Iran Nanotechnology Laboratory Network

Iranian Journal of

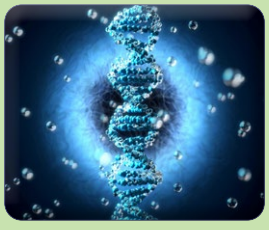
laboratory Knowledge

ISSN 2538-3450

Volume 10 ▪ Issue 1 ▪ Spring 2022 ▪ No.37

The crossover method as a simple and fast solving method in solution preparation problems

Importance of hydrophobicity and related tests in the electrical insulation industry



Investigation of mtDNA in Genetic Laboratory Sequences and Methods used in Ancient Genetic Studies

Applications of cold plasma technology in food industry

A review on Fracture Toughness; concepts and test methods

The crossover method as a simple and fast method in solving solution preparation problems

www.IJLK.ir
info@ijlk.ir

فصلنامه دانش آزمایشگاهی ایران سال دهم ■ شماره ۱ ■ بهار ۱۴۰۱ ■ شماره پیاپی ۳۷

نویسندگان

پرستو عرفان‌منش[۱و۳*]

سمیرا جهانداری[۲و۳]

*parastoo.erfanmanesh@yahoo.com

واژه‌های کلیدی

DNA باستانی، کروموزوم Y، نشانگرهای mt-DNA، روش‌های PCR.

بررسی mtDNA در سکانس‌ها و روش‌های آزمایشگاهی ژنتیکی مورد استفاده در مطالعات ژنتیک باستان

چکیده

فناوری‌های جدید، منجر به افزایش توانایی و کارآمدی روش‌های ما در استخراج DNA از دفینه‌ها شده‌اند. مطالعه DNA باستان به سرعت نظر ما را در مورد ریشه‌های انسان مدرن اصلاح کرد. یکی از ویژگی‌های شگفت‌انگیز DNA، ماندگاری آن است. بیشتر مولکول‌های زیستی پس از مرگ به سرعت تخریب می‌شوند. با این حال در شرایط خاص، DNA می‌تواند تا مدت‌ها باقی بماند.

به‌منظور دستیابی به DNA باستانی روش‌های مولکولی بسیاری وجود دارد که بسته به نوع و جنس نمونه‌های مورد مطالعه، هر کدام از آنها را مورد استفاده قرار می‌دهند. روش‌های مبتنی بر واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمراز[۴] به ۳ بخش تقسیم می‌شوند که بر پایه نشانگرهای مبتنی بر آشکارسازی از پرایمر بوده که در این مقاله به‌طور مفصل به آن اشاره شده‌است.

از تجزیه و تحلیل DNA برای تعیین جنسیت نیز می‌توان استفاده کرد. اختلافات ژنتیکی میان جنسیت‌ها، ناشی از کروموزوم Y در مردهاست؛ بنابراین، با شناسایی قسمتی از DNA کروموزوم Y می‌توان دفینه مرد و زن را از هم تمییز داده و تعیین جنسیت اسکلت‌های به‌دست آمده از محوطه‌های باستانی را انجام داد.

نشانگرهای DNA میتوکندری انسان[۵] مربوط به ناحیه غیر کدکننده ژنوم انسان است. یک فرد باید با مادر و خویشاوندان مادری‌اش یکسان باشد. ویژگی mtDNA که در طول نسل‌های متمادی کم و بیش دست نخورده به ارث رسیده و نوترکیبی ژنتیکی سبب تنوع جدید در آن نمی‌شود، در ردیابی خانواده‌ها و نسل‌های خویشاوند مفید است. بنابراین، این بخش ژنتیکی در مطالعات ژئوآرکئولوژی بسیار اهمیت دارد.

مقدمه

پیشرفت و کاربرد علم ژنتیک، علوم جنایی[۶] را به‌طور کلی متحول کرده است. آنالیز نواحی چند شکلی[۷] DNA در سال ۱۹۸۴ ابداع شد، این آنالیز را در اصطلاح انگشت نگاری DNA نامگذاری می‌کنند.

ژنوم هر فرد حاوی مقدار زیادی DNA است و هدفی بالقوه برای پروفایلینگ DNA محسوب می‌شود. انتخاب ناحیه خاصی از DNA پلی‌مورف به‌منظور آنالیز، برای هر فرد و با توجه به فناوری‌های در دسترس می‌تواند متفاوت باشد.

هدف از به کار بردن آنالیزهای ژنتیکی، تهیه پروفایل DNA با قدرت تمایز بالا است، حالت مطلوب آن است که پروفایلی از DNA تهیه شود که برای هر شخص منحصر به همان فرد باشد. با استفاده از پروفایل تهیه شده می‌توان مدارک زیستی به‌دست آورد.

کلون‌سازی ژن‌ها و آنالیز DNA در علوم جنایی و باستان‌شناسی از جمله مواردی بسیار مهم است که در ادامه، در زمینه انواع آزمون‌ها و دلیل استفاده از هرکدام، به تفصیل صحبت شده‌است.

بررسی‌های ژنتیکی و روش‌های آنالیز DNA و کاربردها:

اواسط قرن نوزدهم، گریگور مندل قوانینی را برای توصیف وراثت صفات زیستی تنظیم کرد. فرض اساسی این قوانین آن است که هر صفت قابل توارث جاندار، با عاملی به نام ژن کنترل می‌شود.

حال با توجه به آنکه بخش اعظمی از مطالعات ژنتیک باستان، آشنایی با مفاهیم ژنتیکی است، در ذیل به شرح مفاهیمی که در مطالعات ژئوآرکئولوژی مورد نظر است می‌پردازیم.

نشانگرها:

توالی DNA به‌صورت دو یا چند آلل وجود دارد که از آن می‌توان در نقشه‌برداری ژنتیک استفاده کرد. انواع نشانگرها به شرح ذیل هستند:

نشانگرهای فنوتیپی یا مورفولوژیکی:

نشانگرهای مورفولوژیکی به علائمی گفته می‌شود که به‌طور مستقیم در فنوتیپ جانور و گیاه قابل تشخیص و توارث‌پذیر هستند. وراثت این گونه صفات را می‌توان بدون نیاز به روش‌های بیوشیمیایی و مولکولی دنبال کرد [۱].

نشانگرهای سیتوژنتیکی:

تفاوت این نشانگرها در شکل، اندازه و تعداد کروموزوم‌ها است که تنوع در ساختمان کروموزوم‌ها را نشان می‌دهند. مطالعات سیتوژنتیکی به‌منظور مقایسه اختلافات موجود بین افراد یک گروه و به دنبال آن آشکار شدن مسیر تکاملی کروموزوم‌های تشکیل دهنده ژنوم در تفکیک گونه‌ها و در بعضی موارد، جمعیت‌های مختلف از نظر تعداد و نوع کروموزوم‌ها انجام می‌گیرد [۶].

نشانگرهای مولکولی:

نشانگرهای مولکولی بدون در نظر گرفتن رشد، نمو، تمایز و وضعیت سلول، در تمام بافت‌ها پایدار و قابل سنجش هستند و به دو دسته نشانگرهای مبتنی بر پروتئین و نشانگرهای مبتنی بر DNA تقسیم می‌شوند.

