

T.C.
İSTANBUL ÜNİVERSİTESİ
SOSYAL BİLİMLER ENSTİTÜSÜ
ANTROPOLOJİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**ANTROPOLOJİ VE GENETİK ARASINDA
İTERDİSİPLİNER BİR KÖPRÜ OLARAK ANTİK
DNA ÇALIŞMALARI**

Damla KARAGÖL

2501200024

TEZ DANIŞMANI
Prof. Dr. Ecevit Barış ÖZENER

İSTANBUL – 2025

ÖZ

ANTROPOLOJİ VE GENETİK ARASINDA İNTERDİSİPLİNER BİR KÖPRÜ OLARAK ANTİK DNA ÇALIŞMALARI

Damla KARAGÖL

Bu tezde çalışma alanlarından biri insan fosillerinden DNA elde etmek olan antik DNA disiplininin; ürettiği bilgiyle insan türünün özgün anatomik ve fizyolojik özelliklerini belirleyen genetik yapısını inceleyen genetik bilimi ve bu türün biyolojik ve kültürel evrimi ve çeşitliliğini inceleyen antropoloji arasında nasıl bir epistemolojik pozisyon işgal ettiği incelenmiş ve tartışılmıştır.

Biyolojinin alt dalları olan moleküler biyoloji ve genetik 20. yüzyılın ilerleme kaydeden disiplinleri olmuş ve insan genetiği konusundaki çalışmalarıyla antropolojinin alt dalları olan biyolojik ve paleoantropolojinin diskuruna katkıda bulunmuştur. Genetik ve biyolojik antropoloji İkinci Dünya Savaşı sonrasında birlikte yeni bir paradigma inşa etmiş; ardından moleküler biyoloji ve genetik ile biyolojik antropoloji ve paleoantropoloji, moleküler antropoloji çalışmaları bağlamında bir araya gelmiş ve insanın kökenleri, evrimi, biyolojik çeşitliliği ve hominin filojenisi gibi araştırma konusuna ortak katkılarını sunmuştur.

Antropoloji ile moleküler biyoloji ve genetiğin, 1980'lerin ikinci yarısından itibaren antik DNA çalışmalarıyla bir başka kesişim alanı olmuş ve bu iki disiplin insan evrimi, insanın kökenleri, eski insan türleri, tarih öncesi göçler, geçmiş insan popülasyonlarının demografik yapıları, insanların geçmişte yaşadıkları çevre ve ekolojik ilişki kurdukları diğer canlılar, antik patojenler ve neden oldukları hastalıklar gibi pek çok araştırma konusunda birlikte bilgi üretmiştir.

Antik DNA, böylece, antropoloji ve genetiği kapsayan interdisipliner bir çalışma alanı olmuştur. İnterdisipliner çalışmalar disiplinlerin ortak problemlerinin çözülmesi için metodolojik ve epistemolojik bir iş birliği yapmalarıyla yürütülür ancak bu çalışmalar bir araya getirdikleri disiplinler arasındaki iletişim ve ortaklaşma yeterince güçlü olmadığında işbirliğinden çok gerilim ve çatışma üretir. Antik DNA ayrı ayrı pek çok boyutta katkı sunduğu arkeoloji ve antropoloji ile genetik disiplinleri arasında işbirliği olduğu kadar çatışma

retmiřtir. Antropoloji ve genetięin daha gl bir iletiřim kurmasıyla iki disiplin arasında daha etkili bir iřbirlięi yapılmasının ve daha fazla katkı sunulmasının n aılacaktır.

Bu tezin amacı bu baęlamdaki problemleri tespit etmek ve zm nerileri sunmaktır.

Anahtar Kelimeler: antik DNA, antropoloji, biyoloji, genetik, interdisiplinerlik



ABSTRACT

ANCIENT DNA STUDIES AS AN INTERDISCIPLINARY BRIDGE BETWEEN ANTHROPOLOGY AND GENETICS

Damla KARAGÖL

This thesis examines and discusses how the discipline of ancient DNA, one of whose areas of study is the extraction of DNA from human fossils, occupies an epistemological position between genetics, which studies the genetic structure of the human species that determines its unique anatomical and physiological characteristics through the information it generates, and anthropology, which studies the biological and cultural evolution and diversity of this species.

Molecular biology and genetics, sub-branches of biology, became progressive disciplines of the 20th century and, through their work on human genetics, contributed to the discourse of biological and paleoanthropology, sub-branches of anthropology. Genetics and biological anthropology jointly constructed a new paradigm after World War II. Subsequently, molecular biology and genetics, along with biological anthropology and paleoanthropology, converged within the context of molecular anthropology, offering joint contributions to research topics such as human origins, evolution, biodiversity, and hominin phylogeny. From the second half of the 1980s onward, anthropology, molecular biology, and genetics have become another area of intersection with ancient DNA studies. These two disciplines have jointly generated knowledge on numerous research topics, including human evolution, human origins, ancient human species, prehistoric migrations, the demographic structures of past human populations, the environments in which humans lived and the other organisms with which they established ecological relationships, and ancient pathogens and the diseases they caused.

Thus, ancient DNA has become an interdisciplinary field encompassing anthropology and genetics. Interdisciplinary studies are conducted through methodological and epistemological collaboration to solve common problems, but when communication and collaboration between the disciplines they bring together are insufficient, they often produce tension and

conflict rather than cooperation. Ancient DNA has generated both cooperation and conflict between the disciplines of archaeology, anthropology, and genetics, which contribute to the field in many ways. Stronger communication between anthropology and genetics will pave the way for more effective collaboration and greater contributions between the two disciplines.

This thesis tries to identify the problems in this regard and offer solutions.

Keywords: ancient DNA, anthropology, biology, genetics, interdisciplinarity



ÖNSÖZ

Bu tezin önsöz kısmı da içeriğinin büyük bir kısmı gibi uykusuz hâlde yazıldığı için eksik ve kusurlu olacaktır. Elimden gelenin en iyisini yapacak ve aklıma bir çırpıda geliveren herkesi teker teker sayacağım.

Benim öğrenmemi ve öğretmemi kıymetli bulan ve beni elinden gelenin en iyisini yaparak her zaman destekleyen anneme, yükümün çoğunu sırtlanan sevgilim Tuğberk Ayar'a, bu süreçte elim ve gözüm gibi olan arkadaşlarım Muratcan Kiraz, Merih Can Eygi ve Gülşah Canbazgil'e, yol göstericiliğini esirgemeyen Dr. Eda Süer, Dr. Çağatay Tarhan, Dr. Elif Uz Yıldırım ve her zaman minnettar kalacağım tez danışmanım ve hocam Prof. Dr. Ecevit Barış Özener'e teşekkürlerimi sunarım.

Damla KARAGÖL

İSTANBUL, 2025

İÇİNDEKİLER

ÖZ.....	ii
ABSTRACT.....	iv
ÖNSÖZ.....	vi
KISALTMALAR LİSTESİ.....	viii
GİRİŞ.....	1
BİRİNCİ BÖLÜM BİYOLOJİNİN, EVRİMİN, KALITIMIN, GENETİĞİN VE MOLEKÜLER BİYOLOJİNİN TARİHİ	2
1.1 Evrimsel Biyolojinin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi.....	2
1.2 Kalıtım Biliminin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi.....	8
1.3 Genetik Biliminin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi.....	15
1.4 Moleküler Biyolojinin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi.....	22
İKİNCİ BÖLÜM GENETİK VE ANTROPOLOJİNİN İNTERDİSİPLİNER KARŞILAŞMALARI	29
2.1 Antropolojinin Tarihi, Kapsamı ve Çalışma Alanları.....	29
2.2 Biyoloji ve Antropolojinin Kesişimlerinin Tarihi.....	31
ÜÇÜNCÜ BÖLÜM ANTİK DNA’NIN ORTAYA ÇIKIŞI, GELİŞİMİ VE GÜNÜMÜZDEKİ ANTİK DNA ÇALIŞMALARI	41
3.1 Bitki Evcilleştirmesiyle İlgili Antik DNA Çalışmaları.....	51
3.2 Hayvan Evcilleştirmesiyle İlgili Antik DNA Çalışmaları.....	54
3.3 İnsan Hastalıklarıyla İlgili Antik DNA Çalışmaları.....	59
3.4 İnsan Göçleriyle İlgili Antik DNA Çalışmaları.....	62
3.5 Geçmişteki İnsan Sosyal Organizasyonu ile İlgili Antik DNA Çalışmaları.....	68
3.6 Diğer İnsan Türleriyle İlgili Antik DNA Çalışmaları.....	71
3.7 Nükleer DNA İle Yapılan Antik Dna Çalışmaları.....	76
3.8 Cinsiyet Tayininde Kullanılan Antik DNA Çalışmaları.....	80
3.9 Primat Çalışmalarında Kullanılan Antik DNA Çalışmaları.....	81
DÖRDÜNCÜ BÖLÜM TÜRKİYE’DE ANTİK DNA ÇALIŞMALARI	83
4.1 Türkiye’den Elde Edilen Örneklerle Yurt Dışında Yapılan Çalışmalar.....	84
4.2 Türkiye’den Elde Edilen Örneklerle Türkiye’de Yapılan Çalışmalar.....	85
SONUÇ VE TARTIŞMA	89
KAYNAKÇA	100

KISALTMALAR LİSTESİ

Alm.	: Almanca
AMELX	: Amelogenin X
AMELY	: Amelogenin Y
DNA	: Deoksiribonükleik asit
FGFR3	: Fibroblast growth factor receptor 3
Fr	: Fransızca
FOXP2	: Forkhead box protein 2
Gr	: Grekçe
HTS	: High Throughput Sequencing
HMW	: High molecular weight
HVRI	: Hypervariable region I
HVRII	: Hypervariable region II
İng	: İngilizce
İÖ	: İsa'dan önce
İS	: İsa'dan sonra
Lat	: Latince
MC1R	: Melanocortin 1 receptor
MCPH1	: Microcephalin1
mtDNA	: Mitokondriyel DNA
NADH	: Nikotinamid Adenin Dinükleotid-H
NGS	: Next Generation Sequencing
NRY	: Non recombining Y
PBF	: Prolamin box binding factor
PCR	: Polymerase Chain Reaction
PLA	: Plasminogen activator-encoding
PROP	: 6-n-propylthiouracil
PTC	: Phenylthiocarbamide
RLEP	: M. leprae-specific repetitive element
RNA	: Ribonükleik asit
rRNA	: Ribozomal RNA
SELP	: P-selectin
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism
SRY	: Sex determining region Y
STR	: Short Tandem Repeat
Su1	: Sugary 1
TB1	: Teosinte branched 1

GİRİŞ

“Yaşam kendi kendini idame ettiren, Darwinyen evrim geçirmeye muktedir bir kimyasal sistemdir (Liu, 2020).”

Kendi kendini idame ettirmek “yaşamda kalmak için daha yüce bir varlığın (bir doktora öğrencisinin ya da tanrının) devamlı müdahalesine” ihtiyaç duymamak; Darwinyen evrim “kendi kendini kusurlu bir şekilde kopyalayan, bu kusurlu kopyalama esnasında ortaya çıkan hataların da kopyalandığı bir moleküler genetik sistemin çeşitli kopyaların farklı derecelerde “uyum” başarısı” elde etmesidir”.(Benner, 2010).

Bu kısa tanım, yaşam hakkında yapılmış diğer onlarca tanım arasından, yaşamı biyolojinin yüz yıldan uzunca bir süredir gelişen evrim, kalıtım ve genetik gibi alt dallarına temas ederek açıklamasıyla sıyrılmaktadır. Bu alt dallar, modern disiplinler olarak yükselmeye başladıkları 19. yüzyıldan beri arkeoloji ve antropolojinin insanın biyolojik ve kültürel evrimini inceleyen alt dallarıyla interdisipliner temaslar kurmuş ve antik DNA adı verilen disiplinin interdisipliner bir çalışma alanı olarak gelişebilmesini sağlayan tarihi ortaklıkları meydana getirmiştir.

Bu tezde antik DNA çalışmalarının dünyada ve Türkiye’deki güncel durumu incelenecek ve tartışılacaktır. Alanın güncel durumunu kavrayabilmek için tarihsel gelişiminin oluşturacağı bağlama ihtiyacımız olduğundan tezin ilk dört bölümünde sırayla biyolojinin antik DNA’yla ilintili dört alt dalının (evrim, kalıtım, genetik ve moleküler biyoloji) ortaya çıkışı ve gelişimi, bu alt dallarla antropoloji arasında tarih boyu yaşanan disiplinler arası karşılaşmalar ve nihayet antik DNA’nın dünyada ve Türkiye’de geçmişi ve güncel durumu anlatılacaktır. Sonuç bölümünde antik DNA’nın interdisipliner bir alan olarak antropoloji ile genetiğin güncel diskuru açısından ne ifade ettiği tartışılacaktır.

