik szülőnktől kaphatunk), addig a testi kromoszómapárok esetében a pár egyik felét az édesanyánktól, a másik felét az édesapánktól örököljük. Az öröklődés során a kromoszómapárok bizonyos szakaszai kicserélődhetnek, ami tovább fokozza a genetikai változatosságot. Az egyszerűsített öröklődésű mitokondriális DNS, illetve Y-kromoszóma vizsgálatával csak az anyai vagy az apai leszármazási vonalak elemezhetőek, a genom többi része azonban egyidőben szolgál információval mindkét felmenőről (és azok őseiről).

* A tanulmány az MTA 200 ünnepi programsorozat keretében rendezett Nyelvek és népek a középkori Magyarországon című konferencián 2025. június 12-én elhangzott előadás szerkesztett változata.

A régészeti leletanyag genetikai elemzésének kezdetén csupán az egyszülős öröklődésű markerek vizsgálatára volt lehetőség, arra is csak korlátozott mértékben. A technológiai fejlődésnek köszönhetően ma már a genom egyre nagyobb hányada elemezhető. Ez az információbővülés arra készíteti a terület kutatóit, hogy folyamatosan felülvizsgálják, újraértelmezzék a korábbi eredményeket, mindig szem előtt tartva a tudomány aktuális állását és annak korlátait. Az ún. teljes genomi szintű analízisek ma a legkorszerűbbek, az így nyert adatok sokféle szempontból hasznosíthatók: feltárhatók az egyének genetikai sajátosságai, rokonsági kapcsolatai és származása, közösségek szintjén vizsgálódva a populációk összetételéről kaphatunk képet. Az örökítőanyag változásainak időbeli és térbeli követése révén nemcsak a vizsgált csoportok eredetét és kialakulását érthetjük meg jobban, hanem a vándorlási folyamatokat és azok hatásait is rekonstruálhatjuk (SZEIFERT 2023).

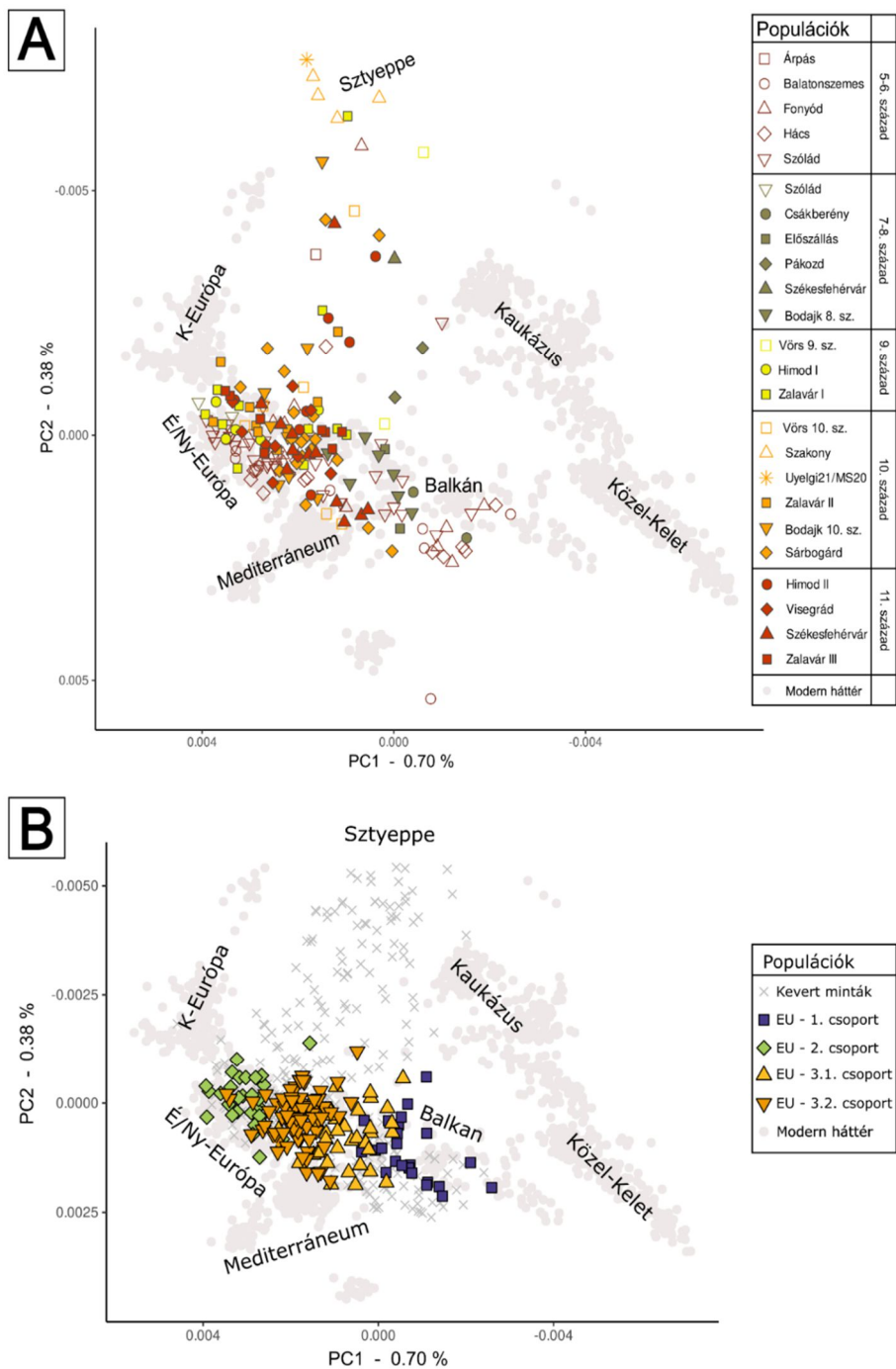
2. Dunántúli temetők az archeogenomikai vizsgálatokban

