

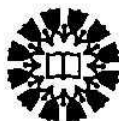
۱۵۰۱۳۱

مقدمه‌ای بر ژنتیک باستان‌شناسی

دکتر کمال‌الدین نیکنامی
دکتر مریم رمضان‌ی

تهران

۱۳۹۵



سازمان مطالعه و تدوین کتب علوم انسانی دانشگاه‌ها (سمت)
پژوهشکده تحقیق و توسعه علوم انسانی

- سرشناسه: نیکنامی، کمال‌الدین، ۱۳۳۵-
عنوان و نام پدیدآور: مقدمه‌ای بر ژنتیک باستان‌شناسی / کمال‌الدین نیکنامی، مریم رمضانی.
مشخصات نشر: تهران: سازمان مطالعه و تدوین کتب علوم انسانی دانشگاه‌ها (سمت)، پژوهشکده تحقیق و توسعه علوم انسانی، ۱۳۹۵.
مشخصات ظاهری: شانزده، ۴۲۴ ص.: مصور (بخشی رنگی)، جدول.
فروست: «سمت»؛ ۲۰۵۵. باستان‌شناسی؛ ۷۹.
شابک: ۹۷۸-۶۰۰-۰۲-۰۴۱۱-۲ ۲۱۰۰۰۰ ریال
وضعیت فهرست‌نویسی: فیبا
یادداشت: پشت جلد به انگلیسی:
Kamal- Aldin Niknami, Maryam Ramezani. An Introduction to Genetic Archaeology.
یادداشت: کتابنامه: ص ۳۹۲-۴۲۴.
موضوع: باستان‌شناسی زیست‌مولکولی
Biomolecular Archaeology
موضوع: ژنتیک انسانی
Human Genetics
موضوع: ژنتیک انسانی
شناسه افزوده: رمضانی، مریم، ۱۳۶۳-
شناسه افزوده: سازمان مطالعه و تدوین کتب علوم انسانی دانشگاه‌ها (سمت)، پژوهشکده تحقیق و توسعه علوم انسانی.
The Organization for Researching and Composing University Textbooks in the Humanities (SAMT), Institute for Research and Development in the Humanities
رده‌بندی کنگره: ۱۳۹۵ ۹ ن ۲ ب / ۷۹ CC
رده‌بندی دیویی: ۹۳۰/۱
شماره کتابشناسی ملی: ۴۶۳۰۸۶۸

سازمان مطالعه و تدوین کتب علوم انسانی دانشگاه‌ها (سمت)
پژوهشکده تحقیق و توسعه علوم انسانی



مقدمه‌ای بر ژنتیک باستان‌شناسی
دکتر کمال‌الدین نیکنامی (عضو هیئت علمی دانشگاه تهران) و دکتر مریم رمضانی (عضو مرکز تحقیقات ژنتیک نور دانشگاه بقیه‌الله)

ویراستار: مریم ربانی
طراح: طاهره مشکینی
چاپ اول: زمستان ۱۳۹۵
تعداد: ۵۰۰

حروفچینی، لیتوگرافی، چاپ و صحافی: سمت
قیمت: ۲۱۰۰۰۰ ریال. در این نوبت چاپ قیمت مذکور ثابت است و فروشندگان و عوامل توزیع مجاز به تغییر آن نیستند.
نشانی ساختمان مرکزی: تهران، بزرگراه جلال آل احمد، غرب پل یادگار امام (ره)، روبه‌روی پمپ گاز، کد پستی ۱۴۶۳۶، تلفن ۰۲-۴۴۲۴۶۲۵۰.
www.samt.ac.ir info@samt.ac.ir

هر شخص حقیقی یا حقوقی که تمام یا قسمتی از این اثر را بدون اجازه ناشر، نشر یا پخش یا عرضه یا تکثیر یا تجدید چاپ نماید، مورد پیگرد قانونی قرار خواهد گرفت.

سخن «سمت»

یکی از هدف‌های مهم انقلاب فرهنگی، ایجاد دگرگونی اساسی در دروس علوم انسانی دانشگاه‌ها بوده است و این امر مستلزم بازنگری منابع درسی موجود و تدوین منابع مبنایی و علمی معتبر و مستند با در نظر گرفتن دیدگاه اسلامی در مبنایی و مسائل این علوم است.

• ستاد انقلاب فرهنگی در این زمینه گام‌هایی برداشته بود، اما اهمیت موضوع اقتضا می‌کرد که سازمانی مخصوص این کار تأسیس شود و شورای عالی انقلاب فرهنگی در تاریخ ۶۳/۱۲/۷ تأسیس «سازمان مطالعه و تدوین کتب علوم انسانی دانشگاه‌ها» را، که به اختصار «سمت» نامیده می‌شود، تصویب کرد.

بنابراین، هدف سازمان این است که با استمداد از عنایت خداوند و همت و همکاری دانشمندان و استادان متعهد و دلسوز، به مطالعات و تحقیقات لازم بپردازد و در رشته‌های مختلف علوم انسانی به تألیف و ترجمه منابع درسی اصلی، فرعی و جنبی اقدام کند.

دشواری چنین کاری بر دانشمندان و صاحب‌نظران پوشیده نیست و به همین جهت مرحله کمال مطلوب آن باید به تدریج و پس از انتقادات و یادآوری‌های پیاپی ارباب نظر به‌دست آید. انتظار دارد که این بزرگواران از این همیاری و راهنمایی دریغ نورزند و با پیشنهادهای اصلاحی خود، این سازمان را در اصلاح کتاب حاضر و تدوین دیگر آثار مورد نیاز جامعه دانشگاهی جمهوری اسلامی ایران یاری دهند.

