Iran Nanotechnology Laboratory Network

Iranian Journal of laboratory Knowledge

ISSN 2538-3450

Volume 9 ■ Issue 4 ■ Winter 2021 ■ No.36

Comparison of atomic force microscopy with some common methods in measuring surface roughness Abstract

Standardization, Quality tests, and Cleansing Methods to Reuse Face Masks Used in Coronavirus and Respiratory Diseases Outbreaks

Common diseases of farmed shrimp (Litopenaeus vannamei) and laboratory diagnostic methods

Genetic studies in ancient excavations (geoarchaeology)

Prediction of UCs Sterength of Limestone Using Neural Network and ANFIS (Case Study)

Determination of the Uncertainty Sources of Vicat Softening Temperature for Thermoplastic Material

www.IJLK.ir
info@ijlk.ir

مطالعات ژنتیک در کاوش‌های باستانی (ژئوآرکئولوژی)

نویسندگان
پرستو عرفان‌منش[1و3*]
سمیرا جهانداری[2و3]
*parastoo.erfanmanesh@yahoo.com

چکیده

یکی از معقوله‌های فرهنگی، بقایای استخوانی (جانوری یا انسانی) است که در سایت‌های تاریخی توسط باستان‌شناسان به‌دست می‌آید. شناسایی و نگهداری از آنها برای تعیین هویت و اصالت‌بخشی از قومیت‌های یک مجموعه بسیار حائز اهمیت بوده و شناسایی و تشخیص ویژگی‌های ژنتیکی آنها گامی اساسی در این راه است. DNA بدست آمده از بقایای باستان‌شناسی و دیرینه‌شناسی امکان بازگشت زمانی و مطالعه ارتباطات ژنتیکی ارگانیسم‌های انقراض یافته را با خانواده معاصر آنها فراهم می‌کند. این مساله دیدگاهی نوین در تکامل موجودات و توالی DNA آنها ارائه می‌دهد.

بررسی‌های بقایای باستان‌شناسی DNA باستانی باید به‌گونه‌ای انجام شود که بتوان با اطمینان از اعتبار نتایج سخن گفت؛ حال چالش بر سر سهولت این روندهاست به‌گونه‌ای که بتوان آنها را از آزمایشگاه‌های زیست‌شناسی مولکولی بیرون آورده و در محیط باستان‌شناسی و دستان دانشمندان باستان‌شناس قرار داد. مطالعه روی استخوان و اسکلت‌های باستانی را DNA باستانی[4] می‌نامند که در زمینه‌های مختلف از جمله جانورشناسی، گیاه‌شناسی، پزشکی قانونی و انسان‌شناسی و تبارشناسی استفاده می‌شود. در این مقاله در زمینه مسائل ذکر شده و همچنین این که از چه بخشی از سلول استفاده می‌شود، به‌طورتفصیلی‌تر صحبت خواهد شد. با توجه به آنکه DNA هسته از بین رفته است و نمی‌توان آن را استخراج کرد، بنابراین به‌منظور مطالعه در زمینه DNA باستانی، روی DNA میتوکندری در ناحیه loop-D صورت می‌گیرد.

واژه‌های کلیدی

ancent DNA، DNA میتوکندری، تبارشناسی، باستان‌شناسی.

مقدمه

امروزه بر همگان مشخص است که زیست‌فناوری، راهگشای بسیاری از مشکلات جوامع بشری در حوزه‌های مختلف به ویژه پزشکی، کشاورزی محیط‌زیست، اقلیم‌شناسی و باستان‌شناسی است و این فناوری در برخی از کشورها توانسته است روند توسعه در این حوزه‌های علمی و پژوهشی را بسیار تسریع کند. اما قدم نخست و شرط اساسی در استفاده از آن در فرآیند توسعه، تشخیص و ارزیابی مشکلات و نیازمندی‌ها و به دنبال آن تعیین الویت‌های پژوهشی در حوزه‌های مختلف علمی است.

با در نظر گرفتن اینکه فرهنگ هر ملت به‌طور اهم باید حفاظت و صیانت شود، استفاده از علوم زیستی در شناخت و حفظ آن بسیار لازم و اساسی است. حفظ ارزش‌های فرهنگی به مثابه شناخت هویت تاریخی هر ملت یکی از مسائلی است که در هر کشور باید مدنظر قرار گیرد و جزء الویت‌های اصلی نهادهای ذیربط باشد.

یافته‌های حاصل از کاوش‌های باستان‌شناسی سوالاتی را در ذهن ما ایجاد می‌کند که شناخت و تجزیه و تحلیل آنها می‌تواند جهت و سمت و سوی پژوهش‌های زیستی را در دوره‌های مختلف تاریخی و در شاخه‌های متعدد ایجاد نماید. البته باید همیشه این پرسش را در نظر گرفت که انتخاب هر کدام از رشته‌های زیستی در چه حوزه‌هایی از باستان‌شناسی می‌تواند راه گشا باشد. هر چند ممکن است حوزه در نظر گرفته شده در کوتاه مدت، پاسخی در خور سوال‌های کلان باستان‌شناسان نباشد ولی می‌تواند در دراز مدت سوال‌ها و ابهام‌های زیادی را برای ما حل و فصل نماید.

یکی از معقوله‌های فرهنگی، بقایای استخوانی (جانوری یا انسانی) است که در سایت‌های تاریخی توسط باستان‌شناسان به‌دست می‌آید. شناسایی و نگهداری از آنها برای تعیین هویت و اصالت‌بخشی از قومیت‌های یک مجموعه بسیار حائز اهمیت بوده و شناسایی و تشخیص ویژگی‌های ژنتیکی آنها گامی اساسی در این راه است.

DNA بدست آمده از بقایای باستان‌شناسی و دیرینه‌شناسی، امکان بازگشت زمانی و مطالعه ارتباطات ژنتیکی ارگانیسم‌های انقراض یافته را با خانواده معاصر آنها فراهم می‌کند. این مساله دیدگاهی نوین در تکامل موجودات و توالی DNA آنها ارائه می‌دهد.

در این زمینه، استخراج DNA از نمونه‌های باستانی با توجه به شرایط محیط کاوش، شرایط اقلیمی منطقه و حتی مقدار استخوانی که از یک کاوش به‌دست می‌آید بسیار حائز اهمیت است؛ زیرا استانداردهای لازم برداشت DNA از بخش خاصی از استخوان از جمله موارد بسیار مهم در این زمینه است.

با این حال، بررسی روند تکاملی و پاسخ به سوالات زیستی و معیشتی در یک محوطه باستانی جزء سوال‌های اصلی هر باستان‌شناس است؛ در ادامه به تاریخچه مطالعات DNA باستانی و انواع کاربردهای مطالعات DNA باستانی می‌پردازیم.

▣ تاریخچه مطالعه DNA باستانی:

اصطلاح DNA باستانی برای اولین بار در مطالعات یافته‌های باستانی در سال ۱۹۸۰ بیان شد [۱] و از زمان کشف آن در سال ۱۹۸۹ روی مولکول‌های استخوانی یا مولکول‌های حفظ شده در بافت‌ها مورد مطالعه قرار گرفت [۲]؛ آن طور که انتظار می‌رفت DNA باستانی تاثیر بسزایی بر باستان‌شناسی نگذاشت. این مساله شاید به دلیل اقدامات پیشگیرانه دقیقی بود که باید برای جلوگیری از آلودگی انسانی نمونه‌ها با DNA مدرن انجام می‌شد و تا سال ۱۹۹۵ درک درستی از آن صورت نگرفت [۲]. از گزارش‌های منتشر شده قبل از این تاریخ در زمینه باستان‌شناسی و دیرینه‌شناسی به دلیل آنکه از روند آزمایش‌های استخراج نمونه‌های باستانی اطمینان نداشتند، نمی‌توانست سندی معتبر از آزمایش‌های باستانی آن منطقه باشد [۲]. حال چالش بر سر سهولت این روندهاست به‌گونه‌ای که بتوان آنها را از آزمایشگاه‌های زیست‌شناسی مولکولی بیرون آورده و در محیط باستان‌شناسی و دستان دانشمندان باستان‌شناس قرار داد.