بررسی و آشنایی با این مفاهیم در حوزه باستانی در بررسی جمعیت‌ها، بررسی معیشت‌ها، نوع زندگی مردم در ادوار مختلف، نوع جانوران و فرآیندهای اهلی شدن و یا حتی انقراض یک گونه جانوری را برای ما ترسیم می‌نماید.

روش‌های مورد استفاده در مطالعات ژنتیکی:

روش‌های مبتنی بر پروتئین (نشانگرهای پروتئینی):

■ غیرآنزیمی: این گروه شامل مولکول‌های بیوشیمیایی کوچک نظیر ترکیبات فنلی، ترکیبات معطر و یا پروتئین‌های ذخیره‌ای مانند هموگلوبین و ترانسفرین بودند که استفاده از آنها به‌عنوان نشانگر، عمر بالایی نداشت و به سرعت به سمت پروتئین‌های آنزیمی شیفت پیدا کردند.

■ آنزیمی: آنزیم‌ها با توجه به چگونگی کد شدن آنها، به دو دسته کلی تقسیم می‌شوند: آلوآنزیم‌ها (آنزیم‌هایی که توسط آلل‌های مختلف یک جایگاه ژنی کد می‌شوند) و ایزوزیم‌ها (آنزیم‌هایی که توسط آلل‌هایی در بیش از یک جایگاه ژنی کد می‌شوند). با این حال اصطلاح ایزوآنزیم به هر دو دسته اشاره دارد [۱].

روش‌های مبتنی بر DNA یا نشانگرهای ژنتیکی:

آنچه که به‌عنوان نشانگر از آن یاد می‌شود، در بیشتر موارد به جایگاه ژنی اشاره دارد. نشانگرهای ژنتیکی جایگاه‌های خاصی روی یک کروموزم دارند که به‌عنوان علائم اختصاصی، در تشخیص جوامع استفاده می‌شود و این کار از طریق حضور،

عدم حضور و یا فراوانی در جمعیتی نسبت به سایر جوامع، انجام می‌شود. در واقع تفاوت موجود بین ردیف DNA کروموزوم افراد یک جامعه و یا نژاد که به فرزندان آنها منتقل می‌شود، می‌تواند به‌عنوان نشانه یا نشانگر ژنتیکی به کار گرفته شود. این نشانگرها ژنوتیپ موجودات را توصیف می‌کنند. نشانگرهای DNA نیز به نوبه خود به دو گروه روش‌های مبتنی بر هیبریداسیون (غیرمبتنی بر PCR) و روش‌های مبتنی بر PCR تقسیم می‌شوند [۲].

یکی از شایع‌ترین روش‌های مورد استفاده در مطالعات باستانی، استفاده از روش PCR است ولی علاوه‌بر آن، از سایر روش‌های ژنتیکی با توجه به نوع نمونه باستانی به‌دست آمده در کاوش‌ها نیز می‌توان استفاده کرد.

روش PCR به دو بخش تقسیم می‌شود:

۱. روش‌های مبتنی بر هیبریداسیون (غیرمبتنی بر PCR):

در این نوع نشانگرها یک قطعه DNA نشاندار شده به‌منظور هیبریداسیون استفاده می‌شود:

■ چندشکلی طولی قطعات محدودکننده[۸]:

بوستاین[۹] و همکاران در سال ۱۹۸۰، روش تفاوت طول قطعات حاصل از هضم یا RFLP را برای مطالعه مستقیم DNA به‌عنوان نشانگرهای ژنتیکی جدید معرفی نمودند. اساس مولکولی RFLP بر وجود یا عدم وجود نقاط قابل تشخیص برای عمل آنزیم‌های محدودکننده است که این تفاوت می‌تواند ناشی از وقوع جهش‌های نقطه‌ای حذف/اضافه، معکوس شدن قطعه‌ای از کروموزوم و یا سایر تغییرات ژنی کروموزومی باشد. تمامی این تغییرات، باعث ایجاد چندشکلی می‌شود. در این روش بعد از هضم کردن قطعات DNA با آنزیم‌های محدودکننده، قطعات حاصل را با ژل پلی‌اکریل آمید از یکدیگر جدا نموده و سپس از روش لکه‌گذاری ساترن و هیبریداسیون برای آشکارسازی قطعات استفاده می‌شود. کاوشگرهای مورد استفاده در هیبریداسیون می‌توانند از نوع رادیواکتیو و یا غیر رادیواکتیو باشند که بعد از اینکه DNA با آنزیم محدود کننده برش خورد و به روش الکتروفورز از هم تفکیک شدند، با یک یا چند قطعه از آن هیبرید می‌شود [۲ و ۷].

۲. روش‌های مبتنی بر PCR:

در نشانگرهای مبتنی بر PCR برای آشکارسازی از پرایمر (۱ یا ۲ پرایمر) استفاده می‌شود. این گروه شامل طیف وسیعی از نشانگرها است و از آنجا که خیلی سریع قابل انجام هستند، هر روزه گسترش بیشتری می‌یابند. این روش‌ها به دو دسته تقسیم می‌شوند:

■ نشانگرهای مبتنی بر PCR با استفاده از پرایمرهای تصادفی (روش غیراختصاصی توالی) که شامل موارد ذیل است:

• DNA چندشکل تکثیر شده تصادفی[۱۰]:

در روش RAPD قطعات زیادی از ژنوم (۱ تا ۲۰ جایگاه ژنی و یا حتی بیشتر) به‌طور تصادفی تکثیر می‌شوند. حضور و عدم حضور این قطعات یا باندها معیاری برای تشخیص چند شکلی در بین افراد مختلف است. قطعات تکثیر شده با پرایمرهای RAPD را می‌توان نماینده‌ای از کل ژنوم در نظر گرفت، زیرا کوتاه بودن پرایمرهای آن سبب می‌شود که در تمام ژنوم، مکانی برای اتصال به آنها یافت شود. دلیل پلی‌مورفیسمی که در روش RAPD مشاهده می‌شود را می‌توان به تفاوت در محل اتصال پرایمرها در اثر جهش‌های نقطه‌ای و یا بازآرایی در داخل قطعات تکثیر یافته که ناشی از حذف، واژگونی و دخول هستند، نسبت داد. قطعاتی که با پرایمرهای RAPD تکثیر شده را می‌توان به‌عنوان نشانگرهای ژنتیکی استفاده کرد [۲].

• واکنش زنجیرهای پلیمراز با پرایمرهای تصادفی[۱۱]:

این روش شامل روش‌هایی است که به‌طور مستقل توسعه یافته‌اند و شکل‌هایی از RAPD به حساب می‌آیند. در AP-PCR از یک تک پرایمر (با طول ۱۵-۱۰ نوکلئوتید) استفاده می‌شود. این مرحله شامل تکثیر طی دو چرخه PCR اولیه در شرایطی با سخت‌گیری کمتر است. پس از آن با افزایش دمای اتصال، ادامه چرخه‌ها در شرایط سخت‌گیرانه‌تری انجام می‌گیرد [۲].

