

# KÉRDÉSEK ÉS LEHETŐSÉGEK A KORA KÖZÉPKORI GENETIKAI ADATOK TÖRTÉNETI ÉRTELMEZÉSÉBEN<sup>1</sup>

## ISSUES AND POSSIBILITIES IN THE HISTORICAL INTERPRETATION OF EARLY MEDIEVAL GENETIC DATA

Vida Tivadar

az MTA doktora, egyetemi tanár

Eötvös Loránd Tudományegyetem Régészettudományi Intézet, Budapest

Eötvös Loránd Kutatási Hálózat Bölcsészettudományi Kutatóközpont Régészeti Intézet, Budapest

vida.tivadar@btk.elte.hu

### ÖSSZEFOGLALÁS

Az őskori populáció archaeogenetikai vizsgálata után napjainkban egyre nagyobb szériákban kerül sor az írásos forrásokkal is rendelkező kora középkori közösségek (Kr. u. 400–1000) genetikai vizsgálatára. A biológiai adatok értelmezésébe saját módszertanával bekapcsolódó történettudományi vitát generál abban a tekintetben, hogy relevánsak-e a természettudósok módszerei a történeti és régészeti kutatásokban, a biológiai adatok segíthetnek-e megbízható választ adni az emberiség történetének fő kérdéseire. Az írás kitér a természettudományok, valamint a bölcsészet- és társadalomtudományok közötti kölcsönös megértés vagy meg nem értés szempontjaira. Mindenekelőtt felhívja a figyelmet az archaeogenetikai vizsgálatok etikai vonatkozásaira, a biológiai determinizmus, bármely „identitás” biológiai meghatározására irányuló különféle kísérletek veszélyeire. Felvázolja, hogy a rokonsági viszonyokra, a biológiai tulajdonságokra, az egészségre és hajlamokra fényt vető archaikus DNS-adatok miként tágíthatják a régészeti és történeti értelmezést. Ismerteti néhány történész szkeptikus és kritikus vitairatának téziseit. Megfogalmazza, hogy a genetika csak olyan történések, kapcsolatok, betegségek kimutatására alkalmas, amelyek nyomot hagytak a humán DNS-ben, és a történészeknek, régészeknek és genetikusoknak tisztában kell lenniük az archaeogenetika ismeretelméleti korlátaival. Az archaeogenetika nem csupán szemléltető jellegű, új, biológiai adatokat szolgáltat, hanem a nagy ívű történeti konstrukciók egy-egy meghatározott elemére tud rámutatni, konkrét, új kérdéseket világíthat meg, sőt némely esetben eddig eldöntetlen történeti kérdések megválaszolására is alkalmas. A történész feladata új módszertannal és integratív együttműködésben genetikusokkal, régészekkel, antropológusokkal a megismert biológiai információk társadalomra gyakorolt hatásának feltárása.

<sup>1</sup> A kutatást az Európai Kutatási Tanács támogatja az Európai Unió „Horizont 2020” kutatási és innovációs keretprogramjában (támogatási megállapodás száma: 856453 ERC-2019-SyG). (Pohl–Krause–Vida–Geary, 2021). Megköszönöm a tanulmány írása közben a Bálint Csanád és Koncz István által adott szempontokat és tanácsokat.

## ABSTRACT

After the strong focus on prehistoric populations, archaeogenetic studies are nowadays being carried out in increasing numbers on early Medieval communities (400–1000 AD). The engagement of historiography—with its own methodologies for interpreting biological data—with these studies is generating a debate as to whether the methods of natural sciences are relevant to historical and archaeological research or not, and whether biological data can help to provide reliable answers to major questions of human history. The paper addresses the general problems of cooperation between the natural sciences and the humanities, and social sciences. Above all, the paper draws attention to the ethical implications of archaeogenetic studies, the dangers of biological determinism, and the various attempts to define any ‘identity’ biologically. It outlines how aDNA data sheds light on kinship, biological traits, health, and predispositions can broaden archaeological and historical interpretation. It outlines the theses of some historians’ sceptical and critical discussion papers. It argues that genetics can only detect events, relationships and diseases that have left their mark on human DNA, and that historians, archaeologists and geneticists should be aware of the epistemological limitations of archaeogenetics. Archaeogenetics not only provides new biological data of a demonstrative nature but can also point to specific elements of large-scale historical constructs, shed light on specific new questions, and in some cases even answer historical questions that have not yet been settled. The historian’s task is to explore the impact of biological information on society, using new methodologies and in integrative collaboration with geneticists, archaeologists, and anthropologists.

