

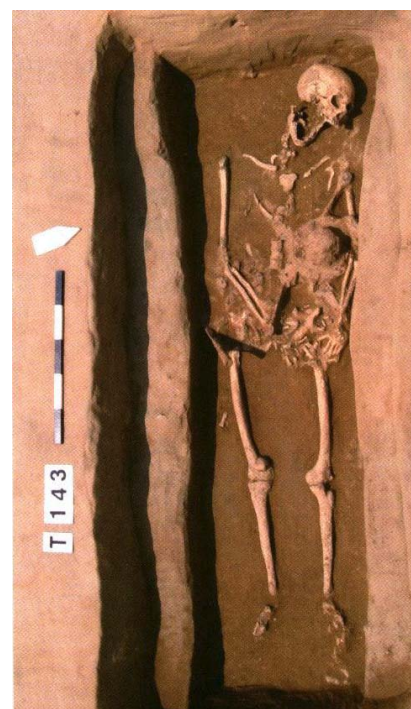
A BARBÁR INVÁZIÓK TÖRTÉNETI-GENETIKAI ÚJRAÉRTELMEZÉSE

PATRICK GEARY¹

Kevés olyan vitatott és megosztó téma van az európai történelemben, mint az ókor végén zajló barbár népcsoportok beáramlása a Római Birodalom területeire. Milyenek voltak ezek a barbárok, akik megjelennek a korszak írásos emlékeiben? Különálló etnikai csoportokról van szó, és megérkezésükkel társadalmilag és kulturálisan egységes közösségek hosszas vándorlása ért véget? Netán frissen létrejött, különböző népekből álló szövetségeként kell elképzelnünk őket? Milyen kapcsolat állapítható meg az írott forrásokban szereplő népcsoportok nevei és a régészek által elkülönített, különböző jellegű anyagi kultúrák között? Milyen mértékűek és jelentőségűek voltak ezek a vándorlások? Felváltották a helyi népséget, egyszerűen uralmuk alá hajtották őket, vagy gyors ütemben egybeolvadtak velük? Egy nemzetközi és interdiszciplináris kutatócsoport új genetikai módszerek alkalmazásával kívánja megválaszolni mindezeket a kérdéseket.²

Tekintve az írott források gyér mennyiségét, és a régészeti leletek félreértelmezhető voltát, amelyek segítségével a tudomány hagyományosan keresi a választ ezekre a kérdésekre, egyre inkább jellemző, hogy a kutatók genetikussal társulnak. A jelenkori és a történeti népségek genomjaiban (örökítő információiban) megőrződött leszármazási mintázatok feltárása a cél annak érdekében, hogy megbecsüljék a fent említett események népségtörténeti hatásait. Számos kutatás célozta meg, hogy kortárs népségből gyűjtött DNS mintát használva vetítse vissza időben a népségek szerkezetét. Az olyan területeken azonban, ahol a modern kort megelőzően jelentős népségszármazással, egymástól feltehetőleg elkülönülő vándorlási, illetve letelepedési hullámokkal kell számolnunk, az ilyen jellegű kutatások számos problémát vetnek fel. Egy magyar, cseh, olasz, német, osztrák, brit és amerikai történészekből, genetikusból és régészekből álló csoport újszerű megközelítési mód alapján járja körül a kérdést. Első lépésként mintegy 1100, jellemzően langobárdként azonosított sírból származó DNS mintát tanulmányozunk majd a céllal, hogy mélyebben megértsük az európai népvándorlások hátterét jelentő népségviszonyokat. A minták olyan egyénektől származnak, akik feltehetőleg a jelenkori Bécs és Budapest közötti régióból vándoroltak Itáliába az 560-as években, ahol megalapították a Langobárd Királyságot, mely egészen 774-es bukásáig állt fenn.

