

Írásbeli válasz Prof. Dr. Széll Márta egyetemi tanár, az MTA doktora

opponensi véleményére

Pamjav Horolma: *Génekbe vésett vallomások: DNS ujjlenyomat és őstörténet*

című MTA doktori értekezéséről

Mindenekelőtt szeretném kifejezni Professzor Asszonynak hálás köszönetemet doktori értekezésem alapos bírálatáért és megtisztelő pozitív véleményéért.

Professzor Asszony valamennyi kritikai megjegyzését elfogadom és feltett kérdéseire az alábbiakban válaszolok:

1. *A II-vel jelölt oldalon érdekesnek láttam volna egy ábra aláírással ismertetni, hogy **kit ábrázol a kép?***

Teljesen igaza van Professzor Asszonynak, hogy az ábra alatt kellett volna ismertetnem Prof. Sir Alec Jeffreys-t, mint az igazságügyi genetika atyját a képen, kezében az RFLP módszerrel kapott mintázattal. Az ábra baloldalán az általam készített kép látható az első DNS ujjlenyomatról, amelyet Prof. Sir Alec Jeffreys 2007-ben Los Angelesben egy nemzetközi konferencián bemutatott.

Bevezetés:

2. *A jelölt a 35. és 36. oldalon bemutatja az apai és az anyai leszármazási vonalak elterjedését. A két térképen számos, igen kifejezett eltérést lehet tapasztalni (például az anyai vonal Észak-Amerikából benépesíti Grönlandot, de erre vonatkozóan nincs Y kromoszóma adat, Ausztrália benépesülése is nagy különbséget mutat az Y kromoszóma és az mtDNS leszármazási vonalai szerint.). **Hogyan magyarázza ezeket a nagyfokú eltéréseket?***

Kifejezetten köszönöm Professzor Asszony észrevételét! Valóban kihagytam Grönland benépesítését az Y kromoszóma leszármazási vonalak tekintetében. Amikor a 35. és 36. oldalon bemutatott ábrákat (6. és 7. ábra) rajzoltam, arra törekedtem, hogy nagyvonalakban kirajzolódjanak a főhaplocsoportok földrajzi keletkezési helyei és azoknak a fő kontinenseken megvalósult terjedési útvonalai, mind az mtDNS és mind az Y kromoszóma tekintetében. A főhaplocsoportok keletkezése és terjedése több tízezer évvel ezelőtt történt. Az ábrákon csak azokat az alcsoportokat tüntettem fel, amelyeknek ősi formáját (parahaplocsoport) eddig nem találták meg vagy az adott alcsoportok kora és terjedése jelenlegi tudásunk szerint eléggé körvonalazott. Ha az ábrán ennél több alcsoportot tüntettem volna fel, akkor az ábrák áttekinthetősége csorbát szenvedett volna. Az mtDNS és az Y kromoszóma leszármazási vonalak keletkezése és terjedése az eddigi kutatások alapján teljesen külön úton járnak, mivel a korszámítási módszerek eléggé különböznek az eltérő mutációs ráták miatt (Y: STR mutációs ráta; mtDNS: nukleotid szubsztitúció), valamint a régészeti leletekből meghatározott leszármazási vonalak a mitokondrium javára billentik a mérleg nyelvét. A recens grönlandi populáció Y kromoszóma leszármazási vonalainak vizsgálatai arra mutatnak, hogy az északi cirkumpoláris régió, beleértve Grönlandot, az utóbbi 5000 évben népesült be (Olofsson és

mtsai, 2016), viszont az mtDNS haplocsoport tekintetében az „A” haplocsoport egyik alcsoportja (A2: 15-24 ezer éves) a mai grönlandi eszkimó/inuit populációban kimutatható (Saillard és mtsai, 2000). Természetesen az Y kromoszóma leszármazási vonalak tekintetében is lehetett volna vándorlást mutató nyilat rajzolni Grönland felé, 10 ezer év alatti terjedési idővel, belátom, ez kimaradt.