▣ aDNA چیست؟

DNA به دست آمده از بقایای باستان‌شناسی و دیرینه‌شناسی امکان بازگشت زمانی و مطالعه ارتباطات ژنتیکی ارگانیسم‌های انقراض یافته را با خانواده معاصر آنها فراهم می‌کند. این مساله دیدگاهی نوین در تکامل موجودات و توالی DNA آنها ارائه می‌دهد. در انجام این فعالیت علمی در حوزه باستانی، مشکلات علمی زیادی از لحاظ برداشت نمونه تا انجام آزمون‌ها با شرایط هر منطقه باستانی وجود دارد.

از زمان ظهور روش‌هایی که موجب شناسایی توالی DNA می‌شود، مطالعات تکاملی مربوط به مقایسه توالی DNA موجودات زنده امری متداول شده‌است. اما توالی DNAهای معاصر تنها به ارائه شواهد غیر مستقیمی از فرآیندهای تاریخی که منجر به شکل‌گیری آنها در طول دوره‌های زمانی شده‌است، می‌پردازد. مطالعه DNA ارگانیسم‌های بی‌جان، راهی جزئی برای خروج از این مخمصه بوده تا بتوان درک صحیحی از روند تکاملی یافت؛ تنها مطالعه مولکولی و بررسی DNA باستانی از استخوان‌های یک محوطه می‌توانند به ما کمک کنند [۳ و ۴].

▣ برنامه کاربردی aDNA

مطالعه روی استخوان و اسکلت‌های باستانی را aDNA می‌نامند که در سال‌های اخیر گسترش یافته است. مطالعه و تحقیق در زمینه‌های مختلف aDNA وجود دارد که به ترتیب به هرکدام می‌پردازیم.

مطالعه یافته‌های مختلف باستانی و سوالات مختلف که در حین کاوش برای باستان‌شناس مطرح می‌شود، زمینه‌های مختلف علمی را به وجود می‌آورد که می‌توان به موارد ذیل اشاره کرد:

۱. یافته‌های جانوری:

بررسی aDNA در زمینه مطالعه استخوان‌های جانوری، در باستان‌شناسی مورد استفاده قرار می‌گیرد و باعث حل شدن مسائل تکامل، زیست محیطی و دیرین جغرافیاشناسی مناطق می‌شود.

۲. یافته‌های گیاهی، دانه‌ها و گرده‌های گیاهی از محوطه:

مطالعه روی یافته‌های گیاهی که از یک کاوش باستانی به‌دست می‌آید، می‌تواند در مطالعات زیست محیطی و گونه‌های فصلی گیاهان آن منطقه به ما کمک نماید. به‌علاوه، مطالعات گیاهی در یک کاوش باستانی در زمینه قدمت آن منطقه اطلاعات مفیدی به ما می‌دهد.

۳. بررسی آسیب‌ها و علت مرگ در گورهای دسته جمعی:

برای درک بهتر نوع و علت مرگ و مطالعه روی بیماری‌های باستانی بسیار سودمند است.

۴. بررسی‌های پزشکی قانونی:

می‌توان به قربانیان جنگ ویتنام و یا قربانیان بلایای طبیعی که از این مطالعات استفاده شد، اشاره نمود. بررسی و مطالعات در این بخش بسیار سودمند است.

۵. در زمینه انسان‌شناسی

بررسی DNAa می‌تواند در زمینه مطالعه بقایای اسکلتی یافت شده از منطقه باستانی مورد استفاده قرار گیرد.

به‌طور کلی می‌توان در زمینه مطالعات DNA این را بیان نمود که مطالعات در بررسی‌های یک محوطه تاریخی در یک گور دسته جمعی در زمینه روابط خویشاوندی، بررسی قومیت‌ها و اجداد مشترک اطلاعات سودمندی حاصل می شود.

▣ کلون‌سازی ژن‌ها و آنالیز DNA در علوم مختلف و باستان‌شناسی:

کاربرد زیست‌شناسی مولکولی در مراکز جنایی، بیشتر مربوط به امکان استفاده از آنالیز DNA برای شناسایی افراد از روی نمونه مو، خون و دیگر بقایای صحنه جرم است. به‌طور کلی، به این روش‌ها انگشت‌نگاری ژنتیکی[5] می‌گویند که البته با توجه به فرآیندهایی که امروزه انجام می‌شود، بهتر است آن را DNA پروفایلینگ[6] نامگذاری کنیم [۵].

انگشت نگاری ژنتیکی تنها به آنالیز هیبریداسیون توالی تکراری پراکنده محدود بوده که البته دارای محدودیت‌هایی است. با استفاده از پروفایلینگ DNA مشکلاتی که در این حوزه وجود دارد برطرف می‌شود. استفاده از توالی خاص موجود در آن که به نام STR[7] (از نشانگرهای میکروستلایت) خوانده می‌شود، این محدودیت‌ها را برطرف می‌کند [۵].

پروفایلینگ DNA در مطالعات آنالیزهای فامیلی بسیار رایج و متداول است و در آن رابطه والدین – فرزندی بررسی می‌شود. مثال بسیار جالب در استفاده از پروفایلینگ DNA برای بررسی فامیلی، در دهه ۱۹۹۰ روی استخوان‌های نیکولا انجام شد. وی آخرین تزار روسیه بود. تزار نیکولای دوم در طی انقلاب روسیه سرنگون شد و به همراه همسرش شاهدخت آلکساندرا و پنج فرزندش زندانی و در سال ۱۹۱۸ اعدام شدند. بعد از افول کمونیسم، اجساد این خانواده را تصمیم گرفتند که در مکان مناسب‌تری دفن نمایند. ۹ اسکلت در گور پیدا شده بود و باید مشخص می‌شد که کدام از آنها متعلق به خانواده سلطنتی است؛ برای همین منظور، DNA از آنها استخراج شد تا بتوان نسبت فامیلی در آنها را مورد ارزیابی قرار داد. محققان توانستند به نتایج لازم دست یابند. بعد از کشته شدن جمعی رومانوف‌ها، افرادی پیدا شدند و ادعای رابطه خویشاوندی با این خانواده نمودند، ولی بررسی توالی DNA میتوکندریایی توانست ادعاهای آنها را با دلایل علمی ابطال کند [۵].