BİRİNCİ BÖLÜM

BİYOLOJİNİN, EVRİMİN, KALITIMIN, GENETİĞİN VE MOLEKÜLER BİYOLOJİNİN TARİHİ

1.1 Evrimsel Biyolojinin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi

Bilimin, “*eureka*” anlarının bağlamsız bir toplamı değil insanlığın istikrarlı bilgi birikiminin tutarlı bir sonucu olarak geliştiğini düşünen tarih anlayışına göre evrim 19. yüzyılda yaşamış İngiliz biyolog Charles Darwin’in öncesiz bir keşfi değil, Batı düşüncesinde antik Yunan filozoflarına kadar takip edilebilecek maddeci-evrimci düşünce hattının modern bir sonucudur (Özbudun ve ark, 2007; Bowler, 2020). Antik Yunan’da Miletli Thales’ten (İÖ 626/623 – 548/543) Platon’a (İÖ 427-347) canlılığın ortaya çıkışı ve günümüzdeki canlı çeşitliliğine giden süreçte dair görüş bildiren pek çok felsefeci olmuştur. Bunlar arasında Batı düşüncesinde en çok iz bırakacak olanı “*scala naturae*” (Lat. büyük varlık zinciri) anlayışıyla Platon’un öğrencisi Aristo’dur (İÖ 384-322). Aristo’ya göre varlıklar arasında cansız varlıklar, bitkiler, hayvanlar, insanlar, ilahi varlıklar ve Tanrı şeklinde ilerleyen doğal bir hiyerarşi vardır, bu hiyerarşide her varlığın yeri sabittir ve birinin diğerine dönüşerek kendi basamağından başka bir basamağa geçmesi mümkün değildir. Aristo, Yunan felsefesinin evrimci fikirlerinin cımbızlanarak Hristiyan teolojisine dâhil edildiği Orta Çağ Avrupasında yeniden keşfedilmiş ve “büyük varlık zinciri” başta olmak üzere pek çok fikri dönemin sosyal, politik ve kültürel dokusuna olan uygunluğu nedeniyle Kilise’nin resmi görüşlerine ve dönemin düşünce iklimine damga vurmuştur. Bu düşünce iklimi ancak Rönesans’ta doğa bilimlerinin yükselmesi ve bu yeni bilimlerin insanın ve Dünya’nın neliğine dair yeni bir söylem inşa etmesiyle değişmiştir. Dünya’nın evrenin merkezinde olmadığını ve hareketlerinin tüm gök cisimleri gibi bütünüyle doğa yasalarına bağlı olduğunu öne süren Rönesans perspektifi, kaçınılmaz olarak insanın bulunduğu kozmik basamağı alçaltmıştır. Bu devinimler 19. yüzyılda Darwin’in bu bakış açısını biyolojiye taşıyarak insanların

da tüm canlılar gibi doğa yasalarına tabii olduğunu ortaya koyduğu evrim teorisini geliştirebilmesi için uygun düşünce iklimini de olgunlaştırmıştır (Gilje ve Skirbekk, 2001; Ayala, 2023).

Rönesans'ın Darwin'in teorisi başta olmak üzere daha sonra geliştirecek evrim teorilerine diğer katkısı, bu dönemde ilahi kurguyu daha iyi anlamak için yapılan taksonomi (sınıflandırma) çalışmalarıdır. Bu çalışmalarla güncelliğini kısmen koruyan bilimsel bir tür tanımı yapılmış, canlı türleri yaratılış zinciri anlatısına kıyasla daha detaylı ve esnek şekilde açıklanmaya çalışılmış ve canlı çeşitliliği ve ekolojik etkileşimlerin daha iyi anlaşılması sağlanmıştır. İlk taksonomist ilk tür tanımını “birlikte çiftleşip çoğalabilen canlılar” olarak yapan botanik bilimci John Ray'dir (1627-1705). Biyolojiye en büyük bilimsel katkıyı yapan taksonomist ise geliştirdiği sınıflandırma sisteminin belli başlı özelliklerinden hâlâ yararlanılan İsveçli Karl von Linne ya da Latinize edilmiş versiyonuyla Carolus von Linneaus'tur (1707-1778) (Bernasconi, 1999). Linne, tüm canlı türlerinin Latince ya da psödo-Latince tür ve cins isimlerinin olmasını sağlayacak bir ikili adlandırma yöntemi icat etmiş ve o gün bilinen tüm türleri bu yöntemle bilimsel olarak adlandırmıştır (Schuh, 2003). Linne'nin katkısıyla yaşam bilimlerinin hâlâ yararlanılan bir *lingua francasının* oluşmasının yanı sıra canlı türleri arasındaki biyolojik ilişkiler de daha iyi ifade edilmiştir.

Evrimci düşünce diğer entelektüel devrimler gibi asıl olarak 18. yüzyılda başlayan Aydınlanma Devrinde gelişme fırsatı bulmuştur. Bu döneme damgasını vuran fosil incelemeleriyle evrimsel biyolojinin ileride dirsek teması içinde olacağı paleontoloji ve jeoloji gibi disiplinler doğmuştur (Hale ve Kennedy, 2024). Comte de Buffon Georges-Louis Leclerc (1707-1788) başta olmak üzere 18. yüzyılın ilk jeologları ve paleontologlarının biyolojiye yaptığı en erken katkılardan biri Dünya'nın bilinenden çok daha yaşlı olduğunu ortaya koymalarıdır. Buffon'ın ardından, Fransız jeolog ve doğa bilimci Georges Cuvier (1769-1832) fosillerin yok olmuş canlıların kalıntıları olduğunu ileri sürmüştür. İngiliz amatör araştırmacı William Smith (1769-1839) de kapsamlı bir çalışmayla yer kabuğu katmanlarını ve bu katmanlarla eşleştirdiği fosilleri haritalayarak doğmakta olan bu disiplinlere önemli bir teknik katkı yapmıştır.

Kayaç ve fosil çalışmaları ivmesini 19. yüzyılda da sürdürmüştür. Bu dönemde yapılan çalışmalarla, dünyanın birden çok kez büyük coğrafi değişikliklere ve kitlesel yok oluşlara ev sahipliği ettiği ortaya konmuştur. Cuvier'in temsil ettiği jeoloji ekolü, buradan yola çıkarak yaşam tarihini büyük felaketler sonucu meydana gelen kitlesel yok oluşlarla arada kalan durgun dönemlerden ibaret bir silsile olarak ele almıştır. Bu ekole İncilci bir Nuh Tufanı anlatısını meşrulaştırma potansiyeli yüzünden karşı çıkan Charles Lyell (1797-1875) ise jeolojiyi bu bakış açısından kurtarıp ciddi bir disiplin hâline getirmek için karşıt bir bilimsel teori geliştirmiştir. Talihli bir tesadüf sonucu, 1790'larda İskoç bir çiftçi olan James Hutton'ın görüşlerini yeniden keşfetmiştir. Hutton'ı takip eden Lyell, yer kabuğunun ani felaketlerle değil, milyonlarca yıl içinde yavaş yavaş değiştiğini öne sürmüştür. Cuvier ve Lyell'in görüşleriyle temsil ettikleri jeoloji ekolleri, daha sonra İngiliz tarihçi ve bilim felsefecisi William Whewell (1794-1866) tarafından "katastrofizm" ve "üniformiteryenizm" olarak adlandırılacaktır. Üniformiteryenizm yavaş ve istikrarlı, tek biçimde meydana gelen; katastrofizm ise ani ve sıçramalı şekilde gerçekleşen değişimlerin savunusudur. Bu iki ekol, daha sonra evrim teorilerinin biyolojik değişimleri açıklaması için de işlevsel olacaktır (Hale ve Kennedy, 2024).

İlk evrim teorisi, Fransız tıp bilimcisi ve botanikçi Jean Baptiste Pierre Antoine de Monet, Chevalier de Lamarck'a (1744-1829) aittir (Bowler, 2020). Cuvier'in de görev yaptığı Muséum d'Histoire Naturelle'de (Doğa Tarihi Müzesi'nde) omurgasızlar üzerine çalışan Lamarck, buradaki çalışmaları sayesinde türlerin değişme sürecine ilişkin bilimsel bir teori geliştirebilmiştir. 1809'da yayınladığı Philosophie Zoologique'de (Fr. Zooloji Felsefesi) türlerin değişimini iki yasayla açıklamıştır. Birinci yasaya göre hayvanlarda devamlı kullanılan organlar büyüyüp gelişirken kullanılmayan organlar küçülüp körelmekte ve zamanla yitip gitmektedir. İkinci yasaya göre bireylerin kazandığı ya da kaybettiği tüm bu özellikler yavrularına aktarılmaktadır. Örneğin çevre koşulları nedeniyle belli bir uzvu körelen hayvanların yavruları da körelmiş uzuvlarla doğmakta, böylece türler kuşak kuşak değişmektedir. Lamarck'ın evrim teorisi politik çağrışımları nedeniyle dönemin Fransa ve Avrupasında

muhafazakâr tepkilere yol açmış, deney ve gözlemle desteklenmemesi nedeniyle de bilim insanları ve aydınlar tarafından bilimsel açıdan kusurlu bulunmuş ve reddedilmiştir (Galera, 2017). Lamarkçı evrimin bu biçimde karşılık bulması evrimci düşüncenin tutunmasına engel olmamıştır. Bu evrim teorisi, daha sonra gelecek Darwinci evrim teorisi tarafından yerinden edilinceye kadar doğa bilimleri eğitiminde kendine yer bulmuş, bundan daha da uzun bir süre boyunca sosyal bilimlerde tutunmuş ve en önemlisi Darwin başta olmak üzere pek çok doğa bilimci ve aydına ilham vermiştir.

Charles Darwin (1809-1882), İngiltere'nin önde gelen evrimci aydınlardan birinin, Fransız düşünürleri çevirilerinden okuyan ve tartışmaları takip eden Erasmus Darwin'in torunudur (Hale ve Kennedy, 2024). Devrimin etkisiyle maddeci, ilerici ve evrimci görüşlerin İngiliz entelektüel yaşamında kendine yer bulduğu bir dönemde yetişmiştir. Edinburgh'te aldığı tıp ve doğa tarihi eğitimi sırasında anatomi hocası Robert Grant'ten Lamarkçı evrim teorisini öğrenmiş, botanik profesörü John Stevens Henslow ve jeolog Adam Sedgwick'in katkısıyla da jeolojide ilerlemiştir. 1831'de bilimsel araştırmaları için bir gemi seyahati yapmış ve bu seyahat ile kendi evrim teorisini şekillendiren önemli gözlemler yapma fırsatı bulmuştur. Seyahate çıkmadan önce ve seyahat boyunca Charles Lyell'in "Jeolojinin İlkeleri" kitabını okuyan Darwin, Güney Amerika'nın coğrafi yapısının Lyell'in teorisine uyumlu olmasının da etkisiyle ileride "yavaş değişim" fikrini biyolojik evrime uyarlamasında etkili olacak uniformitaryen görüşü benimsemiştir. Darwin'in gezi sırasında yaptığı en önemli keşiflerden biri ise coğrafi sınırların canlıları farklı habitatlarda izole etmesinin türleşmede etkili olduğunu keşfetmesidir. Bu gezide, canlıların yaşam alanlarının özel ihtiyaçlarına karşılık vermek için birbirlerinden ayrıştığını ve yeterince değiştikten sonra artık yeni türlere dönüştüğünü görmüştür. Özellikle Büyük Okyanus'ta yer alan Galapagos takımadalarındaki ispinoz kuşlarının her bir adaya özel değişiklikler geçirerek birbirinden ayrı türlere dönüştüğünü gözlemlemek bu sonuca varmasına yardımcı olmuştur.

Gemi, 1836'da İngiltere'ye dönmüş ve Darwin, türleşmenin ardında yatan biyolojik mekanizma üzerine düşünmeye başlamıştır. İlk ilham, ünlü İngiliz

iktisatçı Thomas Malthus'un insan nüfusu üzerine yayınladığı bir teorisini okumasıyla gelmiştir. 18. yüzyılın son İngiliz hükümetinin sosyal devletçi uygulamalarından şikâyetçi olan Malthus, söz konusu yayında, yoksullara yardım edilmesinin yoksulluğu azaltmanın aksine onları yok edecek vahşi bir rekabeti ortaya çıkaracağını öne sürmektedir. Bu düşüncesini en yalın hâliyle *"Varsayalım ki, zenginlerin inayetiyle, günümüzde bir işçinin kazandığı 18 peni beş şiline çıktı, artık, belki de, rahat yaşayacaklarına, ve her akşam yemekte bir parça et yiyebileceklerine inanabiliriz. Ama bu yanlış bir çıkarım olur. İşçiye her gün fazladan aktardığımız üç şilin ve altı peni ülkedeki et miktarını artırmaz. ... Pazardaki et için tüketiciler arasında yaşanacak rekabet anında et fiyatını yükseltir... Bir madde nadirse ve herkese dağıtılması mümkün değilse, en ayrıcalıklı alıcı, yani en çok parayı teklif eden onu alır."* diyerek ifade etmektedir (Wrigley ve Smith, 2020). Darwin için Malthus'a rastlamak, kendi ifadesiyle, en azından üzerine çalışabileceği bir teorisinin olmasını sağlamıştır. Nüfus artışı çetin bir yaşam mücadelesi ortaya çıkaracak, bu mücadele ortamında diğerlerinden farklı bir yararlı özelliği olan herhangi bir organizma avantajlı hâle gelecek ve hayatta kalıp üreyecektir. Zararlı bir özelliği olan organizma da aynı şekilde bu mücadelede yenik düşecektir. Bu özellik kalıtımsalsa aktarıla aktarıla sabitlenecek ve türler nihayetinde zamanla değişecektir.