**Kulcsszavak:** történeti genetika, ősi DNS, kora középkori népesség, történettudomány, régészet, antropológia, identitás, integratív kutatás

**Keywords:** historical genetics, ancient DNA, early medieval population, history, archaeology, anthropology, identity, integrative research

Az ősi DNS kutatásának rohamos fejlődésével nem csillapodnak az e módszer lelkes támogatói és bírálói között zajló viták. Az archaeogenetikai kutatásokban egyesek a régészetet a 20. században forradalmian meghatározó új területet látanak (Geary, 2020; Kristiansen, 2022), mások a nép, faj, kultúra, nyelv mibenlétére vonatkozó régi kérdésekre új, biológiai módszerekkel adott lehetséges téves válaszok veszélyeire hívják fel a figyelmet, és megkérdőjelezzik, hogy a biológiai adatok közvetlen kapcsolatba hozhatók lennének a társadalmi változásokkal, magával a történelemmel (Brather, 2016; Burmeister, 2022). Az ősi DNS kutatása azonban túlmutat a genetika és a régészet kompetenciáján, és általában az „identitás” különböző aspektusaival foglalkozó tudományágak képviselői, így történészek, kulturális antropológusok, szociológusok, a nemek, az életmód, az egészség és a migráció kérdéseivel foglalkozó kutatók, érdeklődésére is számot tarthat.

Korábban a történeti népességet a modern populáció genetikai adataival való összevetés alapján rekonstruálták, de ez az út tévesnek bizonyult, és ma már az újabb módszerek (*WGS*, *SNP capture*) és bioinformatikai eljárások segítségével

csak a történeti mintákon végzett vizsgálat tekinthető hitelesnek és eredményesnek. Napjainkban elkezdődött az írásos forrásokkal is rendelkező kora történeti korszakok népességének tömeges genetikai vizsgálata, és így a biológiai adatok értelmezésébe a régészet mellett bekapcsolódó történettudomány módszertanának megjelenésével az archaeogenomikai kutatással kapcsolatos alapvető kérdések kerülnek újraértékelésre.

A régészeti korú mintákon végzett molekuláris biológiai kutatások csupán néhány évtizedre tekintenek vissza, és kezdetben az ember származásának időszakára, majd az ő- és az újkőkorra koncentráltak (Kristiansen, 2022), és az emberi sokféleséget több százezer éves távlatokban mutatták be. Ezt követően Európában nagy szériákat vizsgáltak bronzkori környezetből, majd program indult a vaskori populáció kutatására. Napjainkban pedig, amikor már az európai népvándorlás kori és kora középkori egyének és közösségek (Kr. u. 400–1000) genetikai vizsgálatára kerül sor, egyre élelnebb vita bontakozik ki a történet- és régészettudomány képviselői, valamint a természettudósok között a biológiai adatok történeti értelmezésének lehetőségeiről és korlátairól (Geary, 2020; Meier–Patzold, 2021). A vita lényege, hogy relevánsak-e a természettudósok módszerei a történeti kutatásokban, a biológiai adatok értelmezése segíthet-e megbízható választ adni az emberiség történetének fő kérdéseire. A genetikai kutatások történeti relevanciáját érintő kezdeti vitákról a *Magyar Tudomány* korábban már beszámolt (Bálint, 2018), ma pedig a nagy szériák vizsgálatának tanúságait látva tekinthetjük át a kérdéseket, hiszen azok hazánkban is számot tarthatnak mind a multidiszciplináris kutatásokra figyelő szakmai közönség, mind a szélesebb közvélemény érdeklődésére.

### „KÉT KULTÚRA”? TERMÉSZETTUDOMÁNYOK VS. BÖLCSÉSZETTUDOMÁNYOK

Mielőtt a genetika és a kora középkori történelem együttműködését elemeznénk, tekintsük át tágabban tárgyunkat a természettudományok (élő és élettelen), valamint a bölcsészet- és társadalomtudományok közötti kölcsönös megértés vagy meg nem értés szempontjából. Az archeogenetika és a régészet közötti együttműködés vonatkozásában ezt a kérdést legutóbb Stefanie Samida (2021) kultúrtörténész vetette fel. Kiindulópontja Charles Percy Snow 1959-ben megfogalmazott híres tézise volt (*The Two Cultures and the Scientific Revolution*), amely szerint a „nyugati társadalom szellemi életét” megjelenítő természet- és bölcsészettudományok „két kultúrára” szakadtak, és ez a megosztottság mindkettőjüket nagyban hátráltatja a világ problémáinak megoldásában (Sørensen, 2017). A régészettudomány viszont a kezdetei óta élen jár a korszerű és elérhető természettudományos módszerek alkalmazásában (Liden–Eriksson, 2013). A 19. században az időrend tekintetében a geológia rétegtanelmélete, a rendszerezés vonatkozásában pedig a

botanika evolúciós modelljének átvétele határozta meg a fiatal tudományág iránykeresését, majd a 20. század közepén, a szénizotópos (radiokarbon,  $C^{14}$ ) kormeghatározás hatott rá meghatározóan. Azóta tucatnyi újabb természettudományos vizsgálati módszer segíti a régészeti-történeti értelmezést (például: palinológia, fitolitanalízis, talaj-mikromorfológia, petrográfia, archaeobotanika stb.). A régészet tehát képes kommunikálni a különféle természettudományokkal és integrálni azok legújabb eredményeit. A régészet és a történeti relevanciákat újonnan kínáló archaeogenetika között a feszültség akkor alakul ki, amikor a genetikusok által felvázolt nagy elméletek nem egyeztethetők össze az adott mikrokörnyezetben kialakított összetett régészeti és történeti képpel. Biztató azonban, hogy vannak egészen új sikeres példák a közös munkára, mint például a migráció, a táplálkozás és az életmód megismerésére irányuló izotópkutatások vagy a klímátörténet (McCormick, 2011).