Professzor Asszonynak is feltűnt, hogy mint például Amerika és Ausztrália őslakosai között, sokkal kevesebb fajta apai leszármazási vonal mutatható ki, mint az anyai leszármazási vonalak. Ausztráliában főleg C és Amerikában főleg Q haplocsoportúak az őslakos férfiak. Nem tudjuk, hogy úgy 40-50 ezer éve milyen törzsi/családi kapcsolatok léteztek emberek és embercsoportok között. Egy családfenntartó – vadászó és gyűjtögető - férfihez vajon több asszony tartozott-e többféle embercsoport/törzs közül vagy férfitagok egymással való harcban (élelemszerzés, területvédelem) elvesztek és ily módon meghódítottak más csoporthoz tartozó nőket, ennek következtében a férfiak esetében az ún. **üvegnyakhatás** érvényesülhetett-e. Az amerikai őslakosok esetében tudjuk, hogy legalább 15-18 ezer éve a mai indiánok őseinek egy része - feltételezhetően egy kisebb csoport – a jégtakaróval fedett Bering-szoroson keresztül vándorolhatott be, tehát az amerikai indiánok többsége Q-M3 haplocsoporttal rendelkezik. Ebben az esetben is feltehetőek a fent említett kérdések.

3. Az 51. oldalon a jelölt ismerteti, hogy az Y haplocsoportok közül a D haplocsoport az Andamán-szigeteki őslakók és az ajnuk között található meg a legjelentősebb arányban. Létezik-e olyan történet, néprajzi és/vagy régészeti evidencia, amely a kettő, egymástól földrajzilag nagy távolságban élő földrajzi népcsoport közelebbi rokonságát alátámasztja?

Régészeti bizonyítékok azt támasztják alá, hogy a japán szigetcsoporthoz az ázsiai kontinensről származó két migrációs folyamat révén népesült be. A korai migrációs hullám, amely több mint 30 ezer éve mehetett végbe, amikor is pleisztocén földhíd kötötte össze a kontinenssel a szigetcsoporthoz (Ono és mtsai, 2002). Ezek a paleolitikus vadászó-gyűjtögető emberekhez – a mai ajnuk őséhez - köthető a **Dzsomon** kultúra kialakulása több mint 12 ezer évvel ezelőtt. A mai ajnuk között gyakori (30-75%) a paleolitikus D haplocsoport, továbbá a szintén paleolitikus C haplocsoport az ajnuk között 2-5%-ban fordul elő. A kontinentális D haplocsoport Közép-Ázsiában nagyon gyakori, főleg Tibetben (50%), valamint jelen van Mongóliában és Dél-Ázsiában is. A D haplocsoport ősi formája (D-M174*) Közép- Ázsiában fordul elő (Karafet és mtsai, 2001), valamint a C-M217 és annak alcsoportja (M86), amely Japánban az ajnuk között is előfordul, észak-keleten és Közép-Ázsiában is gyakori. Az ajnu D és C haplocsoportok diverzitása alapján számolt közös őstől levált idő (TMRCA) 15-20 ezer év. Tehát ez a két haplocsoport együtt a korai migrációs hullámmal érkezhetett a japán szigetcsoporthoz. Irodalmi adatok alapján (Hammer és mtsai, 2006) a paleolitikumban Japánba érkező D haplocsoport származási helye Észak-Kínában, valahol Tibet és az Altáj hegység között lehetett. Történelmi adatok alapján a tibeti népesség egy Észak-Kínában élt ősi törzsből származik, akik később dél felé vándoroltak és a helyi őslakosokkal keveredtek - a mai genetikai arculatuk az utóbbi 3000 évben alakult ki (Wen és mtsai, 2004). Az ősi NO* kromoszómák jelenléte Japánban jelezheti az ajnuk tibeti származását is (Deng és mtsai, 2004).

Tangaraj és mtsai (2003) szerint az Andamán-szigeteken magas gyakorisággal előforduló D-M174* kromoszómák nagy valószínűséggel paleolitikus ázsiai ősektől eredeztethetők, amelyek az „**üvegnyakhatás**” következtében feldúsultak, viszont a népcsoportok későbbi

vándorlásával, a mezőgazdaság elterjedésével a helyi lakosok kicserélődése révén más ázsiai populációkban a D haplocsoport kihalhatott.