کتاب حاضر برای دانشجویان رشته باستان‌شناسی به عنوان کتاب مبنایی تدوین شده است. امید است علاوه بر جامعه دانشگاهی سایر علاقه‌مندان نیز از آن بهره‌مند شوند.

فهرست مطالب

صفحه	عنوان
۱	مقدمه مؤلفان
۱۳	فصل اول: این کتاب چه کمکی به باستان‌شناسان می‌کند؟
۱۳	۱-۱ چرا باید باستان‌شناسان این کتاب را مطالعه کنند؟
۱۶	۱-۲ تاریخچه
۲۳	فصل دوم: اساس DNA
۲۴	۲-۱ آنچه باید از DNA بدانیم
۲۴	تاریخچه علم ژنتیک
۲۶	۲-۲ مبانی علم ژنتیک
۲۶	سلول
۲۸	ژنوم
۳۵	تقسیم سلولی
۳۸	کار DNA
۴۰	جهش (موتاسیون)
۴۳	ساعت مولکولی
۴۶	۲-۳ کاربرد مطالعات DNA در بهبود زندگی انسان‌ها
۴۸	۲-۴ ماده ژنتیکی سلول
۴۸	هسته سلول
۴۹	میتوکندری
۶۱	۲-۵ نشانگرها
۶۱	تهیه نقشه‌های ژنتیکی
۶۱	تهیه نقشه‌های تلفیقی

۶۲	تهیه نقشه‌های مقایسه‌ای
۶۳	انتخاب به کمک نشانگر
۶۳	انتخاب نشانگر مناسب
۶۶	راه‌های تشخیص تنوع ژنتیکی
۶۸	کاربرد نشانگرها
۶۸	مزایا
۶۹	انواع نشانگرهای ژنتیکی
۷۱	نشانگرهای مولکولی DNA و RNA
۷۵	واکنش زنجیره‌ای پلیمراز
۷۶	آنزیم‌های DNA پلیمراز
۷۸	فرآورده‌های PCR
۷۸	بهینه کردن شرایط سنجش PCR
۸۰	کاربردهای PCR
۸۳	RAPD
۸۵	روش‌های توالی‌یابی ژنوم (شناخت روش‌های توالی‌یابی DNA)
۱۰۲	۲-۶ کاربرد DNA در تعیین هویت
۱۰۳	۲-۷ مطالعات فیلوژنتیک
۱۰۶	ایجاد درخت تکاملی با استفاده از توالی آمینواسیدها
۱۱۳	۲-۸ DNA میتوکندریایی
۱۱۵	کروموزوم Y
۱۱۶	نشانگرهای کروموزوم‌های غیرجنسی (اتوزومال)
۱۱۷	۲-۹ DNA میتوکندریایی و ایجاد هاپلوگروپ‌ها
۱۳۰	۲-۱۰ هوای میتوکندریایی
۱۳۱	هفت دختران هوای میتوکندریایی
۱۳۸	۲-۱۱ آدم Y کروموزومی
۱۳۸	قبل از آدم
۱۴۰	آدم ژنتیکی
۱۴۱	زمان زندگی
۱۴۲	تنوع افریقایی و خروج از افریقا
۱۴۲	نزدیک به انقراض
۱۴۳	آدم اوراسیایی - خروج از افریقا

۱۴۴	M89: پایه گذار بزرگ هاپلوگروپ F
۱۴۶	گسترش کشاورزی
۱۴۹	۱۲-۲ هم پوشانی Y-DNA با mtDNA
۱۵۲	۱۳-۲ پروژه ژنوم انسان
۱۵۴	آینده پروژه های ژنوم انسان
۱۵۷	فصل سوم: DNA باستانی
۱۵۷	۱-۳ ژنتیک باستان شناسی چیست؟
۱۶۵	نمونه برداری
۱۶۹	۲-۳ مراحل تجربی استخراج و تکثیر DNA باستانی
۱۶۹	آلودگی زدایی و پودر سازی
۱۷۰	به دست آوردن DNA
۱۷۲	۳-۳ آماده سازی نمونه ها برای مرحله تکثیر PCR
۱۷۳	مواد مورد نیاز برای آزمایش PCR
۱۷۳	شرایط بهینه شده برای PCR
۱۷۴	۴-۳ الکتروفورز ژل پلی آکریل آمید
۱۷۴	روش تهیه ژل پلی آکریل آمید
۱۷۵	بار گذاری نمونه ها روی ژل پلی آکریل آمید
۱۷۵	رنگ آمیزی ژل پلی آکریل آمید
۱۷۸	۵-۳ استفاده از تحلیل DNA در تحقیقات باستان شناسی
۱۷۸	بررسی ارتباطات ژنتیکی
۱۸۷	تعیین جنسیت
۱۸۹	بیماری شناسی باستانی
۱۹۱	بیماری های عفونی
۱۹۴	هلیکوباکتری و مهاجرت انسان
۱۹۶	فصل چهارم: مطالعات انسان شناسی مولکولی
۱۹۶	۱-۴ ژنوم شامپانزه
۱۹۸	۲-۴ ژنوم نئاندرتال
۲۰۴	پیوند انسان امروزی با نئاندرتال
۲۱۲	طبیعت نئاندرتال ها

