

Opponensi vélemény  
**Dr. Pamjav Horolma**  
**Génekbe vésett vallomások: DNS ujjlenyomat és őstörténet c.**  
MTA doktori értekezéséről

Dr. Pamjav Horolma 204 oldalas értekezést állított össze eddigi tudományos tevékenységének bemutatására, amellyel az MTA doktora címet pályázza meg. A dolgozatba **23 eredeti közlemény adatait és eredményeit** összesítette, ezen közlemények jelentős részében ő maga az első vagy utolsó szerző, amely egyértelműen bizonyítja, hogy szignifikáns szerepe volt a vizsgálatok megtervezésében, végrehajtásában, interpretálásában és közlésében.

A dolgozat tematikailag alapvetően két részre bontható (ez a címben is megjelenik): egyrészt a **DNS alapú igazságügyi orvos szakértői vizsgálatokhoz** kötődő fejlesztéseket, adatbázis építést ismerteti a Jelölt, másrészt a DNS alapú **humán őstörténet** kutatás területén végzett kutatásainak eredményeit összesíti. Ez utóbbi téma egy rendkívül nagy újdonságértékkel bíró interdiszciplináris megközelítéssel végzett kutatásban „csúcsoad ki”, nevezetesen a Jelölt és munkatársai által világviszonylatban is elsőként elvégzett zenegenetikai vizsgálatokban. Mindezek fényében megállapítható, hogy **a dolgozat koherens**: az elmúlt 15-20 év technológiai fejlődése a DNS alapú vizsgálatok terén mind az igazságügyi orvostan, mind a humán őstörténet kutatásának beláthatatlan távlatait nyitotta meg nagyfokú szenzitivitásával és specificitásával. A Jelölt, Pamjav Horolma ezt felismerve mindkét területen nemzetközi mércével is magas szintű, sőt egy **új interdiszciplináris kutatási területet** megalapozó tudományos munkásságot végzett és ezt összesítette dolgozatában.

**A dolgozat formai bírálata:**

Érdekes és formabontó megoldásnak találtam a dolgozat elején római számokkal indexelt angol nyelvű részt, amelyben a Jelölt a dolgozatban ismertetett két szakterület **úttörő jelentőségű közleményeinek summázatát** adta meg. Gondosan összeállított **Tartalomjegyzékkel**, majd **Rövidítések jegyzékével** folytatta a Jelölt a dolgozatot, majd az ezt követő **Előszó** és **Köszönetnyilvánítás** részben a Jelölt az általa művelt tudományterületek fejlődésének kontextusába helyezte saját pályájának alakulását, illetve köszönetet mondott mindazon hazai és nemzetközi együttműködőknek, akik hozzájárultak kutatómunkája elvégzéséhez, részt vettek abban. Az MTA doktori értekezés ily módon való indítása formabontónak tekinthető, de mivel informatív és betekintést ad a Jelölt tudományos pályafutásának alakulásába, a magam részéről teljes mértékben elfogadhatónak minősítem.

Ezt követően a Jelölt egy tematikailag két részre osztott, 67 oldalas **Bevezetésben** vezette be az Olvasót a DNS alapú igazságügyi genetika és a szintén DNS alapú humán evolúciós és migrációs kutatások eddigi eredményeibe. A viszonylag terjedelmes rész egyes helyeken tankönyvi alapokig lemenő részleteket is tartalmaz, valamint MTA doktori értekezések esetében szokatlan lírai hangnemmel is találkozhatunk. Mindezek azonban nem csökkentik a dolgozatrész érdemét abban, hogy az Olvasót részletesen bevezesse a vizsgált tudományterületek háttérismeretébe.

A Bevezetést követően a Jelölt az Anyag és módszer résszel folytatta a dolgozatot. Hiányoltam, hogy a Jelölt nem fogalmazott meg *Célkitűzéseket*, nem fogalmazta meg, hogy a Bevezetés részben ismertetett eddigi eredmények tükrében milyen alaphipotéziseket fogalmazott meg, amelyek mentén a saját kutatómunkáját folytatta.

Az **Anyag és módszer** részben a manapság közkeletű kifejezéssel élve a „wetlab” metodológiák ismertetése viszonylag szűkszavú, nem túl részletező (77-79. oldal). Ugyanakkor egyetértek ezzel a megközelítéssel, mivel a Jelölt által alkalmazott molekuláris biológiai, genetikai módszerek rendkívül elterjedtek, napjainkban már nem jelenthetnek kihívást. Ezt követően azonban viszonylag nagyobb terjedelmet (79-85. oldal) szánt a Jelölt azoknak a populációstatisztikai módszereknek, amelyekkel az eredményeit analizálta, értékelte. Ennek a jogosságát is elismerem, mivel a genetikai adatok értékelése abban a populáció genetikai léptékben, amelyet a Jelölt követett megkövetelik a rendkívül összetett matematikai, statisztikai módszerek alkalmazását.

A 164-166. oldalon leírt metodikák helyét én indokoltabbnak láttam volna az *Anyag és módszer* részben, a Jelölt Az *eredmények és megvitatásuk* rész 5.4-es alfejezetében integrálta a zene genetikai vizsgálatok során alkalmazott módszerek leírását.