A második migrációs hullám a koreai félsziget felől érkezhetett a japán szigetcsoporthoz úgy 2300 éve, a vaskori földműves kultúrával rendelkező **jajoi** kultúrát hordozó csoportokkal, akik az O haplocsoportot hozták Japánba (Chard és mtsai, 1974). A mai lakosság 50%-a az O haplocsoportot hordozza.

4. *Az 54. oldalon a jelölt ismerteti, hogy a Y kromoszóma H haplocsoportja Indiában jött létre, és Indiában a helyi törzsek és az alsóbb kasztok körében gyakori. Ezt követően a J2 (M172) haplocsoportról pedig azt a megállapítást ismerteti, hogy Indián belül elsősorban a magasabb presztízsű kasztokban jellemzők. Ezt a megállapítást ezek szerint úgy is lehet értelmezni, hogy **a több tízezer éve keletkezett haplocsoportokat az évezredekken keresztül fennálló indiai kasztrendszer állandósította, fixálta?** A legújabb kori Indiában a kasztrendszer törvény által eltörlésre került, vajon **van-e ennek már érezhető hatása ezen Y haplocsoportok keveredésére az indiai populációban, ismer-e a Jelölt erre vonatkozó irodalmat?***

Irodalmi adatok szerint Indiába 3500-4000 éve Közép-Ázsiából indoeurópai bevándorlók érkeztek, akiknek leszármazottjai magasabb kasztokba sorolták be magukat. A helyi törzsek között az indoeurópaiak érkezése előtt is létezett már egy kasztszerű társadalmi struktúra. Az Y kromoszóma vizsgálati eredmények azt mutatják, hogy az indoeurópai bevándorlók között magasabb arányban fordulnak elő az R1a, R1*, R2 és J2 haplocsoportok (Thanseem és mtsai, 2006). A J2 és G2 haplocsoportok a neolitikumi földművelőkkel jutottak el Indiába, az E viszont nem. A kasztrendszer több ezer éves fennállása nem jelenti azt, hogy a magasabb és az alacsonyabb kasztbeliek egyáltalán nem keveredtek egymással. A kasztrendszer Indiában a 20. században került eltörlésre, amely elég kevés idő ahhoz, hogy a több ezer éve fixálódott genetikai különbség megváltozása már érezhető legyen, amit az utóbbi 10-15 évben publikált cikkek is igazolnak. Viszont anyai leszármazási vonalak tekintetében a kasztok között alig van kimutatható különbség. Kutatók ez alapján azt feltételezik, hogy a késői pleisztocén betelepülések utáni migrációk inkább férfiak által közvetített események lehettek (Thanseem és mtsai, 2006).

5. *A Jelölt az 55. oldalon ismerteti, hogy J1 haplocsoport nagy arányban fordul elő a zsidók és az arabok között, valamint, hogy az izraelita királyi genetikai vonal (ún. Kohen haplotípus) is idetartozik. Kérdésem, hogy **van-e olyan mtDNS haplocsoport, amely a női vonalat prezentálja az izraelita királyi genetikai vonalon?***

Ilyen mtDNS haplocsoport létezéséről nincs tudomásom.

6. *Ugyanezen az oldalon a jelölt a K haplocsoporttal kapcsolatosan azt az ismeretet osztotta meg velünk, hogy a ma élő férfiak háromnegyede a K haplocsoport valamely alcsoportjába tartozik. **Mi lehet a magyarázata erre a nagy elterjedésre, populációs sikerre?***

A K haplocsoport egy gyűjtő haplocsoport (KT: K-tól T-ig), amelynek 4 alcsoportja van. A K*, amely K-nak legősibb formája (genetikai nyelven vad típus) kisebb gyakorisággal

Óceániában fordul elő. A K haplocsoport nagy elterjedése a K*-ból további mutációkkal keletkezett haplocsoportoknak köszönhető, azaz az L, M, NO*, N, O, P*, Q, R, S és T haplocsoportok keletkezése és azok reprodukciós sikerességének.