Az elmúlt években számos tanulmány fókuszált a Kárpát-medence (kora) középkori népességeinek archeogenomikai vizsgálatára. Ezek közül jelen tanulmány szempontjából a teljesgenom-szintű adatsorokat közreadók a fontosabbak (AMORIM et al. 2017, VYAS et al. 2018, GNECCHI-RUSCONE et al. 2022, 2024, MARÓTI et al. 2022, GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024, SCHÜTZ et al. 2025). Bár a felsorolt publikációk a Kárpát-medence 1–12. századi populációtörténeti eseményeivel foglalkoztak, többségükben a Dunától keletre eső területekről származó leletek elemzésével találkozunk. A 2024 végén megjelent tanulmányban (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024) kutatócsoportunk a dunántúli mintavételekre helyezte a hangsúlyt. Célunk volt, hogy 6–11. századra datált régészeti lelőhelyek elemzésével csökkentsük a régió mintavételi alulreprezentáltságát, illetve a vizsgált időablak révén lehetőség nyílt a Kárpát-medence helyi lakosságának genetikai diverzitását, stabilitását felmérni. Továbbá a keleti irányból érkezett avar és magyar csoportok genetikai hatásának elemzésére is alkalmat adott a kutatás, melyet az Árpád-ház Program keretében végeztünk el (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024).

Tanulmányunkban 103 teljes genomból álló adatsort és annak elemzését adtuk közre jelentősen növelve a Kárpát-medence területéről származó, 6–11. századra datált genetikai adatsort. A vizsgálatok során a populációgenetikai elemzések mellett az egykori hatalmi központok (Zalavár és Székesfehérvár) esetében arra is kerestük a választ, hogy az egyes időbeli horizontok között azonosítható-e genetikai folytonosság, vagy esetlegesen népességcsere történt (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024). Jelen tanulmány az angol nyelvű publikáció eredményeit foglalja össze.