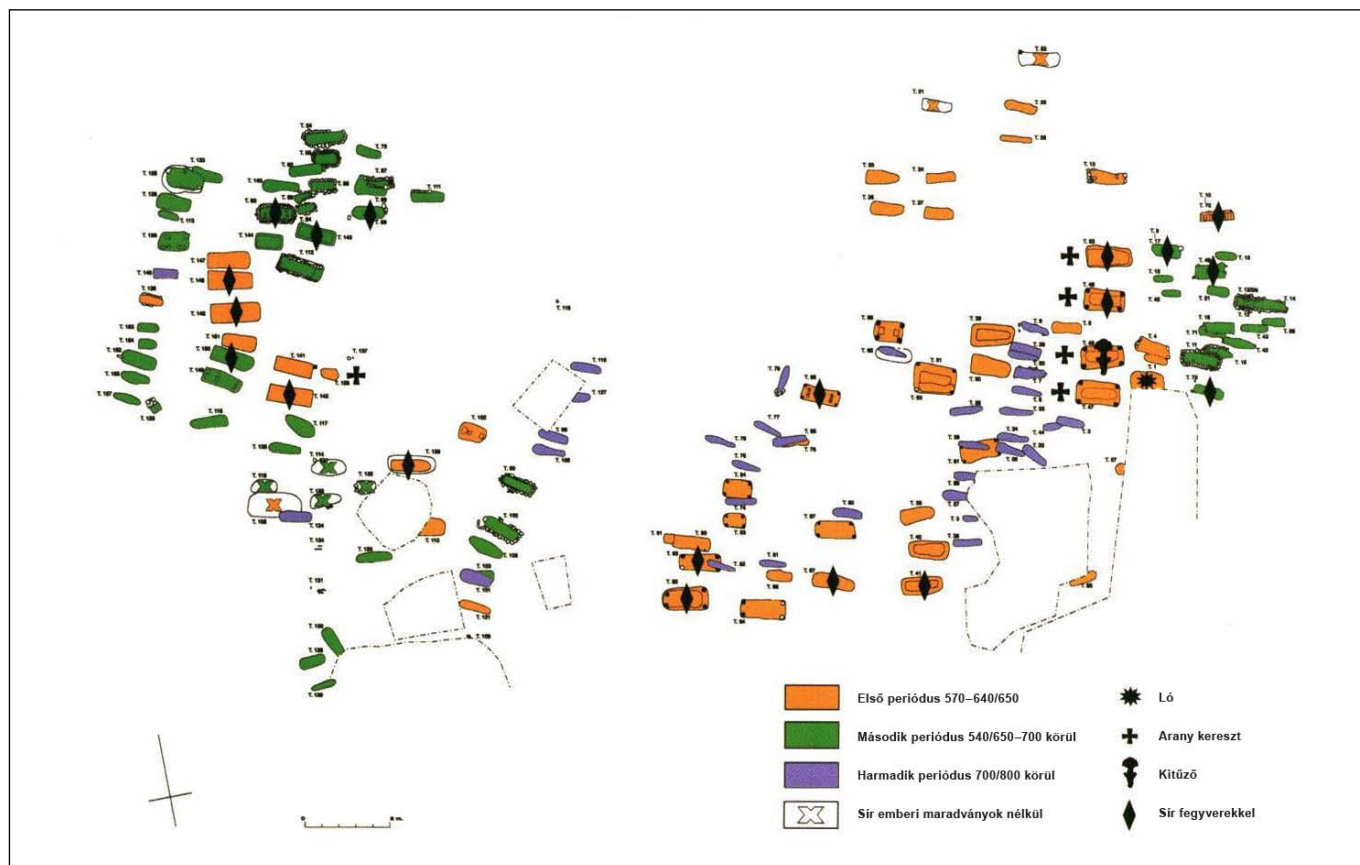
Kutatásunk célkitűzése, hogy függetlenítse a kulturálisan vagy politikailag definiálható identitás kérdését a népség demográfiai értelmezésétől. A Római Birodalom határ- és belterületei között lezajlott népségváltozásokat próbáljuk megérteni anélkül, hogy az emberi kapcsolatok bonyolultságát csupán egyetlen genetikai szempontból meghatározott egységre – például egy haplocsoportra,