▣ تفاوت میان باستانی DNA و مدرن:

DNA یک مولکول پایدار نیست و اگر سلول‌ها سیستمی برای ترمیم مولکول‌های DNA که با حمله عوامل شیمیایی و فیزیکی آسیب دیده‌اند نداشتند، زندگی امری غیرممکن می‌شد. یکی از مخرب‌ترین عوامل فیزیکی، گرما است؛ گرما مولکول‌های آبی را که محکم به DNA چسبیده‌اند به شکافتن پیوند کووالانسی تحریک می‌کند، پیوندی که اجزای اساسی متمایز نوکلئوتید را به بقیه ساختار پیوند می‌دهد. همین عامل سبب ناپایداری و تجزیه شده و در نتیجه رشته DNA در نقطه حمله، شکسته می‌شود. هر روزه حدود ده هزار مورد از این موارد در DNA هر سلول انسان رخ می‌دهد، اما در سلول‌های زنده حداقل نه هزار و نهصد و نود و نه مورد، پیش از شکسته شدن رشته، ترمیم می‌شوند. پس از مرگ، فرآیندهای ترمیم متوقف شده و شکستگی رشته‌ها بدون کنترل رخ می‌دهد. شکستگی رشته‌ها در نمونه‌های مرطوب سریعتر از نمونه‌های خشک رخ می‌دهد [۲] اما قطعه قطعه شدن گسترده DNA حتی

در نمونه‌های خشک نیز صورت می‌گیرد، نمونه‌های این چنینی در بقایای گیاهان بیابان قصر ایبریم[8] در مصر علیا دیده شده‌است [۱]. براساس آزمایش‌های انجام شده با DNA در محلول آبی، میزان تکه تکه شدن پیش‌بینی شده‌است [۱] اما اثرات شرایط حفاظت شده، که البته ممکن است در طول زمان تغییر کند، هرگز مورد بررسی قرار نگرفته است. حتی این موضوع مشخص نیست که آیا تکه تکه شدن (شکستن) با نرخی یکنواخت رخ می‌دهد یا همان‌طور که برخی از مشاهدات اولیه نشان داده است [۱ و ۲] بلافاصله پس از مرگ سریع‌تر انجام می‌شود. امر مسلم این است که مولکول‌های DNA باستانی بسیار کوتاه‌تر از همتایان مدرن خود هستند.

طول کوتاه مولکول‌های DNA باستانی مشکل جدی به شمار نمی‌آید؛ زیرا اطلاعات کافی برای شناسایی ویژگی‌های زیستی مانند جنسیت و برای پی بردن به خویشاوندی و قرابت را به‌طور معمول می‌توان از مولکول‌هایی به درازای ۱۰۰ تا ۱۵۰ جفت به‌دست آورد. حتی اگر تعداد مولکول‌هایی با این طول در حال حاضر بسیار کم باشد، می‌توان آنها را با روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز[9] مورد مطالعه قرار داد، که در نتیجه آن نسخه‌های متعددی از یک منطقه مشخص شده از ژنوم ساخته می‌شود [۶].

از زمان ظهور روش‌هایی که به توالی سریع DNA کمک می‌کنند، مطالعات تکاملی مربوط به مقایسه توالی DNA موجودات زنده به سهولت انجام می‌شود که یکی از این روش‌ها بارکد DNA[10] است [۷ و ۸].

▣ از بین رفتن DNA در موجود زنده؛ پوسیدگی DNA پس از مرگ:

وقتی ارگانیسمی می‌میرد، DNA آن توسط آندونوکلئاز کاهش می‌یابد. در بهترین شرایط عوامل محیطی از جمله تغییرات ناگهانی دمایی، غلظت‌های نمک و یا خشک بودن اقلیم هوایی در محیط که جزء کمترین آسیب‌های محیطی به حساب می‌آید سبب شده نوکلئازها از بین بروند و یا قبل از تغییر اسید نوکلئیک به مونونوکلئوتید غیرفعال تبدیل شوند که همین امر باعث از بین رفتن DNA البته با سرعت پایین‌تر نسب به سایر عوامل می‌شود؛ اگر این چنین شود فرآیندهای کندتر اما بی‌وقفه بر DNA تاثیر می‌گذارند.

به‌عنوان مثال، اکسیداسیون و همچنین تابش مستقیم و غیر مستقیم اطراف باعث تغییر ستون‌های DNA براساس بازهای نیتروژنی و قندهای فسفاتی می‌شوند. به علاوه دآمیناسیون، دپورینه شدن و دیگر فرآیندهای هیدرولیتیک باعث بی‌ثباتی و شکست مولکول‌های DNA می‌شوند. تمامی این فرآیندها مشکلاتی را برای بازیابی توالی DNAهای باستانی به وجود می‌آورند. البته فرآیند گذشت زمان و همچنین اندک بودن مقدار DNAهای باستانی در نمونه‌های باستانی از دیگر مشکلات پیش روی است.

به علاوه، بزرگترین مشکلات به هنگام مطالعه بقایای انسانی به وجود می‌آیند. این بدان دلیل است که DNA انسان در محیط آزمایشگاه‌ها و موزه‌ها شایع هستند و به سادگی نمی‌توان آن را از بقایای DNA باستانی متمایز کرد. مطالعه حیوانات باستانی با مشکلات کمتری روبه‌رو است چرا که درصورت انقراض، شاهدی بر صحت خود بوده و با وجود جدایی از گونه‌های موجود در همان طبقه‌بندی با آنها مرتبط هستند. اطلاعات ژنتیکی که از DNA استخوان‌های انسانی به‌دست می‌آیند می‌توانند به مطالعه ارتباطات موجود بین اقوام و در ابعاد کوچک‌تر، گروه‌ها و افراد مدفون در یک گورستان کمک کنند؛ به علاوه می‌تواند در تعیین جنسیت اسکلت‌ها مفید باشد. در مطالعه پالئوپاتولوژی روی نمونه‌های استخوانی می‌توان به بیماری‌های ارثی و همچنین بیماری‌های عفونی که سبب آلودگی DNA موجود در استخوان‌ها شده‌اند پی برد [۵ و ۶].

به‌عنوان مثال، نسبت بالای سیتوزین و تیمین باقیمانده در عصاره بافت‌های قدیمی طی اکسیداسیون، تبدیل به هیدانتوئین[11] (زیست‌کش) شده و موجب می‌شود که پلیمرها در DNA و در نتیجه PCR1[12] (واکنش زنجیره‌ای پلیمراز) مسدود شود. به علاوه، دآمیناسیون محصول سیتوزین امری طبیعی در DNA باستانی است. با گذشت زمان، مجموع آسیب‌های وارد شده به DNA به حدی گسترده خواهد شد که هیچ مولکول مفیدی بر جای نخواهد ماند. با فرض غلظت نمک فیزیولوژیکی و PH خنثی و دمای ۱۵ درجه سانتیگراد حدود ۱۰۰۰۰۰ سال طول می‌کشد که آسیب هیدرولیتیک، تمامی DNAهای قابل بازیابی را نابود سازد. برخی شرایط محیطی مانند دمای پایین، این محدوده زمانی را گسترده‌تر می‌کند اما برخی شرایط نیز آن را کاهش می‌دهد. اما تا جایی که ما می‌دانیم تکثیر مولکول‌های DNA بالای یک میلیون سال پیش، بیش از حد خوش‌بینانه است.