3. A Kárpát-medence 5–12. századi lakosságának összetétele

A Dunántúl területéről korábban közölt (AMORIM et al. 2017, VYAS et al. 2018, GNECCHI-RUSCONE et al. 2022, MARÓTI et al. 2022) és az általunk feldolgozott minták (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024) bevonásával végzett elemzések alapján a vizsgált személyek többsége illeszkedik az Európában jellemző genetikai képbe, ugyanakkor genetikai értelemben nem egy egységes csoportról van szó, benne változatosság is megfigyelhető (lásd az 1/A. ábrát). Tanulmányunk egyik fő fókusza a helyi lakosság elemzése volt, mivel a helyiek vizsgálatával, felderítésével, azonosításával hozható létre egy olyan adatbázis, amelyhez viszonyítva mérhetők a népességmozgások hatásai. Vizsgálataink során azon egyéneket tekintettük helyieknek, akik a statisztikai tesztek (pl.: *f*₄) alapján kizárólag európai ősökre visszavezethető komponenseket hordoztak a genomjukban. A teszteket nemcsak a Dunántúl, de a Duna vonalától keletre eső temetőkből vizsgált személyek esetében is elvégeztük, hasonló elvek alapján. Az 500-nál is több teljes genom elemzése alapján helyi népességnek az összes vizsgált egyén 40%-a tekinthető, akik genetikai jellegzetességeik alapján három nagy genetikai csoportot alkottak: az egyikbe tartozó egyének délibb, a másikba tartozóak északibb típusú genetikai jellegekkel bírtak, a harmadik csoport pedig közöttük egy gradienst, azaz átmenetet alkotott (lásd az 1/B. ábrát). A közös ősré visszavezethető azonos genomi szegmensek vizsgálata (IBD – identity-by-descent) is alátámasztotta a fenti megfigyelést: az első két csoport élesen elkülönült egymástól, a harmadik csoport pedig a közöttük lévő átmenetet jelenti, mindkét típussal kapcsolatban állt.

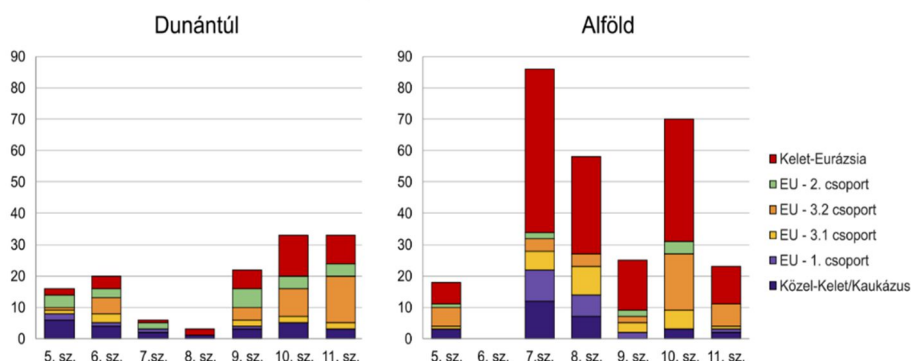


1. ábra: Főkomponens-analízisek (PCA), melyek a legfontosabb egyének genetikai mintázatát mutatják. A főkomponens-analízis során a genomban található sok százezer variábilis pozíció adatait transzformáljuk kétdimenziós koordináta-rendszerbe, melyen az egyes területekről származó egyének jellegzetesen, „térképszerűen” helyezkednek el. Az itt bemutatott PCA-ábrákon modern egyének genotípusai alapján számított háttérre (szürke körök) vetítette rá a program az archaikus genotípusokat egyénenként (színes szimbólumok). (Módosított ábra, a képek eredeti megjelenése: GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024).

A: A Dunántúl területén feltárt temetőkből vizsgált egyének főkomponens analízise.

B: A kizárólag európai jellegeket mutató, Kárpát-medencében eltemetett egyének megjelenítése a főkomponens-elemzésben. A színek a genetikai csoportokat jelölik. Zölddel az északi, lilával a déli jellegeket mutató egyének láthatóak. A szürke x-ek jelölik az elemzett korszak azon egyéneit, akiknek genomjában kimutatható mennyiségben volt jelen valamilyen nem európai eredetű komponens.