1. kép: Collegno (Torino), langobárd temető, férfi sírja fegyverekkel és üvegkehellyel (Luisella Pejrani Baricco: Il Piemonte tra Ostrogoti e Longobardi. In: I Longobardi. Dalla caduta dell'impero all'alba dell'Italia, catalogo della mostra (Torino 2007), ed. Brogiolo, Gian Pietro – Chavarria Arnau, Alexandra. Milano: Silvana Editoriale Spa, Cinisello Balsamo, 2007, 264, Fig. 6)

¹ Institute for Advanced Study, Princeton NJ USA

² A szerző köszönetét fejezi ki Krishna Veeramah professzornak a tanulmány megírásában nyújtott segítségével.



2. kép: Collegno (Torino), a langobárd temető térképe az ásatás végén (2006) (after: Luisella Pejrani Baricco: *Il Piemonte tra Ostrogoti e Longobardi. In: I Longobardi. Dalla caduta dell'impero all'alba dell'Italia, catalogo della mostra (Torino 2007), ed. Brogiolo, Gian Pietro – Chavarria Arnau, Alexandra. Milano: Silvana Editoriale Spa, Cinisello Balsamo, 2007, 263, Fig. 5)*

rasszra, vagy népcsoportra – egyszerűsítve vetítenénk fel, vagy hogy a vándorlásokról a középkori szerzők írásaiban fennmaradt adatokra hagyatkoznánk. A genetikai vizsgálatokat egyúttal ötvözni kívánjuk alapos régészeti, embertani és történeti kutatásokkal.

A tervek szerint számos Csehországban, Ausztriában, Magyarországon és Olaszországban feltárt lelőhely vizsgálatára kerül majd sor a projekt keretein belül, s így jelentős költségekkel kell számolni. Ezért elsőként egy kisebb kísérleti kutatást folytatunk, hogy teszteljük, helytálló-e a kitzűzött cél és az alkalmazott módszer. Ehhez két, langobárdnak meghatározott temetőt választottunk ki: Szóládot Magyarország területéről, és Collegno-t Olaszországból.³ Mindkettő előnye, hogy a közelmúltban kerültek feltárássra körültekintő módszertani alapossággal, így minden egyes sírról részletes leírás áll rendelkezésünkre. Emellett mindkét lelőhelyről sikerült stabil izotóp adatokat nyernünk, amelyek további információkat szolgáltatnak a népségek rövid távú változásairól és életmódjáról. Jelenleg lelőhelyenként húsz mintából történik a DNS kinyerése és a DNS szekvencia meghatározása a Firenzei Egyetem Evolúciós Biológiai Tanszékének laboratóriumában⁴ és a Tübingeni Régészettudományi Intézetben.⁵ Emellett olyan, időben

³ Szóládról lásd Freeden, Uta von – Vida, Tivadar: Ausgrabung des langobardenzeitlichen Gräberfeldes von Szólád Komitat Somogy, Ungarn. Vorbericht und Überblick über langobardenzeitliche Besiedlung am Plattensee. *Germania: Anzeiger der Römisch-Germanischen Kommission des Deutschen Archäologischen Instituts* 85/2 (2007), 359–384. Collegnóról lásd Giostra, Caterina: La necropoli di Collegno. In: *I Longobardi. Dalla caduta dell'impero all'alba dell'Italia, catalogo della mostra*, ed. Brogiolo, Gian Pietro – Chavarria Arnau, Alexandra (Milano: Silvana Editoriale Spa, Cinisello Balsamo, 2007), 268–273.