Stefanie Samida felhívja a figyelmet egy látszólag tudományon kívüli, mégis a két tudományterület közötti hatékony kommunikációt jelentősen befolyásoló akadályra: az eltérő finanszírozási modellre és publikációs kultúrára. A nagy költségbe kerülő, jelentős tudományos újdonságot hozó archaeogenetikai tanulmányok a legmagasabb rangsorolású folyóiratok érdeklődésére tarthatnak számot (például: *Nature*, *Cell*, *Science*), de azokban nincs elég hely ahhoz, hogy megfelelően bemutassák és megvitassák azt a fajta komplexitást a lelőhelyek és a régiók szintjén, amely régészeti és történeti szempontból kívánatos volna.

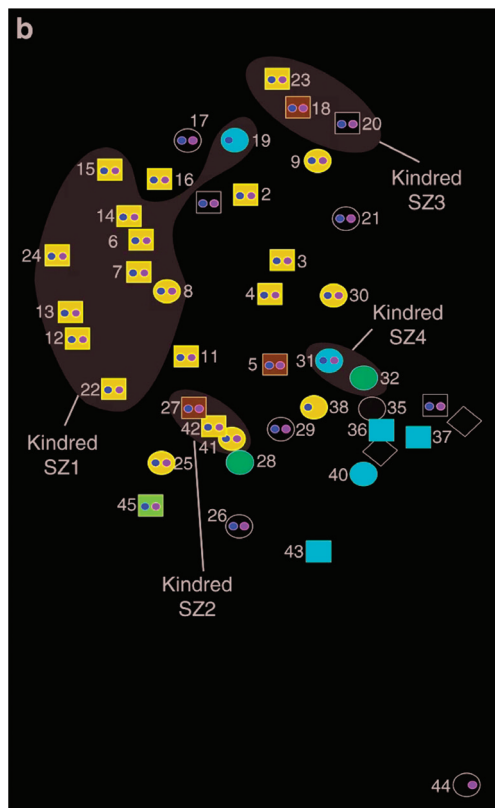
A sikerorientált publikációs stratégia velejárói továbbá az archeogenetikai cikkek sokak által szenzációhajásznak tartott címei, amelyek így a rendkívül összetett témák túlzottan leegyszerűsítő karikatúráivá válnak (Meier–Patzold, 2021). Időbe telik, amíg a genetikai adatokat árnyaló komplex történeti és régészeti elemzések a hagyományos publikációs fórumokon, folyóiratokban vagy szerkesztett kötetekben megjelenhetnek, ám aközben a közmédia a múltról alkotott leegyszerűsítő nézeteket terjeszthetik. A közlési és értelmezési menetrendet tehát nem a régész/történész kutatók, hanem a természettudósok diktálják, akiknek támogatásaik, állásaik nagyobb mértékben függenek a legmagasabb impaktfaktorú tanulmányok megjelenésétől.

## RÉGÉSZET ÉS GENETIKA

A genetikai vizsgálatokhoz szükséges hiteles emberi és állati csontvázak régészeti ásatásokon kerülnek felszínre. A régészet a föld alatt vagy a felett fennmaradt tárgyi hagyatékot és azok lelkörülményeit a maga fizikai korlátaiból fakadó értelmezési keretek között vizsgálja, ám ennek lehetőségeit jelentősen kitágíthatja az inter- és multidiszciplináris együttműködés. A régészet alkalmas a tárgyak funkciójának és időrendjének meghatározására, a lelkörülmények vizsgálatára,

és a különféle „identitáselemek” meghatározásával a társadalom egykori csoportjainak azonosítására (például: kor, nem, foglalkozás- és hivatásbeli csoportok, gazdagok–szegények, egészségesek és betegek stb.; lásd Koncz–Szilágyi, 2017). A csoportspecifikus jellegek kidolgozásával nyílik lehetőség a társadalmi és biológiai mintázatok összevetésére.