Darwin, doğal seçim teorisini İngiltere'deki hayvan yetiştiricilerinden edindiği bilgilerden de yararlanarak yirmi yıl boyunca olgunlaştırmıştır. Çalışmalarının bu denli uzun sürmesinde politik kaygıları ve önerdiği mekanizmaya tam olarak güvenmemesi nedeniyle yayın yapmaktan kaçınması da etkili olmuştur. Türlerin Kökeni başlıklı çalışmasını ancak 1859 yılında Alfred Russell Wallace'ın da onunla tam olarak aynı teoriyi sunmak üzere olduğunu öğrenince yayınlatabilmiştir (van Wyhe, 2007). Türlerin Kökeni, Darwin'in beklediği politik tepkilerin yanı sıra bilimsel itirazları ve kabulleri de peşinden getirmiştir. Politik tepkiler, beklenebileceği gibi, fosiller ve ispinoz kuşlarıyla ilgili gözlemlere değil çalışmasında ortaya koyduğu doğal seçim yoluyla uyum fikrinin ırklar, cinsiyetler ve sınıflara dair ifade ettiklerine yöneliktir (Hale ve Kennedy, 2024). İngiltere solu Darwinci evrimin ilerici yönünü sahiplenirken

doğal eşitsizlikleri meşrulaştırıcı tarafını reddetmiş, muhafazakarlarca Mathuşçu rekabet vurgularından hoşnut kalırken hiçbir tasarımın ve amacın olmadığı amoral kaos kurgusunu ürkütücü bulmuştur (Bowler, 2020). Darwin'in evrim teorisine getirilen bilimsel itirazlarca doğal seçilimin bir mekanizma olarak ikna edici olmamasına yöneliktir. Darwin'in özgün bir kalıtım teorisi, dolayısıyla avantajlı olduğu için bireyden bireye aktarılan özelliklerin tam olarak nasıl aktarıldığına dair bir açıklaması yoktur (Charlesworth ve Charlesworth, 2009). Dönemin hâkim kalıtım teorisi olan "karışmalı kalıtım"dan (İng. *blending inheritance*) yola çıkarak geliştirdiği "*pangenesis*" mekanizmasını savunan Darwin'e göre vücutta "*gemmule*" denen, doğru şekilde beslenirse kendi kendine bölünerek çoğalıp köken aldıkları vücut bölümünün kopyasını oluşturma yeteneği olan küçük parçacıklar üretilmekte, çeşitli gelişim aşamalarında vücudun her yerinden ayrılıp kana karışan bu *gemmule*'le üreme organlarında toplanıp "eşeyssel unsurları" oluşturmakta, bu eşeyssel unsurların çiftleşme sırasında birleşmesiyle de yeni bir yavru meydana gelmektedir (Darwin, 1875). Karışmalı kalıtıma göre, *gemmule*'lerin birleşmesiyle anne ve babasının bir ortalaması oluşmaktadır. Böylece, örneğin sarışın bir anne ve esmer bir babadan kumral bir çocuk doğmaktadır. Bu çocuk kumral olduğu için tüm *gemmule*'leri sadece kumrallığa dair bilgiyi taşıyacak, ondan artık sarışın ya da esmer değil, yalnızca onun gibi kumral bir yavru dünyaya gelmesi beklenecektir (Waller, 2003). Ne var ki, kalıtımın tam olarak böyle işlemediği, bu örnekteki kumral çocukların ileride sarışın ya da esmer çocuklarının olabileceği antik Yunan'dan beri bilinen bir fenomendir. Ataların kuşağında görünüp çocuklarda kaybolan bazı özelliklerin torunların kuşağında yeniden ortaya çıkması mümkündür. Aristo'nun "dedede gördüğü siyah bir lekenin babaya geçmeyip toruna geçtiği" bir vakayı tartıştığı, 12. yüzyılda yaşamış İspanyol bir Yahudi olan Judah Ha-Levi'nin doğada görülen bu türden "kuşak atlama" fenomenlerini sıraladığı bilimsel yayınlardan da anlaşılacağı gibi bu konuda Darwin'den yüz yıllar öncesine giden bir kafa karışıklığı vardır (Retsas, 2009; Poczai ve Santiago-Blay, 2022). 19. yüzyılın botanikçileri ve hayvan yetiştiricileri de bazı özelliklerin "kuşak atladığının" farkındadır (Waller, 2003). Darwinse bu tür vakaları üreme organlarının hasar alması, vücudun farklı kısımlarından kopan *gemmule*'lerin

yanlış birikmesi ya da çevre koşullarının yavruya aktarılacak gemmule'ler üzerinde doğrudan etkili olması gibi istisnalarla açıklamakla yetinmiştir (Gillham, 2001).

Karışmalı kalıtım ve pangenesis, popülasyondaki çeşitliliği, yani varyasyonu açıklamayı da başaramamıştır. Bu düşünme biçimi uyarınca, her yavru anne babasının ortalaması olacağı için bir popülasyonun bireylerinin her kuşakta biraz daha ortalamaya yaklaşması ve aralarındaki farkların gitgide azalması beklenmeli, bu kalıtım mekanizması çeşitliliğin artması değil azalması yönünde etkili olmalıdır. Çeşitliliğin azalması avantajlı ya da dezavantajlı özelliklerin sayısını da azaltmalı, bu da doğal seçilimin etki alanını sınırlandırmalıdır. Darwin'in doğal seçim yoluyla adaptasyon mekanizması ise bunun tersi koşullarda mümkündür. Darwin, bu tartışmalara da popülasyondaki varyasyonun çok küçük ve görmezden gelinecek kadar önemsiz farklarla sağlandığını ve doğal seçilimin işe yaramasına yetecek düzeyde olduğunu iddia ederek katılmıştır. Darwinci evrimin bilimsel bir şekilde açıklanmasını sağlayacak kalıtım teorisinin ortaya çıkışı Mendel'in çaprazlama çalışmalarını ve bu çalışmaların yeniden keşfedilip Darwin'in evrim teorisiyle birleştirildiği 20. yüzyılı bekleyecektir (De Marrais, 1974).

1.2 Kalıtım Biliminin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi

Tıpkı yaşamın ortaya çıkışı ve canlı çeşitliliğinin bugünkü hâlini alması gibi soy bağı da insan düşüncesini uzun zaman meşgul etmiş kavramlardan biridir (Müller-Wille ve Rheinberger, 2012). 5. yüzyılda yaşamış antik Yunan filozofları üremenin tabii olduğu doğa kanunlarına dair en erken tartışmaları yürütmüş, hangi özelliğin ebeveynden yavruya nasıl geçtiğine dair çeşitli görüşler bildirmişlerdir. Sokrates'in çağdaşı hekim Hipokrat (İÖ 460 – 370) hem kadın hem de erkekten gelen tohumların birleşerek embrioyu oluşturduğunu öne sürmüştür (King, 2018). “Pangenesis” (iki semen hipotezi) olarak da adlandırılan bu görüşe göre anne ya da babadan hangisinin semeni daha baskın davranırsa çocuk ona daha çok benzemektedir. Örneğin erkek tohumunun baskın olduğu durumda bebek erkek, dişi tohumunun baskın olduğu durumlarda ise kız çocuğu

dünyaya gelmektedir. Aristo ise Hipokrat'ın aksine sıvıların değil bazı "parçacıklı" yapıların tohum görevi gördüğünü düşünmüştür. Ona göre vücudumuzun bütün parçalarının özünü taşıyan "nükleus" (Gr. çekirdek) ya da "gemmule" denen bir yapı embriyoyu meydana getirme gücünü taşımaktadır. Bu gemmule'ler kanda dolaşmakta, kanın saflaşmasıyla da semeni oluşturmaktadır. Ancak, Aristo'ya göre, semen enerjiyle üretilen bir şeydir ve semen üretme gücü bedenleri kadın bedeninden daha sıcak olduğu için yalnızca erkeklerde bulunabilmektedir. Annenin üremede oynadığı rol semenle gelen tohumları vücudunda besleyip büyütmek ve zamanı geldiğinde çocuğu dünyaya getirmekten ibarettir (Kremer, 2003).

Greko-Romen dönemin üreme ve kalıtıma dair görüşlerini Romalı hekim Galen'in (İS 126-216) anatomi çalışmaları dolayısıyla öğrenmek mümkündür. Hem kadın hem de erkek üreme organlarını inceleyen Galen, antik Yunan'da bahsedilen bu tohumların üretilme biçimini bu anatomik yapılarla ilişkilendirmeye çalışmış ancak yine de üremenin mekanizmasını açıklayamamıştır. *"İnsanı, meşe ve çınar ağacını yahut sarmaşığı meydana getiren maddeyi şekillendiren spermanın canlılığının yalnız türünü değil, biçimi de belirlediğini düşünüyorum"* diyen Galen tıpkı antik Yunan'daki gibi kan dolaşımıyla ilişkilendirdiği vücut sıvılarının taşıdığı tohumların kalıtsal özelliklerin aktarılmasında rol oynadığını öne sürmekle yetinmiştir (Boylan, 1986).

Orta Çağ boyunca görmezden gelinen antik fikirler Rönesans'la birlikte yeniden gün yüzüne çıkmıştır (Dijksterhuis, 1961, akt. Bowler, 2015). Bu dönemde büyütme aletlerinin icadının hücre çalışmalarını kolaylaştırması yeni teorilerin de önünü açmıştır. Regnier de Graaf (1641-1673) memeli dişilerinde yumurta hücrelerini taşıyan folikülleri, Antoine van Leeuwenhoek (1632-1723) ise insan spermini keşfetmiştir. Ardından Marcello Malpighi (1628-1694) ve Jan Swammerdam (1637-1680) embriyonik gelişimin ilk aşamalarına dair ipuçları elde etmiştir (Adelmann, 1966, aktaran Bowler, 2020). Entelektüel iklim embriyonun oluşumunu maddesel süreçlerle açıklamayı gerektirse de dönemin aydınları sperm ve yumurtanın bir araya gelerek embriyoyu nasıl üretebildiğini

ortaya koyamadığı için metafizik açıklamalara başvurulmuştur. Embriyonik gelişimin Rönesans tipi açıklaması, 1700’lerde ortaya çıkıp Aydınlanmaya kadar etkili olmuş yarı bilimsel yarı mistik bir teori olan “preformasyon teorisi”dir. Bu teoriye göre her insanın önceden yaratılmış minyatürü annenin yumurtasında ya da babanın sperminde taşınmakta, bu minyatürün sonradan büyüyüp gelişmesiyle embriyo oluşmaktadır (Bowler, 1971).

Sperm ve yumurtanın embriyoyu oluşturacak bilgiyi kimyasal molekül olarak taşıdığının kavranması 20. yüzyıl ortalarını bulacağı için preformasyon teorisinin maddeci bir alternatifi yoktur. En fazla vücut sıvılarının embriyoyu ürettiğini varsayan antik düşünme biçimine başvurarak ebeveynlerin vücudundaki yaratıcı gücün kanda bulunduğu iddia etmek mümkün olabilmiş, bu kavrayış da pek çok kültürel alışkanlıkta kendini göstermiştir. Goethe’nin Faust’unda kanın kalıtım metaforu olarak kullanılması bunun ilgi çekici bir örneğidir (Marks, 2012). Bu dönemde üreticiler de çiftleştirdikleri hayvanın özelliklerinin kan yoluyla aktarıldığını öne sürmüştür. Bugün aynı grup içinde çiftleştirildiği için genetik olarak melezleşmemiş hayvanlardan bahsederken hâlâ kullanılan “safkan” gibi terimlerin kaynağı da budur. Bu düşünce biçimi, fiziksel açıklamalarla metafizik açıklamaları bir arada barındırmıştır. Kan, yalnızca kalıtım birimlerini taşıyan fiziksel bir ortam olarak değil, soylu sınıftan bahsederken kullanılan “asil kan” gibi tamlamalardan anlaşıldığı şekliyle belirsiz niteliklerin muğlak ve yarı-mistik gücünün kaynağı olarak anlaşılmıştır. Bu yüzden 18. yüzyıla dek kalıtım biyolojik bir terim olarak henüz bir şey ifade etmemektedir (Cobb, 2006).