⁴ Dipartimento di Biologia, Università degli Studi di Firenze

⁵ Institut für Naturwissenschaftliche Archäologie, Universität Tübingen

viszonylag közeli lelőhelyekről is dolgozunk fel mintákat, amelyek eltérő kulturális jellemzőkkel bírnak, ezért nem tartják langobárdnak őket.

Első lépésként a mintáinkból származó mitokondriális DNS-t (mtDNS) vizsgáltuk annak ellenére, hogy a mtDNS csupán az anyai ágon való származásról ad információt. Mivel sokkal többet szeretnénk megtudni a mintáinkat „szolgáltató” egyének eredetéről, következő lépésként a rekombináns autoszomális DNS-t elemezzük majd annak érdekében, hogy aprólékosabb és összetettebb betekintést nyerjünk a vizsgált népelemek közötti genetikai kapcsolatokba. Öt évvel korábban még lehetetlen vállalkozásnak számított, hogy hasonló információhoz jussunk történeti embertani mintákból, de köszönhetően az ún. új-generációs szekvenálás gyors fejlődésének ésszerű elvárásnak tűnik, hogy a vizsgált mintákból értelmezhető nukleáris DNS-t nyerjünk ki.

Költségvetésünk, melyet a német Humboldt Alapítvány és a svéd Riksbankens Jubileumfond biztosít, nem teszi lehetővé, hogy mind a negyven minta teljes genomjának elemzését elvégezhessük. Ezért a genom olyan meghatározott részeire koncentrálunk, amelyekről más kutatások alapján tudjuk, hogy várhatóan információt nyújtanak majd a különböző népcsoportokról és a köztük lévő kapcsolatokról. Elsőként kb. 350 000 egyedi nukleotid változatot (SNPs) tárunk fel minden egyes egyén esetében. Ez lehetővé teszi, hogy következtessünk a teljes genomra kiterjedő allélgyakoriság finom különbségeire, és ezáltal elkülöníthessük az Európa különböző területeiről származó egyéneket – akár egyes településekre leszűkítve –, valamint pontosan meghatározhatjuk a rokonsági viszonyokat az egyes temetőkön belül, legalább a másodunokatestvérek szintjén.

Másodsorban a genom feltehetőleg semleges (pl. a természetes szelekció által nem befolyásolt) régióiban 5000 független, 1kb méretű, összefüggő szekvencia sorozatból álló régiót célzunk meg. Ezek lehetővé teszik számunkra, hogy a populációgenetikai elméletet alkalmazhassuk a térség lehetséges népelegtörténetét leíró, alternatív modellek ellenőrzésére.

Végül olyan helyeket elemzünk a génekben, amelyeknek valószínűsíthetően szerepe van a fenotipikus (az egyén teljes fizikai megjelenését vagy egyedi jegyeit meghatározó) variáció kialakításában. Ezek elsősorban olyan lókuszek (helyek) lesznek, amelyekről feltételezik, hogy szerepük van bizonyos betegségekre – pl. bubópestisre – való hajlam, illetve az azokkal szembeni ellenállóképesség kialakításában, ami várhatóan sok kutató és történész érdeklődésére tarthat majd számot.

A kérdések közt, amelyekre választ keresünk, nem szerepel a langobárdok azonosításának vagy a nem langobárdoktól való elkülönítésének problémája. Ahhoz, hogy ezt megkíséreljük, genetikailag kellene megragadni egy olyan jelenséget, amely leginkább kulturális kategóriaként értelmezhető. Számos kérdést



3. kép: Szólad: aranyozott bronz csat, pajzs alakú övveretek, S-alakú aranyozott ezüst fibula almandin berakással
(© Uta von Freeden, Daniel Peters, Vida Tivadar)