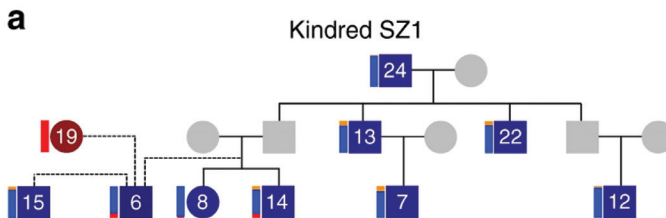
A genetikai adatok a biológiai viszonyokra (rokonság), a testi jellegre (például: szem-, hajszín) és állapotra (például betegség) vetnek fényt. A rokonsági viszonyokat és a biológiai nemet egyedül a genetika képes egyértelműen megállapítani, erre a régészeti és fizikai antropológiai módszerek csak korlátozottan alkalmasak. A genetika segítségével azonosítani lehet továbbá olyan hajlamokat és jellegzeteségeket, amelyekről korábban más forrásból egyáltalán nem volt tudomásunk, a régészet pedig az új szempontok felmerülésével azt vizsgálhatja, hogy mindezek megjelentek-e és milyen formában a társadalmi reprezentációban?



**1. ábra.** A sírok térbeli elhelyezkedése a szóládi langobard kori temetőben, valamint a nemi eloszlás, a genetikai eredet és a régészeti jelleg összefoglalása. A biológiai értelemben vett véroron (kindred) csoportokat szürke árnyékolás jelzi. (Amorim et al., 2018, Fig 1.b)

A biológiai, a történeti és a régészeti adatok egyoldalú értelmezése azonban gyakran problematikus és vitatható. Egy vizsgálat például feltételezte, hogy genetikai oka lehet az afroamerikai népességnél nagyobb arányban megfigyelhető prosztatarák előfordulásának. E jelenség oka azonban alapvetően nem genetikai eredetű, hanem inkább az egyenlőtlen és hátrányos életkörülményekre vezethető vissza. Hasonló módon e népcsoportnál az intelligenciavizsgálatok esetében feltételezett különbségek oka sem genetikai eredetű, mert háttérben inkább a szegregációs múlt és a ma is fennálló anyagi és oktatás-színvonalbeli egyenlőtlenségek sejthetők (Blakey, 2020, 1–16.). A régészet a maga eszközeivel képes vizsgálni, hogy az egykor élt emberek és közösségek tudatában voltak-e a biológiai kapcsolatoknak és tulajdonságoknak, vagyis az ismert vagy rejtett biológiai adottságok megjelentek-e a mindennapi szociális érintkezésben. Ennek kimutatására elsősorban a temetkezések alkalmasak, mert a „temetkezési közösségek” az egykori társadalmi egységeknek bizonyos feltételek között értelmezhető lenyomatát adják, ugyanis a temetkezés olyan közösségi, csoportos cselekmény, amelyen keresztül a szociális tevékenységek megnyilvánulnak. Álljon itt két példa arra, hogy a biológiai kapcsolat vagy jellegek megjelenését a szociális kapcsolatokban miként mutathatják meg a régészeti adatok.

A szóládi langobard kori, 45 síros temetkezési közösségben régészeti szempontból közeli kapcsolat feltételezhető egy nagy sírhalom alá, de külön sírba eltemetett fiúk között (6. sír infans, 14. sír juvenilis), akiket azonos helyre, egyformán mély (3–4 m) sírba temettek, és leleteik is azonos stílusúak voltak. A genetikai vizsgálatok be is bizonyították, hogy unokatestvérek voltak, és mivel egy időben hunyhattak el, közös temetkezési helyre kerültek (Alt et al., 2014; Amorim et al., 2018).



**2. ábra.** Az egyik biológiai vérrokonsági (kindred) csoport (család, nemzetség) három generációja a szóládi langobard temetőben az archaeogenetikai vizsgálat eredményei alapján (Amorim et al., 2018, Fig 4.a.)

A másik esetben a gazdag aranyleletek és méltóságjelvények alapján elkülönített Duna–Tisza közti, kora avar kori vezetőréteg több lelőhelyről származó tagjainak archaeogenetikai vizsgálatára került sor (26 eset). Kiderült, hogy ebben az elit csoportban mind a férfiak, mind a nők esetében a belső-ázsiai genetikai vonalak

domináltak (69%). Emellett bebizonyosodott, hogy az anyai leszármazást mutató mtDNA-haplocsoportokkal szemben a férfiági leszármazásra utaló Y-haplocsoportok meglehetősen homogén képet mutattak, ami a férfiak között a rokoni kapcsolatok bizonyítéka. Az avar korban tehát a hatalom egy közös biológiai eredetű, rokonsági alapon szerveződő, patrilineáris összetételű vezetőréteg kezében volt. A genetikai adatok szerint a sztyeppei nomád eredetű avarok családi szervezetben és nem fegyveres férfitársaságként vándoroltak és érkeztek a Kárpát-medencébe a 6. század végén (Csáky et al., 2020).