• انگشت نگاری تکثیر DNA[۱۲]:

در روش DAF از تک پرایمرهای تصادفی با طول کوتاهتر از ده نوکلئوتید برای تکثیر استفاده می‌شود و قطعات تکثیر شده با استفاده از ژل پلی‌اکریل آمید همراه با رنگ‌آمیزی نقره آنالیز می‌شوند [۲].

• چندشکلی طولی قطعات تکثیر شده[۱۳]:

زابئو[۱۴] و همکاران در سال ۱۹۹۳ روش جدیدی را با عنوان قطعات برش یافته انتخابی ابداع نمودند که نتیجه آن، نشانگرهای AFLP بود. این نشانگر ژنتیکی براساس آنالیز قطعات برش یافته DNA بنیان شده‌است که به علت استفاده از واکنش PCR، متفاوت از روش RFLP است. در حقیقت این روش ترکیبی از RFLP و PCR است. در مرحله اول DNA مورد نظر توسط دو آنزیم برش دهنده هضم می‌شود به طوری که دو انتهای برش یافته دارای فرم برشی متفاوت باشند. سپس دو آداپتور) DNA دو رشته‌ای به طول حدود ۱۸ جفت باز که یکی از آنها از قسمت انتهایی، مکمل دو انتهای برش یافته باشد) به دو انتهای برش یافته اتصال می‌یابد. در مرحله بعد با استفاده از روش PCR و به کمک پرایمرهای طراحی شده براساس توالی آداپتورها (حدود ۲۰ جفت باز) قطعات مورد نظر تکثیر می‌شوند [۲].

■ روش‌های مبتنی بر PCR مخصوص توالی:

DNA هسته‌ای می‌تواند به نواحی کدکننده و غیرکدکننده تقسیم شود. DNA کدکننده به بخش‌هایی اطلاق می‌شود که پروتئین سنتز می‌کنند و بخش غیرکدکننده که ۹۸ درصد ژنوم DNA هسته‌ای را تشکیل می‌دهد، هیچ پروتئینی رمز نمی‌کند. آنها ساختارهای عملکردی ژن نیستند از این رو، واریاسیون بیشتری را نشان می‌دهند. چندین نوع چندشکلی در ژنوم انسان وجود دارد که اساس بیشتر آنها بر اختلاف تنها یک باز با دیگری است. چندشکلی تک نوکلئوتیدی[15] و نیز حذف و اضافه شدن[16] گاهی آنها را همچنان در یک خانواده باقی نگه می‌دارد، گرچه سازوکاری که منجر به آنها می‌شود با هم متفاوت هستند. indelهای بزرگتری هم در ژنوم ممکن است اتفاق بیفتد. از سوی دیگر، توالی‌های تکراری DNA[17] که تقریبا ۴۵ درصد ژنوم را تشکیل می‌دهد، توالی‌هایی هستند که پشت سر هم تکرار می‌شوند و ریز ماهواره‌ها[18]، کوچک ماهواره‌ها[19]، رتروالمنت‌ها[20] (توالی‌هایی که به روش ترنس کریپتاز معکوس به ژنوم وارد می‌شوند) انواعی از آن هستند [۲].

انواع چندشکلی:

چندشکلی به تغییری رایج در رمز یا کد ژنتیکی موجود در DNA می‌گویند. در ذیل انواع آن به‌طور تفصیلی بیان شده‌است.

SNPs:

نشانگرهای واقع بر مناطق غیر کدکننده کروموزوم‌های اتوزوم در مطالعات ژنتیک انسان‌شناسی بسیار مفیدند. یکی از مهمترین آنها که SNPها (چندشکلی تک نوکلئوتیدی) هستند (اسنیپ نیز تلفظ می‌شوند) سرعت تکامل بسیار آهسته‌ای دارند ($۲/۳\times۱۰^{-۸}$).

در جدول زیر به سرعت جهش در تعدادی از نشانگرهای DNA اشاره شده‌است:

جدول (۱): میانگین سرعت جهش در نشانگرهای DNA [۲].

نشانگرهای DNA	سرعت جهش به ازای هر لوکوس در یک نسل
ریز ماهواره‌ها	$۱۰^{-۱}$ تا $۱۰^{-۲}$
کوچک ماهواره‌ها	$۱۰^{-۳}$ تا $۱۰^{-۴}$
بعضی از چندشکلی‌های ساختاری	$۱۰^{-۴}$ تا $۱۰^{-۵}$
چندشکلی تک نوکلئوتیدی	$۱۰^{-۷}$ تا $۱۰^{-۸}$
رتروالمنت‌ها	$۱۰^{-۱۰}$ تا $۱۰^{-۱۱}$

این جابجایی‌های ساده ژنی ممکن است به دلیل عوامل جهش‌زایی مانند تابش‌های رادیواکتیو یا الصاق‌های اشتباهی حین تکثیر DNA اتفاق بیافتد. احتمال رخ داد انتقال[21] (جابجایی یک پورین با پورین دیگر و یا جابجایی پیریمیدین‌ها با هم) بسیار محتمل‌تر از انتقال عرضی[22] (جابجایی پورین‌ها و پیریمیدین‌ها با همدیگر) است. سرعت پایین جهش در این نشانگرها باعث می‌شود که در طول رخداد تکاملی انسان امروزی، احتمال دو بار رخ دادن آن بعید باشد؛ از این رو، افرادی که نشانگر یکسان داشته باشند ممکن است معرف یک دودمان یا نژاد یکسان باشند. حالت اجدادی یک جایگاه ژنی خاص را می‌توان با مقایسه توالی آن با نزدیکترین خویشاوندش به‌دست آورد. تخمین زده شده که انسان‌ها و میمون‌ها ۵ میلیون سال پیش از هم جدا شده‌اند. از SNPها به‌عنوان نشانگرهای مضاعف[23] و یا رویدادهای جهشی منحصر به فرد[24] یاد می‌شود که در تفسیر پرسش‌های فیلوژنی مربوط به فواصل زمانی بزرگ به کار می‌آید [۸ و ۹].