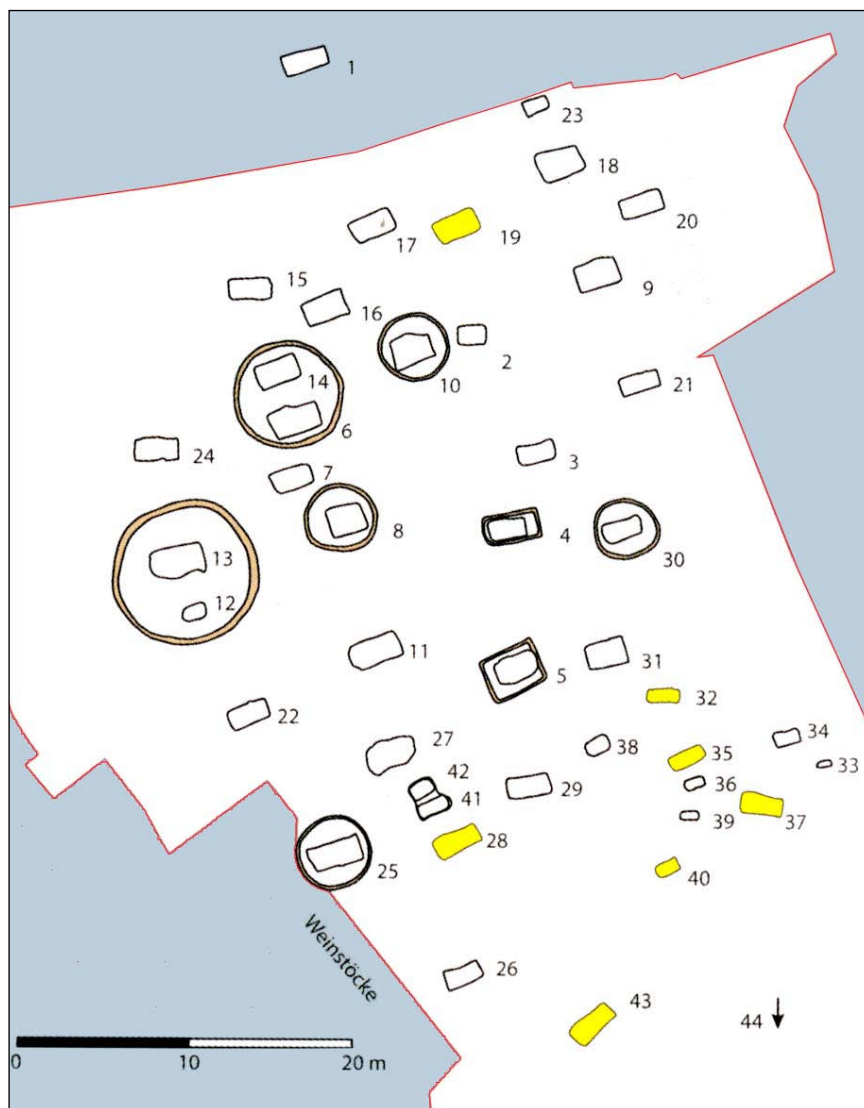


4. kép: Szólád: besimított díszű korsó és szabad kézzel formált bikónikus edény
(© Uta von Freeden, Daniel Peters, Vida Tivadar)

tehetünk fel azonban a népesség szerkezetére, kapcsolataira és mozgására vonatkozóan, amelyek segíthetnek abban, hogy világosabban lássuk a 6. századi Európa népességtörténeti képét. Szeretnénk kideríteni, hogy hogyan szerveződtek a régészek által langobárdnak vagy „nem langobárdnak” vélt temetők. A sírok helye a temetőn belül, a sírmellékletek mennyisége és minősége rokonsági kapcsolatokról tanúskodik-e, vagy talán az életkorral és a társadalmi helyzettel függ össze, ahogy azt sok régész feltételezi? Milyen biológiai kapcsolatban álltak egymással a szomszédos vagy időben egymást követő temetők eltemetettjei, akik a régészek szerint eltérő kulturális hagyományokat képviselnek? Vajon ezek a népcsoportok biológiailag élesen elkülönülnek-e, vagy jelentős volt köztük a génáramlás annak ellenére, hogy anyagi kultúrájuk kulturális elkülönülést feltételez? Ha volt génáramlás ezek között a csoportok között, alátámasztható-e mtDNS, X - és Y- kromoszómális vizsgálatok segítségével, hogy ez a folyamat eltér a nemek tekintetében – például a férfiak egy szűkebb származási hálózatot alkotnak, míg a nők változatosabb képet mutatnak ebben a vonatkozásban? Van-e genetikai folyamatosság a pannóniai és itáliai temetők között, amelyeket a régészek langobárdnak tekintenek?