۲۱۵	نئاندرتال، زبان و ژن FOXP2
۲۱۶	گروه‌های خونی ABO و نئاندرتال‌ها
۲۱۷	ادراک طعم تلخ و نئاندرتال‌ها
۲۱۸	میکروسفالین و هوموین‌های آرکانیک
۲۱۸	نئاندرتال‌ها و توانایی‌های شناختی
۲۳۰	۴-۳ منشأ انسان مدرن
۲۳۲	فرضیه مدل چندمنطقه‌ای
۲۳۲	فرضیه مدل خروج از آفریقا
۲۳۴	نشانگرهای ژنتیکی حرکت از آفریقا
۲۳۶	۴-۴ تفاوت دو مدل «خروج از آفریقا» و «چندمنطقه‌ای»
۲۳۸	کاربرد ژنتیک برای حل مسائل خانوادگی نیکلای دوم
۲۴۱	نیکلاس کوپرنیک
۲۴۴	فصل پنجم: ارتباطات ژنتیکی
۲۴۴	۵-۱ خارج از آفریقا، منشأ انسان مدرن
۲۴۸	۵-۲ تنوع ژنتیکی
۲۵۳	۵-۳ مهاجرت از آفریقا
۲۵۴	۵-۴ مهاجرت زودهنگام ساحلی در آسیای جنوبی و سرتاسر آن، ...
۲۵۷	۵-۵ اشغال اروپا و آسیای غربی
۲۵۹	۵-۶ گسترش نوسنگی در اروپا
۲۶۱	۵-۷ گسترش وایکینگ‌ها
۲۶۲	۵-۸ منشأ آسیای شرقی
۲۶۵	۵-۹ جمعیت قاره آمریکا
۲۶۸	فصل ششم: ارتباطات ژنتیکی ایرانیان
۲۶۹	۶-۱ بررسی اقوام ایرانی
۲۷۳	۶-۲ تجزیه و تحلیل جمعیت ایرانیان از نظر کروموزوم Y
۲۸۲	۶-۳ تجزیه و تحلیل جمعیت ایرانیان از نظر mtDNA
۳۰۳	فصل هفتم: فراتر از انسان‌شناسی
۳۰۳	۷-۱ تأثیر انسان بر اهلی‌سازی گیاهان و حیوانات
۳۰۴	۷-۲ اهلی‌سازی گیاهان

۳۰۷	۷-۳ اهلی سازی حیوانات
۳۰۹	اهلی سازی سگ
۳۱۰	اهلی سازی گاو
۳۱۲	اهلی سازی بز و گوسفند
۳۱۷	اهلی سازی خوک
۳۱۷	اهلی سازی اسب و انتخاب مصنوعی در رنگ پوست
۳۱۹	فصل هشتم: مطالعه عملی ژنتیک باستان شناسی در ایران
۳۱۹	۸-۱ مطالعات ژنتیک باستان شناسی بر روی داده های ایلام میانی
۳۲۹	نمونه برداری
۳۲۹	روش استخراج DNA از نمونه های استخوانی افراد ایلام میانی
۳۳۰	توالی های نمونه های مورد مطالعه
۳۳۱	تفسیر ژنتیکی نمونه ها
۳۴۷	فصل نهم: نتیجه گیری
۳۶۲	فصل دهم: واژه نامه توصیفی
۳۸۲	تصاویر رنگی
۳۹۲	منابع

مقدمه مؤلفان

باستان‌شناسی همیشه با مسائلی سرو کار داشته که پاسخ آن‌ها را با روش‌ها و تکنیک‌های ویژه باستان‌شناختی فراهم کرده است. بسیاری از این روش‌ها ریشه در قدمت باستان‌شناسی و تجارب باستان‌شناسان دارد و به موازات پیشرفت در علوم، دانش روش‌شناختی باستان‌شناسی هم باعث ارتقای سطح تکنیکی باستان‌شناسی شده است. بدیهی است که بخش بزرگی از فعالیت‌های باستان‌شناسی با جستجو و کشف مواد باستان‌شناختی مرتبط است، ولی از زمانی که سازندگان آن مواد هم در حیطه مطالعات باستان‌شناسی قرار گرفتند این علم به طور عملی با تاریخ انسان نیز مرتبط شد. شناخت رفتار انسان‌های گذشته و الگوهایی که او در مسیر تغییرات جوامع از آن بهره برده و خود را با محیط سازگاری داده و در همین راستا باعث تکامل جوامع شده است به ناچار در حیطه مطالعات این رشته قرار گرفت و رویکردهای بسیار مشهور و کاربردی باستان‌شناسی انسان‌شناختی را به وجود آورد. به زودی مباحثی آغاز فرهنگ و توسعه آن که خواه ناخواه با مسائل تکاملی جنس انسان مربوط بود بخش عظیمی از مطالعات را به خود اختصاص داد. تصور می‌شد که فرهنگ، باید در مسیر توسعه مغزی و آناتومی انسان‌ها تحول یابد و سپس بر اساس ضرورت‌های سازگاری و انطباق با محیط به اشکال گوناگون در آمده باشد. شناخت جمعیت‌های انسانی، تغییرات جمعیتی، تغییر استراتژی‌های معیشتی، اهلی کردن گیاهان و جانوران و سایر خصوصیات جوامع انسانی مسائلی بودند که باستان‌شناسان برای کشف سازوکارهای آن تغییرات می‌کوشیدند و برای درک بهتر سازوکارهای مذکور به ناچار از روش‌های تحلیلی علوم دیگر استفاده می‌کردند که از آن میان می‌توان به اقتباس روش‌های مطالعاتی انسان‌شناسی، اکولوژی، علوم زیستی و نظایر آن اشاره