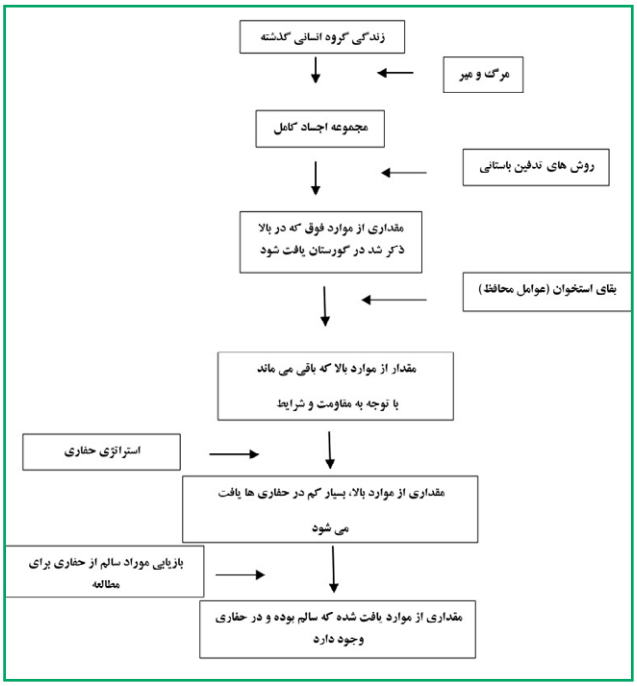
▣ ساختار و ماهیت یک مجموعه استخوانی باستانی:

راه‌های مختلفی که برای تدفین به‌طور معمول توسط گروه‌های مختلف مردم در نقاط مختلف جهان به کار می‌روند مانند رها کردن جسد در رودخانه‌ها، قرار دادن اجساد روی درخت‌ها و یا نقاط بلند، و یا رها کردن اجساد برای خورده شدن توسط حیوانات وحشی، بقایای کمی را برای ثبت در مطالعات باستان‌شناسی به جا می‌گذارند. فقط در مواردی که آئین‌های تدفین منجر به قرار دادن بقایای انسانی در زیر خاک یا داخل معابد شده باشد، می‌توان آنها را پس از گذشت قرن‌ها پیدا نمود تا توسط باستان‌شناسان مورد

بررسی قرار گیرند. در بسیاری از موارد، عمل تدفین شامل دفن کامل جسد است، لذا هنگامی که توسط باستان‌شناسان مورد کاوش قرار می‌گیرد یک اسکلت کامل پیدا خواهد شد. در سایر موارد ممکن است دستکاری‌هایی قبل از دفن روی جسد صورت گرفته باشد. به‌عنوان مثال، در صورتی که تغییرات و جابجائی‌هایی پس از دفن رخ نداده باشد، برخورد با استخوان‌های به هم آمیخته و فاقد ارتباط مفصلی با هم نشان دهنده فساد شدید در بدن و یا جدا شدن استخوان‌ها از بدن قبل از مرگ است. چنانچه بعداً خواهیم دید این نوع از تدفین‌ها توسط برخی از جوامع اولیه انسانی مورد استفاده قرار می‌گرفت. یافته‌های باستان‌شناسی استخوان‌های سوخته انسانی نشان می‌دهند که سوزاندن اجساد نیز یکی از روش‌هایی بوده است که از ادوار باستانی تا کنون مورد استفاده قرار می‌گرفت.

قبل از اینکه سعی کنیم با استفاده از جمع‌آوری استخوان‌های انسانی از یک محوطه باستانی اطلاعاتی را در مورد گذشته گروه‌های انسانی به‌دست آوریم، لازم است رابطه بین این نمونه‌ها و گروه‌های انسانی دوران باستان که از آنها به‌دست آمده‌اند را معین کنیم. عواملی که در تخریب نمونه‌های استخوان‌های انسانی به‌دست آمده به دو گروه تقسیم می‌شوند:

- دسته اول: عواملی هستند که باستان‌شناسان دخالتی در آنها ندارند، مانند الگوهای مرگ و میر در گروه‌های باستانی انسانی، شکل و چگونگی تدفین اجساد و یا از بین رفتن استخوان‌ها به دلیل قرار گرفتن در خاک.
- دسته دوم: عواملی هستند که چگونگی حفاری و به روش‌های آن بستگی دارند و به میزان کم و بیش توسط باستان‌شناسان کنترل می‌شوند (شکل (١)) [٩].



شکل (١): عوامل موثر در مجموعه استخوان‌های حفاری شده [٢].

▣ جمع‌آوری استخوان‌های انسان از محوطه‌های باستانی:

بیشتر تدفین‌های انسانی که در محوطه‌های باستانی به‌دست می‌آیند به شکل اسکلت‌های کامل و منظم هستند. هنگام کاوش یک اسکلت سالم، خاک موجود در قبر باید به دقت با استفاده از یک بیلچه و برس دستی خارج شود. هنگامی که اسکلت نمایان شد باید دقت بسیار کرد تا وضعیت هیچکدام از استخوان‌ها تغییر نکند. خاک موجود روی استخوان‌های کوچک و ظریف یا شکننده را می‌توان به کمک یک قلم موی کوچک یا وسائل و ابزار دندان‌پزشکی پاک کرد. در پایان این مرحله باید یک اسکلت تمیز و دست نخورده به‌دست آید.

در ابتدا از اسکلت به همان صورت مستندسازی می‌شود و سپس با دقت فراوان در حالی که استخوان‌ها به آرامی با دست برداشته می‌شوند، در محفظه یا جعبه مخصوص نگهداری استخوان قرار داده می‌شوند، در عین حال باقیمانده خاک یا بقایای چسبیده به آنها تا حد ممکن تمیز می‌شوند. استخوان‌های مربوط به یک جسد سالم باید از بقیه اشیاء یا لوازمی که همراه جسد در گور قرار گرفته‌اند، جدا شود و اگر در یک گور بیش از یک جسد وجود داشته باشد باید دقت کرد تا استخوان‌های اجساد مختلف با هم مخلوط نشوند. زیرا اگر استخوان‌های چند اسکلت با هم درآمیزند، در آن صورت جدا کردن آنها به‌صورت کامل و صحیح کاری بسیار مشکل خواهد بود.

این مسئله ثابت شده‌است که وقتی اشیاء باستانی با دست مورد کاوش قرار می‌گیرند اشیاء بسیار کوچک معمولاً فراموش شده و به‌دست نمی‌آیند. هنگام کاوش دستی برای خارج کردن بقایای انسانی این امر اجتناب‌ناپذیر است که برخی از استخوان‌های کوچک، اجزاء استخوانی و یا دندان‌های شل شده و افتاده جمع‌آوری نشوند. الک کردن خاک باقیمانده در گور می‌تواند برای این اجزاء مفید باشد [٩].

▣ فعالیت‌های میکرو ارگانیسم‌های ساکن در خاک:

استخوان دفن شده ماده‌ای است که می‌تواند به علت عمل میکرو ارگانیسم‌های ساکن در خاک مانند قارچ‌ها، باکتری‌ها و یا جلبک‌ها دچار تخریب شوند. میکرو ارگانیسم‌ها به استخوان حمله کرده و سبب تخریب کلاژن آن می‌شوند. این امر سبب تولید مشتقات اسیدی خواهد شد که منجر به حل شدن مواد معدنی استخوان شده و مناطقی از تخریب استخوانی را به‌صورت میکروسکوپی در سطح استخوان ایجاد خواهد کرد.

▣ تاثیرات حفاظت و عوامل بازسازی بر وضعیت نمونه‌های باستانی:

علاوه بر عوامل مرتبط با محیط دفن، بقای استخوان

به مقاومت داخلی خود استخوان نیز وابسته است. به دلیل تفاوت مقاومت استخوان‌ها نسبت به تخریب و فساد، عواملی که سبب انهدام استخوان‌ها در خاک می‌شوند قادر خواهند بود تغییراتی در نمونه‌ها ایجاد و یا سبب انهدام آنها شوند. به‌طور معمول عنوان می‌شود که استخوان‌های نازکتر و شکننده‌تر جوانان و بویژه کودکان کمتر در خاک سالم می‌مانند؛ از این رو، در نمونه‌های اسکلتی کمتر مشاهده می‌شوند. مطالعات در خصوص پایداری استخوان‌ها و اسیدیته خاک نشان می‌دهد که پایداری استخوان‌های جوان در مقایسه با استخوان‌های افراد بالغ با افزایش اسیدیته خاک کاهش بیشتری می‌یابد. آنها همچنین متوجه شدند که سن، هنگام مرگ افراد نابالغ با میزان بقای استخوان‌ها مرتبط است و هر چه سن فرد کمتر باشد میزان بقای استخوان‌ها کمتر خواهد بود.