### ETIKAI KÉRDÉSEK, A BIOLÓGIAI DETERMINIZMUS VESZÉLYEI

A biológiai adatok értelmezése során azonban nem várt etikai és tudományos veszélyek leselkednek a kutatókra. Nemcsak azért, mert az emberi maradványok vizsgálata fokozott körültekintést és figyelmet igényel, hanem azért is, mert bármely „identitás” biológiai meghatározására irányuló különféle kísérletek szélsőséges csoportok eszközeként társadalmi szempontból ártalmasak lehetnek. Az egykori közösségeket ugyanis nem zárt, biológiailag homogén, azonos anyagi kultúrával és azonos genetikai ősökkel rendelkező, együtt élő és vándorló csoportokként kell elképzelnünk. A genetikai mintázat (a biológiai csoport) és a kulturális megjelenés (a sírokban tapasztalt temetkezési rítus és mellékletek segítségével azonosított régészeti csoport) az esetek többségében nem feleltethetők meg egy az egyben egymásnak, hanem változatos és sokféle kapcsolatot mutatnak.

A biodeterminizmus veszélyes megközelítés, amely az emberi és társadalmi jelenségeket biológiai, genetikai vagy „természetes” okokra vezeti vissza, és ezáltal alapvetően biológiai vonásokkal magyarázza a történelmi és társadalmi változásokat. Nem lehet például a rasszok eltérő genetikája alapján magyarázni a 17–18. században rabszolgának elhurcolt afrikai eredetű és a fehér népesség történelmi helyzetét és mai társadalmi viszonyait. Michael L. Blakey figyelmeztet arra, hogy a biológiai determinizmus megjelenhet többek között az emberi evolúció, a migráció, a népcsoporton belüli kapcsolatok, az intelligencia és a betegségek vizsgálatában is, és ezáltal fennáll a veszélye az áltudományos rasszizmus feléledésének akár a mai tudományos közösségekben is (Blakey, 2020, 1–16.). Ugyanakkor szélsőséges csoportok az alapvetően jó szándékú kutatók objektív kutatásait is könnyen felhasználhatják szubjektív politikai véleményük kialakítására vagy aláátmasztására (Furholt, 2020, 23–27.).

Manapság a genetikai eredet (ancestry) a „faj” (race) fogalmának alternatívájaként jelenik meg, és ezáltal egyre inkább az identitáspolitika szerves részévé válik. Mivel a társadalomtudományok és a biológia a faj fogalmára mint kulturális

konstrukcióra tekintenek, ezért a kutatóknak nagyon óvatosan kell használniuk a genetikai, a régészeti és történeti (etnikai) terminológiát (Burmeister, 2022, 41–46.). A kutatások szerint a legtöbb kulturális változás nem jár gyökeres genetikai változással, és egy-egy kulturális egységen belül nagy lehet a genetikai heterogenitás. A brit népesség nem tűnt például el az angolszász bevándorlást követően, sőt egyes tagjai az elitbe is bekerültek (Schiffels–Haak et al., 2016). A szóládi langobard kori temetőben az izotópok segítségével is azonosított bevándorlók mellett is megtalálhatók a helyi pannóniai népességre utaló genetikai csoportok (Amorim et al., 2018). Vannak viszont helyzetek, amikor a két változás együtt következik be, ezekben az esetekben feltételezhetjük, hogy az egyik hatással volt a másikra, de általánosan nem mondható ki, hogy meghatározzák egymást (lásd a belső ázsiai és a kelet-európai eredetű „avarok” betelepülése a Kárpát-medence keleti felére, Gnechchi-Ruscone et al., 2022).

### TÖRTÉNELEM ÉS GENETIKA

Az új tudományág születésével kapcsolatos nagy várakozások és ambíciók kifejeződnek a 2014-ban alapított Max Planck Társasághoz tartozó jénai intézet nevében is: *Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte*<sup>2</sup> (*Max-Planck-Emberiségtörténeti Intézet, Jena*), amely világosan jelzi, hogy a természettudósok történetileg relevánsnak tartják eredményeiket. Ez az intézet genetikai, régészeti, valamint nyelvészeti- és kultúraevolúciós osztályokra tagozódott, miközben többen sérelmezték, hogy nem kaptak benne helyet a történeti diszciplína művelői. Az archaeogenetika a *történelmet* alakító ember biológiai énjét kutatja, s ebben a közelmúltig történészek nem vettek részt, ezért a különböző módszerek és nézetek ütközése igazán csak most kezdődik. Az őskori populációk kutatásában elért látványos eredményeket nemcsak a genetikusok egy része, hanem a média is kiemelten ünnepelte, sőt szenzációként kezelte, azt sugallva, hogy a történelmet újra lehet írni. Mindez azért is jelent új kihívást az írásos forrásokra támaszkodó népvándorlás és a kora középkor történészei számára, mert ebben az időszakban formálódtak a mai európai államok népei, és ezért az archaeogenetikai kutatásokat nemzeti identitás szempontjából több országban is fokozott figyelem övezi.