Annak érdekében, hogy választ kapjunk ezekre a kérdésekre, vizsgálatunk egyaránt kiterjed azokra a leszármazási vonalakra, mint például a mtDNS vagy az Y-kromoszóma, melyekkel csak egyéni öröklődési vonalak követhetőek (pl. anyai és apai ág), illetve az autoszómális DNS-re, amely számos ősi kapcsolatrendszerének DNS lenyomatát őrzi. Ezeknek a vizsgálatoknak némelyike ún. „felügyelet nélküli”, vagyis az adatokat olyan minták után kutatva elemezzük, amelyek esetleg segíthetnek a hipotézisek felállításában. Miután sikerült ilyen információt találni, a következő lépésben „felügyelt” (meghatározott elemeket követő) vagy kvantitatív modell alapú adatelemzést végzünk. Ennek során számos modellt és hipotézist tesztelhetünk egymás ellenében, hogy lássuk melyik illeszthető össze leginkább a valós adatainkkal (és így megbecsüljük bármely kapcsolódó paramétert), ahogy azt a langobárd és a kortárs piedmont-i lelőhelyek mtDNS mintái közötti lehetséges kontinuitás előzetes vizsgálata során tettük. Mindezek után összehasonlítjuk a leginkább megfelelő modelleket a régészek, fizikai antropológusok és történészek által korábban javasoltakkal, azzal a végső szándékkal, hogy megtaláljuk azt a modellt, illetve modellek sorozatát, amely az ezen tudományágakból származó összes ismeretet egyesíti.

Nem teszünk fel olyan kérdéseket a kutatás során, hogy például van-e jellemző „langobárd” genetikai profil, vagy akár hogy meghatározhatók-e langobárdként egyáltalán az általunk vizsgált temetők. Előre



5. kép: A szőládi temető térképe
(© Uta von Freeden, Daniel Peters,
Vida Tivadar)

láthatóan egy lényegileg aszimmetrikus, kevert, változó és összetett társadalom komplex képét kapjuk majd, amely Pannóniát és Itáliát egyaránt jellemezte az ún. népvándorlás korában. A génáramlást – hasonlóan a kulturális változásokhoz – olyan mozgásként képzelhetjük el, amely mindkét irányban létezett (bár valószínűleg eltérő mértékben), szemben egy egyszerű, északról délre tartó vándorlással. Elképzelhetőnek tartjuk, hogy olyan alcsoportokat is sikerül elkülöníteni majd, amelyek a régészeti kultúrákban nem jelennek meg. Egy olyan világot kell elképzelnünk, melyben a férfiak és a nők vándorlásának jellege és sebessége, valamint leszármazási története akár nagymértékben eltérhetett egymástól. Reményeink szerint a genetikai kutatás – megfelelően értelmezve a régészeti és történeti adatokkal – számos új ismerettel gazdagít majd, és új irányt szab annak, hogy miképpen vélekedhetünk az ókor végén élt, összetett népségek jellegéről, és ezzel együtt talán jobban megérthetjük saját korunk népességének komplexitását is.

A PROJEKT RÉSZTVEVŐI

A projektet, melynek munkacíme „Kora középkori népességmozgások nyomon követése történeti ember-tani DNS segítségével”, jelenleg az Alexander von Humboldt Alapítvány Anneliese Maier kutatási díja, a Német Oktatási és Kutatási Minisztérium, valamint a Swedish Riksbankens Jubileumfond támogatja.