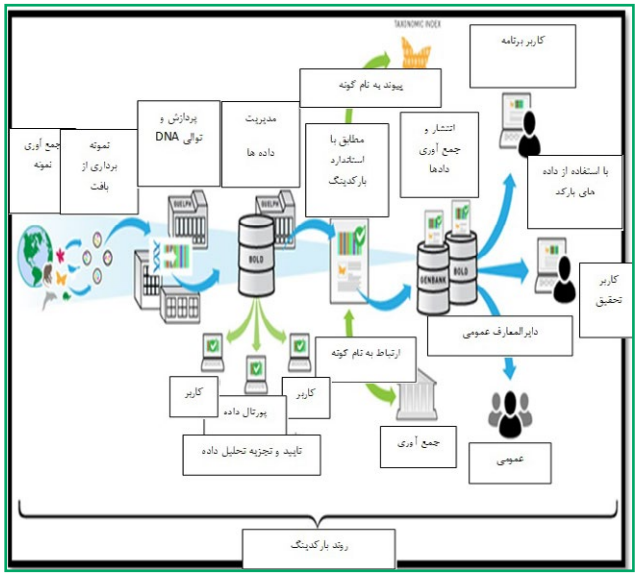
استخوان‌های اسفنجی نسبت به استخوان کورتیکال سریع‌تر تخریب می‌شود. استخوان ترابکولار نسبت به استخوان کورتیکال استعداد بیشتری برای واکنش‌های شیمیائی در خاک از خود نشان می‌دهد که یکی از دلایل این امر می‌تواند سطح بیشتر این استخوان باشد که زمینه کافی برای تبادلات شیمیائی را بین خاک و استخوان مهیا می‌کند. یکی از مشاهدات تائید کننده، این نظریه است که در خاک‌های مخرب استخوان، به‌طور معمول قسمت متراکم و سفت استخوان‌های دراز سالم باقی می‌ماند در حالی که قسمت انتهایی استخوان که به‌طور معمول ترکیبی از استخوان ترابکولار هستند منهدم و تخریب شده‌اند [۹].

DNA barcoding:

سیستمی نوین برای شناسایی گونه‌ها با استفاده از بخش کوچکی از DNA به‌عنوان بخش استاندارد ژنوم تعریف می‌شود (هبرت و همکاران ۲۰۰۳؛ Stoeckle۲۰۰۳). DNA barcoding ابزاری جدید برای شناسایی نمونه‌های زیستی و بررسی تنوع گونه‌ای بوده که دارای اهدافی مشخص است:

- ایجاد مرجعی کامل در مورد تنوع گونه‌ای؛
- در دسترس بودن آن برای همه؛
- استفاده از مزایای بهینه این علم، در سطوح مختلف.

DNA barcoding روش علمی جدیدی در تحقیقات محسوب می‌شود. DNA barcoding توالی‌های کوتاه ژنی هر ارگانیسمی را به خوبی می‌تواند شناسایی کند و در نهایت، موجب شناسایی گونه‌ای که گیاه، جانور و یا قارچ به آن تعلق دارد، می‌شود. کنسرسیوم بارکد حیاتی[۱۳] در حال انجام برنامه‌ای است تا بتواند تمامی تنوع‌های زیستی در سرتاسر جهان را شناسایی نماید و اطلاعات را در بانکی ذخیره کند. بدین ترتیب که توالی‌های گونه‌ها را شناسایی کرده و هرگاه محققین در جهان با گونه‌ای برخورد کردند از طریق DNA barcoding آن نمونه مجهول، با اطلاعات DNA barcoding مرجع مقایسه نموده و نمونه مورد بررسی خود را شناسایی کنند (شکل (۲))



شکل (۲): گستردگی بارکدینگ و استفاده آن در زمینه‌های مختلف [۱۰].

DNA barcoding منعکس کننده تنوع فرا و میان گونه‌ای است و از طریق فاصله‌ای که «شکاف (گپ) DNAbarcoding» خوانده می‌شود، تعیین می‌شود. ایده اصلی استفاده از DNA barcoding در تمامی جانوران تک یاخته‌ای با استفاده از یک یا چند مشخصه بود (شکل (۳)).

شکل (۳): بارکدهای DNA همه موجودات زنده را شناسایی می‌کند [۱۱ و ۱۲].

یکی از مولفه‌های اصلی DNA barcoding، امکان استفاده از آن در تمامی مراحل زندگی و جنسیت‌ها برای شناسایی ارگانیسم‌ها از روی بخش‌ها یا تشخیص ماتریسی از تلفیق گونه‌های زیستی است. به زودی DNA barcoding با دو هدف انجام خواهد شد:

۱. تشخیص مولکولی گونه‌های یافت شده؛
۲. کشف و توصیف گونه‌های مجهول.

برای اولین بار از طریق DNA barcoding می‌توان در دسته‌بندی، حالت تعمیمی را ایجاد کرد که به دانشمندان عرصه‌های مختلف این امکان را می‌دهد که در چارچوبی واحد فعالیت کنند [۱۳ و ۱۴].

با گذشت چند سال، DNA barcoding از رویا به واقعیت رسیده است. در برخی گزارش‌های اولیه، DNA barcoding به‌عنوان وسیله‌ای برای دستیابی به رویای جین رادنبری نویسنده رمان جنگ ستارگان (خلق ابزاری برای شناسایی ارگانیسم‌ها) خوانده شد؛ DNA barcoding مشابه تریکوردر داستانی است. حال با گذشت چند سال، ما در سفینه‌ای فضایی نیستیم اما DNA barcoding به شدت بر جوامع علمی تاثیرگذار بوده و رویکردی است که بسیار مورد استفاده قرار می‌گیرد [۴].

▣ انتخاب مشخصه‌ای مناسب در گونه‌ها برای DNA barcoding

■ نمونه‌های گیاهی:

همیشه تنها ناحیه coxI[14] به‌عنوان ناحیه بررسی DNA barcoding در گیاهان مورد بررسی قرار نمی‌گیرد. هنوز برای یوکاریوت‌ها نواحی استاندارد مشخصی وجود ندارد؛ به‌عنوان مثال، برای قارچها در بخش هسته‌ای ITS[15] مورد بررسی قرار می‌گیرد و ITS مشابه coxI است. همچنین برای گیاهان، از ژنوم پلاستید برای DNA barcoding استفاده می‌شود. از ژن‌های پلاستیدی که به‌عنوان نواحی استاندارد است می‌توان به rpoB[16]، rpoC1[17] و bcL[18]r اشاره کرد. البته برای بررسی روند تکاملی از ناحیه matK استفاده می‌کنند.

■ نمونه‌های جانوری:

برای استخراج DNA از میتوکندری[19] استفاده می‌شود. عملکرد اصلی این ارگانل کروی یا میله‌ای شکل که صدها عدد از آن در یک سلول وجود دارد، فسفوریلاسیون اکسیداتیو است؛ انرژی شیمیایی موجود در مواد غذایی با عمل فسفوریلاسیون اکسیداتیو، به‌صورت پیوندهای پر انرژی در آدنوزین تری‌فسفات[20] ذخیره می‌شود و انرژی ذخیره شده را در فرآیند چرخه خود به ATP تبدیل می‌نماید. [۱۵].