توالی‌های اتصال کوتاه[25]:

STRها موسوم به ریز ماهواره‌ها توالی‌هایی هستند که در سرتاسر ژنوم پراکنده‌اند و حدود ۲ درصد از ژنوم انسان را تشکیل می‌دهند. STRها در مناطق غیر رمزگذار ژنوم انسان، حیوانات و گیاهان وجود دارند. انواع توالی‌های STR در تمام کروموزوم‌های اتوزومی و کروموزوم‌های جنسی Y و X موجود هستند. ریز ماهواره‌ها یا توالی‌های پشت سر هم متشکل از یک آرایه ساده یک تا چند نوکلئوتیدی هستند. آرایه‌های تکراری ۶-۱ جفت باز (CA-CAT-CCG-CAG) و در مجموع کمتر از ۳۵۰ جفت باز واحد تکراری طول دارند. اینها تقریبا در هر ۱۰-۶ کیلو باز رخ می‌دهند و به‌طور عمومی بین ژن‌های رمزگذار و یا برخی از آنها مانند تکرارهای سه‌تایی درون توالی‌های رمزگذار قرار می‌گیرند. افزایش یا کاهش تعداد تکرارها بیشتر با دو فرایند کراسینگ اور نامتعادل[26] و سر خوردن در همانندسازی[27] صورت می‌گیرد. تحلیل‌های گوناگونی در تعداد این تکرارها موسوم به چندشکلی در بین جمعیت‌ها یا افراد یک جمعیت، نشانگرهای مفیدی را برای مطالعات ژنتیک جمعیت و مردم‌شناسی فراهم می‌کند. یکی از راه‌های مهم برای تمایز جمعیت‌ها، بررسی تنوع ژنتیک استناد به جایگاه‌های ژنی است که چندشکل بوده و جایگاه آلل‌های زیادی هستند. در سال ۱۹۸۰، اولین بار جفریس[28] تفاوت‌های ژنتیکی موجود در افراد جامعه را با بررسی نشانگرهای DNA و استفاده از PCR و الکتروفورز روی ژل پلی‌آکریل آمید، ردیابی کرد. بعدها این مطالعات در بررسی نژادها و جمعیت‌های مختلف دنبال شد، به طوری که در سال ۱۹۹۵ بودل[29] و همکارانش با استفاده از چند پرایمر مربوط به توالی تکراری ساده[30] در یک جمعیت، موفق شد حدود ۱۷ زیرگروه جمعیتی را تفکیک کند. بر همین اساس کیم[31] و همکارانش در سال

۲۰۰۰ با به کارگیری پنج لوکوس چند شکل کروموزوم Y توانستند چهار هاپلوتایپ منحصر به فرد را در جمعیت‌های آسیای شرقی تشخیص دهند.

توالی DNA تکراری پشت سر هم با سرعت بیشتری نسبت به SNPها تکامل پیدا می‌کنند. اعتقاد بر این است که این‌ها با از دست دادن یا به‌دست آوردن یک تک واحد تکراری جهش می‌یابند، گرچه ممکن است در شرایطی قرار گیرند که به واسطه آن به‌طور هم‌زمان دچار حذف یا اضافه شدن شوند. نرخ جهش در میان جایگاه‌های ژنی STR متفاوت است که دلیل آن، اندازه و ترکیب واحدهای تکرار شونده و نیز تعداد تکرارها است (آلل‌هایی با تعداد توالی تکراری سریع‌تر جهش پیدا می‌کنند تا آنها که تکرار کمتری دارند) [۳ و ۸].

چندشکلی‌های توالی تکراری با تعداد متغیر[۳۲]:

دسته‌ای دیگر از توالی‌های تکراری، کوچک ماهواره‌ها یا چندشکلی‌های توالی تکراری با تعداد متغیر هستند. بعضی محققین از سیستم نامگذاری دیگری استفاده می‌کنند که در آن VNTRs به همه توالی‌های تکرارپذیر ماهواره‌ای شامل ریز ماهواره‌ها، کوچک ماهواره‌ها و ماهواره‌ها اطلاق می‌شود. با توجه به تعریف اختصاصی‌تری که اینجا از آن استفاده شد، VNTR هسته‌ای از واحدهای تکراری است که از ۱۰۰-۱۰ جفت باز تشکیل شده و طول آن تا ۱۰۰۰ جفت باز می‌رسد، به‌طور معمول غنی از جفت بازهای سیتوزین وگوانین[۳۳] بوده و چه از نظر توالی و چه از نظر تعداد تکرارها بسیار متنوع هستند. سرعت جهش در VNTRها نسبت به STRها بیشتر است، بین ده به توان منفی یک تا دو (احتمال) جهش در هر جایگاه ژنی به ازای هر نسل بوده و روند جهش در آنها پیچیده‌تر است. VNTRها تنوع بالایی در افراد دارند به‌طوری که آنها را به ابزاری مناسب به‌منظور استفاده در علوم جنایی تبدیل کرده است. کاربرد آن در شناسایی افراد با استفاده از روشی بنام انگشت نگاری DNA انجام می‌شود. کاربرد VNTR ها در مطالعات ژنتیک انسان‌شناسی نیز موفقیت‌آمیز است. از آنها برای تشخیص ساختار جمعیت و روابط ژنتیکی گروه‌های سیبریایی استفاده شد. سیبری در مطالعات جوامع ما قبل تاریخ اهمیت تکاملی زیادی دارد چرا که تقاطع[۳۴] اروپا و آسیا و آمریکا است و VNTRها در کشف منشاء سیبریایی بومیان آمریکا مؤثر بودند [۲ و ۸].

آرایه تلومر و ماهواره[۳۵]:

آرایه‌ها و ماهواره‌های تلومریک انواعی از چندشکلی هستند که ژنتیک انسان‌شناسی چندان از آنها بهره نبرده است. این آرایه‌ها ساختارهای DNA-Protein هستند، با توالی‌های تکراری (تکرارهای پشت سر هم) که در انتهای کروموزوم قرار دارند، گاهی در دسته کوچک ماهواره‌ها قرار می‌گیرند. آنها نقش اساسی در ممانعت کروموزوم‌ها از ترکیب شدن با یکدیگر و در ممانعت از تخریب کروموزوم‌ها دارند [۲ و ۸].

ماهواره[۳۶]:

توالی‌های تکراری بسیار بزرگ با صدها هزار تا میلیون‌ها جفت باز طول هستند. بعضی از آنها مانند آلفا ماهواره‌ها که بخشی از سانترومر را تشکیل می‌دهند، نقش محافظت کننده از ساختار را دارند. کار کردن روی توالی‌های ماهواره‌ها بدلیل اندازه بسیار بزرگ آنها بسیار دشوار است [۲ و ۸].

رتروالمنت‌ها[۳۷]:

اجزایی از DNA هستند که پس از رونویسی RNA با رونوشت برداری معکوس از DNA، دوباره به فرم ژنی‌شان تبدیل می‌شوند. به‌عنوان مثال، خانواده (ژنی) Aluها جزء این دسته هستند که از واحدهای تکراری متقاطع کوتاه[۳۹] تشکیل شده‌اند که تنها در میان نخستی‌ها دیده می‌شوند. هر Alu توالی به شدت تکراری به طول ۳۰۰ نوکلئوتید است که به‌طور تصادفی صد تا هزاران بار درج[۴۰] می‌شوند. در انسان در هر ژنوم هاپلوئید تقریبا ۵۰۰ هزار کپی از آنها وجود دارد. تصور می‌شود که از این تعداد، چند هزار چندشکلی در انسان وجود دارد؛ بنابراین در مطالعات ژنتیک انسان‌شناسی سودمند است. در این اجزا وقتی رویداد «درج» اتفاق افتد به شدت پایدار است. حالت اجدادی هر تکرار Alu، عدم حضور آن است در حالی که حضور آن به نظر می‌رسد که حالت مشتق شده آن باشد. هیچ سازوکار شناخته شده‌ای برای حذف کامل Alu از محل درج وجود ندارد. از دیگر رتروالمنت‌ها به توالی‌های هسته‌ای بلند پراکنده[۴۱] می‌توان اشاره کرد که شامل عناصر L1 و رتروویروس‌های درونی انسانی[۴۲] هستند. این رتروویروس‌ها نویدبخش درک علت برخی از بیماری‌ها و نیز روابط فیلوژنیک جوامع انسانی هستند [۲ و ۸].