کرد که نتایج بسیار شگرفی را باعث شده است. اخیراً ژنتیک مولکولی نیز به این مجموعه اضافه شده است و با این دانش رویکرد نسبتاً جدیدی در باستان‌شناسی ایجاد شده که با عناوینی مانند باستان‌شناسی ژنتیک، ژنتیک باستان‌شناسی، باستان‌شناسی مولکولی و یا به طور کلی باستان‌شناسی ژنوم نام برده می‌شوند. ژنتیک مولکولی در قلمرو زیست‌شناسی تکاملی باعث پیشرفت‌های شایان توجهی شده است. این فرایند با پیشرفت‌هایی که به طور دائم در اندیشه و روش‌های شناخت ژنوم و تحلیل‌های مربوط به آن حاصل می‌شود به سرعت ادامه دارد. در نگاه اول چنین به نظر می‌رسد که در سایه این دانش روش‌های کلاسیک علوم تکاملی مانند دیرین‌شناسی، آناتومی مقایسه‌ای و باستان‌شناسی در شناخت انسان باید کنار گذاشته شوند و ممکن است این گونه نتیجه‌گیری شود که نتایجی که با هزاران زحمت از اعماق خاک بیرون کشیده می‌شوند در مقایسه با روش‌های تحلیلی دقیق و نتایج کمی داده‌های مولکولی، اعتبار زیادی ندارند.

ما اکنون در زمانی به سر می‌بریم که مطالعات فراوانی در مورد گذشته تکاملی انسان صورت می‌گیرد. با استفاده از توالی کامل ژنوم انسانی در سال ۲۰۰۱ سؤالات فراوانی به وجود آمده است؛ درست مانند پنجاه سال قبل از آن، که نخستین بار ساختار مولکولی DNA به وسیله واتسون^۱ و کریک^۲ کشف شد. ما اکنون در مسافرت ژنومیک در گذشته انسان هستیم و در این مسیر توالی‌های کامل ژنوم شامپانزه‌ها و گوریل‌ها انجام شده و بقیه نخستین‌ها نیز در حال انجام است. علاوه بر این متخصصان با استفاده از روش‌های نوین، تغییرات ژنوم انسانی را در میان جمعیت‌های مختلف مورد سنجش قرار می‌دهند و آن‌ها را با نخستین‌ها مورد مقایسه قرار می‌دهند تا به این سؤالات که انسان چرا، کی و چگونه تکامل یافته است پاسخ دهند.

در سایه این گونه تحقیقات ما اکنون برای اولین بار بعضی از صفات اجداد خود را در ژنوم خود می‌بینیم و دید قابل توجهی نسبت به گذشته خود به دست می‌آوریم. مطالعات بی‌شماری برای کاتالوگ کردن میلیون‌ها تفاوت میان DNA

انسان‌هایی که در سرتاسر جهان زندگی می‌کنند صورت می‌گیرد تا دانش ما را از تغییرات ژنتیکی جنس انسان افزایش دهد. در این مطالعات روابط ژنتیکی انسان با موجودات دیگر نیز بررسی می‌شود به طوری که در این روابط علاوه بر تشابه و افتراق موجود، زمان اشتقاق نیز مورد تحقیق قرار می‌گیرد و مهم‌تر از آن، سازگاری‌های ژنتیکی انسان مانند افزایش حجم مغز، آغاز سخن گفتن و سازگاری‌های انسان با محیط زیست نیز تعیین می‌شود. تمامی این اطلاعات در ژنوم انسان نهفته است، مولکولی مارپیچ که تمام اطلاعات ژنی را در خود به صورت نهفته دارد. گرچه ژنوم هر شخص مختص خود اوست و از طریق والدینش (نیمی از مادر و نیمی از پدر) به او منتقل می‌شود، ولی مشخصات کلی ژنوم مخصوص جنس انسان است. به همین علت بعضی از دانشمندان از آن به عنوان ژنوم انسانی (گرچه از نظر تکنیکی ممکن است درست نباشد) نام می‌برند. ژنوم کامل انسانی حدود ۳ میلیارد نوکلئوتید در طول خود دارد که نحوه چیدمان این نوکلئوتیدها فیزیک بدن انسان را از رنگ چشم تا گروه خون تعیین می‌کنند. نوکلئوتیدهای ACGT در ترکیب‌های متنوع خود بدن انسان را می‌سازند. پروتئین‌ها ماکرومولکول‌هایی هستند که عملکردهای متفاوتی دارند و اصطلاحاً اسب‌های کاری بدن را تشکیل می‌دهند. پروتئین مانند کلاژن نقش ساختاری در تشکیل استخوان دارد و رباط‌ها و تاندون‌ها را مستحکم‌تر می‌کند. پروتئین‌های هموگلوبین در سلول‌های قرمز خون اکسیژن را به خون می‌رسانند و دی‌اکسید کربن را به خارج از خون می‌برند. پروتئین فیبرین برای انعقاد خون لازم است. خود پروتئین‌ها از زنجیره‌ای از مولکول‌های خیلی کوچک که اسید آمینه خوانده می‌شوند تشکیل یافته‌اند که از آن‌ها تاکنون ۲۰ گونه متغیر شناخته شده است و هر پروتئین یک زنجیره اختصاصی از این اسیدهای آمینه دارد. گونه و نحوه چیدمان نوکلئوتید DNA در هر ژن دستورات لازم را مثل اینکه چگونه این اسیدهای آمینه در همدیگر ترکیب می‌شوند به دست می‌دهد. ژن‌ها فقط حدود ۱/۵ درصد کل ژنوم انسان را تشکیل می‌دهند. به زبان دیگر فقط یک بخش کوچکی از ژنوم گسترده انسان کار رمزگذاری پروتئین‌هایی را انجام می‌دهد که نقش ساختاری و عملکردی بدن را دارند و بقیه ژنوم نقش غیر ساختاری دارد. گرچه مطالعات اخیر