▣ از کدام بخش از سلول در مطالعات باستانی استفاده می‌شود؟

ساختمان میتوکندری، شامل یک غشای میتوکندریایی خارجی و یک غشای میتوکندریایی داخلی، کریستاها و چین خوردگی‌های غشای داخلی هستند. این چین خوردگی‌ها سطح غشا را افزایش می‌دهند و به عبارتی دیگر، باعث افزایش فضا برای انجام واکنش‌های شیمیایی در غشای داخلی میتوکندری می‌شوند. ماتریکس؛ بستره میتوکندری مایع سیالی است که فضای درونی غشای داخلی را پر کرده است که حاوی مقدار فراوانی پروتئین، ملکول‌های حلقوی DNA میتوکندریایی و سه نوع RNA (rRNA- tRNA-mRNA) و همچنین دارای ریبوزوم است [۱۶].

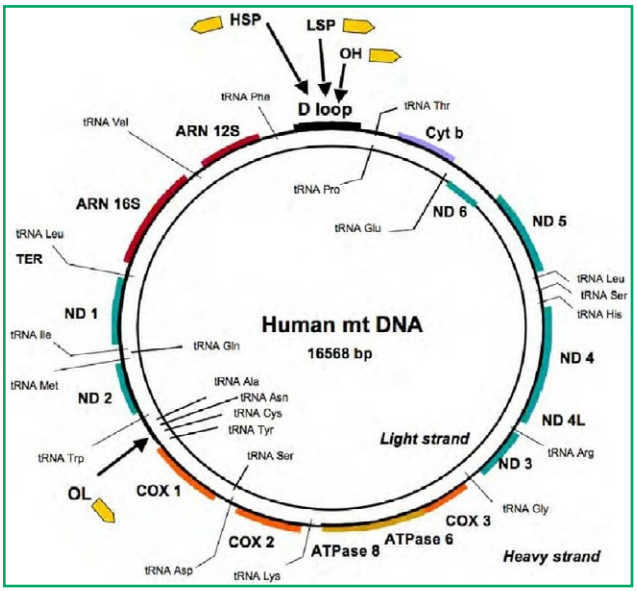
DNA میتوکندری، در درون ماتریکس قرار دارد که دارای ۱۶۵۶۹ جفت باز بوده و در حدود ۶۲ ژن در آن شناخته شده‌است.

mtDNA در تشخیص گونه‌ها و ترسیم رابطه فیلوژنتیکی دارای مزایایی است؛ از جمله این که به تعداد زیادی در هر سلول (تقریباً ۱۰۰۰ نسخه و بیشتر) وجود دارد و اندازه آن کوچکتر از DNA ژنومی است. mtDNA یک مولکول دو رشته‌ای بوده [۱۴] و ژنوم آن هاپلوئیدی است [۸]. در طول تولید مثل، نیمی از DNA فرزند از پدر و نیمی از مادر به‌دست می‌آید. با این حال، فرزند همیشه mtDNA خود را از مادر دریافت می‌کند. به همین دلیل، mtDNA برای ردیابی خطوط ژنتیکی در مطالعات تکاملی بسیار مفید است. mtDNA در مقایسه با DNA هسته‌ای کمتر دچار آسیب و تخریب در طی زمان می‌شوند؛ بنابراین، می‌توان در مطالعات باستان‌شناسی از آن استفاده نمود. ناحیه loop-D به سه ناحیه کنترلی کاملاً مشخص تقسیم می‌شود. قطعه آغازین یا ناحیه کنترل I(I-HVR) در انتهای ′۵، قطعه انتهایی یا ناحیه کنترل III(III-HVR) در انتهای ′۳ و قطعه میانی یا ناحیه کنترل II در بین دو ناحیه فوق قرار دارد. نواحی کنترل I و III دارای بالاترین میزان تغییرات نوکلئوتیدی در افراد مختلف هستند و به دلیل تکامل سریع، مطالعه توالی این نواحی در بررسی تنوع ژنتیکی و ارزیابی روابط میان گونه‌ها بسیار ارزشمند است، اما ناحیه کنترل II بیشتر توالی حفاظت شده‌ای دارد و دارای کمترین میزان تغییرات نوکلئوتیدی است [۳].

سرعت بالای تکامل mtDNA در مقایسه با DNA هسته‌ای، باعث شده از آن برای مطالعات تکاملی استفاده شود. DNA میتوکندری برخلاف ژنوم هسته‌ای، حلقوی و فاقد هیستون است. سازمان‌یابی ژنوم میتوکندری بیشتر شبیه پروکاریوت‌هاست. توالی‌یابی میتوکندری با مقایسه نوکلئوتیدها و مشخص شدن اختلاف بین توالی‌های مختلف، تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتایپ[21] تعیین می‌شود. با استفاده از این اطلاعات، رابطه فیلوژنتیکی و فیلوژئوگرافی گونه‌ها ترسیم می‌شود. به کمک این روش و همچنین استفاده از اطلاعات بانک ژن، تشخیص گونه و بررسی فرآیند اهلی‌سازی میسر می‌شود. به دلیل هاپلوئید بودن ژنوم میتوکندری و در نتیجه انجام نشدن فرآیند میوز، ژنوم میتوکندری قابلیت بالایی در مطالعات فیلوژنتیکی دارد.

mtDNA شبیه مولکول DNA پروکاریوت‌ها غنی از سیتوزین و گوانین است که نسبت G/C در mtDNA بیشتر از DNA هسته‌ای بوده و در نتیجه سنگین‌تر است. مقاومت و پایداری mtDNA در برابر حرارت بیشتر است و سریع‌تر به حالت اولیه خود باز می‌گردد. mtDNA سنتز بخشی از پروتئین‌های میتوکندری را هدایت می‌کند و قادر به رمز کردن همه پروتئین‌های میتوکندری نیست.

دو رشته mtDNA عدم تقارن معمولی در ترکیب بازهایشان دارند. زنجیره سنگین یا H غنی از پورین است، در حالی که زنجیره سبک یا L به‌طور قرینه غنی از پیریمیدین است. نام‌گذاری این دو رشته براساس جداسازی آنها در شیب غلظتی کلرید سزیوم است [۱۸]. میتوکندری دارای ۵ منطقه بوده که در شکل (۴) به‌طور کامل نشان داده شده‌است. در جدول (۱) نیز به ویژگی‌های ژنوم میتوکندری در جانوران، قارچها و گیاهان اشاره شده‌است [۱۴].



شکل (۴): نقشه فیزیکی mtDNA انسان [۶].

جدول (۱): انواع ویژگی‌های ژنوم میتوکندری در جانوران، قارچ‌ها و گیاهان [۱۴].

تنوع ژنوم‌های میتوکندری			
	جانوارن	قارچ	گیاه
اندازه	kb ۴۲-۱۴	kb ۱۸۰-۱۷	kb ۱۸۴-۲/۴
DNA غیرکد کننده	خیلی کم	متغیر	kb ۱۸۴-۲/۴
سرعت موتاسیون	زیاد	کم	خیلی کم
نوترکیب	×	✓/×	✓
اینترون	×	×	✓
کد ژنتیکی	×	اغلب	✓

نتیجه‌گیری

در حال حاضر این منصفانه نیست که از فناوری زیستی در توسعه میراث فرهنگی استفاده نشود، زیرا به کار بردن آن در شناخت فرهنگ اقوام ایرانی می‌تواند جایگاه‌های شاخص موجود در تاریخ ایران را برای ما نمایان سازد. از دستاوردهای شاخص آن، به‌دست آوردن و حفظ گوناگونی ژنتیکی به‌منظور توسعه و بررسی تغییرات ژنتیکی ایجاد شده در بین اقوام ایرانی در طی تاریخ با توجه به مهاجرت‌ها، جنگ‌ها و غیره می‌توان اشاره نمود.