7. *A Jelölt az 58. oldalon egy olyan feltételezést tesz, miszerint a régészeti csontleletből sikeresen kivitelezett DNS vizsgálatoknak forradalmi hatása lehet a történelem-, és nyelvtudományra. Egy közelmúltban megvédett PhD dolgozat, ill. az a közlemény, amelyre részben ez a PhD dolgozat épült (jelesen a Jelölt is társzerzője ennek a közleménynek) igen nagy port kavart a nyelvészek és a történészek körében. **Ennek fényében a Jelölt tud-e olyan, a nemzetközi irodalomban a magyar populációtól különböző népcsoport vonatkozásában született vizsgálati eredményt idézni, amely a fenti kijelentést alátámasztja?***

A leginkább elfogadott elmélet szerint a mai indiánok ősei legalább 15-18 ezer évvel ezelőtt „egyetlen migráció” révén jutottak át a jégtakaróval fedett Bering-szoroson keresztül az amerikai kontinensre, amelynek egészét elég gyorsan benépesítették. A régészek a Clovis-kultúra terjedését a paleoindiánokkal hozzák összefüggésbe. A kutatók számos régészeti csontmintát vizsgáltak, az eddig vizsgált legrégebbi csontminta 12700 éves (Anazick boy, Montana), amelynek DNS eredménye összhangban van a mai indiánokéval. 2015-ben a braziliai Amazónia esőerdeinek mélyén bukkantak 2 olyan indián törzsre (Suruí és Karitiana), akiknek genomja részben egy alapító indián ősnépességből származik, és amely szorosabb genetikai kapcsolatot mutat Ausztrália, továbbá Pápua Új-Guinea és az Andamán szigetek őslakosaival, mint bármely ma élő eurázsiai vagy indián néppel. Ezt a két törzset „szellem” populációnak nevezték el. A szellem populációt „Y-populációnak” is nevezték, a két törzs által beszélt nyelven az „Ypykuéra” jelentése „ős” (Raghavan és mtsai, 2015; Skoglund és mtsai, 2015). Felmerül a kérdés, hogy ez a "szellem" törzs őse mikor és hogyan került az amerikai kontinensre? Többféle elmélet létezik, de biztos vagyok benne, hogy hamarosan választ kapunk erre a kérdésre is. Az emberiség és a populációk genetikai története hézagokkal teli, amelyek pótlására a DNS alapú populációgenetika (recens és régészeti) választ fog adni – ez csak idő kérdése.

Eredmények és azok megvitatása:

8. *A 88. oldalon a Jelölt új megfigyelésként citálja, hogy a D12S391 lokuszon 62 új allélt detektáltak, melyek közül a 21.3 allél 34-szer fordult elő. Ezt követően javasolja ennek a mikrovariáns allélnek a bevezetését a Promega cég által forgalmazott allél létra esetén. **Kérdésem az, hogy ilyen, az STR markerek detektálásához szükséges allél létrát egyedül ez a cég állít elő? Nem lehetséges, hogy más cég által forgalmazott allél létra már tartalmazza ezt a mikrovariáns allélt?***

Az igazságügyi genetikai vizsgálatok végzésére alkalmas, a gyártó által ilyen alkalmazásra validált multiplex STR kiteket a világon 3 cég gyárt. Minden gyártó a saját lokusz készletének és azok allél méreteinek megfelelő DNS fragmentumokból álló allél létrát gyárt, amelyet a kithoz csatolnak. Viszont a méretbeli különbségek miatt az egyik gyártó által gyártott allél létra nem kompatibilis a másik gyártó által ugyanazokra az STR lokuszokra gyártott létrával.

A D12S391 lokuszon található 21.3 allél a másik két gyártó által forgalmazott kitekben sem található meg az allél létrában.