18. yüzyılda iç evlenme yapan Habsburglar gibi aristokrat ailelerde bireylerin belli fiziksel kusurları paylaşması gibi hastalıkların aile üyelerince paylaşılabilmesi tıp doktorlarını kalıtımın biyolojik arka planını düşünmeye itmiş ve kalıtsal hastalıklar ancak o zaman bilimsel tartışmaların bir parçası olmuştur (Santiago-Blay, 2022). Fransız filozof Francis Bacon’ın (1561-1626) çok erken bir tarihte bu hastalıklar için kullandığı “heredité” (Fr. *kalıtım*) sözcüğü 19. yüzyılda giderek yaygınlaşmış, çeşitli bilim insanlarının yayınlarında İngilizce karşılığı olan “heredity” kullanılmış, Darwin de “inheritance” (İng.

veraset) yerine Fransızcadan ödünç alınmış bu terime başvurur olmuştur (Meloni, 2016).

Kalıtımın mekanizması, doğa bilimlerindeki teknik ilerlemeler sayesinde üreme ve gelişme konusundaki bilgilerin artması ve bitki ve hayvan üreticilerinin de ekonomik motivasyonlarla kalıtım üzerine çalışmalar yapmaya başlamasıyla anlaşılmaya başlamıştır. 1830'lara kadar izole şekilde gelişen tıp, tarım ve bilimsel araştırmalardan gelen verilerin bir sentezi oluşmuştur (Cobb, 2006). Darwin'in kendi kalıtım teorisini geliştirirken İngiltere'deki yetiştiricilerden çalışmalarını dinlemesinden anlaşılacağı gibi hayvan yetiştiricileri de bu senteze anlamlı katkılar sunmuştur (Bowler, 2015).

Bitki ve hayvanlar Neolitik'ten beri insanların ekonomik faaliyetlerinin bir parçasıyken bu dönemde yetiştiriciliğin bu derece ciddiye alınmasının sebebi sanayileşmenin tetiklediği nüfus artışının yarattığı talebin mevcut yetiştiricilik yöntemleriyle karşılanamaz hâle gelmesidir. Evcil bitki ve hayvanların ekonomik değeri olan özelliklerinin yavrulara hangi ilkelere aktarılacağı ve nasıl daha baskın hâle getirileceği ve verimlerinin nasıl artacağı üreticiler için bir araştırma konusu olmuştur. 18. Yüzyıl İngilteresinden bir koyun yetiştiricisi olan Robert Bakewell'in dış görünüş, yenebilir et oranı, et kalitesi ve üreme hızı bakımından en iyi özellikleri taşıyan dişi ve erkeği çiftleştirip Yeni Leicester adını verdiği yeni bir koyun türünü elde etmiş ve sistematik seçici üretmeyi hayvancılığa ilk uygulayan ziraatçi olmuştur (Orel, 2009). Sanayi devrimiyle birlikte tekstil endüstrisinin gelişmesi koyunyününden yapılan ipliğe, dolayısıyla da verimli koyun türlerine olan talebi artırınca koyun yetiştiriciliği Avrupa genelinde popülerleşmiştir (Jenkins, 2003). Yünü tekstil üretimine uygun olduğu için değerli bulunan Merino koyunu orta Avrupa'ya yayılmış, Bakewell'in metodik yaklaşımı da Merino koyununa geniş çapta ilgi duyulmasını sağlamıştır (Orel, 2009). 1768-1775 arasında Habsburg Hanedanlığına Merino koyunları hediye edilmiş ve özellikle Brno, Moravya'da koyun yetiştiriciliği epey yaygınlaşmıştır. Buradan elde edilen yünle yapılan iplik ve giysiler öylesine popüler olmuştur ki şehir Avusturya'nın Manchester'ı lakabını almıştır (Cobb, 2006). Şehirdeki koyun yetiştiricileri 1814'te Koyun Yetiştiricileri Derneği adında bir dernek

kurup şehirlerindeki bilim insanlarının da katkısıyla koyun yetiştiriciliğine daha bilimsel yaklaşp yün üretimini artırarak tekstil endüstrisine yararlı olmak için çalışmalar yürütmeye başlamıştır. Bu toplulukta yetiştiricilikten edindikleri bilgilerden yola çıkarak, anakronik bir adlandırmayla, bazı “genetik kanunlarını” tartışmaya açmışlardır.

Çaprazlama çalışmaları büyük ölçüde ticari kaygılarla yürütülse de Brno’da Mendel gibi araştırmacıların kalıtım bilimine ilgi duymasını sağlayacak entelektüel bir bağlam oluşturmuştur. Avusturya İmparatorluğu’nda bitki yetiştiriciliği de yaygın bir uğraştır. Linneaus’un bitkilerde melezleşme çalıştığı 18. yüzyılın ortalarından beri bitki çaprazlama çalışmaları da yürütülmektedir (Bowler, 2015). Bizzat Mendel’in çalıştığı manastırdaki başrahibi Cyrill Napp (1792-1862) Koyun Yetiştiricileri Derneği’nin üyesi olarak çaprazlama münazarasının taraflarından biridir. Mendel’in doğa bilimleriyle ilgilendiğini bildiği için onu Viyana Üniversitesi’nde fizik çalışmaya göndermiştir. Burada Franz Unger gibi bitki bilimcilerden ders alan Mendel (Orel, 2009), Linneaus’tan beri süregelen “melezleşme yoluyla türleşme” fikrinin etkisi altında Viyana’dan Brno’ya dönmüştür. Kafasında şu sorunun cevabını bulmak vardır: *melezlerin ortaya çıkmasını ve gelişmesini sağlayan genel kanunlar nelerdir?* (Orel, 2009).

Mendel, model organizma olarak daha önce de bitki çaprazlama çalışmalarında kullanılan ve çalışılması kolay bir tür olan *Pisum sativum* (Tr. bayağı bezelye) bitkisini seçmiştir. Mendel’den önce 1799’da İngiliz botanik bilimci Thomas Andrew Knight (1759-1838), 1822’de de İngiliz bitki bilimci John Goss (1800-1880) bu tür üzerinde çalışmıştır. Knight, gri renkli çiçeklerin beyaz renkli çiçeklere baskın olduğunu ve farklı renkte çiçek açan iki birey çiftleştirildiğinde yavruların her zaman gri çiçekli çıktığını keşfetmiştir (Knight, 1799). Goss da kendi çalışmasında baskınlık ve çekinikliği raporlamıştır (Stubbe, 1972, akt. Bowler, 2015). Mendel’in bezelye çalışması çiçek renginin yanı sıra tohum rengi, tohum şekli, gövde boyu gibi aralarında baskınlık ve çekiniklik ilişkisi bulunan toplam yedi bezelye karakterini kapsamaktadır. Çalışma, Mendel’in “*Merkmale*” (Alm. karakter) adını verdiği özellikler bakımından saf bireylerin (örneğin saf mor çiçekli bezelye ile saf beyaz çiçekli bezelye)

çaprazlanmasıyla başlamıştır (Falk, 1984). Mendel, bu bireylerin melez yavrularından oluşan ilk kuşağın tamamen baskın fenotipte görüldüğünü ancak bu kuşaktan iki melez birey seçilip yeniden çiftleştirilirse ikinci kuşakta çekinik fenotiplerin tekrar ortaya çıktığını gözlemlemiştir. Bu çalışmanın ayırıcı yönü elbette çekinik karakterlerin birinci kuşağı atladığını keşfetmesi değildir. Mendel, başından beri örneklerini saydığı için ikinci kuşaktaki baskın ve çekinik bireyler arasında her karakter bakımından ve her zaman 3:1 oranı olduğunu ortaya koymuştur (Smith ve Gericke, 2015). Ayrıca 1800'lerin başından beri üreme hücrelerinin üreme organlarda yer aldığı bilindiği için baskınlığı ve çekinikliği belirleyen kalıtsal özelliklerin bitkinin üreme hücrelerinde yer alan bazı "hücresel unsurlar" (kendi tabiriyle "Zellelement"ler (Alm. *hücre elementleri*) ile aktarıldığını öne sürmüştür. Bu unsurlar, üreme hücreleri oluşurken ikiye bölünüp yeni oluşan hücrelere ayrı ayrı aktarılmakta, bu yüzden aynı özelliğin baskın olmasını sağlayan hücresel unsurun kalıtımı, çekinik olmasını sağlayan hücresel unsurun kalıtımını etkilememektedir.

Mendel'in bu bulguları bugün "baskınlık yasası", "alellerin ayrılması yasası" ve "bağımsız çeşitlilik yasası" olarak bildiğimiz Mendelci genetik yasalarının temellerini oluşturacaktır (Miko, 2008). Bu bulgular Mendel tarafından yalnızca varsayım olarak ortaya konmuş, 20. yüzyılın başında Mendel'i yeniden keşfeden biyologların uzlaşmasıyla yasa olarak kabul edilmiştir (Monaghan ve Corcos, 1984). Mendel'in asıl amacı Linneausçu bir bilim insanı olarak olarak melezleşmeyi evrime alternatif bir türleşme mekanizması olarak savunmaktır. Melezleri ve onların saf yavrularını ortaya çıkaran kalıtım süreci onun gözünde tali önemdeydi. Olby'ye göre "*genetik tarihindeki yeri bakımından Mendel de bir Mendelci değildir*" (Olby, 1979, 1985, akt. Bowler, 2015).

Mendel'in 1866'da sonuçlarını yayınladığı bu çalışması fazla ses getirmemiştir. 1900 yılına dek 11 atıf almış bu çalışmaya yapılan tüm atıflar bitki melezleşmesi literatüründen gelen rutin atıflardır (Bowler, 2015). Çalışmalarını gönderdiği ünlü botanikçiler de çalışmada ortaya konan kalıtım yasalarının önemini kavrayamamıştır (Gustaffson, 1969). Bu durumun nedenleri küçük bir

yerli gazetede yayın yapması, izlediği nicel yaklaşımının çağdaş biyoloji literatürüne yabancı olması, yalnızca bitki melezlenmesine odaklanan sınırlı bir çalışma yapmış olması ve hâkim paradigmaya aykırı şeyler söylemesidir (Bowler, 2015; Portin ve Wilkins, 2017; Urry ve ark, 2017; Barton, 2022).

Doğal seçim yoluyla evrim ancak kalıtsal boyutuyla açıklanabilecek bir teori olduğu için Mendel'in çalışmalarının zamanında anlaşılıp çağdaşı ve takipçisi olduğu Darwin'in çalışmalarıyla bir araya getirilememesi uzun süre tarihsel bir talihsizlik olarak değerlendirilmiştir (Berry ve Browne, 2022; Porter, 2014). Mendel bile rivayete göre “*kendi deneyleriyle Darwin'in sistemindeki boşlukları doldurabilmeyi ummuştur*” (Richter, 1941; akt Gustaffson, 1969). Hâlbuki Darwin'in Mendel'in çalışmasına rastlar rastlamaz kendi teorisindeki teknik boşluğu dolduracak eşsiz bir çalışma olarak karşılayacağına emin olmak mümkün değildir. Darwin de Mendel gibi çaprazlama çalışmalarının revaçta olduğu bir çağın mensubu olarak hem bizzat bu çalışmaların benzerlerini yürütmüş hem de pek çok yetiştiricinin çalışmalarını yaşamı boyu takip etmiştir. Kendi bahçesinde yürüttüğü aslanağzı (*Antirrhinum majus*) çaprazlama çalışmasında tüm çiçeklerin baskın fenotipte olduğu F₁ kuşağından biri saf çekinik diğeri saf baskın iki bireyi tekrar çaprazlayıp bir F₂ kuşağı üretmiş ve F₂'lerindeki baskın/çekinik fenotip oranını 88:37 olarak hesaplamıştı. Tamamına 3:1 olmasa da Darwin de her genetik lisans öğrencisinin anlayacağı şekilde Mendelyen bir oran bulmuş ancak bu sonuçlara hiç önem vermemiş, bu çalışmadan hemen sonra yayınladığı *Variation* (1859) (İng. Çeşitlilik) kitabında bu çalışma üzerine hiçbir şey söylememiştir. Darwin'in teorisinin temellerinden biri çeşitliliğin göz ardı edilecek kadar küçük farklarla sağlamasıdır. Bir kuşaktan diğerine geçerken bu kadar büyük bir sıçrama yaşanmasını (baskın görünümlü iki ebeveynin çekinik görünümlü bir yavrusunun olmasını) mümkün kılan kesintili bir kalıtım kavrayışını kabul etmesi mümkün değildir (Berry ve Browne, 2022). Çalışmaya rastlaması durumunda, Mendel'in bezelyelerinin de kendi model organizması olan aslanağzı çiçeklerinin akıbetini takip etmeyeceğini söylemek güçtür.