امروزه استفاده از قابلیت‌های ویژه و کاربردی علم ژنتیک، ظرفیت‌های جدیدی در عرصه کاوش‌های باستانی بوجود آورده است که قادر بوده بخش زیادی از محدودیت‌های علوم رایج از جمله بررسی‌های مورفومتریک را مرتفع نماید و همچنین مطالعات مرتبط با تبارشناسی از جمله رخدادهای تکاملی، مهاجرت‌ها و سایر ویژگی‌های مرتبط با زندگی نیاکان را بر ما آشکار می‌نماید. همچنین از علم ژنتیک در باستان‌شناسی می‌توان در زمینه تعیین هاپلوگروپ و نژاد، بیماری‌ها، یافتن ارتباط‌های نسبی در گورهای خانوادگی و غیره استفاده نمود.

بنابراین، ایجاد یک بانک ژنتیک از DNAهای باستانی برای هر کشور با توجه با قابلیت‌های خاص آن می‌تواند برای حفظ ذخایر ژنتیکی آن کشور بسیار لازم و ضروری باشد. یکی از موارد اصلی حائز اهمیت در این بخش، جلوگیری از خارج شدن این ذخایر از کشور است. دوم آنکه می‌توان با بهره‌گیری از آن در دوره‌های مختلف باستانی و مقایسه آنها با قومیت‌های معاصر، تغییرات و تفاوت‌های ایجاد شده را پیدا نمود و در نهایت به سرچشمه مهاجرت‌های ایجاد شده در طول تاریخ رسید.

بانک ژنتیک از DNAهای باستانی می‌تواند میزان پیشرفت علمی و فرهنگی محدوده جغرافیایی هر قوم را در طول تاریخ معین نموده و میزان تاثیرگذاری فرهنگی بر اقوام مجاور و در نهایت بر پیشرفت تمدن بشری را مشخص نماید.

استفاده از ژنتیک در تشخیص نمونه‌ها، خطاها و کمبودهایی که در روش مورفومتریک وجود دارد را مرتفع می‌کند و در نتیجه، در زمینه روند تکاملی و تطور نوع بشر و بررسی زیستگاه و شرایط زندگی در دوره‌های مختلف می‌تواند مفید باشد. همچنین علم ژنتیک در باستان‌شناسی می‌تواند در زمینه فرهنگ، عقاید دینی، کشاورزی، آداب و رسوم، مراسم‌های تدفین، بیماری‌ها و غیره استفاده شود. امروزه از نشانگرهای مولکولی و به ویژه نشانگرهای مبتنی بر DNA به‌طور گسترده در بسیاری از زمینه‌ها از قبیل نقشه‌یابی و ردیابی ژن‌ها، تعیین جنسیت، بررسی تنوع ژنتیکی یا روابط ژنتیکی به کار می‌رود. روش‌های مبتنی بر DNA امروزه بهترین روش برای تمایز بین موجودات نزدیک به هم است.

البته ناگفته نماند در این مسیر علمی، به دلیل از بین رفتن ماهیت اصلی بقایای استخوانی به‌دست آمده از سایت‌های باستانی و همچنین نگهداری آنها در شرایط نامناسب در مخازن و سایر آسیب‌های محیطی، استخراج DNA از این اسکلت‌ها با دشواری‌های علمی و آزمایشگاهی مواجه است. ولی با تمام این مشکلات باید با برداشتن گام‌های مصمم و صحیح در این راه، این مشکلات را از پیش رو برداشت؛ زیرا هویت فرهنگی ما امانتی است بس عظیم که باید آن را در اختیار آیندگان گذاشته و از به یغما رفتن این ذخایر ژنتیکی جلوگیری کنیم.

خوشبختانه دستاوردهای علمی بسیاری از لحاظ ژنتیک در کشور ما وجود دارد و می‌توان با مشارکت‌های علمی با آنها و ایجاد روابط علمی با این مراکز و به کارگیری تخصص آنها در حفظ هویت ملی گام برداریم.

آزمایشگاه‌های ژنتیک بسیاری در سطح کشور وجود دارند که دارای تجربه‌های ارزنده‌ای در زمینه استخراج DNA هستند اما انجام این فعالیت علمی در حوزه باستان شناسی دارای اختصاصات و قراردادهای علمی و آزمایشگاهی خاص است. بنابراین، باید آزمایشگاه‌هایی به‌طور اختصاصی و جداگانه تاسیس نمود تا بتوان با کمک دانش آموختگان در حوزه ژنتیک مولکولی و ژنتیک انسانی مطالعات در حوزه ژنتیک باستان انجام داد. از سوی دیگر، می‌توان با استفاده از تجربه‌های همکاران در این زمینه، یک دستورالعمل و استاندارد کلی را برای باستان‌شناسان حوزه ژنتیک باستان ایجاد نمود.

پی‌نوشت

۱. کارشناس ارشد سلولی تکوینی، پژوهشگر و مسئول آزمایشگاه فرسودگی زیستی، پژوهشکده حفاظت و مرمت آثار تاریخی- فرهنگی پژوهشگاه میراث فرهنگی و گردشگری.

۲. کارشناسی ارشد بیوشیمی عمومی. شرکت پارسیان بهینه پایش - بندرعباس

۳. عضو کارگروه تخصصی زیست‌فناوری

4. Ancient DNA (aDNA)
5. Genetic fingerprinting
6. DNA profiling
7. Short Tandem Repeat
8. Ibrim
9. Polymerase chain reaction (PCR)
10. DNA barcoding
11. Hydantoin
12. Polymerase Chain Reaction
13. Consortium for the Barcode of Life (CBOL)

۱۴. نوعی پروتئین که به‌طور عمده در شبکه آندوپلاسمی یافت می‌شود.

15. Internal Transcribed Spacer

۱۶. ناحیه ژنی در سویه‌های مایکوباکتریوم توبرکلوزیس

۱۷. ماکر (نشانگر) ژنی

۱۸.مارکر (نشانگر) ژنی

19. Mitocondria
20. Adenosine triphosphate (ATP)
21. haplotype

مراجع

[1] Thomas RH, Schaffner W, Wilson AC, Pääbo S: DNA phylogeny of the extinct marsupial wolf. Nature 1989, 340:465–467.

[2] Hand book of archaeological science. D.R Both well & D.R A.M Pollard

[3] Ghovvati, S., M. R. Nassiri, S. Z. Mirhoseini, A. H. Moussavi, and A. Javadmanesh. 2009. Fraud identification in industrial meat products by multiplex PCR assay. Food Control, 20: 696-699

[4] Biological identificationsthrough DNA barcodes.

[۵] براون، ترنس اوستن، ۱۳۹۲. مقدمه‌ای بر کلون‌سازی ژن و آنالیز DNA. خانه زیست‌شناسی.

[6] Maria Cristina*, Maria Giuseppina, Mitochondrial D-loop sequence variation among Italian horse breeds,2004. Genet. Sel. Evol. 36 (2004) 663–672.

[7] Michael Hofreiter, David Serre, Hendrik N. Poinar,Melanie Kuch and Svante Pääbo. ANCIENT DNA.2001.

[8] Kim S, Soltis DE, Soltis PS, Sue Y: DNA sequences from Miocene fossils: an ndhF sequence of Magnolia latahensis (Magnoliaceae) and an rbcL sequence of Persea pseudocarolinensis (Lauraceae). Am J Bot 2004, 91:615–620

[۹] می ز، سایمون؛ باستان‌شناسی استخوان‌های انسان، ترجمه مازیار اشرفیان بناب، تهران: سازمان میراث فرهنگی کشور (پژوهشگاه)، پژوهشکده باستان‌شناسی، ۱۳۸۱.