Természetesen nem hagyhatók figyelmen kívül azok az egyének sem, akik genetikai állománya nem kizárólag európai genomi komponensekre vezethető vissza. A legjelentősebb forrás Kelet-Eurázsia, ennél kisebb arányban pedig közel-keleti/kaukázusi genetikai komponensek is kimutathatóak (lásd a 2. ábrát). A genetikai csoportok időbeli és térbeli eloszlása változatos képet mutat. A délibb típusú genetikai jellegeket mutató európai 1. csoport gyakoribb volt az Alföldön, illetve a korábbi időszakokban, aránya korrelál a közel-keleti/kaukázusi genetikai komponens meglétével. Az északibb típusú genetikai állománnyal rendelkező európai 2-es csoport a Dunántúlon gyakrabban jelent meg, míg a 3-as, átmenetet képező csoport a 10. század után mind a Dunántúlon, mind a Dunától keletre fekvő területeken egyre inkább dominánssá vált. A kelet-eurázsiai eredetű genetikai komponensekkel rendelkezők arányát tekintve a vizsgált időszak elején fokozatos csökkenést írtunk le, majd a 10. században a komponens aránya növekedett, ez utóbbi megfigyelés főképpen az Alföldön kifejezett, és a honfoglaló magyarok beérkezéséhez köthető.



2. ábra: Genetikai csoportok megjelenése időben és térben. Az y tengely a mintaszámokat, az x tengely az évszázadokat mutatja. Jól látszik, hogy az alföldi régióhoz képest a Dunántúl esetében még mindig alacsonyabb mintaszámmal tudunk dolgozni. (Módosított ábra, a kép eredeti megjelenése: GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024).

4. A dunántúli hatalmi központok genetikai kapcsolatrendszere, a hálózatok elemzése Kárpát-medencei szinten

A dunántúli régió lelőhelyeinek IBD-kapcsolatrendszerét kronológiai adatokkal is összevetettük, mely során nagy hangsúlyt kapott az egykori hatalmi központok elemzése, de egyéb dunántúli temetőkből származó mintasorok is bekeverültek a vizsgálatba. Az időbeli fázisokra és mikrorégiókra egymástól kissé eltérő, de mindig vegyes genetikai összetétel jellemző. Mivel néhány időbeli fázist, illetve területet alacsony mintaszám reprezentál, az elsődleges megfigyelések után az adatsor újabb és újabb mintákkal történő jövőbeni bővülése árnyalhatja a most látott képet.

Az egyik vizsgált hatalmi központ Zalavár-Vársziget. A temetőt a 9. század közepétől a 12. századig folyamatosan használta a korabeli társadalmi hierarchia teljes skáláját reprezentáló lakosság. A temetőben három időbeli horizont különíthető el, mindegyikből lehetőségünk adódott mintavételre. Zalavár-Vársziget eredeti lakosságának (I. horizont) száma a történeti adatok alapján a honfoglalás után erősen lecsökkent, a szegényebb lakosok azonban helyben maradtak, és az új foglалókkal együtt továbbra is használták a temetőt (II. horizont). Mintegy száz évvel később, az Árpád-kor kezdetén növekedett meg újra a sziget népessége (III. horizont), amikor ismét hatalmi központtá vált (SZŐKE 2021). Az IBD-elemzés alapján az alacsony mintaszám ellenére is látszik az időbeli horizontok közötti genetikai folytonosság, ami alátámasztja a történeti adatokat.

A másik vizsgált hatalmi központ Székesfehérvár és környéke. A legkorábbi horizont ebben az esetben 6–9. századi, jellemezni tudtunk egy 10. századi, illetve

egy kora Árpád-kori horizontot is (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024). Az elemzéseink alapján csak az utóbbi kettő között mutatható ki kapcsolat. A legkorábbi horizont nem csupán időben válik el, de gyakorlatilag a genetikai kapcsolatrendszere is hiányzik a későbbi korok embereivel.