Mendel'in ge anlařılmasının tek nedeni aėdařlarının kusurlu kavrayıřı da deėildir. Mendel'in anlařılacaėı baėlam ancak 19. yzyıl sonlarından 20. yzyıl bařlarına doėru “yumuřak kalıtım” anlayıřının yerini “katı kalıtım” anlayıřına bırakmasıyla oluřmuřtur (Bowler, 2015). 18. ve 19. yzyılın sonradan “yumuřak kalıtım” olarak adlandırılan kalıtım kavrayıřı 20. yzyıla kıyasla daha esnek ve soyuttur. Kalıtım materyali evresel unsurlardan, bireyin ebeveynlerinin kullanıp kullanmadıėı organlardan hatta gemiř hayatt tecrbelerinden etkilenebildiėi dřnlmřtr. Katı kalıtım anlayıřı ise kalıtım materyalini dllenme esnasında ortaya ıktıėı hlleriyle sabit kalan, ebeveynlerin fenotipi ya da evrenin etkisiyle deėiřmeyecek daha somut bir řey olarak kurgulamaktadır (Meloni, 2016). Bu paradigma kaymasına ek olarak 20. yzyılda mikroskop teknolojisinin ilerlemesiyle hcre bilimciler hcrede kalıttımdan sorumlu olabileceėini dřndkleri elemanlar keřfetmeye bařlayacak, Mendel'in “kalıtım birimleri” de bu keřiflerle anlamlı hle gelecektir. Bir diėer ifadeyle, Mendel'in teorisinin eksik para olarak nereye denk geldiėi ancak yapboz biraz daha tamamlanınca anlařılacaktır.

1.3 Genetik Biliminin Ortaya ıkıřı ve Geliřimi

Genetik bilimi, nispeten daha yakın zamanda ortaya ıkmıř, biyolojinin diėer alt dallarıyla karřılıklı etkileřim iinde kalıttımla aktarılan yařam bilgisinin canlı organizmalarca nasıl iřlendiėini inceleyen bir bilimsel alıřma alanıdır.

19. yzyılın ikinci yarısından sonra biyolojinin odaėı mikroskop teknolojisindeki ilerlemelere paralel olarak organizmalar, organlar ve dokulardan hcrelere ve hcrenin alt birimlerine kaymaya bařlamıřtır (Dahm, 2005). Bu geiřten nce doėa bilimlerinin eřitli alt dallarının rettiėi speklasyonlarla anlařılmaya alıřılan hcre ařama ařama baėımsız bir bilim dalı olan sitolojinin (hcre bilimi) ilgi ve arařtırma konusu olmuřtur (Meloni, 2016). Robert Brown'ın (1773-1858) 1833'te nkleusu (hcre ekirdeėi) tanımlamasının ardından, Barthlemy Charles Joseph Dumortier (1797-1878) ve Hugo von Mohl (1805-1872) karyotik hcre blnmesi sırasında gerekleřen nkleus (ekirdek) blnmesini keřfetmiřtir. Bunu 1870'ler ve 1880'ler boyunca hcre blnmesi

alışan Walther Flemming'in (1843-1905) kromozomların boyuna bölündüğünü ve yavru hücreye aktarıldığını keşfetmesi takip etmiştir. Bazı embriyologlar nükleusta gördükleri bu yapıların bireysel karakterlerin üretiminden sorumlu birimler olabileceklerini iddia etmeye başlamışlardır (Bowler, 1989).

1870'lerden itibaren hücrenin mimari yapısının anlaşılmaya başlanması, bir bakıma katı kalıtım anlayışına giden yolun taşlarını döşemiştir. Bu dönemin ünlü figürlerinden botanikçi Carl Nägeli'ye (1817-1891) göre eşey hücrelerinin oluşması bireyin tükettiği birbirinden ilgisiz besinlerden etkilenecek bir süreç değildir. Eşey hücreleri, yapıları önceden belirlenmiş ve değişmeleri mümkün olmayan sabit yapılar olarak algılanmaya başlanmıştır. Bu paradigma değişimi kalıtımı hücre biliminin ayrılmaz bir parçasına dönüştürmüştür (Meloni, 2016). Çevreden etkilenmeden içlerinde taşıdıkları kalıtım bilgisini aktaran eşey hücreleri kurgusu, çevrenin varyasyon ve evrim üzerindeki etkisinin de giderek daha az dikkate alınmasına neden olmuştur. Böylece, 19. yüzyıl boyunca kalıtım tartışmalarından ayrı olarak yürütölen evrim ve dolayısıyla türlerin kökeni tartışmaları da artık bu diskura dâhil olmuştur (Berry ve Browne, 2022).

Katı kalıtım fikrinin filizlenmesinde ve hızlıca düşünce iklimine egemen olmasında politik değişimlerin de etkisi vardır. Yüz yılın sonlarına doğru Fransız Devrimi iyimserliğinin ürünü olan ilerleme heyecanı etkisini kaybetmeye, bireylerin doğuştan gelen özelliklerinin değişmeyeceği ve ilerlemenin her durumda mümkün olmayacağı fikri güçlenmeye başlamıştır. Bu ortam, kalıtımın da özellikle politik gerekçelerle başat bir bilimsel tartışma konusu hâline gelmesine neden olmuştur. İngiltere başta olmak üzere pek çok Avrupa ülkesinde ve Amerika Birleşik Devletleri'nde akademi çevreleri hararetli münazaraların adresidir (Bowler, 2015).

Bu tartışmaların İngiltere'deki öncülerinden biri, Darwin'in dedesi Erasmus Darwin'in torunlarından biri olan, yarı kuzeni, meslektaşı ve yer yer entelektöel muhalifi olan Francis Galton'dur (1822-1911) (Meloni, 2016). Galton, Darwinci evrimin "var olma mücadelesi", "en uyumlunun hayatta kalması" ve "doğal seçim" gibi yönlerinin sosyal ve ekonomik politikalara yansıdığı ve bu fikirlerin

sosyal reformların hem taraftarları hem de karşıtlarınca araştıdırıldıđı ge Viktoryen İngilteresinde aktif bir figürdür. Galton, 1869-1871 arası Darwin'in savunduđu kalıtım modelini iyi tasarlanmış bir hayvan deneyiyle sınamış, farklı türden tavşanların kanlarını birbirine enjekte ettikten sonra kanı alan tavşanların yavrularında kanı veren tavşanın fiziksel özelliklerinin görölüp görölmeeyeceđini gözlemlemiştir. Deney sonuçları modern biyoloji açısından şaşırtıcı olmayacak biçimde Darwin'i haksız çıkarmıştır. İki tarafı uzun süre örtük ve açık şekilde akademik rekabete sürükleyen bu sürecin ardından Galton, pangenesis üzerine çalışmaktan kademeli olarak uzaklaşıp kendi özgün kalıtım teorisini geliştirmeye eğilmiştir (Bulmer, 1999). Bu dönemde üst üste gelen hücresel bulgular henüz kalıtımın bilmeceğini çözmeye yetmemektedir. Bu yüzden Galton, gelişim biyolojisinden koparak kendi kalıtım teorisini tamamen istatistiksel hesaplamalara dayandırma yoluna gitmiştir. Galton'un kalıtım teorisine göre her yavru kalıtım materyalinin yarısını annesinden yarısını babasından almaktadır. Aynı oranlar anne ve baba için de geçerlidir. Bu hesaba göre büyük anne ve büyük babalar torunlarına çeyrek oranda katkı yapmakta, büyük ataların katkısının oranı kuşak kuşak geriye gidildikçe logaritmik olarak azalmaktadır. Galton'un bu görüşlerini benimseyen öğrencileri W. F. R. Weldon (1860-1906) ve Karl Pearson (1857-1936) bu kalıtım mekanizmasını kendi çeşitlilik ve evrimsel deđişim mekanizmalarına uyarlamışlardır. Bu üç ismin katkılarıyla Darwinci evrimi Galtoncu kalıtımla açıklayan biyometri ekölü doğmuştur (Berry ve Browne, 2022).

Galton'ın çağdaşı olan August Weissman (1834-1914) da aynı şekilde pangenesis'i reddetmektedir. Weissman, 1883'te üreme hücrelerinde "germ-plasm" adını verdiđi bir kalıtım materyalinin taşındığını ve bu materyalin dölleme sırasında yavruya aktarıldığını, vücut hücrelerinin bu sürecin tamamen dışında kaldığını öne sürmüştür. Bu tartışmaları takip eden Hollandalı botanik bilimci Hugo De Vries (1848-1935) Weismann'ın germ-plasm teorisinden yararlanarak Darwin'in pangenesis teorisini güncellemiş ve kalıttan "pangen" adını verdiđi kalıtım birimlerinin sorumlu olduğunu ortaya atmıştır. Pangenlerin varlığını kanıtlamak için 1892'de kapsamlı bir bitki aprazlama çalışması

yürütmeye başlayan De Vries ikinci kuşakta 3:1'lik bir fenotipik oran elde etmiştir. Sonuçlarını yayına hazırlarken Mendel'in 1866 yayınına denk gelmiş ve Mendel'i ilk keşfeden biyologlardan biri olmuştur (Berry ve Browne, 2022). De Vries'i 1896'da Mendel'in aynı yayınına denk gelen Alman biyolog Carl Correns (1864-1933) takip etmiştir (Rheinberger, 2015). “Yeniden keşif” kulübünün son üyesi 1900 yılında bezelyelerde melezleşme üzerine yürüttüğü doktora çalışmaları sırasında literatür tararken Mendel'in yayınına denk gelip kendi sonuçlarının aynısının daha önce Mendel tarafından da elde edildiğini gören Erich von Tschermak-Seysenegg'dir (1871-1962). Seysenegg'in Mendel'i keşfettiği dönemde hem De Vries hem de Correns çoktan Mendel'e atıfta bulundukları yayınlar yapmış ve Seysenegg de büyük ihtimalle bunları okumuş olduğu için onun keşfinin bağımsız bir keşif olduğu tartışmalıdır (Berry ve Browne, 2022).

De Vries'in yayınının ulaştığı bir diğer önemli isim Galton'un öğrencilerinden biri olan ve o tarihlerde Cambridge'de çalışan evrim biyoloğu William Bateson'dur (1861-1926). Bateson, popülasyonlarda yeni karakterlerin nasıl ortaya çıktığı sorusuyla ilgilenmekte ve Darwin'in “karakterler arasındaki farkın ayırt edilemeyecek kadar küçük olduğu” varyasyon kurgusuna katılmamaktadır. Evrimi de bu küçük farkların yavaş yavaş seçilim yoluyla sabitlendiği bir süreç olarak görmeyen Bateson, bir kuşakta aniden ortaya çıkan değişikliğin seçilime uğrayarak sabitlendiği sıçramalı bir evrim görüşüne daha yakındır ve pozisyonunu desteklemesi için karakterlerin kesintili olarak aktarıldığı bir kalıtım mekanizmasının desteğine ihtiyaç duymaktadır. Bir konuşma yapmak üzere Londra'ya giderken trende De Vries'in yazdığı Mendel makalesine rastlamış ve apar topar konuşmasına Mendelci kalıtımı ekleyerek tarihe kaydı düşülen ilk Mendelcilerden biri olmuştur. Hızlıca Mendelci kalıtımın önde gelen taraftarlarından birine dönüşen Bateson, 1902'de hem Mendel'in yayınının İngilizce çevirisini hem de kendi yazdığı savunmayı içeren “Mendel'in Kalıtım İlkeleri”ni yayınlamıştır. Kalıtım biliminin isminin Yunanca “üreten” anlamına gelen “γενετικός” (genetikos) kökünden gelen “genetik” olarak değişmesini öneren Bateson, 1906'da Londra'da düzenlenen Üçüncü Uluslararası

Bitki Melezlemesi Konferansı'nda "genetik" terimini ilk defa bu anlamda kullanmış ve literatüre girmesini sağlamıştır.

Bateson'un Mendelciliği Galton'un diğer öğrencileri Pearson ve Weldon'un temsil ettiği Darwinciliğe karşı bir cephe olarak ortaya çıkmıştır. Bu dönemde yaptığı Mendel kampanyasına Edith Rebecca Saunders (1865-1945) ve Reginald Crundel Punnett (1875-1967) gibi öğrencilerinin de katılmasıyla Bateson'ın öncülüğünde biyometri ekolüne karşı Mendelcilik ekolü ortaya çıkacaktır (Darden, 1977). Bu kavga yüzünden Mendelciliğin geniş çapta anlaşılıp kabul görmesi bir süre gecikecek, durumlar 1906'da Weldon öldükten sonra hem Bateson hem de Pearson'ın sakinleşmesiyle düzelmeye başlayacaktır.