9. *A Jelölt a 94. oldalon kezdődő 5.1.2 alfejezetben az X-rekombináció X-STR markerekkel történő vizsgálata során kapott eredményeit ismerteti. Ezen alfejezeten belül a 97. oldalon leírt és a 6. táblázatban részletesen bemutatott eredmények alapján a Jelölt elképzelhetőnek tartja-e, hogy X-hez kötött betegségek kóroki mutációi is ilyen módon öröklődhetnek? Esetleg tud-e erre példát a Jelölt, amelyben az általa is vizsgált rekombinációs események adhatnak választ X-hez kötött monogénes betegség öröklődésére?*

Amennyiben az X-hez kötött recesszíven öröklődő betegségeket okozó génmutációk, a vizsgált lokuszokhoz sorosan kapcsolnak, úgy az X-STR markerek vizsgálata segíthet a mutációk lokalizálásában pl. az anya és a beteg fiúgyermek vizsgálatával. Természetesen a kapcsoltsági csoportok között előforduló rekombinációk megnehezíthetik a mutációt hordozó anyai X kromoszóma azonosítását. Viszont példa van rá, hogy az X-STR lokuszok vizsgálata segítséget nyújtott egy rövidkar hiányos izo-X kromoszóma apai eredetének azonosításában, beteg lánygyermek esetében (Haltrich és mtsai, 2015).

10. *A 107. oldalon a Jelölt néhány példát sorol arra, hogy az Y kromoszómális lokuszok egyes igazságügyi orvostani esetekben milyen megközelítéssel vizsgálhatók. A 2. bekezdésben említést tesz arról, hogy van olyan eset, amikor az apa nem vizsgálható (elhunyt, vagy eltűnt), és hogy ilyen esetekben a vélelmezett apa valamelyik apai ági férfirokonának a vizsgálata célravezető. Kötelezhető-e ebben az esetben valamelyik férfi rokon véradásra?*

Ha per van folyamatban, akkor a bíróság kötelezheti a férfirokont mintaadásra. A szakértő szintén a bírósági végzésben meghatározottaknak tesz eleget, vagyis a személyek vizsgálatát követően igazságügyi szakértői véleményt készít.

11. *A 115. oldalon a Jelölt egy izolált roma populáció Y-STR haplotípus vizsgálatról ír, ezt a vizsgálatot a tiszavasvári roma férfiakon végezték el. Mi indokolta éppen ennek a populációnak a kiválasztását? Milyen előzetes információ alapján történt ennek a közösségnek a beválasztása a vizsgálatba?*

A tiszavasvári roma populációt izoláltságuk miatt választották más kutatók az Alzheimer kór vagy egyéb klinikai genetikai vizsgálatok miatt. A DNS mintákat Dr. Béres Judit bocsátotta rendelkezésünkre, aki a cikkben társszerző volt. Az Y kromoszóma STR és SNP vizsgálatok igazolták a populáció izoláltságát.

12. *A 126-131. oldalon található részben azokat a vizsgálati eredményeit ismerteti a Jelölt, amelyekben az apai leszármazási vonalak összehasonlítását végezte el a magyar és a manysi népességben. Az ezzel kapcsolatos egyik kérdésem az, hogy miért csak az Y haplocsoportokat vizsgálták, miért nem merült fel a női mitokondriális DNS vizsgálata is? Kérem, hogy tisztázza azt, hogy a kondai manysi populáció megegyezik a déli manysi populációval!*

Az elmúlt 20 évben inkább az Y kromoszóma haplotípus/haplocsoport vizsgálatára specializáltam magam, mint az mtDNS vizsgálatokra. A manysi populáció (északi és déli) mtDNS vizsgálatáról nem mondtam le, tervben van az mtDNS teljes genom szekvenálása és publikálása. A „déli manysik” nem nyelvészeti (ilyen nyelvi szóhasználat létezik), hanem pusztán földrajzi fogalom, akik jelenleg a manysik közül legdélebbre élnek, vagyis a Konda folyó medencéjében.

13. *A 133. oldaltól kezdődően a Jelölt a székelyek körében végzett vizsgálati eredményeit ismerteti. Kérésem az, hogy **mi alapján került definiálásra az, hogy valaki székely. Lakóhely vagy önbevallás szerint?***

Saját vizsgálatainkat a csíkszeredai magyarul beszélő populációs mintákon végeztük, amelyeket a volt Bűnügyi Szakértői és Kutató Intézet munkatársai, jelenlegi kollégáim gyűjtöttek és Y haplocsoport vizsgálatok elvégzése céljából átadtak részünkre. Gyűjtőnéven székely populációként a csíkszeredai, a szegedi kutatók által publikált korondi és az FTDNA adatbázisban szereplő bukovinai populációk kerültek összesítésre.