A projekt formálisan nem kötődik intézményhez, illetve résztvevői köre sem szigorúan meghatározott. Stefania Vai⁶ posztdoktori ösztöndíjas kutató az egyetlen személy, akit a projekt közvetlenül támogat. Az alábbi lista tartalmazza mindazokat, akik útmutatást adnak, illetve közreműködnek a különböző szempontok tekintetében. Bálint Csanád⁷ közreműködött az eredeti terv megfogalmazásában. John Novembre⁸ és Robert Wayne⁹ segítettek az eredeti genetikai kutatási terv kidolgozásában, és továbbra is tanácsokkal látnak el a projekt során. A minták begyűjtését, illetve a mtDNS szekvenálását Stefania Vai végzi a firenzei David Caramelli¹⁰ laboratóriumában; az előzetes statisztikai elemzést Silvia Ghirotto¹¹ Ferrarában készítette Guido Barbujani¹² laboratóriumában; az új-generációs szekvenálást Cosimo Posth segédletével Stefania Vai végzi majd Johannes Krause¹³ laboratóriumában;¹⁴ Francesca Conselvan¹⁵ állítja össze a régészeti leletek és lényeges publikációk adatbázisát Walter Pohl¹⁶ irányításával, aki a történeti adatok tekintetében nyújt segítséget; Caterina Giostra¹⁷ és Maria Cristina Larocca¹⁸ teszi hozzáférhetővé számunkra az olaszországi régészeti anyagokat és az azokkal kapcsolatos információkat; hasonlóképpen Koncz István,¹⁹ Vida Tivadar²⁰ és Mende Balázs²¹ Magyarországon, valamint Zuzana Loskotova²² a Cseh Köztársaságban; Daniel Peters²³ és Susanne Hakenbeck²⁴ részt vesznek az izotóp adatok kinyerésében, amelyeket a genetikai eredményekkel vetünk össze; Kurt Alt²⁵ segítette a szőládi mintavételt; Joachim Burger²⁶ ajánlotta számunkra az új-generációs szekvenálásban használt folyamatos szekvenciák kiválasztásában élen járó Krishna Veeramaht.²⁷

⁶ Dipartimento di Biologia e Professore Associato di Antropologia, Univeresità degli studi di Firenze

⁷ Magyar Tudományos Akadémia, Budapest

⁸ Department of Human Genetics, University of Chicago

⁹ Department of Ecology and Human Biology, University of California, Los Angeles

¹⁰ Dipartimento di Biologia e Professore Associato di Antropologia, Univeresità degli studi di Firenze

¹¹ Dipartimento di Biologia ed Evoluzione, Università di Ferrara

¹² Dipartimento di Biologia ed Evoluzione, Univeresità degli studi di Ferrara

¹³ Max-Planck-Institut für Geschichte und Naturwissenschaften, Jena

¹⁴ AG Archäo- und Paläogenetik, Institut für Naturwissenschaftliche Archäologie, Universität Tübingen

¹⁵ Österreichische Akademie der Wissenschaften, Wien

¹⁶ Institut für Mittelalterforschung, Österreichische Akademie der Wissenschaften, Wien

¹⁷ Facoltà di lettere e filosofia Sede di Milano, Dipartimento di Storia, archeologia e storia dell'arte, Università cattolica del Sacro Cuore

¹⁸ Dipartimento di Storia, Università degli Studi di Padova

¹⁹ Régészettudományi Intézet, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest

²⁰ Régészettudományi Intézet, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest

²¹ Archeogenetikai Laboratórium, Régészeti Intézet, Magyar Tudományos Akadémia, Budapest

²² Régészeti Intézet, Cseh Tudományos Akadémia (Akademie věd České republiky), Brno

²³ Institut für Prähistorische Archäologie, Freie Universität Berlin

²⁴ McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge University

²⁵ Arbeitsgruppe Palaeogenetik, Institut für Anthropologie, Johannes Gutenberg Universität Mainz

²⁶ Arbeitsgruppe Palaeogenetik, Institut für Anthropologie, Johannes Gutenberg Universität Mainz

²⁷ Department of Ecology and Evolution, Stony Brook University

AJÁNLOTT IRODALOM

BROWN, KERI A. – BROWN, TERENCE A.