نشان می‌دهد حدود ۴ تا ۱۲ درصد از DNA باقیمانده را که نقش عملکردی دارند مورد محاسبه قرار داده‌اند؛ برای مثال عناصر بسیار کمیابی در ژنوم‌ها تشخیص داده شده‌اند که ژنوم را خاموش و روشن می‌کنند و یا پروتئین‌هایی که تولید ژن‌ها را افزایش یا کاهش می‌دهند، این ژن‌ها مسئول فعال کردن مجموعه مختلفی در قسمت‌های مختلف بدن‌اند که نشان دهند چرا مغز انسان ویژگی‌های خاصی نسبت به گذشتگان خود دارد. تعیین توالی یک ژنوم از طریق عملیات ویژه آزمایشگاهی انجام می‌گیرد که فناوری پیچیده‌ای دارد و در طی آن نظم و ترتیب پیچیده نوکلئوتیدها برای به دست آوردن حالت نردبانی DNA هر شخص آشکار می‌شود. طبق یکی از بهترین کشفیاتی که از تحلیل‌های اولیه ژنوم به دست آمده تعداد ژن‌هایی که انسان‌های امروزی دارند از نمونه انسان‌های قدیم‌تر بسیار کمتر است. قبلاً تصور می‌شد که ژنوم انسانی حدود ۵۰ تا ۱۰۰ هزار ژن را حمل می‌کند، ولی براساس تحقیقات اخیر احتمالاً تعداد آن‌ها فقط ۲۱ هزار است. گرچه ژنتیک-باستان‌شناسی، امروزه رازهای بسیاری را کشف کرده است، ولی آنچه هنوز باقی است و شناخت بیشتر ژنوم انسانی نیز بر آن تأکید دارد راز ماجرای چگونگی تکامل انسانی است که در مرکز ثقل این مباحث قرار داشته و اشتقاق شاخه انسانی را از شاخه غیر انسانی توضیح می‌دهد. ژنوم انسانی ماجرای کامل این اشتقاق را بیان می‌دارد و گذشته انسان را از نظر منشأ انسانی آن مورد جستجو قرار می‌دهد. طبق مطالعات اخیر، ژنوم انسانی مانند یک لحاف چهل تکه است و تکه‌های جدیدی در طول نسل‌ها به آن افزوده شده و ژنومی با بخش‌های متفاوت در طول زمان‌های مختلف زندگی اجداد انسانی حاصل شده است. در حدود ۲۵ سال قبل بسیاری از انسان‌شناسان و باستان‌شناسان اعتقاد داشتند که جدایی تکاملی انسان‌ها از شاخه قبل از خود در زمان‌های بسیار قدیم‌تر رخ داده است، زمانی در حدود ۱۵ میلیون سال قبل، زمانی که یکی از اجداد انسانی به نام راماپتیکوس، فک بسیار زمخت و دندان‌هایی بسیار بزرگ و قوی داشته است. امروزه تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی، تخمین‌های بسیار دقیقی از منشأ انسان به دست می‌دهند و زمان اشتقاق را بسیار نزدیک‌تر از زمانی که گفته شده است برآورد می‌کنند.

سؤال مهم دیگر در ارتباط با اجزاهای تکاملی است که باعث هم‌آوری مستقل در انسان‌ها شده است. برای پاسخ به این سؤال نظریه‌های متفاوتی بیان شده است که نظریه ساوانا از همه مشهورتر است. داروین در سال ۱۸۷۹ برای اولین بار این نظریه را مطرح کرد و پس از آن در سال ۱۹۲۴ از سوی ریموند دارت، کسی که اولین فسیل انسانی را در افریقا به دست آورد، پیگیری شد. این فسیل به صورت علمی «آسترالوپیتیکوس آفریکانوس»^۱ لقب گرفت. مطابق این نظریه و نظریه‌های مانند آن، تغییرات آب و هوایی ساوانای افریقا باعث گسترش بعضی از میمون‌ریخت‌ها به خارج از ساوانا شد. آن‌ها در محیط جنگلی افریقا نوعی حرکت روی دو پا را آغاز کرده بودند و همین گونه، آغاز ابتدایی‌ترین شاخه انسانی را تشکیل داد (البته امروزه با کشف بقایایی از فسیل انسان‌ریخت‌های دو پا در محیط‌های جنگلی، این فرضیه زیر سؤال رفته است). این جدایی جغرافیایی با سرعت به تولید نسل مستقل منجر شد و مشخصاً باعث جدایی شاخه انسانی از شاخه غیر انسانی شد. برخی به این جدایی تکاملی اعتقادی ندارند، بلکه بر این باورند که بدون جدایی جغرافیایی، ظهور صفات اولیه انسانی نیز تکامل یافته است. با تحقیقات کنونی در حوزه ژنتیک با مقایسه ژنوم انسان و شامپانزه احتمال وقوع این فرضیه‌ها بررسی می‌شود و در پی پاسخ به این مسئله‌اند که آیا این جدایی تکاملی کاملاً اتفاقی بوده و یا نتیجه برخی فرایندهای تکاملی است. در تمامی اواخر قرن گذشته موضوع قابل بحث ارتباط تکاملی میان انسان‌نماها و انسان‌ها همیشه به بحث در مورد مورفولوژی و مولکول ختم شده است و اینکه کدام‌یک از این دو روش برای نتیجه‌گیری مناسب‌ترند؟ آیا می‌توان از طریق مطالعه آناتومی و اسکلت انسان، بازسازی صحیح در این ارتباط به دست آورد و یا اینکه مقایسه DNAهای گونه‌های مختلف، مدارک قابل قبول‌تری را ارائه می‌کنند. از سال ۱۹۹۰ با رشد و گسترش تحلیل‌های DNA این بحث مقداری فروکش کرده است و امروزه با کشف ساختارهای کامل ژنوم‌ها تصویری بسیار دقیق از این ارتباط‌ها حاصل می‌آید و البته در همین جا باید به این نکته هم اشاره کرد که نباید در سایه تحقیقات مربوط به

DNA دستاوردهای تحقیقاتی کسانی را که در مورد استخوان‌های انسانی و آناتومی مقایسه‌ای کار می‌کنند به فراموشی سپرد.