A Jelölt ezt követően egy 90 oldalas **Eredmények és azok megvitatása** részben ismertette saját vizsgálati eredményeit és azok interpretálását. Formailag ez így kifogásolhatatlan. Itt is kettős tagolást alkalmazott: egyrészt az igazságügyi genetika területén végzett fejlesztéseit és az azokkal elért eredményeket írta le és diszkutálta, majd ezt követően a humán evolúcióval és migráció kutatással kapcsolatos DNS alapú vizsgálatainak eredményeit ismertette és összesítette. Az eredmények és azok megvitatása szabatosan kerültek leírásra, a bemutatott ábrák és táblázatok, ill. azok magyarázatai egyértelműek. Az ábrák egy részét változtatás nélkül emelte át az angol nyelvű közleményekből a Jelölt, számos ábra és táblázat ugyanakkor magyar nyelven került feliratozásra.

Végezetül a dolgozat formai értékelését azzal zárom, hogy hiányoltam egy rövid *Összegzés* megfogalmazását, amelyben a Jelölt rövid summázatát adta volna a két általa művelt és részleteiben leírt témának, valamint kitekintést adott volna - eddig elért eredményeinek tükrében - jövőbeni terveire, a két tudományterület általa vizionált további fejlődésére.

#### **Részletező bírálat és kérdések fejezetenkénti bontásban:**

Számos észrevételem és kritikai megjegyzésem esetében mindössze azok szíves elfogadását kérem a Jelölttől. Azokat a kérdéseket, illetve megjegyzéseket, amelyekre válaszokat is várok **kövér, dőlt betűvel** kiemelem.

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

#### **Bevezetés:**

A 16. oldalon a Jelölt számos ismétlődés típust ismertet. Ajánlatosnak láttam volna egy szemléletes ábrával is bemutatni ezeket.

A 17. oldalon a nevezéktan ismertetéséhez is ajánlatosnak láttam volna egy-egy példa bemutatását.

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?**

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 történeti, néprajzi és/vagy régészeti evidencia, amely a kettő, egymástól földrajzilag nagy távolságban élő földrajzi népcsoport közelebbi rokonságát alátámasztja?**

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?**

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

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 magyarázat erre a nagy elterjedésre, populációs sikerre?**

A Jelölt az 58. oldalon egy olyan feltételezést tesz, miszerint a régészeti csontleletekből 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 társszerzője 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?**

**Eredmények és azok megvitatása:**

A 88. oldalon a Jelölt új megfigyelésként citálja, hogy a D 12 S391 locuson 62 új allélt detektáltak, melyek közül a 21.3 allél 34-szer fordult elő. Ezt követően javasolja ennek a mikrovariáns allélnak 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?**

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?***

A 107. oldalon a Jelölt néhány példát sorol arra, hogy az Y kromoszómális lókusztok 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?***

A 115. oldalon a Jelölt egy izolált roma populáció Y-STR haplotípus vizsgálatáról 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 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!***

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

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 beclés esetében?***

A 137. oldalon a Jelölt arról írt, hogy a Q-M 378-as alcsoport dalmát szigeteken fellelhető jelenléte feltehetően az avarok 6. századi Dalmáciába való érkezésének köszönhető. ***Van-e bármilyen történeti forrás, beclés azzal kapcsolatosan, hogy milyen méretű populáció vándorlása történt meg?***

Ugyanezen az oldalon a Jelölt a 2. bekezdésben a feltételezett hun király sírokban talált csontok genetikai vizsgálatának eredményét ismerteti. Ez alapján javasolom, hogy engedjük el a 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 139. oldalon bemutatott 13. táblázatban a Jelölt az összesített Y- haplocsoport adatokat mutatja be a magyar nyelvű népegekben. A táblázat felett levő négysoros szövegben pedig úgy hivatkozik a táblázatban bemutatott populációra, mint az FTDNA nyilvános adatbázisban szereplő magyar vezetéknevvvel rendelkező személyek Y-SNP adatai. Ezzel kapcsolatosan számos kérdés merült fel bennem. ***Egyértelmű párhuzamot tudunk-e vonni a magyar nyelvű népesség és a magyar vezetéknevvvel rendelkező népesség között? Mit bizonyít a magyar vezetéknev viselése, ismerve azt, hogy az elmúlt évszázadokban történelmi okokból sokan magyarosították a vezetéknevüket?***

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 országokon 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 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?**

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?**

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?**

Végezetül az 5.2. alfejezet témájához (Őstörténet: génekbe vésett történelem) kapcsolódóan kérdezem a Jelölttől, 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 időről eddig kialakított (régészeti, néprajzi, nyelvészeti stb. alapokon nyugvó) tudományos álláspontot a DNS alapú vizsgálatok eredményei?**

**Összegzés:** A Jelölt, Pamjav Horolma által benyújtott magyar nyelvű értekezés értékes összegzése tudományos munkájának, amely 23, 2007 óta megjelent közlemény eredményeire épül. A tudomány terület rangos nemzetközi folyóiratban megjelent publikációival Pamjav Horolma egyértelműen hozzájárult annak fejlődéséhez. Mindezek alapján a dolgot alkalmasnak találom a nyilvános védésre, és a Jelöltet az MTA doktora fokozat elnyerésére.

Szeged, 2019. június 25.

Prof. Dr. Széll Márta  
az MTA doktora