تعیین جنسیت با آنالیز DNA:

از تجزیه و تحلیل DNA برای تعیین جنسیت نیز می‌توان استفاده کرد. اختلافات ژنتیکی میان جنس‌ها به دلیل کروموزوم Y در مردهاست؛ بنابراین، شناسایی ناحیه‌ای خاص در کروموزوم Y می‌توانند مردها و زن‌ها را از هم متمایز نماید. همچنین از آزمایش‌های DNA می‌توان برای تعیین جنسیت جنین متولد نشده نیز استفاده کرد.

ساده‌ترین راه برای تعیین جنسیت DNA، طراحی یک واکنش PCR برای بخشی از کروموزوم Y است. در ذیل به‌طور کامل در این زمینه توضیح داده شده‌است:

نشانگرهای کروموزومی Y:

کروموزوم Y از مقادیر عظیم کروماتین و مقادیر اندک ژن تشکیل شده‌است که صرفاً از پدر به پسر به ارث می‌رسد. تنها بخش کوچکی در نوک بازوی کروموزومی آن با کروموزوم جنسی

دیگر ترکیب می‌شود و ۹۵ درصد کروموزوم Y که ناحیه مختص به کروموزوم Y [۴۳] نامیده می‌شود بدون نوترکیبی باقی می‌ماند که این بخش، هدف مطالعات جمعیت‌شناسی است. این نشانگر هاپلوئید است و تنها یک کپی از آن وجود دارد. ریز ماهواره‌ها تقریباً در تمام طول بازوی بلند کروموزوم Y یافت می‌شوند. کروموزوم Y سه ناحیه متمایز دارد. دو ناحیه موسوم به شبه اتوزوم [۴۴] که یکی در انتهای بازوی کوتاه موسوم به PAR1 و دومی در نوک بازوی بلند موسوم به PAR2 واقع شده‌است. ناحیه دیگر که به‌طور عمده هتروکروماتین است به ناحیه غیرنو ترکیب شونده [۴۵] موسوم است. در طی میوز در مردان، ناحیه PAR1 و گاهی اوقات PAR2 با نواحی همتا روی کروموزوم X جفت می‌شوند و تبادلات میوزی انجام می‌دهند. نواحی خارج از ناحیه شبه اتوزومی کروموزومی Y، چندین لوکوس با توالی تکراری شناخته شده‌اند که می‌توان براساس آنها گروه‌های مختلف را در یک جمعیت از یکدیگر متمایز ساخت. توالی‌های تکراری کوتاه کروموزوم Y [۴۶] روی منطقه غیر نوترکیب شونده کروموزوم Y قرار دارند و از لحاظ طول، متغیر هستند. تنوع اندازه توالی‌های Y-STR حالت چندشکلی گسترده‌ای نشان می‌دهند و از نسلی به نسل دیگر منتقل شده و در جمعیت‌های متعدد به شکل‌های متفاوتی مشاهده می‌شوند. در سال ۱۹۹۲ لوتز روور [۴۷] اولین نشانگر کروموزوم Y را شرح داد. برای حدود ۱۰ سال بعد، کشف نشانگرهایی با توالی‌های تکراری پی در پی روی کروموزوم Y به تدریج نسبت به نشانگرهای اتوزومی، رشد کرد. سال ۲۰۰۳ پیشرفت سریعی در به کارگیری نشانگرها برای تعیین چندشکلی صورت گرفت و این رشد سریع در کشف نشانگرهای Y-STR جدید، نتیجه مستقیم دسترسی به اطلاعات توالی DNA از پروژه ژنوم انسان و ابزار بهبود یافته بیوانفورماتیک برای جستجوی پایگاه اطلاعاتی DNA بود. هم اکنون بیش از ۵۰ Y-STR روی کروموزوم Y شناسایی شده‌است. Y-STR برخلاف توالی‌های اتوزومی STR و کروموزوم X (X-STR)، وضعیت منحصر به فرد هاپلوتایپی نشان می‌دهند؛ زیرا بخش‌های حامل Y-STR در کروموزوم Y هیچ همتایی روی کروموزوم X ندارد و از آنجا که کروموزوم Y از پدر به پسر منتقل می‌شود، تعیین Y-STR کروموزومی، ردیابی و پیگیری دودمان پدری را ممکن می‌سازد. همان‌طور که گفته شد توالی‌های Y-STR در شناسایی افراد مذکر کاربرد دارد، اما کاربرد مهمتر آنها در ژنتیک جمعیت است. تنوع فراوانی هاپلوتایپ‌های روی کروموزوم Y ابزاری سودمند در مطالعات مهاجرت و تکامل است و در دودمان‌شناسی [۴۸] کاربرد دارد. به استثنای ناحیه شبه اتوزومی، سایر نواحی کروموزوم Y در نوترکیبی با کروموزوم X طی تقسیم میتوز شرکت نمی‌کنند، بنابراین تنوع هاپلوتایپی این ناحیه از کروموزوم Y در مقایسه با کروموزوم‌های اتوزومی کمتر است، از این رو برای افزایش قدرت تمایز باید از تعداد بیشتر و مشخص‌تری از نشانگرهای Y-STR استفاده کرد تا پاسخگوی تنوع درون و برون جمعیتی این نشانگرها باشد [۵]. MSY حداکثر یک چهارم میزان آلل‌های موثر جمعیت را نسبت به نشانگرهای اتوزوم نشان می‌دهد که با توجه به اینکه کروموزوم Y در معرض رانش ژنی است (چرا که همه مردان به‌طور یکسان ذخیره ژنی‌شان را به نسل بعد منتقل نمی‌کنند) و نیز تعدادی از کروموزوم‌های Y ممکن است طی فرایندهای تصادفی کاملا از بین بروند، می‌تواند حتی از این مقدار کمتر هم شود. چندشکلی‌های DNA کروموزوم Y در بازسازی/ مدلسازی جمعیت مفید هستند چرا که به دلیل اتفاق نیفتادن نوترکیبی در آن، جهش‌های رخ داده را به نسل بعد منتقل می‌کنند. به این ترتیب می‌توان اجداد پدری بسیار دور را شناسایی کرد تا به یک جد مشترک پدری رسید. در مقیاس کلی‌تر، نرخ بالاتر مهاجرت زنان نسبت به مردان (که دلایل فرهنگی داشت نظیر میهن پرستی، مهاجرت زنان به محل زندگی همسرشان بعد از ازدواج) موجب می‌شود که تنوع در کروموزوم Y نسبت به mtDNA کمتر باشد. گرچه برخی بررسی‌ها نشان می‌دهد که این الگو در مقیاس جهانی گسترش یافته است اما به نظر نمی‌رسد دیگر این مورد وجود داشته باشد چرا که مهاجرت‌های راه دور اینک بیشتر توسط مردان انجام می‌شود.