امروزه فهم این مطلب که سیمای انسانی با آناتومی ویژه و بی‌همتا از زمان جدایی خویش از شاخهٔ قبلی خود، چگونه شکل گرفته و چرا به این صورت درآمده است بسیار حائز اهمیت بوده و همواره از رویکردهای تحقیقاتی مشهور در این حوزه محسوب می‌شده است. داروین این مسئله را به سازوکاری به نام انتخاب طبیعی نسبت می‌داد. سازگاری انسان او را توانا کرد تا زنده بماند و ظرفیت‌های خود را گسترش دهد و به زاد و ولد بپردازد، اما این سازگاری که انسان را از موجودات قبل از خود جدا می‌کند چگونه اتفاق افتاده است؟ و انسان‌ها چه مقدار از این سازگاری‌ها بهره می‌برند و در کدام قسمت ژنوم آثار و مدارکی از این سازگاری یافت می‌شود؟ برای مثال، افزایش شناخت و تکامل زبان به طور حتم از تغییراتی که در قسمت‌های بی‌شماری از ژنوم ما اتفاق افتاده است حاصل آمده‌اند، ولی ما هنوز نمی‌دانیم که محل واقعی این تغییرات در ژنوم دقیقاً کجاست و چگونه این تغییرات به ایجاد توانایی‌های پیچیده در افکار و ارتباطات انسانی منجر شدند. جدا از این سازگاری‌ها که همهٔ افراد انسانی به آن‌ها دست یافته‌اند توانایی‌هایی نیز مختص افرادی است که در مناطق خاصی از جهان زندگی می‌کنند به طوری که می‌توان گفت این سازگاری‌هایی که در انسان‌های مدرن رشد کرده، به همراه حرکت انسان‌ها از خاستگاه اولیه و مهاجرت آن‌ها به سرزمین‌های مختلف، تجارب جدیدی را از نظر انطباق با محیط‌های جدیدتر و برخورد با شرایط متنوع‌تر در پیش روی انسان‌ها قرار داده است.

با داشتن توالی کامل ژنوم، محققان می‌توانند در پهنای وسیع نوکلئوتیدها سیر کنند و نقاطی از ژنوم را که نشانه‌هایی در آن توسط انتخاب طبیعی شکل یافته‌اند، مشخص کنند. وقتی آن نقاط یافت شوند خود به تحقیق جدیدتری تبدیل می‌شوند که چگونه این نقاط در سازگاری‌ها و توانایی‌های انسان عملکرد داشته‌اند. به طور کلی، اکنون می‌توان گفت که بیشتر قسمت‌های ژنوم ناشناخته است و از ژن‌های روی ژنوم آگاهی‌های بسیار کمی وجود دارد و اینکه آن‌ها چگونه وضعیت

بیولوژیک ما را تحت تأثیر قرار داده‌اند مسیر طولانی تحقیقاتی را انتظار می‌کنند. تجزیه و تحلیل‌های DNA معمای دیگری را نیز گشوده‌اند. از زمان کشف نئاندرتال‌ها در دهه‌های ۱۸۰۰ میلادی، همیشه مسائلی در مورد آن‌ها وجود داشته است. راز آن‌ها با گذشت زمان پیچیده‌تر شده به خصوص با نظریه خارج از آفریقا که بین سال‌های ۱۹۸۰ و ۱۹۹۰ با قوت بسیاری پیشنهاد می‌کرد که انسان با آناتومی مدرن، نخستین بار از آفریقا منشأ گرفته و سپس وارد اوراسیا شده و جایگزین همه انسان‌های آرکائیک به خصوص نئاندرتال‌های عجیب و غریب شده و آن‌ها را از صحنه روزگار محو کرده است. در اوایل قرن ۲۱، تجزیه و تحلیل ژنوم کامل انسان‌های مختلف از اطراف جهان به روشنی نشان داد که محل و منشأ تکاملی انسان‌های مدرن از آفریقا بوده و سپس آن‌ها وارد اوراسیا و در نهایت وارد قاره آمریکا شده‌اند؛ اما نظریه‌های جدید، جایگزین شدن کامل انسان‌های مدرن به جای انسان‌های آرکائیک و نئاندرتال‌ها را با چالش مواجه ساخته‌اند. یکی از مهم‌ترین دستاوردهای اخیر مطالعات ژنتیک انسان‌شناسی این بود که توانست DNA باستانی را از خویشتانندان منقرض شده انسان بازیابی کند. تعیین ژنوم هسته‌ای کامل از نئاندرتال‌ها و یک دنیسوی باستانی از آسیا نشان داد که انسان‌های مدرن با هر دو گونه از این انسان‌ها رابطه ازدواج و پیوند داشته‌اند. امروزه مدارک فراوانی در اختیار است که اطلاعات قبلی ما را در مورد زمان و وقوع مهاجرت به بیرون از آفریقا به چالش می‌کشند به طوری که براساس اطلاعات اخیر، خروج انسان از آفریقا، برخلاف دیدگاه‌های پیشین، بسیار جدید، سریع و منطقه‌ای است. سؤالات زیادی در مورد تحول انسان‌های مدرن در آفریقا وجود دارد، با وجود این اندازه بزرگ ژنوم انسان، پژوهشگران را وادار می‌کند که نظریه‌های پیشین را در مورد منشأ آفریقایی انسان‌های مدرن به چالش بکشند. با کمک تجزیه و تحلیل‌های ژنومی آگاهی‌های عمیقی در مورد جایگاه تکاملی انسان در روی درخت تکاملی موجودات حاصل شده است. این آگاهی‌ها چارچوبی تکاملی را به وجود می‌آورد که با آن ما می‌توانیم سازگاری‌های گذشته خود را در آن درخت مشاهده کنیم. امروزه این اطلاعات وجود دارند که تعدادی ژن در مسیر تکاملی انسان نشانگرهای سازگاری‌اند (مانند