Az IBD-hálózatokat Kárpát-medencei szinten elemezve a kelet-eurázsiai eredetű genetikai komponenssel rendelkezők két különálló klasztert alkotnak, melyek egyikébe a honfoglalás előtti egyének (többségükben avar koriak) tartoznak, a másik klaszterbe pedig a honfoglalás kori egyének sorolódnak. Amikor az egész mintasort (a genetikai értelemben helyinek tekinthető egyéneket is) ezen elv alapján rendeztük, fény derült arra, hogy a rokonsági kapcsolatok többsége a honfoglalás előtti időszakban lelőhelyen belüli, míg a honfoglalás után ez már nem feltétlenül van így. A honfoglalás utáni időszakban több kapcsolat látszik a keleti és a nem keleti genetikai összetételű egyének között, mint a korábbi periódusban. Ez a kapcsolatrendszerben megmutatkozó jellegzetesség a két korszak eltérő társadalmi berendezkedésére utal.

Néhány különleges esetet is leírtunk, melyek izgalmas egyedi történeteket tárnak fel. Ilyen annak a 35-40 éves férfinak a története, aki Zalavár-Vársziget I. horizontjába tartozott. A szóban forgó egyént a régészeti adatok alapján a magyar honfoglalást megelőzően temették el. A férfi halálának időpontja a radiokarbon kormeghatározás alapján is lehetett ez az időszak, bár ez a típusú vizsgálat igazságtág időintervallumot jelölt meg (i. sz. 774–992). A genetikai vizsgálatok rámutattak a férfi Urál környéki, korai magyarokhoz köthető csoportokkal mutatott genetikai hasonlóságára (GYURIS et al. 2025), és az IBD-kapcsolatrendszere a 10. századi Kárpát-medence lakosságához kötötte. A régészeti és genetikai adatok alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy Zalavár hatalmi központként már ebben az időszakban is vonzott messzi vidékekről ide különböző eredetű egyéneket (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024).

5. Összefoglaló

A jelen cikk alapjául szolgáló tanulmányban (GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024) jellemeztük a Kárpát-medence helyi alapnépességét. A terület lakosságának évszázadokat felölelő vizsgálata során a genetika módszereivel is kimutattuk a külső hatások nyomait, melyek az alapnépesség genetikai jellegzetességeire mintegy ráakódtak, színesítve a terület középkori lakosságának összetételét. Az általunk leírt regionális különbségek, illetve a 10. század második felétől látható homogenizálódás alapján úgy gondoljuk, hogy a magyar honfoglalást követően elkezdődött egy belső átrendeződés a Kárpát-medencében.

Az avar és a magyar honfoglalás kori egyének között nem találtunk genetikai folytonosságot, a kapcsolatrendszerük alapján eltérő volt a helyiekkel való keveredésük dinamikája és a társadalmi szerveződésük is. A zárt közösséget alkotó avar elittel ellentétben a beérkező honfoglalók keveredtek a helyiekkel.

A hatalmi központokra a vegyes összetételű lakosság volt jellemző, melyet az egyéb adatok mellett az is jól példáz, hogy Zalaváron már a magyar honfoglalást megelőző időszakban is eltemettek olyan egyént, aki a későbbi honfoglalókhoz köthető genetikailag, és azonos vagy kapcsolódó területről származott.

