

A Bizottság véleménye

Neparáczi Endre "A honfoglalók genetikai származásának és rokonsági viszonyainak vizsgálata archeogenetikai módszerekkel" című PhD értekezéséről

A kritikai észrevételek kisebb hányada a vizsgált anyag genetikai tulajdonságaival és a minták reprezentativitásával kapcsolatos – ezeket fogalmazta meg Vellainé dr. Takács Krisztina opponens.

A Bizottság úgy ítéli meg, hogy a kritikai észrevételek többsége az írásban benyújtott három hozzászólás, és a szóbeli vita alapján, az eredményekből levonható következtetések társadalomtudományi interpretációjára vonatkozik. Ezeket dr. Langó Péter tudományos munkatárs, dr. Mende Balázs Gusztáv tudományos főmunkatárs, mindketten az MTA BTK Régészeti Intézetének munkatársai, illetve dr. Róna-Tas András akadémikus, Egyetemünk professor emeritusa, valamint dr. Felföldi Szabolcs tudományos munkatárs és dr. Kulcsár Valéria habilitált egyetemi docens az SZTE BTK Régészeti Tanszékről fogalmazták meg.

Az írásban és szóban hozzászólók megállapították, hogy a Jelölt értekezésének 5., Az eredmények értékelése című fejezet harmadik (utolsó) alfejezetében (65-69. oldalak) olyan következtetéseket von le, amelyek a genetikai vizsgálatok adataira közvetlenül nem támaszkodnak. Ilyenek a magyarság őstörténetére vagy a finnugor nyelvelméltre vonatkozó, a hozzászólók által erősen kritizált következtetések. Ezek némelyikére szakmaspecifikus bírálatában már Vellainé dr. Takács Krisztina is utalt, azonban teljes kifejtésüket a történész/régész/nyelvész képzettségű hozzászólók tették meg. Az ilyen, a társadalomtudományok területére tájékozatlanul elkalandozó megállapítások és következtetések alaptalanságára – és ennél fogva káros voltára – mindegyik hozzászóló egyértelműen és egybehangzóan rámutatott.

A Jelölt fenti, a disszertáció 5. fejezetében megfogalmazott következtetéseivel kapcsolatban a Bizottság az opponens és a hozzászólók kritikai észrevételeivel ért egyet. A disszertáció megbeszélésének a finnugor nyelvelméltre és a magyarság eredetére vonatkozó része pontatlan vagy egyenesen hibás forrásokból építkezik. A Bizottság felhívja a Jelölt figyelmét a kompetens véleményalkotás fontosságára.

A Bizottság megállapítja, hogy az értekezés módszertanát és célkitűzéseit illetően természettudományos munka, amelynek alkalmazott (molekuláris biológiai/genetikai)

módszereivel, az adatok reprodukálhatóságával vagy genetikai alapon történő értékelésükkel kapcsolatosan nem merült fel komoly hiányosság. Az eredmények két nagytekintélyű, nívós nemzetközi folyóiratban jelentek meg, nemzetközi szakmai bírálaton átestek. A publikációk a genetikai eredményeket összegzik, nem tartalmazzák a hozzászólások által támadott következtetéseket. A Jelölt az eredményekre vonatkozó kérdésekre aktív vita során érdemben válaszolt.

A Bizottság véleménye szerint az értekezés elsősorban természettudományos munka, amelynek eredményei az archeogenetika új adatainak minősülnek. Emiatt a Bizottság az értekezést támogatja, s a tudományos fokozat odaítélését a jelölt számára javasolja.

A Bizottság új tudományos eredményeknek az alábbiakat fogadja el:

1. PCR–alapú eredmények: a Karos III temető 19 sírjából 17 lelet mtDNS haplotípusát sikerült megállapítani és haplocsoportokhoz rendelni. Az eredmények 13 különböző haplotípust mutatnak, amelyek 7 haplocsoportba sorolhatók, ezek között ázsiai és európai eredetűek is találhatók.

2. A Karos III temetőhöz tartozó 4 egyén Y haplocsoportját is sikerült meghatározni, ezek közül kettő az európai eredetű R1b1b, kettő pedig a szintén Európához köthető I2a haplocsoportba tartozik.

3. A fenti két R1b1b1 haplocsoportba sorolt férfiről 10 autoszómális STR marker vizsgálatával megállapították, hogy apai ágon rokonok lehettek.

4. Dúsítással kombinált újgenerációs szekvenálással 89 lelet teljes mitokondriális genom szekvenciáját határozták meg. A 89 minta tartalmazta a Karos I-II-III temetők anyagának többségét (a Karos II esetében 44 mintát dolgoztak fel sikerrel), valamint más honfoglalás kori temetők néhány leletét. Néhány korábban Raskó István csoportja által vizsgált minta esetén a különböző módszerekkel kapott eredményeket össze is hasonlították és kimutatták, hogy az NGS módszerrel nagyméretű szekvenciák szinte hibamentesen határozhatók meg, ami nagyságrendekkel emeli a szekvenciából levonható következtetések pontosságát. Több esetben közeli rokonsági viszonyokat (pl. anya/gyerek, testvér/unokatestvér) is valószínűsítettek. Az NGS-el kapott haplotípusok nagyfelbontású bioinformatikai elemzése a

vizsgált leletek 31-37%-át kelet-/belső-ázsiai, 28-38%-át skandináv-germán, 6%-át kaukázusi/közel-keleti származásúnak valószínűsíti.