تعدادی ژن که با افزایش حجم مغز ارتباط دارند). همچنین از روی ژن‌ها به نشانه‌هایی از سازگاری در روی همان ساقهٔ اجدادی که یک زمانی انسان‌ها و نخستی‌ها، اجداد مشترک داشته‌اند می‌توان پی برد.

در این کتاب به هیچ وجه قصد پاسخ قطعی به پرسش‌های مطرح شده نداریم، بلکه هدف این است که از آزمایش‌های ژنتیک به منزلهٔ یکی از راه‌هایی که ممکن است به بعضی از مسائل باستان‌شناسی پاسخ دهد و به ارزیابی‌ها و راهکارهای جدیدی منجر شود استفاده کنیم. گذشتهٔ تکاملی انسان پازلی است با قطعات و تکه‌های بسیار جدا از هم، شامل فسیل‌های باقیمانده، مواد فرهنگی و اکنون هم ژنوم انسانی است. لازم است که با اتصال این تکه‌ها نظریه‌های قابل قبولی در مورد تاریخ انسان فراهم شود. البته باید گفت که ژنوم، ابزار فوق‌العاده مؤثری است که با آن پازل مذکور، تا حد دقیق‌تری مشاهده می‌شود و نتایج قابل قبول‌تری در اختیار پژوهشگران قرار می‌گیرد. فناوری و علوم امروزی تا آنجا پیشرفت کرده‌اند - و ما اکنون در زمانی به سر می‌بریم - که می‌توان آن را عصر ژنوم نامید. خارج از کاربردهای تکنیکی آن، از زمان تعیین اولین توالی ژنومی در سال ۲۰۰۱، ژنوم برای سؤالاتی در مورد اعصار قدیم و تاریخ تکاملی انسان به کار گرفته شده است. صفات منحصر به فرد انسانی، روابط تکاملی انسان با سایر ارگانیسم‌های زنده، و از آنجا که اکنون روش‌هایی برای استخراج DNA باستانی و ژنوم از فسیل‌ها انجام می‌گیرد، ارتباطات انسانی با شاخه‌های منقرض شده از هزاران سال قبل نیز آشکار شده است. اکنون تقریباً بدون شک می‌توان گفت که نزدیک‌ترین خویشاوند انسان شامپانزه‌ها هستند (این به معنای آن نیست که انسان‌ها از شامپانزه‌ها زاده شده‌اند، بلکه به این معناست که پدران ما و شامپانزه‌ها در درخت تکاملی پسرعمو بوده‌اند). ما می‌دانیم تعدادی از فسیل‌های شاخص، که به عنوان قدیم‌ترین اجداد انسان معرفی شده‌اند به آسانی در چارچوب زمانی که ژنوم نشان می‌دهد جای نمی‌گیرند و در نتیجه ممکن است آن‌ها ایل‌های منقرض شده‌ای باشند که در اطراف و یا نزدیک منشأ دودمانی انسان وجود داشته و آن‌ها نیز بعضی صفات انسانی را همراه داشته‌اند، ولی در چرخهٔ تکامل متوقف مانده‌اند. براساس بسیاری از صفات ویژهٔ انسان‌ها، تکامل مغزی و مغز

بزرگ، انرژی خاصی را لازم داشته است که بتواند چنین موجود زنده‌ای را تغذیه کند. تجزیه و تحلیل ژنوم نئاندرتال‌ها و اخیراً اسکلت تازه کشف شده دنیسوا، مطالعات اجداد انسانی را با انقلابی مواجه کرده است. از جنبه‌های جدید علوم تکاملی ژنومی این است که دائماً با سؤالات و چالش‌های بزرگ مواجه است. یکی از آن‌ها مربوط به سازگاری‌های انسان با محیط است. قبلاً اعتقاد بر این بود که سازگاری‌ها را از روی نشانگری به نام جاروی انتخاب که سیگنال قدرتمندی دارد و به یک ژن منفرد وابسته است می‌توان شناخت. در پژوهش‌های فعلی در روی ژنوم چنین نشانگر بزرگی مشاهده نمی‌شود. پس چگونه انسان با محیط سازگاری یافته است؟ این نقطه شروع فرایندی است که با تغییرات جزئی در مناطق مختلف ژنوم انسان در ارتباط است و خود این، روش‌های جدیدی را لازم دارد تا نشانگرهای بسیار قوی را بازشناسی کند. به رغم این یافته‌ها استفاده از روش‌های سنتی برای یافتن ژن‌های مؤثر در سازگاری هنوز به قوت خود باقی است، گرچه بسیاری از این ژن‌ها جزئیات بیشتری از عملکرد زیستی ژن‌ها هستند و همین باعث می‌شود تا کارهای آزمایشگاهی دقیق‌تری روی ژن‌ها انجام گیرد. اگر برای هر سازگاری جهش مخصوصی وجود داشته باشد که آن‌ها باعث تغییرات شگرف در حیات انسانی بوده باشند و انسان به واسطه این سازگاری‌ها به توانایی‌های درخشانی دست یافته باشد، مانند رشد مغز و استدلال، قدرت شناخت و توانایی در تکلم پیچیده، تحقیقات جدید جهش‌های ژنتیکی را به زودی کشف خواهند کرد.