Az archaeogenetikai közlemények szenzációs eredményei és ellentmondásai nyomán a történész szakma felől jelentkező ellenérzések megfogalmazására két tübingeni történész egy kötetnyi vitairatban vállalkozott (Meier–Patzold, 2021). Mischa Meier ókor- és Steffen Patzold középkoros történész az archaeogenetikai

<sup>2</sup> 2020-tól mint *Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie* (Max-Planck-Evolúciós Antropológiai Intézet), Leipzig működik.



Johannes Krause és az újságíró Thomas Trappe 2019-ben megjelent *Die Reise unserer Gene* című (Krause–Trappe, 2019) könyvének kritikájára vállalkozott, figyelembe véve néhány más fontosabb, a kora középkori népességgel foglalkozó archaeogenetikai közleményt is. A két történész azt a kérdést vizsgálja, hogy a még mindig fiatal archeogenetika milyen történelmileg releváns kérdésekre tudott eddig választ adni, és milyen mértékben képes hozzájárulni a tényleges történeti kutatásokhoz. A történészeket láthatóan irritálja a genetikusok magabiztossága, ezért élesen fogalmaznak: az archaeogenetika nem vet fel olyan új kérdéseket, amelyek alapvetően befolyásolhatnák a történelmet vagy a történetírást, nem fogalmaz meg új kérdéseket a múltról, nem vizsgálja felül a bevett narratívákat, és nem vezet be új módszereket a hagyományos források újraértékelésére. A kritizálók véleménye szerint az emberek cselekedeteit nem olyan tényezők alakítják, amelyeket nem tudnak befolyásolni (például: gének, kórokozók, éghajlat), és az archaeogenetikai ismeretek nem járultak hozzá a történészeket inkább foglalkoztató politikai és kulturális cselekvés, érzések, emlékezés, gondolkodás háttérének felderítéséhez (Meier–Patzold, 2021, 85.). Szemükben a genetika csupán az ember biológiájáról ad adatokat, és ez a szerény természettudományos forrás csupán egy adalék, de semmiképpen nem elegendő az emberiség történetének megírására. A történelem kutatása szerintük a bölcsészet- és társadalomtudományok körébe tartozik, módszertanának kialakulása hosszú évszázadokra tekint vissza, forrásbázisa jóval szélesebb, értelmezései keretei tágabbak. Mischa Meier és Steffen Patzold véleménye szerint az archaeogenetika csupán egy eszköz a történetírás már ismert hipotéziseinek ellenőrzésére vagy cáfolására. Azt ugyan elismerik, hogy az archeogenetika új, egyedi adatokat tud felmutatni a történelem számára, hiszen manapság nehéz eddig még soha fel nem merült, alapvetően új szempontokat felvetni. Azt is elismerik, hogy a korábbi értelmezések felülvizsgálatához vezethet, ha az új biológiai források segítségével a régi történeti problémákat újra-elemezzük. Végső konklúzióként a történettudomány primátusa jegyében Mischa Meier és Steffen Patzold mégis vitatható álláspontra jut: az archaeogenetikának a történettudomány segédtudományaként kell működnie, és a forrásokat úgy kell előkészítenie, hogy azokat a történészek fel tudják használni (Meier–Patzold, 2021, 129–130.).

A szerzők néhány példa segítségével szemléltetik kritikus álláspontjukat. Részletesen elemzik Stephan Schiffels és Wolfgang Haak 2016-ban a *Nature*-ben megjelent úttörő jelentőségű tanulmányát az angolok és szászok 5–6. századi britanniai bevándorlásáról. Meier és Patzold legfőbb ellenérve terminológiai természetű, mert jogosan kifogásolták, hogy a genetikus szerzők az „angolszász” elnevezést válogatás nélkül használják a korszakra, az etnikai csoportra, a régészeti leletre és az „emberi géntípusra”, pedig már az őskori régészet kutatása is kimutatta, hogy a genetikai klaszterek nem feltétlenül vethetők össze a régészeti tipizálásokkal, és ez igaz lehet az írott forrásokból ismert népnevekre

is. Mindezt látványosan igazolja az oakingtoni (Cambridgeshire, Anglia) temető, amelyben nem egyezett az „angolszász közösségben” a genetikai és a régészeti-kulturális besorolás, mert a leggazdagabb, régészeti szempontból „angolszásznak” tartott melléklettel eltemetett előkelő nem bevándorló volt, hanem a genetikai besorolás szerint a helyi brit lakosságból származott (Schiffels–Haak et al., 2016).