[10] www. sta.uwi.edu.(Dr. Sephra Rampersad, Amanda Ramdass, VijaiRamdhan, Stephen Narine, Ria Villafana, Jonathan Ramtahal, Dr. AzadMohammed.

[11] boomersinfokiosk.blogspot.com

[12] www. zon.trilinkbiotech.com

[13] www.fermentas.com/techinfo/pcr/pcrprotocolpfu.htm

[14] dan barcoding detects contamination and substitution in north American herbal products.

[15] www.DNA barcodes.org.

[16] Johannes Kraus. What is New in Ancient DNA?.2010

[17] George Klein. Ancient DNA: Extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification.1989

[18] Naderi, S, H. R. Rezaei, P. Taberlet, S. Zundel, S. A. Rafat, H. R. Naghash, M. A. el-Barody, O. Ertugrul, F. Pompanon, and Econogene Consortium. 2007. Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. Plos one. 10:1-10.

Genetic studies in ancient excavations (geoarchaeology)

Authors

Parastoo erfanmanesh[1,3]*

samira jahandari[2,3]

* parastoo.erfanmanesh@yahoo.com

1. Master of Microbiology and Biology Laboratory of Research Institute of Cultural Heritage and Tourism

2. Master of General Biochemistry from Ferdowsi University of Mashhad, Parsian Behineh Payesh Co. Bandar Abbas

3. Member of Biotechnology Working Group

Abstract

One of the cultural rationales is the bone remains (animal or human) found by archaeologists at historical sites. Identifying and preserving them is very important to determine the identity and authenticity of an ethnic group, and identifying and recognizing their genetic characteristics is a key step in this direction. DNA from archaeological and paleontological remains makes it possible to go back in time and study the genetic relationships of extinct organisms with their contemporary families. This offers a new perspective on the evolution of organisms and their DNA sequences.

Archaeological remains of ancient DNA should be examined in such a way that the results can be spoken with confidence [5]; The challenge now is to facilitate these processes so that they can be extracted from molecular biology laboratories and placed in the archaeological environment and in the hands of archaeologists. The study of ancient bones and skeletons is called ancient DNA, which is used in various fields, including zoology, botany, forensics, and anthropology and genealogy. This article will talk about the issues as well as what part of the cell is used in more detail.

tudy of ancient DNA, given that the DNA of the nucleus has been destroyed and can not be extracted; Therefore, mitochondrial DNA is studied on a specific region.

Keywords

ancent DNA, mitochondrial DNA, genealogy, archeology.

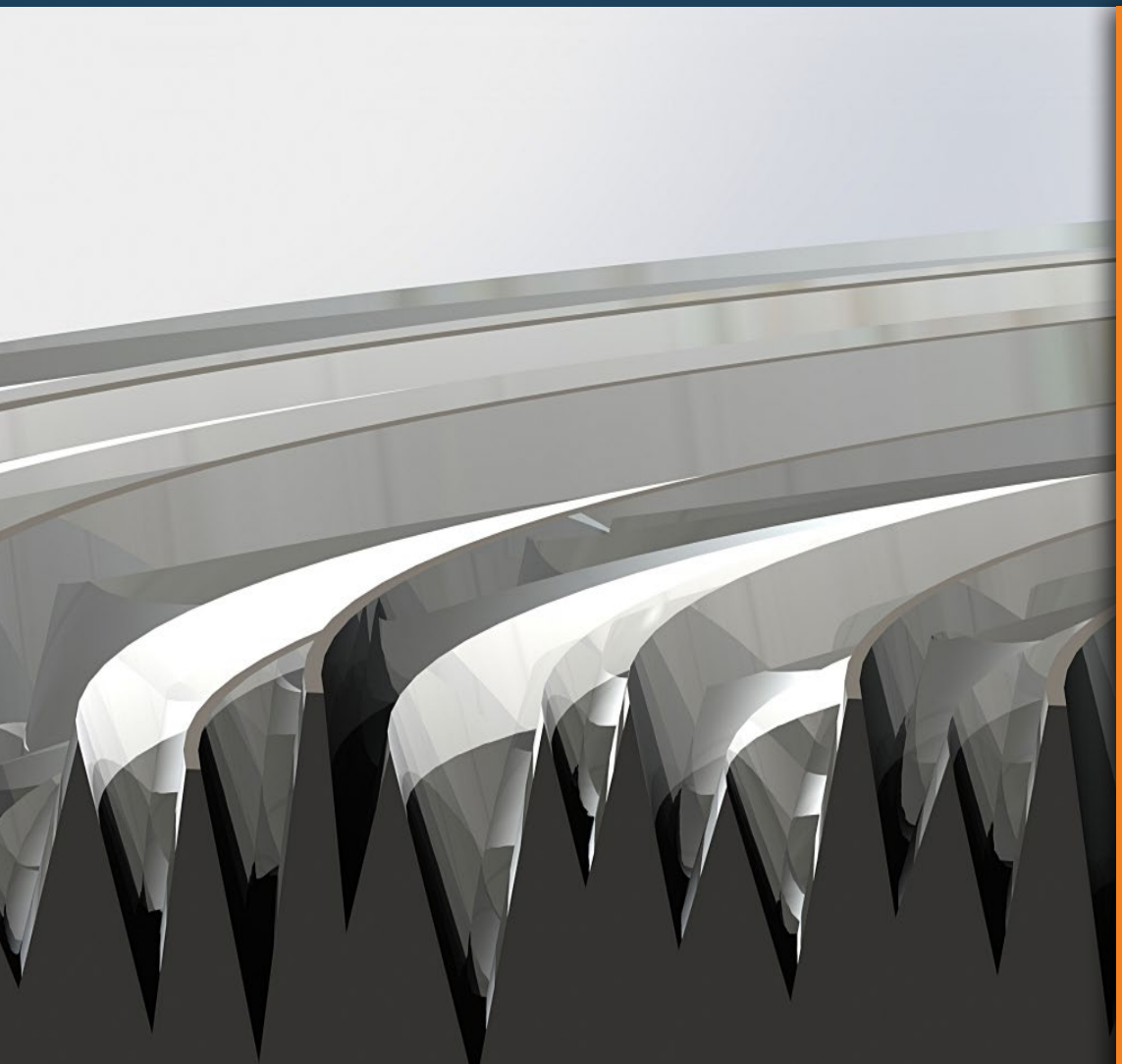
شبکه آزمایشگاهی فناوری نانو

فصلنامه

دانش آزمایشگاهی ایران

ISSN 2538-3450

سال نهم ■ شماره ٤ ■ زمستان ١٤٠٠ ■ شماره پیاپی ٣٦



مقایسه میکروسکوپ نیروی اتمی با برخی از روش‌های رایج در اندازه‌گیری زبری سطح

باشگاه مشتریان شبکه آزمایشگاهی و تسهیل توسعه پژوهش در کشور

باشگاه مشتریان شبکه آزمایشگاهی و تسهیل توسعه پژوهش در کشور

استانداردها، آزمون‌های ارزیابی کیفیت انواع ماسک مورد استفاده در شیوع ویروس کرونا و ...

بیماری‌های شایع میگوهای پرورشی و روش‌های تشخیص آزمایشگاهی

مطالعات ژنتیک در کاوش‌های باستانی (ژئوآرکئولوژی)

ارزیابی منابع عدم قطعیت در تعیین دمای نرمی ویکات پلاستیک‌های گرمانرم

پیش‌بینی مقاومت فشاری تک‌محوره سنگ‌های آهکی با استفاده از شبکه عصبی و سیستم انطباقی منطق فازی

www.IJLK.ir
info@ijlk.ir