14. *A 136. oldalon említi a Jelölt az L712 alcsoport korbecslését, amelyre kettő, egymástól igencsak eltérő időpontot ad meg, 3500 év vs. 14200 év. **Miből adódik ez a nagy különbség a két becslés esetében?***

Az L712 alcsoporttal rendelkező csontmintát egy 3500 évvel ezelőtti Karacsuk kultúrából származó sírhelyen találták, viszont az L712 alcsoportúak az Y kromoszóma teljes genom vizsgálata (NGS) alapján becsült kora az yfull.com adatbázis szerint 14200 év. Az előző becslés csak annyit jelentett, hogy az L712 nem lehetett fiatalabb, mint 3500 év.

15. *A 137. oldalon a Jelölt arról írt, hogy a Q-M378-as alcsoport dalmát szigeteken fellelhető jelenléte feltehetően az avarok 6. századi Dalmáciába való érkezésének köszönhető. **Van-e bármilyen történeti forrás, becslés azzal kapcsolatosan, hogy milyen méretű populáció vándorlása történt meg?***

Sajnálatos módon nem találtam a migrációban résztvevő populáció méretére utaló adatokat.

16. *Ugyanezen az oldalon a Jelölt a 2. bekezdésben a feltételezett hun király sírokból talált csontok genetikai vizsgálatának eredményét ismerteti. Ez alapján javaslom, hogy engedjük el fantáziánkat, és játszunk el a gondolattal, ha **egyszer rálelnénk Attila sírjára és benne Attila feltételezett csontvázára, akkor a felsorolt Q-haplo alcsoportok segíthetnének-e annak azonosításában?***

A hun királysírokból származó csontokban nemcsak Q alcsoportokat találtak, hanem R1a-Z93, C-M217 és N-Tat haplocsoportokat is, amelyek ázsiai népekben gyakoriak. A mai külső Mongóliából, hun vezetők sírjából a fent említett apai leszármazási vonalakat határozták meg (Kim és mtsai, 2010; Keyser és mtsai, 2003). Természetesen, ha rálelnénk Attila sírjára, az eddigi hun sírokból feltárt csontokból meghatározott leszármazási vonalak nagy segítséget

nyújthatnának Attila genetikai rokonsági viszonyainak megállapításához, a többi hun mintával összehasonlítva.

17. A 139. oldalon bemutatott 13. táblázatban a Jelölt az összesített Y-haplocsoport adatokat mutatja be a magyar nyelvű népeiségekben. A táblázat felett lévő négysoros szövegben pedig úgy hivatkozik a táblázatban bemutatott populációra, mint az FTDNA nyilvános adatbázisban szereplő magyar vezetéknévvel rendelkező személyek Y-SNP adatai. Ezzel kapcsolatosan számos kérdés merült fel bennem. Egyértelmű párhuzamot tudunk-e vonni a magyar nyelvű népesség és a magyar vezetéknévvel rendelkező népesség között? Mit bizonyít a magyar vezetéknév viselése, ismerve azt, hogy az elmúlt évszázadokban történelmi okokból sokan magyarosították a vezetéknévüket?

Igaza van Professzor Asszonynak, hogy az elmúlt évszázadokban történelmi okokból sokan magyarosították a vezetéknévüket. Mindenki számára ismert, hogy a kárpát-medencei magyar népesség nagyon kevert és a genetikai adatok is igazolják, hogy a recens magyar populáció genetikai összetétele nagymértékben hasonlít a környező népeiségek genetikai összetételéhez. Az FTDNA adatbázisban szereplő önkéntes, magyar vezetéknévvel rendelkező személyek (magyar vezetéknévvel rendelkeznek, magyarul beszélnek) adatait a saját magunk által vizsgált minták (magyarul beszélők) adataival összehasonlítva az látható, hogy a két adat között szignifikáns különbség nem mutatható ki. Megjegyzem, hogy a magyar populáció tekintetében Professzor Asszony által említett okok miatt nem egyszerű „releváns magyar minta” gyűjtése.