ما در این مقدمه از توانایی‌های ژنتیک باستان‌شناسی فقط در حوزه تکاملی بحث کردیم، اما باید یادآور شویم که همه دستاوردهای این دانش فقط در تکامل زیستی انسان محدود نمی‌گردد، بلکه در یک چشم‌انداز بسیار گسترده و مسائل بسیار پیچیده باستان‌شناختی نیز این دانش به کار گرفته می‌شود. تبارشناسی جمعیت‌های باستانی و آگاهی از منشأ فرهنگ‌ها و پدیده‌آوردندگان سنت‌های فرهنگی همواره از رویکردهای پر طرف‌دار به شمار می‌رود و تاکنون باستان‌شناسان برای پاسخ به این گونه مسائل از روش‌های گوناگون باستان‌شناختی استفاده کرده‌اند. آنچه ما در این کتاب به آن پرداخته‌ایم ارائه روش‌های ژنتیک باستان‌شناختی است که ممکن

است به عنوان کمکی برای حل مسائل باستان‌شناسی به کار گرفته شود؛ ولی یادآور می‌شویم روش‌های ژنومیک و حتی هر روش دیگری باید در چارچوبی با اندیشه‌های باستان‌شناسی به کار گرفته شوند و اگر چنین شد تمامی روش‌ها و تکنیک‌ها، ابزاری واسطه‌ای برای درک بهتر فرایندهای باستان‌شناسی خواهند شد نه جایگزینی برای آن.

مطالب این کتاب چنان ساده نوشته شده است که در فهم آن هیچ پیچیدگی و دانش زیست‌شناختی پیشرفته لازم نیست. مثال‌های متعددی برای درک بهتر مطالب آورده شده‌اند. نمونه‌ای نیز از یک مطالعه موردی (تعیین توالی DNA میتوکندریایی اسکلت‌های دوره ایلام میانه) برای تشخیص و تعیین هاپلوگروپ میتوکندریایی این اسکلت‌ها در پایان کتاب آورده شده است و خوانندگان در این قسمت نتایج مباحث نظریه‌ای را در یک آزمایش عملی مشاهده خواهند کرد. بدون شک کاستی‌هایی در متن باقی مانده است که از چشم تیزبین خوانندگان پنهان نخواهد ماند. امیدواریم نواقص آن را در چاپ‌های آتی با راهنمایی‌های محققان گران‌قدر باستان‌شناسی، برطرف کنیم.

سپاس‌گزاری

در مراحل تحقیق و تدوین این نوشته دوستان و همکاران فراوانی کمک کردند که بدون همکاری آنان این نوشته شانس ظهور نمی‌یافت. باارزش‌ترین کمک‌های تحقیقی متعلق به آقای دکتر محمدتقی اکبری، استاد دانشگاه تربیت مدرس، است که نه تنها اجازه دادند کارهای آزمایشگاهی این تحقیق در آزمایشگاه تحت نظر ایشان و همکاران محترمشان صورت گیرد بلکه همواره راهنمایی‌های ایشان پیشبرد هرچه بهتر این کار را فراهم نموده است. ما صمیمانه از ایشان تشکر می‌نماییم. همچنین سپاس قلبی خود را از سرکار خانم نغمه لسانی، سرکار خانم هلال فرحزادی، سرکار خانم زهرا بهمنی، سرکار خانم سوزان صراحی و خانم دکتر شهره زارع، عضو محترم هیئت علمی دانشگاه آزاد اسلامی ورامین، که هم در آنالیزهای آزمایشگاهی کمک‌های شایانی نموده و هم در استخراج نتایج بسیار

مؤثر بوده‌اند، اعلام می‌داریم. از خانم دکتر مهسا درپندی، دانشجوی دکتری ژنتیک دانشگاه تهران، که پیوسته متن را اصلاح و رهنمودهای شایان توجهی ارائه می‌نمودند سپاسگزاریم.

همچنین تشکر ویژه ما از آقای دکتر بهزاد مفیدی نصرآبادی، استاد دانشگاه ماینز آلمان، که داده‌های باستان‌شناختی این تحقیق را تأمین نمودند و همچنین جناب آقای علی زلفی است که بی‌گمان بدون همکاری آنان این تحقیق از ابتدا شانس آغاز شدن را نمی‌یافت. از سرکار خانم دکتر مرضیه نیکنامی، محقق ژنتیک دانشگاه سیدنی استرالیا، به دلیل کمک‌ها و راهنمایی‌هایشان متشکریم.

ما بدین وسیله صمیمانه‌ترین تشکر خود را از مرکز تحقیق «سمت» و گروه پژوهشی باستان‌شناسی آن که چاپ این نوشته را امکان‌پذیر نمودند اعلام می‌داریم. از سرکار خانم دکتر سمیه کی‌پور که ویرایش محتوایی کتاب را به عهده داشتند سپاس‌گزاری می‌کنیم. همچنین از زحمات همه دست‌اندرکاران آماده‌سازی، تولید و چاپ در سازمان سمت به خصوص خانم‌ها مریم ربانی (ویراستار کتاب)، نوشین قبدیان، پری حیدری، کبری بیون، افسانه علیزاده و معصومه سادات رسول‌زاده سپاسگزاریم. در آخر نیز از سرکار خانم مهندس طاهره مشکینی که طرح زیبایی را برای جلد کتاب طراحی نمودند قدردانی می‌نماییم.