پرکاربردترین چندشکلی‌های MSY که بررسی شده‌اند، نشانگرهای دوتایی STR هستند و به‌طور عمده SNP و Indel ها را شامل می‌شود که تکامل بسیار کندی دارند و به‌عنوان رخدادهای ژنی منحصر به فرد شناخته و از آنها برای ارائه دودمان کروموزوم Y یا هاپلوگروپ استفاده می‌شوند. اخیراً طبقه‌بندی هاپلوگروپ‌ها بازبینی شده تا سیستم‌هایی ارائه کند که بازتاب‌کننده روابط بین فیلوژنی‌ها است و این انعطاف را دارد که بین جهش‌های جدید ارتباط برقرار کند. تا قبل از این ۷ سیستم نامگذاری مخفف برای STRها که بسیار چندشکلی هستند استفاده می‌شد و برای تشخیص تنوع در هاپلوگروپ‌ها به کار می‌رفت. یک کوچک ماهواره مخصوص Y (MSY1) به دلیل تغیّرپذیری بالا، بیشتر مورد توجه محققان است. ویژگی نشانگرهای کروموزومی Y در سرتاسر جوامع به افزایش سودمندی آنها برای مطالعات ژنتیک انسان‌شناسی منجر شده که تا همین چندی قبل، پشت مطالعات mtDNA پنهان مانده بود [۸ و ۹].

mt DNA مورد استفاده در مطالعات باستانی:

mt DNA یکی از بخش‌های مهم در مطالعات باستانی است از این حیث که تنها از جد مادری به ارث می‌رسد. البته ناگفته نماند روی ۲ بخش خاص آن در چرخه میتوکندری استفاده شده که در ادامه به‌طور کامل موارد ژنتیک آن بیان می‌شود.

نشانگرهای ماده وراثتی میتوکندریایی [۴۹]

ناحیه دیگر غیر کدکننده ژنوم انسان، mtDNA است. mtDNA مولکول دو رشته حلقوی است و عقیده بر این است که منشاء باکتریایی داشته، در خارج هسته قرار دارد و تامین کننده انرژی سلول است. mtDNA توارث مادری دارد و از مادر به

تمام فرزندان به ارث می‌رسد اما تنها دختران آن را به نسل بعد منتقل می‌کنند. مولکول DNA در پروکاریوت‌ها غنی از سیتوزین و گوانین است و پایداری زیادی در برابر گرما دارد. از mtDNA بسته به نوع بافت بین صدها تا هزاران کپی[50] در هر سلول وجود دارد. این ویژگی آنها را در مطالعات DNA باستان‌شناسی که مواد به‌دست آمده از دفینه‌ها اغلب تجزیه شده هستند، مورد پسند کرده است. تقریبا ۱۶۵۶۹ جفت باز در مولکول mtDNA وجود دارد که متشکل از یک منطقه کدگذاری با ۳۷ ژن و ۲ منطقه به شدت تغییرپذیر غیرکد کننده و بسیار متغیر[51] به نام Displacement-loop (D-loop) است که با فرکانس بسیار زیادی حدود ۱۰ برابر DNA هسته‌ای تمایل به جهش دارد. براساس تخمین محققین تفاوت نوکلئوتیدها در mtDNA در بین افراد غیر خویشاوند حدود ۱ تا ۲ نوکلئوتید به ازای هر ۱۰۰ نوکلئوتید است. میزان بالای جهش و وجود تفاوت در افراد مختلف در این ناحیه سبب شده‌است تا این ناحیه در تشخیص هویت مورد توجه دانشمندان قرار گیرد. در بیشتر سیستم‌های تشخیص هویت از راه آنالیز DNA از ژنوم هسته‌ای استفاده می‌شود اما در مواردی که مقدار DNA استخراج شده از بافت‌هایی نظیر استخوان، دندان یا مو بسیار کم باشد یا در مواردی که نمونه بیولوژیک قدیمی و تخریب شده باشد، احتمال DNA typing توسط mtDNA نسبت به سایر شاخص‌های چند شکلی هسته‌ای نظیر نشانگرهای STR بسیار بیشتر است، چرا که تا هزاران نسخه از ژنوم mtDNA در هر سلول وجود دارد. mtDNA به دلیل فراوانی و اندازه نسبتاً کوچکش، در مقایسه با DNA هسته‌ای آخرین DNA باقیمانده قابل type کردن در نمونه‌های تخریب شده، قدیمی و نمونه‌های جزئی است. mtDNA را از سلول‌های مرده تار مو، استخوان و دندان می‌توان استخراج کرد. به علت فراوان بودن میتوکندری در درون سلول‌ها اگر نمونه‌های زیستی بسیار تخریب شده باشند باز هم mtDNA به قدر کافی وجود دارد که بتوان توالی نوکلئوتید آن را به‌دست آورد. ویژگی mtDNA که در طول نسل‌های متمادی کم و بیش دست نخورده به ارث رسیده و نوترکیبی ژنتیکی سبب تنوع جدید در آن نمی‌شود، در ردیابی خانواده‌ها و نسل‌های خویشاوند مفید است. اگر چه در mtDNA می‌توان اختلافات جدیدی را در میان اعضای یک خانواده به وجود آورد اما مقدار این تفاوت‌ها زیاد نیست. لذا از نظر تئوری mtDNA یک فرد باید با مادر و خویشاوندان مادری‌اش یکسان باشد. از این روش پیش از این در شناسایی استخوان‌های بسیار قدیمی سربازان گمنام جنگ ویتنام و نیز در شناسایی جسد تزار نیکلاس دوم روسیه استفاده شده‌است.

همانند کروموزوم Y، mtDNA نیز یک اندازه جمعیت موثر دارد که یک چهارم اتوزوم‌هاست که تحت تاثیر رانش ژنی قرار می‌گیرد. این مولکول به دلیل اینکه فاقد سازوکارهای ترمیم هسته‌ای است، تقریبا ده برابر سریعتر از DNA هسته‌ای جهش می‌یابد. ناحیه D-loop حتی سرعت تکاملی سریعتری هم دارد که آن را به ابزاری مناسب در مطالعات مربوط به تاریخ جمعیت بشر کرده است. این ویژگی mtDNA که منشاء مادری دارد و نوترکیبی در آن رخ نمی‌دهد، باعث بروز اختلاف ژنتیکی بیشتر در ژنوم میتوکندری نسبت به ژنوم هسته شده‌است؛ از این رو، نشانگر خوبی برای تشخیص گروههایی که برای ۱۰، ۱۰۰ یا ۱۰۰۰ سال از هم جدا بوده‌اند، است. سرعت جایگزینی نوکلوتیدها در mtDNA مهره‌داران عالی تقریبا ۵ تا ۱۰ برابر بیشتر از ژنوم هسته‌ای است که حدود ۲ درصد تغییر به ازای هر یک میلیون سال است. این چند شکلی‌ها هاپلوگروپ‌های مهم mtDNA را که به نسبت پایدار در نظر گرفته می‌شوند، تعریف می‌کند. توالی HV1 و HV2 برای مشخص کردن تنوع درون هاپلوگروپ‌ها به کار می‌رود. از آنجا که جهش‌های مکرری در ناحیه HVR رخ می‌دهد، چند شکلی‌های این منطقه یکسان به ارث نمی‌رسند. برخی محققان کل ژنوم DNA را توالی‌یابی می‌کنند تا تصویر دقیقی از دودمان مادری افراد ارائه دهند [۴ و ۵] و [۷ و ۸].