Mendelciliğin gelişim hattındaki önemli atılım ilk Mendelcilerden biri olan Danimarkalı botanikçi Wilhelm Johanssen'in (1857-1927) katkıları ile yapılmıştır. Hem hücre bilimindeki çalışmalardan hem de Galton'ın istatistiksel çalışmalarından etkilenen Johanssen, modern konsensüsü inşa etmeye başlayan kilit isimlerden biridir (Meloni, 2016). Johanssen bireyin genetik yapısı anlamına gelen "genotip", fiziksel karakteri anlamındaki "fenotip" ve en önemlisi De Vries'in "pangen" terimini kısaltarak ürettiği "gen" sözcüklerini literatüre kazandıran yayınlar yaparak Mendel ilkelerini uluslararası camiada yaymaya çalışmıştır. Yayınlarında, genotipi aynı olan organizmaların çevresel koşulların etkisiyle fenotiplerinin değişebileceğini ancak bu değişimin kalıtımla yavrulara aktarılamayacağını öne sürmüştür. Johanssen, Lamarkçı mekanizmayı tamamen dışladığı için hayati bir yol ayrımı olan bu ayrımı, genetiği biyolojinin ayrı bir alt dalı olarak kurabilmek için kullanmaktadır. Klasik kalıtım deneylerinde olduğu gibi fenotip odaklı çalışmanın artık bir yararı yoktur. Önemli olan genotipin nasıl kalıtıldığı, yani genlerin nasıl aktarıldığıdır ve bunu ancak genetikçiler çalışabilecektir.

Genetik bilimi İngilizce konuşulan dünyanın ötesinde özellikle biyoloji ve paleontoloji gibi klasik bilimlerden uzun süre kabul edilmemiştir. Fransa'da birkaç Mendel kanunu deneyi yapılmış ama geniş çaplı bir etki uyandırmamıştır. Almanya'da "*Vererbungs-wissenschaft*" (Alm. kalıtım bilimi)

adı verilen yeni bir bilim dalı olarak biraz itibar görmüş, Carl Correns ve Richard Goldsmith ilk Alman genetikçiler olarak adlarını duyurmuşlardır. Genetik bilimine gösterilen direncin en önemli nedeni “gen”lerin organizmadaki yeri ve aktarım mekanizması hakkında hiçbir şey kanıtlanamadığı için bu teorinin ciddiye alınmamasıdır. Hem Fransa’da hem de Almanya’da biyologlar hücre çekirdeği kadar sitoplazmanın da kalıtımda önemli olduğunu düşünmüş, kromozomların kalıtım birimi olduğunu kabul etmemişlerdir. Henüz hiçbir somut hücre elemanı ile eşleşmemiş Mendel “genleri” üzerine çalışmalar yapılsa da bunlar kalıtım disiplinin küçük bir alt birimi olarak görüşmüştür.

İlk Mendelcilerin gen kavramı da büyük ölçüde soyuttur. Johanssen, genlerin kromozomlarda taşınan maddesel birimler değil, organizmada saklı enerjiyle oluşan gözlemlenemez şeyler olduğunu düşünmüş, Bateson da ona yakın bir yerde durmuştur. Sitolojiyi belirsiz ve karmaşık buldukları için çalışmayan, kromozomları ya da nükleustaki faktörleri reddederek teorinin gücünün önemli bir kısmının ipotek edilmesine neden olan ilk Mendelciler, deneysel çalışma namına yalnızca çaprazlamayla yetindiklerinden Mendel genetiğinin kromozom teorisiyle birleştirilmesi Amerikalı biyologlara kalacaktır (Satzinger, 2008).

Mendel’in 1900’deki yeniden keşfi biyometri kavgasının olmadığı Amerikan akademisine ulaşır ulaşmaz orada popülerleşmiş ve tüm boyutlarıyla çalışılmaya başlamıştır. Johanssen’in de 1911’de Amerika’yı ziyaret edip orada bir dergide “The Genotype Conception Theory” başlıklı bir makalesini yayınlamasıyla Avrupa’da yürütülen genetik tartışmaları da eşzamanlı olarak buraya sıçramıştır. Amerikalı biyologlar Walter S. Sutton (1877-1916) ve Theodor Boveri (1862-1915) sırasıyla 1902 ve 1904’te bu tartışmaların ışığında kromozomların genetik materyali taşıdığını ve Mendelyen kalıtımın temeli olduğunu keşfetmiş ve günümüzde Boveri-Sutton kromozom teorisi olarak bilinen teoriyi geliştirmişlerdir. Bir başka Amerikalı biyolog Thomas Hunt Morgan da (1866-1945) De Vries’in mutasyon teorisinden etkilenmiş ve evrimde sıçramaya neden olacak bir mutasyon keşfetme motivasyonu ile meyve sineği (*Drosophila melanogaster*) üzerinde çalışmaya başlamıştır. Bu organizmada yeni

bir mutasyonun ortaya çıkışını ilk kez gözlemleyen Morgan, çalışmalarında ilerlemek için Alfred Henry Sturtevant (1891-1970), Calvin Blackman Bridges (1889-1938) ve Hermann Joseph Muller (1890-1967) ile bir araya gelmiştir. Bu ekip, 1910'ten 1915'e kadar süren sinek çalışmalarında mutasyonlarla ilişkili olan kromozomal değişikliklerini gözlemlemiş, hatta mutasyona uğrayan genlerin kromozomlar üzerindeki konumlarını tespit ederek gen haritaları çıkarmıştır. Böylece, başlarda Sutton'ın kromozom teorisini Rönesans'ın ünlü "preformasyon" teorisinin modern bir adaptasyonu olduğunu düşündüğü için kabullenemeyen, hatta "gen" terimini kullanması bile yıllarını alan Morgan, bizzat kendi çalışmalarıyla mezhep değiştirmiş ve genetik biliminin kurucularından birine dönüşmüştür (Rieder ve Larschan, 2014).

Genetikçiler, ilk Mendelcilerin çoğunda gördüğümüz Darwin karşıtı önyargıların yumuşamasına da vesile olmuşlardır. Çalışmalarıyla De Vries'in teorisinin doğru olmadığını; mutasyonların ani sıçramalara değil mevcut karakterler üzerinde küçük değişikliklere neden olduklarını göstermişlerdir. Pearson'ın öğrencisi olan Ronald Aylmer Fisher (1890-1962) gibi yeni biyometrikçiler de Mendelciliğin artık kalıcı olduğunu anladığı için bu teori üzerine çalışmaya yönelmiştir. Popülasyonlardaki gen oranlarının istatistiksel analizlerini yapan bu yeni biyometrikçiler Mendelcilik ve Darwincilik arasındaki uçurumu kapatmıştır. Mendelci genetik ile Darwinci evrimin Galton, Pearson, Punnett ve Fisher gibi biyometrikçilerin geliştirdiği istatistiksel yöntemlerin oluşturduğu bağlamda bir araya getirilmesiyle evrimsel biyoloji doğmuştur.

Fisher, 1930'da yayınladığı "Doğal Seçilimin Genetik Teorisi"nde bir popülasyondaki allel (aynı karakteri kontrol eden genlerin baskın ve çekinik versiyonları) sıklığının nasıl doğal seçilimin etkisiyle artıp azaldığını, böylece varyasyonun nasıl etkilendiğini açıklamıştır. John Burdon Sanderson Haldane (1892-1964), biberli güve (*Biston betularia*) üzerine yürüttüğü çalışmalarıyla bu teoriyi deneysel olarak kanıtlamıştır. Popülasyonun normal çeşitliliğinin doğal seçilimle değişebileceğini öngören William Ernest Castle'ın (1867-1962) öğrencisi Sewall Wright (1889-1998), bu tarihlerde küçük popülasyonlarda yapay seçilimle ortaya çıkartılan genetik kaymayı çalışmaya başlamıştır. Bu

çalışmasıyla bir türün birbirinden izole alt gruplara ayrılmasından sonra her alt gruptaki bireylerin yalnızca kendi içinde çiftleşmesiyle türleşmeye dönük ayrımların ortaya çıkmaya başladığını ortaya koyacaktır. Wright, Darwin'in biyocoğrafi engellerle türleşme fikrinin matematiksel olarak modellemiştir. Bir süre Thomas Hunt Morgan'ın laboratuvarındaki *D. melanogaster* çalışmalarında yer almış olan evrimsel genetikçi Theodosius Dobzhansky'nin (1900-1975) Wright'ın karmaşık matematiksel açıklamalarını 1937'de yürüttüğü çalışmalarıyla desteklemesiyle Darwinciliğin hâkim evrim teorisi olarak dirilmesini sağlayacak sahne oluşmaktadır (Smocovitis, 2012). 1942'de Ernst Mayr (1904-2005) ve Julian Huxley (1887-1975) gibi doğa bilimciler “modern sentezin” üstünlüğünü ilan etmişler, 1944'te paleontolog George Gaylord Simpson (1902-1984) da bu yeni yaklaşımın güncel paleontolojiye uyumlu olduğunu göstermiştir. 1930'lara kadar popüler kalan Lamarkçılık gibi Darwinci olmayan evrimsel mekanizmalar artık miatlarını doldurmuştur. Darwinciliğin bu yapay formu genetik biliminin de daha yaşlı disiplinlerle bir araya gelebilmesini sağlamış, uzun süre hem klasik biyoloji disiplinlerinden ve paleontoloji gibi doğa bilimlerinden dışlanan genetikçiler bilimsel meşruiyet elde etmişlerdir.

Genetiğin “klasik epok” olarak da adlandırılan bu erken dönemi Mendel'in 1866'da çaprazlama çalışmalarını yürütmesi ya da 1900'de birbirinden habersiz biyologlarca yeniden keşfedilmesiyle başlamış, Morgan'ın 1936'da Nobel aldığı kromozom teorisiyle zirvesini görmüş ve hemen ardından sona ermiştir (Portin, 1993).

1.4 Moleküler Biyolojinin Ortaya Çıkışı ve Gelişimi

Klasik genetik geni, kromozomlarla taşınan, organizmanın fiziksel ve bir dereceye kadar da zihinsel özelliklerini bir belirleyen bir etmen olarak ortaya koymuş ancak genin aktardığı bilgiyi nasıl kodladığı ve organizma büyüyüp gelişirken nasıl ifade ettiği sorusunu yanıtsız bırakmıştır (Wolfner ve Miller, 2016). Bunun için kromozomların kimyasal yapılarının çözülmesi beklenmektedir.

Canlı hücrelerin kimyasal kompozisyonu 19. yüzyılın ilk yarısından beri çalışılmaktadır. Kromozomlar mitoz bölünme esnasında hücrenin ortasında

belirgin hâle geldiği için ilk kez 1880’lerde mitozu keşfeden Flemming tarafından keşfedilmiş ve tanımlanmıştır. O tarihten sonra kromozomların kimyasal yapıları çalışılmaya başlanmıştır. 1825’te François Vincent Raspail (1794-1878) bitkisel bir karbonhidrat olan nişastayı hücrede izole etmiş, 1838’de Gerardus Johannes Mulder (1802-1880) ve Jacob Berzelius (1779-1848) o tarihte birkaç tanesi bilinen proteinlerin genel yapısını çözmüştür. Nişastayı maltoza parçalayan diyastaz enzimi gibi proteinler de keşfedilmiştir (Lima de Faria, 2003). 1869’da Friedrich Miescher (1844-1895) deoksiribonükleik asiti keşfetmiştir. Miescher, bu molekülü o tarihlerde bilinen hiçbir organik molekül kategorisine koyamadığı için *sui generis* olduğuna karar vermiş ve yalnızca nükleustan geldiğini bildiği için *nuclein* (nüklein) adını vermiştir. 1881’de Eduard Zacharias (1852-1911) nükleinlerin kromozomlarda taşındığını bulmuş, 1899’da Richard Altmann (1852-1900), nükleinin asidik özellik gösterdiğini keşfederek adını Miescher’in de onayıyla nükleik asit olarak değiştirmiştir (Mirsky, 1968; Ciurea, 2024). Albrecht Kossel (1853-1927), Altman’ın yöntemini geliştirerek kromozomlar üzerine daha ileri çalışmalar yapmış ve kromozomlarda nükleik asitlerin yanı sıra “histon” adını verdiği proteinlerin bulunduğunu, nükleik asitlerin de asidik olmasını sağlayan fosfat gruplarının yanı sıra azotlu organik bazlar ve basit şeker formunda bir karbonhidrat içerdiğini keşfetmiştir (Dhall ve Chatterjee, 2020). Kromozomlarda iki çeşit nükleik asit bulan Kossel; birini ribonükleik asit (kısaca RNA), diğerini deoksiribonükleik asit (kısaca DNA) olarak isimlendirmiştir. Kossel, o tarihlerde hücrede olduğu bilinen nükleik asitlerin, proteinlerin ve nişasta ve selüloz gibi devasa karbonhidratların “verili bir mimari düzene” uygun şekilde kendiliğinden bir araya gelip hücreyi oluşturduğunu düşünmüş ancak bunun nasıl denetlendiğini ve düzenlendiğini açıklayamamıştır (Frixione ve Ruiz-Zamarripa, 2019). Miescher, nüklein üzerine çalıştığı dönemde bu organik molekülün döllenmede özel bir rolünün olabileceğini, Zacharias da benzeri şekilde kromozomların üreme ve kalıtıma özgü yapılar olabileceğini düşünmüş ancak bu düşünceleri Mendel kalıtımı ve kromozom teorisinin henüz gerekli bağlamı oluşturmadığı 19. yüzyılda spekülasyon olarak kalmıştır. Hem Sutton hem de Boveri’nin hocası olan biyolog Edmund Beecher Wilson (1856-1939) da 1895’te “*Şimdi,*

kromatinin tıpatıp aynı değilse de nüklein olarak bilinen maddeye yakından benzer olduğu biliniyor. Öyleyse kalıtımın, belki, ebeveynden çocuğa özel bir kimyasal bileşiğin fiziksel olarak aktarılmasından etkilendiği anlamına gelen müthiş sonuca ulaşıyoruz demektir.” argümanını öne sürmüş ancak meslektaşları tarafından eleştirildikten sonra vazgeçmiştir (Ramirez, Hulston ve Kovac, 2015). Kromozomlar gibi nükleusta saklı küçük yapıların hücredeki tüm süreçleri yönettiği fikri ancak 20. yüzyılda yerleşen mekanik biyoloji anlayışıyla kavranabilecektir.