Irodalom

- AMORIM, CARLOS EDUARDO G.–VAI, STEFANIA–POSTH, COSIMO et al. 2017. Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics. *Nature Communications* 9: 3547.
- GERBER DÁNIEL–CSÁKY VERONIKA–SZEIFERT BEA et al. 2024. Ancient genomes reveal Avar-Hungarian transformations in the 9th–10th centuries CE Carpathian Basin. *Science Advances* 10: eadq5864.
- GNECCHI-RUSCONE, GUIDO ALBERTO–SZÉCSÉNYI-NAGY ANNA–KONCZ ISTVÁN et al. 2022. Ancient genomes reveal origin and rapid trans-Eurasian migration of 7th century Avar elites. *Cell*, 185, 8: 1402–1413.e21.
- GNECCHI-RUSCONE, GUIDO ALBERTO–RÁCZ ZSÓFIA–SAMU LEVENTE et al. 2024. Network of large pedigrees reveals social practices of Avar communities. *Nature* 629: 376–383.
- GYURIS BALÁZS–VYAZOV, LEONID–TÜRK ATTILA et al. 2025. Long shared haplotypes identify the Southern Urals as a primary source for the 10th-century Hungarians. *Cell* 188, 21: 6064–6078.e11.
- MARÓTI ZOLTÁN–NEPARÁCZKI ENDRE–SCHÜTZ OSZKÁR et al. 2022. The genetic origin of Huns, Avars, and conquering Hungarians. *Current Biology* 32/13: 2858–2870.e7.
- SCHÜTZ OSZKÁR–MARÓTI ZOLTÁN–TIHANYI BALÁZS et al. 2025. Unveiling the origins and genetic makeup of the „forgotten people”: A study of the Sarmatian-period population in the Carpathian Basin. *Cell*, 188, 15: 4074–4090.e11.
- SZEIFERT BEA 2023. *A korai magyarsághoz köthető Volga–Urál-vidéki temetők humán csontanyagának archeogenetikai vizsgálata*. Doktori értekezés. Eötvös Loránd Tudományegyetem.
- SZŐKE BÉLA MIKLÓS 2021. *Die Karolingerzeit in Pannonien*. Mainz, Verlag des Römisch-Germanischen Zentralmuseums.
- VYAS, DEVEN N.–KONCZ ISTVÁN–MODI, ALESSANDRA et al. 2018. Fine-scale sampling uncovers the complexity of migrations in 5th–6th century Pannonia. *Current Biology*, 33, 18: 3951–3961.e11.

Population Composition and Connections of the Early Medieval Carpathian Basin in Light of Archaeogenomic Evidence

The Carpathian Basin was a region of remarkable cultural and population dynamics in the early medieval era, shaped by multiple migrations and interactions. In recent years, archaeogenomic research has provided a new dimension to the study of these processes by enabling the direct genetic characterization of individuals and communities. Building on 103 whole genome dataset dated to the 6th–11th centuries CE, our previous study

(GERBER–CSÁKY–SZEIFERT et al. 2024) focuses on the western part of the Carpathian Basin (Transdanubia), a region that has so far been underrepresented in archaeogenomic sampling. By integrating these newly published datasets with previously available genomic data, we conducted Carpathian Basin-wide analyses covering the 5th–12th centuries CE. These analyses were based on more than 500 genome-wide samples, allowing us to examine both the local genetic structure and the network of population connections across the region.

Our analyses revealed that approximately 40% of the examined individuals represent a genetically local population, forming three major clusters with southern, northern, and intermediate (gradient-like) European-type genetic profiles. These groups show distinct temporal and spatial patterns, suggesting regional diversity and gradual homogenization after the 10th century. Alongside the European background, varying proportions of Eastern Eurasian and Near-Eastern/Caucasian genomic ancestry components were also detected, reflecting the genetic impact of incoming groups such as the Avars and the Hungarian Conquerors.

Identity-by-descent (IBD) analyses demonstrated complex kinship and population-level relationships both within and between cemeteries. Zalavár and Székesfehérvár showed different degrees of genetic continuity through time: Zalavár exhibited continuity between successive burial horizons from the 9th to the 12th century, while in Székesfehérvár the earliest phase was separated from later ones. The results also highlight the diverse origins of individuals buried in these power centers. In Zalavár, for example, an individual from the earliest horizon showed genetic affinities with Uralic, Hungarian-associated populations, suggesting that this prominent site already attracted people from distant regions during the pre-Conquest period.

Overall, the results indicate that external influences and internal demographic rearrangements played a contributing role in shaping the genetic landscape. The observed regional variation and the homogenization process that began the 10th century reflect a period of intensified integration and reorganization within the Carpathian Basin's population.