A történészekkel vitázva mindenekelőtt leszögezhetjük, hogy az ember mint biológiai lény egyszerre volt a történeti folyamatok alakítója és elszenvedője, de mindenképpen aktív résztvevője a történészek által rekonstruált történelemnek. Bátran állíthatjuk, hogy az archaeogenetika nem csupán szemléltető jellegű új adatokat szolgáltat a történeti tézisekhez, hanem új kérdéseket is felvet, sőt némely esetben eddig eldöntetlen történeti kérdések megválaszolására is alkalmas. A történettudomány művelői azt kutatják, hogy az emberek mint társadalmi lények egykor hogyan léptek kölcsönhatásba egymással, hogyan alakították ki bonyolult hálózataikat, és építették fel összetett világukat. A genetikusok e nagyívű történeti konstrukciók egy-egy meghatározott elemére tudnak rámutatni, és konkrét kérdéseket vizsgálhatnak meg: például az archeogenetikai elemzés megmutatja egy közösségben a vérrokonsági (kindred) viszonyokat, vagy meghatározhatja járványok megjelenését, például, hogy a *Yersinia pestis* volt-e a 14. századi „fekete halál” oka. A biológiai kapcsolatok vagy a világjárvány tényleges lefolyásának ismeretében aztán már a történész feladata azok társadalomra gyakorolt hatásának feltárása.

Az archaeogenetika egyes esetekben régóta folyó történeti vagy régészeti viták eldöntésére is képes. Az avarok vizsgálata legutóbb példát szolgáltatott az emberiség történetének egyik legnagyobb, rendkívül nagy távolságot átívelő és gyors vándorlására. Az archeogenetikai eredmények történeti kontextusba helyezése lehetővé tette az avar migráció időrendjének pontosítását. A vizsgálatok arra mutatnak, hogy az avar elit néhány évtized alatt több mint 5000 km-t tett meg Mongóliától a Kárpát-medencéig, és szoros genetikai kapcsolat fűzi Északkelet-Ázsiához, az egykori zsuán-zsuán birodalom területének népességéhez. Ezzel pedig egyértelműen cáfolatot kapott az avarok közép-ázsiai eredetének a kutatás másik fele által vallott történeti hipotézise (Gnecchi-Ruscone, et al., 2022).

Összegezve a genetika csak olyan történések, kapcsolatok, betegségek kimutatására alkalmas, amelyek nyomot hagytak a humán-DNS-ben. Ugyanakkor a történészeknek, régészeknek és genetikusoknak tisztában kell lenniük az archeogenetika ismeretelméleti korlátaival, politikai és etikai kockázataival. A genetika nem tudja meghatározni a kulturális és etnikus identitást, a társadalmi státuszt, a beszélt nyelvet. Ezért a jövőben a történészeknek is be kell kapcsolódniuk a biológiai adatok elhamarkodott értelmezéséről, a túlzott általánosításokról, a leegyszerűsített identitásfogalmakról vagy az objektivista nézetekről egyes régészeti ta-

nulmányokban már megkezdett vitákba (Kristiansen, 2022). Ebben az értelemben az archaeogenetikai adatok történeti felhasználhatóságának megítéléséről szóló vita mai példát ad a tudományágak multidiszciplináris együttműködésében rejlő feszültségek és nehézségek bemutatására.<sup>3</sup>

## IRODALOM

- Alt, K. – Knipper, K. – Peters, D. et al. (2014): Lombards on the Move – An Integrative Study of the Migration Period Cemetery of Szólád, Hungary. *PLOS ONE*, 11, 9 e110793. DOI: 10.1371/journal.pone.0110793, <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0110793>
- Amorim, C. E. G. – Vai, St. – Posth, C. et al. (2018): Understanding 6<sup>th</sup>-Century Barbarian Social Organization and Migration through Paleogenomics. *Nature Communications*, 9, 3547. DOI: 10.1038/s41467-018-060254-4, <https://www.nature.com/articles/s41467-018-06024-4>
- Bálint Cs. (2018): A történeti genetika történeti relevanciájáról. *Magyar Tudomány*, 179, 1, 115–125. DOI: 10.1556/2065.179.2018.1.13, [https://mersh.hu/hivatkozas/matud\\_119/#matud\\_119](https://mersh.hu/hivatkozas/matud_119/#matud_119)
- Blakey, M. L. (2020): On the Biodeterministic Imagination. *Archaeological Dialogue*, 27, 1–16. DOI: 10.1017/S1380203820000021
- Brather, S. (2016): New Questions Instead of Old Answers: Archaeological Expectations of aDNA Analysis. In: *The Genetic Challenge to Medieval History and Archaeology. Medieval Worlds*, 4, 22–41. DOI 10.1553/medievalworlds\_no4\_2016s22, <https://tinyurl.com/2p9hvs6>
- Burmeister, S. (2022): Does the Concept of Genetic Ancestry Reinforce Racism? A Commentary on the Discourse Practice of Archaeogenetics. *Zeitschrift für Technikfolgenabschätzung in Theorie und Praxis (TATuP)*, 30, 2, 41–46. <https://doi.org/10.14512/tatup.30.2.41>
- Csáky V. – Gerber D. – Koncz I. et al. (2020): Genetic Insights into the Social Organisation of the Avar Period Elite in the 7<sup>th</sup> Century AD Carpathian Basin. *Scientific Reports*, 10, An. 948. DOI: 10.1038/s41598-019-57378-8/, <https://www.nature.com/articles/s41598-019-57378-8>
- Furholt, M. (2020): Biodeterminism and Pseudo-Objectivity as Obstacles for the Emerging Field of Archaeogenetics. *Archaeological Dialogues*, 27, 23–27. DOI: 10.1017/S1380203820000057, <https://tinyurl.com/mptdedjp>
- Geary, P. J. (2020): *Herausforderungen und Gefahren der Integration von Genomdaten in die Erforschung der frühmittelalterlichen Geschichte. (Das mittelalterliche Jahrtausend, Bd. 7)* Göttingen: Wallstein Verlag
- Gnecci-Ruscone et al. (2022): Ancient Genomes Reveal Origin and Rapid Trans-Eurasian Migration of the 7<sup>th</sup> Century Avar Elites. *Cell*, 185, 8, 1402–1413. DOI: 10.1016/j.cell.2022.03.007, <https://tinyurl.com/wr5xsskk>