18. A 141. oldalon a Jelölt a 3. bekezdésben a jövő egyik céljaként tűzi ki azt, hogy a különböző magyar etnikai csoportok és tájegységek genetikai összehasonlítására sor kerüljön. Mit ért pontosan különböző magyar etnikai csoportokon? Lát-e abban kockázatot a Jelölt, hogy elsősorban az utóbbi 100-150 év országon belül megtörtént nagymértékű népességmozgások (pl. II. világháború után a falusi népesség nagy részének bevándorlása nagyvárosokba) hazánk szinte minden területén nagymértékű népességkeveredéshez vezettek, és ez a tény megakadályozná azt, hogy a vizsgálat konkluzív eredménnyel záruljon?

A magyar etnikai csoport alatt pl. matyó, palóc, jász, kiskun, nagykun, székely és csángó populációkat értettem és azok átfogó vizsgálatára gondoltam. Természetesen tisztában vagyok az utóbbi 100-150 évben történt népmozgások jelentőségével is. Az eddigi vizsgálataink alapján zártabb földrajzi régióban élő subpopulációkban (pl. csíkszeredai székelyek, gyimesi csángók, bodrogi magyarok) viszonylag nagyobb arányban jelentek meg olyan apai leszármazási vonalak, mint pl. az N-Tat alcsoportok, Q-M242 és az R1b-M73 (Közép-Ázsiában gyakoribb alcsoport), amelyek az eddig vizsgált kárpát-medencei magyar populációban alig fordultak elő. Mindazonáltal, az eddig említett történelmi tényezőkre is tekintettel, ha nem gyűjtenénk mintákat, akkor nem születhetnének filogenetikai célú genetikai eredmények a magyar populációk tekintetében (természetesen az adatok prezentálása szempontjából a kutatóknak kellő óvatossággal kell eljárniuk).

19. A 143. oldaltól kezdődően a Jelölt az mtDNS vizsgálati eredményeit összesíti. A 144. oldal 2. bekezdésének a végén a jelölt azt írja, hogy a recens és az mtDNS haplocsoport eloszlások szoros kapcsolata ezeken a területeken azt is valószínűsíti, hogy az uráli és altáj nyelveket beszélő nők jelentős szerepet játszhattak az Andronovo- és a kurgán kultúrában. **Honnan tudhatjuk több ezer év távlatában, hogy milyen nyelveket beszéltek ezen kultúra népei?**

Professzor Asszony által idézett mondat a nem precíz megfogalmazása miatt vált félreérthetővé. Pontosítva a mondatot: „a recens és az ősi mtDNS haplocsoport eloszlások szoros kapcsolata ezeken a területeken azt valószínűsíti, hogy az uráli és altáj nyelveket **ma** beszélő nők ősei jelentős szerepet játszhattak az Andronovo- és kurgán kultúrában”. Természetesen csupán a csontok vizsgálata alapján nem tudjuk megmondani, hogy az adott kultúrához tartozó embercsoportok milyen nyelvet beszéltek.

20. A Jelölt a 149. oldalon a következő mondatot írja: „ez arra utalhat, hogy a honfoglalók generációkkal a honfoglalás előtt keveredhettek az ázsiaiakkal a kelet-európai Pontuszi-sztyeppéken”. **Ez a mondat bennem azt veti fel, hogy a honfoglalókat a Jelölt nem tekinti ázsiai eredetűeknek?**

Sajnos itt is a megfogalmazás pontatlansága játszik szerepet. A honfoglalók koponyaméretei elsősorban europid antropológiai tulajdonságokkal rendelkeznek, annak ellenére, hogy az ázsiai haplocsoportok jelentős arányban vannak jelen a honfoglalók mintáiban, amely arra utal, hogy jóval a honfoglalás előtt alakult ki europid antropológiai jellegük. Az eddigi genetikai adatok alapján a honfoglalók nem túlzottan homogén, hanem nagyon is heterogén genetikai összetétellel rendelkeztek.