Biomolecular Archaeology: An Introduction. Chichester, West Sussex – Malden, MA: Wiley-Blackwell, 2011.

CAPELLI, CRISTIAN et. al.

A Y Chromosome Census of the British Isles. *Current Biology* 13 (2003), 979–984.

<http://www.ucl.ac.uk/tcga/tcgapdf/capelli-CB-03.pdf>

FREEDEN, UTA VON

Ausgewählte Befunde aus dem langobardenzeitlichen Gräberfeld von Szólád, Komitat Somogy, Ungarn. In: *Kulturwandel in Mitteleuropa: Langobarden, Awaren, Slawen; Akten der internationalen Tagung in Bonn vom 25. bis 28. Februar 2008*, ed. Bemmman, Jan – Schmauder, Michael, 399–414. Bonn: R. Habelt, 2008.

<http://www.vfgarch.uni-bonn.de/forschung-europa/konferenzen/tagung-kulturwandel-in-mitteleuropa.pdf>

HALSALL, GUY

Archaeology and Migration: Rethinking the Debate. In: *The very beginning of Europe? Early-Medieval Migration and Colonisation (5th–8th century) Archaeology in Contemporary Europe: Conference Brussels - May 17-19 2011*, ed. Annaert, Rica et. al., 29–40. Brussels: Flanders Heritage Agency, 2012.

PEIRANI BARICCO, LUISELLA

Il Piemonte tra Ostrogoti e Longobardi. In: *I Longobardi. Dalla caduta dell'impero all'alba dell'Italia, catalogo della mostra (Torino 2007)*, ed. Brogiolo, Gian Pietro – Chavarria Arnau, Alexandra, 255–267. Milano: Silvana Editoriale Spa, Cinisello Balsamo, 2007.

PEIRANI BARICCO, LUISELLA (ed.)

Presenze Longobarde: Collegno nell'alto medioevo Torino: Collegno (TO). Città di Collegno: Soprintendenza per i beni archeologici del Piemonte, 2004.

RALPH, PETER – COOP, GRAHAM

The Geography of Recent Genetic Ancestry across Europe. *PLoS Biol* 11,5 (2013) e1001555. doi:10.1371/journal.pbio.1001555. <http://www.plosbiology.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pbio.1001555>

SCHMAUDER, MICHAEL – HEGEWISCH, MORTEN (eds)

Die Langobarden. Das Ende der Völkerwanderung. Katalog zur Ausstellung im Rheinischen LandesMuseum Bonn. 22.8.2008-II.1.2009. Bonn: Landschaftsverband Rheinland/Rheinisches LandesMuseum – Darmstadt: Primus Verlag, 2008.

STONEKING, MARK – KRAUSE, JOHANNES

Learning about human population history from ancient and modern genomes. *Nature Reviews/Genetics* 12 (September 2011), 603–614. <http://www.nature.com/nrg/journal/v12/n9/full/nrg3029.html>

THOMAS, MARK G. – STUMPF, MICHAEL P. H. – HÄRKE, HEINRICH

Evidence for an apartheid-like social structure in early Anglo-Saxon England. *Proceedings of the Royal Society Biological Sciences*, 273/1601 (October 2006), 2651–2657. <http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/273/1601/2651.long>

WEALE, MICHAEL E. et. al.

Y Chromosome Evidence for Anglo-Saxon Mass Migration. *Molecular Biology and Evolution* 19,7 (2002), 1008–1021. <http://mbe.oxfordjournals.org/content/19/7/1008.full>