20. yüzyılın klasik genetikçileri başlarda nükleik asitleri yeterince sofistike bulmadıkları için kalıttan kromozomlarda bulunan özel proteinlerin sorumlu olduğunu düşünmüşlerdir. DNA’nın kalıttaki rolüne dair ilk ipucu 1918’de ortaya çıkan İspanyol gribi epidemisinin devletleri aşı çalışmaları konusunda seferber ettiği bir dönemde gerçekleştirilen mikrobiyoloji çalışmaları esnasında elde edilmiştir. İngiltere’de İspanyol gripinin zatürreye çevirmesine neden olan *Streptococcus pneumoniae* bakterisini çalışan mikrobiyolog Frederick Griffith (1877-1941), zararlı bakterilerin zararsız bakterilere kromozomlarını verebildiğini, böylece zararsızken zararlı olacak bilgiyi edindiklerini keşfetmiştir. Griffith, 1928’de yayınladığı çalışmasında bakterilerin birbirine bu bilgiyi DNA yoluyla aktardığını ortaya koymaktadır. Bu tarihlerde Rockefeller Enstitüsü’nde zatürre çalışan Oswald Avery (1877-1955) ile ekibinde bulunan Colin McLeod (1909-1972) ve Maclyn McCarthy (1911-2005), Griffith’in yayının etkisiyle DNA, RNA ve proteinler üzerine eğilmiş ve farklı bir deneyle aynı sonuçları elde etmiştir. 1944’te çalışmalarını yayınlamışlardır (O’Connor, 2008). Bu çalışma, protein muhafazakârlığını sona erdirmiş ve DNA’nın kalıtım modeli olarak kabul edilmesini sağlamıştır. Kısa süre sonra Erwin Chargaff (1905-2002), DNA’daki nükleotidler arasında yalnızca adenin ve timin ile guanin ve sitozin arasında hidrojen bağı kurulduğunu keşfederek DNA’nın yapısının keşfedilmesine giden sürecin öncülerinden biri olmuştur (Kresge, Simoni ve Hill, 2004).

Aynı dönemde, ünlü fizikçi Erwin Schrödinger’in (1887-1961) 1944’te yayınladığı “Yaşam Nedir” kitabında DNA’nın kimyasal yapısı üzerine öne sürdüğü bazı argümanlar pek çok fizikçiye DNA’nın yapısını çalışmaya teşvik

edecektir. O dönemin en gelişmiş tekniklerinden biri olan X-Ray kırılımı ile nükleik asitler ve proteinler gibi büyük organik moleküllerin sınırlı bir görüntüsü elde edilebilmektedir. Bu fizikçilerden biri Londra’da bulunan King’s College’da çalışan Maurice Wilkins’tir (1916-2004). Wilkins’in laboratuvarında çalışan Rosalind Franklin (1920-1958), 1952’de DNA’nın net bir görüntüsünü elde etmeyi başarmıştır. Benzeri tarihlerde ABD’de Cold Spring Harbor Enstitüsü’nde DNA’nın üç boyutlu yapısını çıkartmaya çalışan James Watson (1928-günümüz) ve Francis Crick’in (1916-2004) Wilkins’e ulaşmaları sonucu bu fotoğraf onlara iletilmiş ve 1953’te DNA’nın ikili sarmal yapısı çözülmüştür. Crick’in ifadesiyle *“Hayattan yeni bir hayat çıkartan basit mekanizmayı”* bulmuşlardır (Olby, 1974).

Çok geçmeden hücrenin farklı kısımlarında da DNA olduğu keşfedilmiştir. Bu kısımlardan biri 1840’lardan beri hücre biyologlarının karşısına çıkan, 1900’lere doğru “mitokondri” olarak adlandırılan ve 1950’lerde elektron mikroskopunda detaylı çalışılan ökaryotik bir organeldir (Scheffler, 2001). Bir zamanlar serbest bir prokaryotken daha endositozla ökaryotik hücrelerin içine alınan ve konak hücreyle endosimbionik bir ilişki kuran bu oksijenli solunum organeli, korunmuş olan prokaryotik DNA’sını kullanmaya devam etmektedir. Metabolik olarak aktif olduğu için fazlaca solunum yapan hücre tiplerinde daha fazla mitokondri bulunacağından, çizgili kas hücreleri ve hareketli sperm hücreleri mitokondrinin çalışıldığı organizmaların başında gelmişlerdir. 1920’lere doğru döllenme çalışmalarında mitokondrinin spermin baş değil boyun kısmında olduğu ve yumurtaya hiç girmediği, döllenmiş yumurtanın sadece yumurtanın kendi mitokondrilerini içerdiği anlaşılmıştır (Schwartz, 2021). 1960’larda mitokondri ve plastid (kloroplast, kromoplast vb.) gibi ökaryotik organellerin de DNA içerdiği anlaşılmış, aynı dönemde mitokondriyel DNA’nın (mtDNA) yalnızca anneden yavruya aktarıldığı gösterilmiştir (Reich ve Luck, 1966; Bogorad, 1998; Scheffler, 2001). 1980’lerde gelişen DNA dizileme yöntemleriyle memeli model organizmaların mtDNA’sı dizilenmiştir (Scheffler, 2001).

1953-1957 arasında DNA'nın proteinlerin sentezlenmesini sağlayacak bilgiyi taşıdığı ortaya konmuş ve DNA'dan proteine doğru giden bu tek taraflı bilgi akışını açıklayan “santral dogma” teorisi geliştirilmiştir. Bu teoriye göre DNA'dan RNA kodlanmakta, RNA da proteinlerin üretilmesini sağlamaktadır. Mendel genetiği ve biyokimyanın sentezlenmesiyle moleküler biyoloji ortaya çıkmış ve bu yeni bilim dalı, genlerin proteinler üzerinden yaşamsal süreçleri nasıl yönettiğini aydınlatmaya başlamıştır (Beadle ve Tatum, 1941). Pek çoklarıncı bu gelişmeler, klasik genetiğin adım adım moleküler biyolojiye indirildiği bir sürecin başlangıcıdır (Kitcher, 1982).

1956'da DNA'nın kendini kopyalamasını sağlayan DNA polimeraz isimli proteinin, 1958'de de DNA'nın kendini kopyalama sürecinin keşfedilmesiyle DNA dizileme çalışmaları başlamıştır. İlk dizileme çalışmaları DNA'dan daha kısa ve tek zincirli oldukları için RNA üzerinde yürütülmüştür. 1965'te ilk RNA, 1972'de ilk protein dizilenmiştir. İlk DNA dizileme çalışmalarında radyoaktif olarak işaretlenmiş nükleotidlerin DNA polimeraz yardımıyla birleştirilmesi ve elde edilen dizilerin de çözümleme gücü yüksek şeffaf jellere yüklenmesi hedeflenmiştir. 1975'te Allan Maxam (1942-) ve Walter Gilbert (1932-) tüm bu gelişmelerden yararlanarak “plus and minus” (İng. artı ve eksi) adını verdikleri bir teknikle ilk kez DNA dizilemeyi başarmışlardır. İki yıl sonra, 1977'de Frederick Sanger (1918-2012) “chain termination” (İng. zincir sonlandırma) ya da “dideoksi” adını verdiği DNA dizileme yöntemini geliştirmiştir. Bu yöntem adenin, timin gibi nükleotidler analogları olarak tasarlanmış “dideoksinükleotidlerden” yapay bir kopya iplik üretilmesine dayanmaktadır. Sonlarında DNA polimerazın bağlanabileceği bir bölge olmayan bu analog nükleotidler orijinal DNA'nın bazlarından herhangi birinin karşısına geçip onunla eşleştikleri anda zincir orada durmakta, alta yeni bir nükleotid eklenememektedir. Böylece bir DNA zincirinin tek tek hangi sırasında hangi nükleotidin yer aldığı anlaşılabilmektedir. Günümüzde “Sanger dizileme” olarak bilinen bu yöntem uygulama kolaylığı ve yüksek doğruluğu nedeniyle uzun yıllar DNA dizileme çalışmalarında yaygın olarak kullanılmıştır.

İlk geliştirildikleri dönemde sırayla “kimyasal degradasyon” ve “enzimatik sentez” olarak adlandırılan bu yöntemler hücrelerin mekanik ve kimyasal yöntemlerle parçalanmasıyla elde edilen karmaşık bir organik molekül çorbasından hedef gen bölgenin bulunup dizilenmesini gerektirmektedir (Beck ve Pohl, 1984). DNA’nın kendisi hassas bir molekül olduğu için bütün bu parçalama süreçlerinden etkilenmekte ve bir dokunun tıpatıp aynı hücrelerinden farklı uzunluklarda DNA örneklerinin elde edilmesine neden olmaktadır. Bu durum genlerin çalışılmasını zorlaştırmaktadır (Mullis, 1990).

1970’lerde bu sorunların aşılması için pek çok moleküler biyoloji tekniği geliştirilmiştir. DNA’yı özel kontrollü olarak parçalamak ve başlangıç ve bitiş dizileri bilinen, ayırt edilebilir, sağlam gen bölgelerini ayırmak için restriksiyon enzimleri denen özel enzimler üretilmeye başlamıştır. 1970’lerde kimyagerlerin kullandığı elektroforez tekniğinin moleküler biyolojiye uyarlanmasıyla bu molekülleri jel ortamda boyutlarına göre fiziksel olarak ayırmak mümkün hâle gelmiştir. Bu gen bölgelerine radyoaktif olarak işaretlenmiş yapay nükleotid dizilerinin laboratuvar ortamında bağlanmasıyla da istenen gen dizisinin olup olmadığı kontrol edilebilmektedir. Ancak dokulardan elde edilen DNA az miktarda olduğu için bu testler yeterince güçlü sonuç üretememektedir.

Kary Mullis (1944-2019), 1983’te DNA’nın kopyalanıp çoğaltılmasının dizilenmesi için çok daha iyi olacağını öngörmüş ve çalışma arkadaşlarıyla birlikte DNA’yı hücre dışı ortamda kopyalamak için “Polymerase Chain Reaction” (İng. Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ya da kısaca “PCR” isimli bir yöntem geliştirmiştir. Mullis, 1986’da, DNA’nın keşfinden otuz yıl sonra, James Watson ve Francis Crick gibi bu gelişmeyi Cold Spring Harbor Sempozyumunda sunmuştur (Jones, 2022). PCR çok kısa sürede büyük bir değişimin öncüsü olmuştur. DNA dizileme yöntemleri daha hızlı, daha kolay ve daha güvenilir hâle gelmiştir.

İlk nesil dizileme makineleri laboratuvar ortamında aşırı modifiye edilmiş nükleotidlerin kullanılmasına dayandığı ve bir kopya ipliğin sentezlenmesi şart olduğu için DNA dizisinin okunması ancak kopyalama bittikten sonra

yapılabilmektedir. 1993’te geliştirilen pirofosfat bazlı dizileme yöntemi doğal nükleotidlerin basit bir enzimatik tepkimeyle kendiliğinden ışık yayacak hâle getirildikten sonra kopya ipliğın sentezinin bitmesini beklemeden, her nükleotid eşleşmesi olduğunda bir ışık çıkartılmasını sağlayarak gerçek zamanlı okumayı mümkün hâle getirmiştir. “Next Generation Sequencing” (İng. Yeni Nesil Dizileme” ya da kısaca “NGS” adı verilen bu ikinci nesil DNA dizileme cihazlarının da yaygınlaşmasıyla moleküler biyoloji çalışmaları yeni bir aşamaya geçmiştir. Canlılığın her veçhesine dair bilgi edinmeyi bir ölçüde mümkün kılabilecek bu teknolojilerin 1980’lerde fosillere de uyarlanmasıyla genetiğın antropoloji ve arkeolojiyle en güncel kesişim alanı olan antik DNA disiplini ortaya çıkacaktır.