21. A 154. oldalon a Jelölt méltatja, hogy „az európai őstörténet megértését forradalmasította az újgenerációs szekvenáló technológiák (NGS) elérhetősége, amelyek lehetővé tették a modern és az ősemberi genomok szekvencia változásának elfogulatlan jellemzését”. **Kérdésem az, hogy mit ért a Jelölt elfogulatlan jellemzésen?**

Az „elfogulatlan” kifejezés az angol „unbiased” szó nem megfelelő fordításából adódhatott. Inkább az „egyértelmű” vagy a „tárgyilagos”, vagy a „kétséget kizáró” kifejezés jobban megfelelt volna.

22. Végezetül az 5.2. alfejezet témájához (Őstörténet: génekbe vésett történelem) kapcsolódóan kérdezem a Jelöltől, hogy a téma irodalmára támaszkodva hogyan ítéli meg, **melyik nép-és vagy népcsoport, illetve melyik humán evolúciós időszak esetében áll a rendelkezésünkre a legtöbb DNS alapú adat? Hogyan befolyásolták az adott népről- vagy népcsoportról, illetve történelmi időszakról eddig kialakított (régészeti, néprajzi, nyelvészeti stb. alapokon nyugvó) tudományos álláspontot a DNS alapú vizsgálatok eredményei?**

Jelenlegi ismereteink szerint a nyugat-európai recens népek tekintetében áll rendelkezésünkre a legtöbb DNS alapú adat, amely valószínűleg annak tudható be, hogy a kutatások

finanszírozása ezeknek az országoknak nem jelent problémát. A régészeti leletekből származó csontminták vizsgálata a történelmi időszakról eddig kialakított tudományos álláspontokat cáfolja vagy megerősíti. A következő példával illusztrálnék egy történelmi időszakot. A legtöbb archeogenetikai adat az eurázsiai népek esetében a bronzkorból, vagyis a kb. 3-6 ezer évvel ezelőtti korszakból származik. Európában a lakosság döntő többsége valamilyen indoeurópai nyelvet beszél, azonban Ázsia hatalmas térségeiben is beszélnek indoeurópai nyelveket: perzsa, pastu, hindu, tadzsik, stb. Az indoeurópaiak anatóliai őshaza elmélete (Colin Renfrew, 1987) az archeogenetikai adatok alapján cáfolható, mivel az R1b és az R1a az a két haplocsoport apai ágon, amelyik szinte minden mai indoeurópai nyelvet beszélő népességnél előfordul, viszont az anatóliai neolitikus mintákból hiányoznak. A nyugat-európai indoeurópaiakat az R1b, a kelet- és közép-európai valamint ázsiai indoeurópaiakat az R1a jellemzi. A legújabb archeogenetikai adatok szerint (Allentoft és mtsai, 2015) az R1b és az R1a haplocsoportok i.e. 2400-3000 körül a Fekete tenger északi térségében létrejött az ún. gödör síros kultúrával (Jamnaja) terjedhettek nyugatra és keletre. A nyelvészek által leginkább elfogadott elmélet szerint a proto-indo-európai (PIE) nyelvet beszélő népesség a gödörösíros kultúra (i.e. 3000-2400) területéről hódította meg Európát, illetve Közép-Ázsián keresztül Indiát és Iránt (Anthony 2007), amelyet a fent idézett DNS alapú vizsgálat megerősített. További érdekesség, hogy az R1a és R1b haplocsoportok távoli őseinek számító R* (R1 és R2 őse) haplocsoportot a Bajkál-tó nyugati partvidékén az ún. Malta-Burety őskőkori kultúrában (i.e. 22.000-13.000) találták, egy 20 ezer éves csontvázban. Tehát az indoeurópai (IE) nyelvet beszélő népesség elődjének ősi eredete a jégkorszaki Bajkál-vidékre mutat vissza.

Remélem, hogy Professzor Asszony kérdéseire a lényegét pontosan tükröző, adekvát válaszokat sikerült adnom.

Végezetül ismételten megköszönöm Professzor Asszonynak az értekezés tüzetes átvizsgálására irányuló fáradozását, továbbá a számomra megtisztelően értékes pozitív és támogató véleményét!

Budapest, 2019. július 12.

Tisztelettel:



Pamjav Horolma