بررسی روند تکامل براساس توالی‌های ژنی و تحلیل یک منطقه باستانی براساس مطالعات ژنتیکی :

تحولات جدید موجب افزایش توانایی ما به‌منظور استحصال DNA از فسیل‌ها و امکان مشاهده واقعی DNA استخراج شده از دفینه‌ها شده‌است. مطالعه DNA باستان به سرعت نظر ما را در مورد ریشه‌های انسان مدرن اصلاح می‌کند. یکی دیگر از ویژگی‌های شگفت‌انگیز DNA، ماندگاری آن است. بیشتر مولکول‌های زیستی پس از مرگ به سرعت تخریب می‌شوند. با این حال در شرایط خاص، DNA می‌تواند مدت‌ها بعد از آن باقی بماند. سوانته پابو[52] برای اولین بار این واقعیت را با استخراج DNA از بافت مومیایی مصری ۲۴۰۰ ساله نشان داد و اکنون ثابت شد توالی DNA با بیش از ۱۱۰۰۰۰ سال قدمت هم قابل استخراج هستند.

تکامل در ابتدایی‌ترین سطح خود، تغییر در فراوانی آلل در طول زمان است. فراوانی آلل در یک جمعیت می‌تواند به تبع چهار عامل، تغییر کند: جهش، انتخاب طبیعی، رانش و شارش ژنی. وقتی DNA از یک والد به دو رشته دختر کپی می‌شود، گاهی اوقات خطا رخ می‌دهد. وقتی اختلاف در دو توالی DNA را که ناشی از جهش است مشاهده می‌کنیم، در حال بررسی رخداد جانشینی هستیم. جانشینی‌ها تاریخچه تکاملی یک ژن را ثبت می‌کنند. جانشینی مشترک بین افراد نشان می‌دهد که این افراد نسب مشترک با فردی دارند که جهش اصلی در آن رخ داده است. همچنین نشان می‌دهد که همه کسانی که یک جانشینی را دارند به احتمال زیاد با هم رابطه نزدیکتری داشته باشند تا با آنهایی که جانشینی را در این ژن خاص ندارند. یعنی اخیراً آنها یک جد مشترک داشته‌اند. بنابراین، با ردیابی الگوی جانشینی‌های مشترک، متخصصان ژنتیک می‌توانند روابط فیلوژنتیکی را در بین نمونه ارگانیسم‌ها - درخت تکاملی آنها- بازسازی کنند [۱۰].

نتیجه‌گیری

در آزمایش‌های ژنتیکی روش‌های بسیاری وجود دارد که بستگی به نوع و جنس نمونه‌های مورد مطالعه و دلیل اختصاصی هر روش دارد. از تجزیه و تحلیل DNA برای تعیین جنسیت نیز می‌توان استفاده کرد. اختلافات ژنتیکی میان جنسیت‌ها ناشی از کروموزوم Y در مردهاست؛ بنابراین، با شناسایی قسمتی از DNA کروموزوم Y می‌توان دفینه مرد و زن را از هم تمییز داده و تعیین جنسیت اسکلت‌های به‌دست آمده از محوطه‌های باستانی را انجام داد.

استفاده از روش‌های مختلف ژنتیکی با توجه به نوع یافته به‌دست آمده از محوطه‌های باستانی مختلف (با اختصاصات اقلیمی خود) موجب دست یافتن به اطلاعات ژنتیکی آن منطقه شده و قیاس آن‌ها و تطبیق با سایر یافته‌های باستانی به‌دست آمده می‌تواند اطلاعات بسیاری به ما ارائه دهد.

همچنین می‌توان با به‌دست آوردن اطلاعات ژنتیکی هر منطقه باستانی و قیاس آنها با هم به بسیاری از سوالات باستانی پاسخ داد. البته شایان ذکر است این سرآغاز راهی عظیم با کمک و مشارکت علمی همه سازمان‌های علمی - پژوهشی است ولی نتایج حاصل شده سبب حفظ میراث فرهنگی این مردم است که باید از آن حفظ و صیانت کرد و به نسل آتی سپرد.

پی‌نوشت

۱. کارشناس ارشد سلولی تکوینی، پژوهشکده حفاظت و مرمت آثار تاریخی - فرهنگی پژوهشگاه میراث فرهنگی و گردشگری.

۲. کارشناسی ارشد بیوشیمی عمومی، شرکت پارسیان بهینه پایش

۳. عضو کارگروه تخصصی زیست‌فناوری

4. polymerase chain reaaction (PCR)
5. The human mitochondrial DNA (mtDNA)
6. forensic science
7. polymorph
8. restriction fragment length polymorphism (RFLP)
9. Bostein
10. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)
11. arbitrarily primed polymerase chain reaction (AP-PCR)
12. DNA amplification fingerprinting (DAF)
13. Amplified fragment length polymorphism (AFLP)
14. Zabeau
15. single nucleotide polymorphism(SNP)
16. Indel (insertion or delition)
17. Repetitive sequence (DNA)
18. Microsatellite
19. Minisatellite
20. Retro element
21. transition
22. transversion
23. binary marker
24. unique mutational events (UMEs)
25. Short tandem repeats (STRs)
26. Unequal crossing over
27. Replication slippage
28. Jeffreys
29. Budowle
30. Simple sequence repeats(SSR)
31. Kim
32. variable number tandem repeat (VNTRs)
33. Cytosine- Guanine base pair (CG)
34. Crosroad
35. Telomeric array and satellite
36. Satellite
37. Retroelement
38. Alu repeat
39. short interspersed repetitive units (SINESs)
40. insertion
41. Long Interspersed Nuclear Element)LINEs)
42. Human Endogenous RetroVirus (HERVs (
43. male specific region of Y (MSY)
44. pseudoautosomal regions
45. Non recombining region (NRY)
46. short tandem repeat (STR) on the Y-chromosome (Y-STR)
47. Lutz Roewer
48. genealogy
49. Mitochondrial DNA) mt- DNA(
50. DNA typing
51. Hyper variable region (HVR)
52. Svante Pääbo

مراجع

[۱] ژانکین‌ای. دوکانت، بیوشیمی ژنتیک از ژن تا پروتئین، چاپ اول، مبتکران، ۱۳۷۲.