<sup>3</sup> Az archaeogenetika eddig a középkor előtti történelemre összpontosított, ám az írásos forrásokkal is rendelkező korszakokban a biológiai adatok értékelése már új típusú, komplex megközelítést igényel, amelynek során megvalósulhat az egykori közösségek integratív genetikai, régészeti, történeti, antropológiai, izotóp-kémiai és társadalomtudományi elemzése. Ezt a multidiszciplináris célt tűzte ki az Európai Kutatási Tanács által támogatott, 2020 májusában indult *HistoGenes 856453 ERC-2019-SyG* projekt, amelyet két történész, egy genetikus és egy régész vezet. Hazánkban a projektben kulcsszerepet kapott az Eötvös Loránd Tudományegyetem Bölcsészettudományi Kar Régészettudományi Intézete és az Eötvös Loránd Kutatási Hálózat Bölcsészettudományi Kutatóközpont Archaeogenomikai Intézete (Pohl et al., 2021; URL1).

- Hakenbeck, S. (2019): Genetics, Archaeology and the Far Right: An Unholy Trinity. *World Archaeology*, 51, 4, 517–527. DOI: 10.1080/00438243.2019.1617189, <https://tinyurl.com/y6p8dp6c>
- Koncz I. – Szilágyi M. (2017): Az identitás régészetének elméleti alapjai. *Archaeologiai Értesítő*, 142, 193–215. DOI: 10.1556/0208.2017.142.7, <http://real.mtak.hu/71136/>
- Krause, J. – Trappe, Th. (2019): *Die Reise unserer Gene. Eine Geschichte über uns und unsere Vorfahren*. Berlin: Propyläen
- Kristiansen, K. (2022): *Archaeology and the Genetic Revolution in European Prehistory. (Cambridge Elements: Elements in the Archaeology of Europe)* Cambridge: Cambridge Core, DOI: 10.1017/9781009228701, <https://euagenda.eu/news/745741>
- Liden, K. – Eriksson, G. (2013): Archaeology vs. Archaeological Science: Do We Have A Case? *Current Swedish Archaeology*, 21, 11–20. DOI: 10.37718/CSA.2013.01, <https://publicera.kb.se/csa/article/view/376/349>
- McCormick, M. (2011): History’s Changing Climate: Climatescience, Genomics, and the Emerging Consilient Approach to Interdisciplinary History. *The Journal of Interdisciplinary History*, 42, 251–273. DOI: 10.1162/JINH\_a\_00214, <https://tinyurl.com/4s69tcdz>
- Meier, M. – Patzold, St. (2021): *Gene und Geschichte. Was die Archäogenetik zur Geschichtsforschung beitragen kann*. Stuttgart: Anton Hirsemann KG.
- Pohl, W. – Krause, J. – Vida T. et al. (2021): Integrating Genetic, Archaeological, and Historical Perspectives on Eastern Central Europe, 400–900 AD. Brief Description of the ERC Synergy Grant – HistoGenes 856453. *Historical Studies on Central Europe*, 1, 1. DOI: 10.47074/HSC.2021-1.09, <https://ojs.elte.hu/hsce/article/view/1168>
- Samida, St. (2021): *Molekularbiologie und Archäologie. Eine ungewöhnliche Beziehung*. Wien–Berlin
- Schiffels, S. – Haak, W. et al. (2016): Iron Age and Anglo-Saxon Genomes from East England Reveal British Migration History. *Nature Communications*, 7, 10408. DOI: 10.1038/ncomms10408, <https://www.nature.com/articles/ncomms10408>
- Sørensen, T. F. (2017): The Two Cultures and a World Apart: Archaeology and Science at a New Crossroads. *Norwegian Archaeological Review*, 50, 2. <https://doi.org/10.1080/00293652.2017.1367031>

URL1: <https://www.histogenes.org>