[۲] بوتانی، ان. مانیکاندا، مکانیابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر: مبانی، کاربرد و مزایا، چاپ اول، انتشارات دانشگاه تهران، ۱۳۹۷.

[۳] اعظم سلیمی، علی فرازمند، سید جلال زرگر، طیبه مینابی. مجله زیست‌شناسی ایران، ۲۳ (۱۳۸۹).

[۴] سعید مروتی، هستی مدرسی. مجله طب نظامی، ۷ (۱۳۸۴)، ۱۱۹-۱۱۳.

[۵] دکتر میررحیم فخرز، دکتر محمود تولایی، دکتر مسعود هوشمند. مجله علمی پزشکی قانونی، ۳ (۱۳۸۷)، ۱۷۱-۱۶۶.

[6]- A.Ferguson, J.B. Taggart, P.A.Prodohl, O.McMeel, C.Thompson, C.Stone, P. McGinnity, R.A. Hynes, Jornal of Fish Biology, 47 (1995), 103-126

[7] J. KOLMAN, N.Tuross, Jornal of Physical Anthropology 111(2000), 5-23

[8] C.Rubicz, E.Melton, H.Crawford, Jornal of Biology Anthropology, 6 (2007)

[9] F. Calafell, M.Larmuseau. Jornal of Hum Genet 136(2017), 559-573.

[10] A. Hodgson, R.Disotell, Jornal of Evo Edu Outreach 3 (2010), 387-398

No.37 ■ Spring 2022 ■ Issue 1 ■ Volume 10
Iranian Journal of Laboratory Knowledge

Authors

Parastoo Erfanmanesh[1,3*]

Samira Jahandari[2,3]

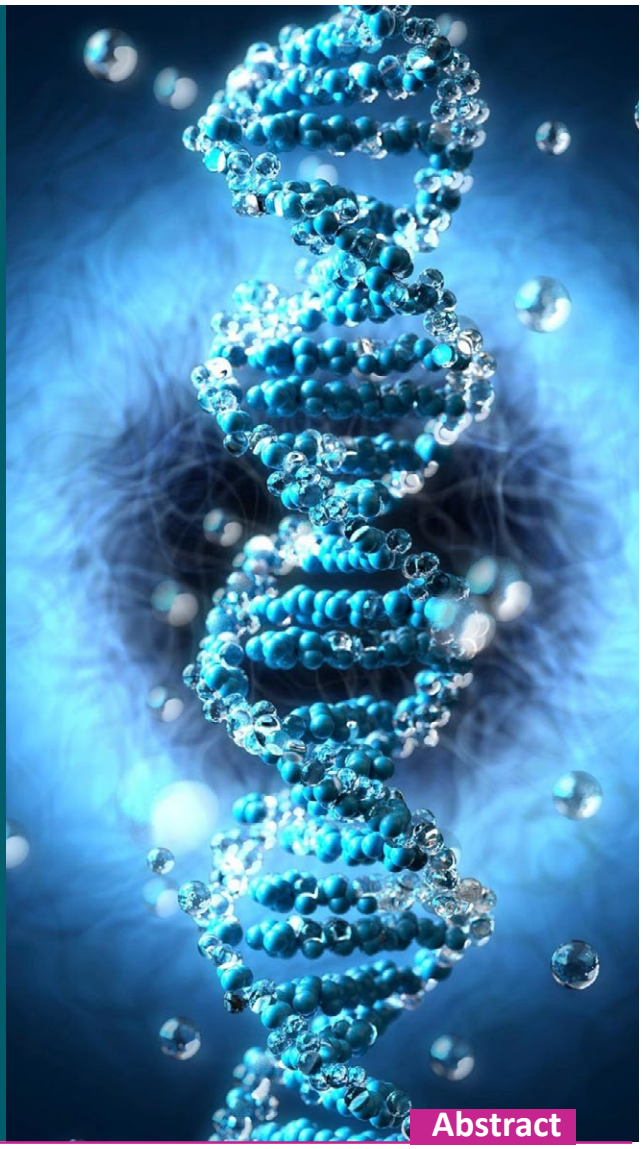
* parastoo.erfanmanesh@yahoo.com

1. Master of Microbiology and Biology Laboratory of Research Institute of Cultural Heritage and Tourism, Iran National Meuseum

2. Master of General Biochemistry, Parsian Behineh Payesh Co

3. Member of Biotechnology Working Group

Investigation of mtDNA in Genetic Laboratory Sequences and Methods used in Ancient Genetic Studies



Abstract

New technologies have increased the ability and efficiency of our methods of extracting DNA from burials. The study of ancient DNA quickly corrected our view of the origins of modern man. One of the amazing properties of DNA is its durability. Most biomolecules are rapidly destroyed after death. However, under certain conditions, DNA can remain for a long time.

In order to obtain ancient DNA, there are many molecular methods that are used depending on the type and material of the samples, there are many methods for genetic testing that depending on the type and type of samples, Is used. PCR-based methods are divided into three sections based on markers based on primer detection, which are discussed in detail in this article.

DNA analysis can also be used to determine gender. Genetic differences between the sexes are due to the Y chromosome in men; Therefore, by identifying a piece of DNA on the Y chromosome, it is possible to distinguish between male and female burials and determine the sex of skeletons obtained from ancient sites.

Human mitochondrial DNA markers belong to the non-coding region of the human genome.

A person should be the same as his mother and maternal relatives. The mtDNA trait, inherited over generations of more or less intact, and genetic recombination does not cause new diversity, is useful in tracing families and related generations. Therefore, this genetic component is very important in geoarchaeological studies.

Keywords

Ancient DNA, Y chromosome, mt-DNA markers, PCR methods

شبکه آزمایشگاهی فناوری نانو

فصلنامه

دانش آزمایشگاهی ایران

ISSN 2538-3450

سال دهم ■ شماره ۱ ■ بهار ۱۴۰۱ ■ شماره پیاپی ۳۷

دستگاه سیال فوق بحرانی و کاربرد آن در استخراج ترکیبات زیست فعال

رونق و تنوع خدمات شبکه آزمایشگاهی در سال ۱۴۰۰

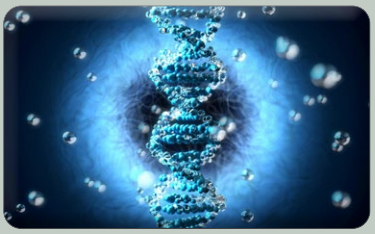
بخش بین‌الملل شبکه آزمایشگاهی فناوری‌های راهبردی و...

اهمیت آبگریزی و آزمون‌های مربوط به آن در صنعت عایق‌های الکتریکی

روش ضربدری روشی ساده و سریع در حل مسائل محلول‌سازی

کاربردهای فناوری پلاسمای سرد در صنایع غذایی

مروری بر مفاهیم و آزمون چقرمگی شکست



بررسی mtDNA در سکانس‌ها و روش‌های آزمایشگاهی ژنتیکی مورد استفاده در مطالعات ژنتیک باستان

www.IJLK.ir
info@ijlk.ir