İKİNCİ BÖLÜM

GENETİK VE ANTROPOLOJİNİN İNTERDİSİPLİNER KARŞILAŞMALARI

Bu bölümde önce antropolojinin tanımı yapıp kısaca gelişimine ve çalışma alanlarına değinilecek, ardından antropolojinin biyolojik antropoloji ve biyolojinin genetik başta olmak üzere çeşitli alt dallarının kendi tarihi ilerlemeleri sırasında pek çok kez yaşadıkları interdisipliner karşılaşmalar sıralanacak ve detaylandırılacaktır.

2.1 Antropolojinin Tarihi, Kapsamı ve Çalışma Alanları

Grekçe “insan” anlamına gelen “*anthropos*” ve “bilgi, çalışma” anlamına gelen “*logos*” sözcüklerinin birleşiminden türetilen antropoloji en yalın tanımıyla insanı çalışan disiplindir (Özbudun, 2007). İnsanların kendi kökenleri, canlılar dünyasındaki yerleri, biyolojik ve kültürel çeşitlilikleri, davranışları ve sosyal organizasyonları üzerine düşünmelerinin tarihi epey geriye gitse de bu bağlamdaki ilk felsefi ve entelektüel uğraşların kaydına Antik Yunan Döneminde rastlandığı için antropolojinin bilim dalı olarak biyografisi yazılırken buradan başlanmaktadır (Riquet, 1978; Spencer, 1997; Eriksen ve Nielsen, 2001; Özbudun, 2007).

Antropoloji, Antik Yunan’dan Aydınlanma dönemi Avrupasına devamlılık gösteren entelektüel bir hat üzerinde insana dair her şeyi ele alan Batılı bir disiplin olarak gelişmiştir. Disiplinin tohumlarını erken modern Avrupa felsefesi ekmiş, güncel epistemolojik bağlamını 18. yüzyıl aydınlarının yarattığı paradigma değişimleri oluşturmuştur (Eriksen ve Nielsen, 2001). Antropoloji, 19. yüzyılda ortaya çıkan ilk antropoloji kuramlarıyla akademik bir disiplin olarak bağımsızlaşmaya ve Avrupa’nın başlıca ülkelerinde kurulan müze ve enstitülerle kurumsallaşmaya ve bilgi üretmeye başlamıştır. Üniversitelerdeki ilk antropoloji bölümleri 20. yüzyılın başında İngiltere, Fransa, Almanya ve Amerika Birleşik Devletleri’nde kurulmuştur (Eriksen ve Nielsen, 2001; Özbudun, 2007; Toprak, 2012).

Antropoloji teriminin ilk olarak hangi tarihsel momentte bu disiplini kapsayacak şekilde kullanıldığı kesin değildir. Antropoloji kelimesinin İngilizce karşılığı olan “anthropology” ilk kez 1593’te, tarih biliminin “(bir toplumun) soy

kütüğünü ya da çıktığı yeri, incelediği sanatları, yaptığı işleri” ele alan bir alt dalı olarak; Latince karşılığı olan “anthropologium” ise 16. yüzyıldan sonra “insanın anatomisi ve fizyolojisiyle ilgilenen” disiplin olarak literatüre geçmiştir (Münüsoğlu, 2010; Toprak, 2012). Antropolojinin Almancası olan “Anthropologie” ise 18. yüzyılın sonuna doğru kültürel kimlikleri ifade etmek için kullanılmaya başlamıştır (Toprak, 2012). Bu anlam ayrımları terminolojik bir karmaşaya işaret ediyor gibi görünse de bu çalışmaların her biri insana dair çalışmalar olduğu için kendi içinde tutarlıdır.

İnsan hem fizikî ya da biyolojik hem de sosyokültürel açıdan incelenerek anlaşılması gereken biyososyal bir varlıktır (Eysenck, 1980; Hacking, 2006). Antropoloji de entelektüel hayatın “doğa bilimleri”, “sosyal bilimler” ya da “beşeri bilimler” gibi parçalara ayrılmadığı, biyolojinin de henüz pozitif bir bilim olarak bağımsızlaşmadığı ve felsefi ve politik tartışmalara içkin olduğu erken evrelerinde disiplinler arası bir uğraş olarak ortaya çıkmıştır (Kagan, 2009; Toprak, 2012; Mejía Fernández ve Romero, 2022). Bu epistemolojik ayrımlar Rönesans’la doğan “yeni bilimlerin” felsefeyi doğa bilimlerinden ayrı ve ikincil bir alan olarak dışlamasıyla başlayan, sosyal bilimlerin Sanayi Devrimi sonrasında karmaşıkleşan toplumsal yapıları daha iyi anlamak için felsefeden kopup ayrı disiplinler olarak ortaya çıkmasıyla pekişen nispeten geç ayrımlardır. Antropoloji, sonradan oluşan bu çerçevede sosyal bir bilim olarak sınıflandırılmasına karşın tarihsel olarak hem doğa bilimleriyle, hem de sosyal ve beşeri bilimlerle kesişen iki ana ekseninde gelişmeye devam etmiştir. Birinci eksen insan topluluklarını inançları, gelenekleri, kurumları ve kültürleriyle inceleyen sosyal ve kültürel antropolojiyi; ikinci eksen çağdaş ve atasal, insan ve insan olmayan tüm primatların evrim ve çeşitliliğini inceleyen fizikî ya da biyolojik antropolojiyi meydana getirmiştir (Lewis, 2017; Little ve Buikstra, 2023). Antropoloji disiplini bu iki ekseni de sahiplenmiş ve akademik örgütlenmesinde ikisine de yer vermiştir. 20. yüzyılda kurulan antropoloji bölümlerinde fizikî ya da biyolojik antropoloji ile sosyal ya da kültürel antropoloji başat dallar arasında yer almıştır. Antropolojinin alt dalları, ülkenin akademik geleneğine bağlı olmakla birlikte, lingüistik/dilbilimsel antropoloji, paleoantropoloji ya da arkeoloji arasında değişkenlik göstermektedir. Antropoloji, sosyal bilimler çatısı altında yer aldığı hâlde

metodolojik ve epistemolojik olarak hem doğa bilimlerinin, hem de sosyal ve beşeri bilimlerin alanını kapsayan çok boyutlu ve özgün bir disiplindir (Kroeber, 1954; Buettner-Janusch, 1969; Rubel ve Rosman, 1994; Toprak, 2012).

2.2 Biyoloji ve Antropolojinin Kesişimlerinin Tarihi

Biyoloji ve antropoloji; 19. yüzyılda iki ayrı disiplin olarak şekillenirken ilk kez Darwin'in evrim teorisiyle kesişmişlerdir. Antropolojinin alt dallarından biri olan biyolojik antropoloji, modern Avrupa felsefesinde ortaya çıkan ırk düşüncesinin etkisi altında insanları biyolojik olarak sınıflandıran bir bilim olarak ortaya çıkmıştır. İlk ırk bilimi çalışmaları, Buffon ve Linne gibi Rönesans aydınlarının sınıflandırma çalışmalarının bir uzantısı olarak başlamış, bu isimler öznel ve keyfi kriterlerle çeşitli insan ırkları tanımlamış ve bu ırklara belli başlı anatomik, fizyolojik ve davranışsal özellikler atfetmiştir (Hoquet, 2014). Aydınlanma döneminde, felsefeci Immanuel Kant'ın (1724-1804) "Çeşitli İnsan Irkları Üstüne" (1775), hekim ve anatomist Johann Frederich Blumenbach'ın (1752-1840) "İnsan Türünün Doğal Çeşitleri Üzerine" (1775) eserlerini yayınlamasıyla ilk ırk teorileri ortaya çıkmıştır. 19. yüzyılda, tıp eğitimi alırken insanlar arasındaki farklar, ırklar ve evrime ilgi duyan hekimler biyolojik antropolojinin kurumsallaşmasının temellerini atmıştır. Fransa'da Paul Broca (1824-1880) Blumenbach'ın da etkisiyle kraniyometrik yöntemle (kafatası ölçümüne) dayanan tipolojik ırk tayini çalışmalarının öncüsü olmuştur. Broca, 1859'ta Société d'Anthropologie de Paris'i (Fr. Paris Antropoloji Topluluğu), 1876'da Laboratoire d'Anthropologie'yi (Fr. Antropoloji Laboratuvarı) kurmuştur (Little ve Buikstra, 2023). İngiltere'de antropoloji dersleri tıp müfredatı içinde değil paleontoloji, evrim ve arkeoloji gibi bölümlerde verildiği için biyolojik antropoloji çalışmalarını İnsanın Doğadaki Yerinin Kanıtı'nın (1863) yazarı Thomas Huxley (1825-1895) gibi evrim biyologları yürütmüştür (Little ve Buikstra, 2023).

Darwin'in evrim teorisi, antropoloji çevrelerinde çeşitli biçimlerde yankı bulmuştur (Eriksen ve Nielsen, 2001). Huxley, Darwin'in en şiddetli savunucularından biri olarak İngiliz biyolojik antropolojisinin evrim teorisini sahiplenmesinde etkili olmuştur (Schwartz, 1990). Fransa'da Paul Broca, Türlerin Kökeni'ni Fransızca'ya çevrilmesinden hemen sonra okuyan ve ilk kucaklayan

antropologlardan biridir. Ülkede Darwinci evrimi bilimsel bir tartışmada ele alan tek topluluk Broca'nın kurucusu olduğu ve Darwin'in de 1870'te üye olarak kabul edildiği Paris Antropoloji Topluluğu'dur. 1856'da Almanya'da bulunan Neander Vadisi'nde keşfedilen ve sonradan arkaik bir insan türü olduğu anlaşılan Neandertaller antropologlar eliyle kısa sürede insan evrimi tartışmalarının bir parçası hâline getirilmiştir (Reich, 2018). Broca, 1866'da Belçika'daki La Naulette mağarasında bulunan Neandertal alt çene kemiğinin de Darwin'in evrim teorisine katkı sağlayacak bir fosil buluntu olduğunu ilk öne sürenlerden biri olmuştur (Harvey, 2008). Biyolojik antropoloji, bir bakıma, Darwinci evrim teorisinin etkisiyle salt ırk bilimi olmaktan çıkmış, insanın kökenleri ve evrimi gibi konulara eğilmeye ve insan biyolojisini daha kapsamlı şekilde ele almaya başlamıştır. Antropolojinin geri kalan alt dallarında da evrim teorisini disiplinin diskuruna başka biçimlerde eklemleyen isimler olmuştur. İngiltere'de sosyolog Herbert Spencer'in (1820-1903) öncülüğünde Darwinci evrimin "uyumlu olanın hayatta kalması" prensibinin insan popülasyonlarına uyarlanmasıyla sosyal Darwinizm fikri ortaya çıkmıştır (Halliday, 1971; Paul, 2003). Fransa'da antropolog Georges Vacher de Lapouge (1854-1936) Darwincilik ve Marksizmi sentezleyerek insanlığı "*biyolojik kusurlarından arındırılmış bir sosyalist ütopya*ya taşıyacak" sosyal Darwinizme dayalı bir antropososyoloji geliştirmiştir (Toprak, 2012). Biyolojik evrim teorisi, sosyal ve kültürel antropologların kültür teorilerine de ilham vermiştir. Darwin'in de referans verdiği Edward Burnett Tylor (1832-1917) ve öğrencisi James George Frazer (1854-1941) gibi evrimci antropologlar, kültürlerin büyü, din ve bilim gibi aşamalardan geçerek ilerlediğini öne sürmüştür. 20. yüzyılın başlarında Blumenbach'ın ırk ve Darwin'in biyolojik evrim teorisinin antropoloji üzerindeki egemenliği devam etse de bu teorilerin aşırıcı yorumlarına karşı temkinli tavırlar alınacaktır. Fransa'da antropososyoloji dışarı itilerek yerine daha kültür odaklı bir antropoloji egemen olacak, kıta Avrupası genelindeyse antropolojinin yerini sosyoloji alacaktır (Little ve Buikstra, 2023).

Antropoloji ve biyolojinin bir sonraki kesişimi genetik biliminin doğduğu 20. yüzyıl başında gerçekleşmiştir. Bu dönemde Lamarkçı kalıtım biyoloji diskurundan neredeyse tamamen silinmiş, bir önceki yüzyıla egemen olmuş ve Darwin'in de

evrim teorisini şekillendirmiş yumuşak ve esnek kalıtım anlayışı yerini katı kalıtım anlayışına bırakmıştır (Gilbert, 2011; Meloni, 2016). Bu anlayış kalıtım birimlerini üreme hücrelerinde taşınan, vücudun diğer bölümlerinin yapısına ve aktarım biçimine etki ve müdahale edemediği özerk maddesel birimler olarak yeniden inşa etmiştir (Meloni, 2016). Biyolojik düşünceye somatik-gamet, genotip-fenotip, doğa-çevre gibi dikotomiler yerleşmiştir. Biyolojik olanla toplumsal olan birbirinden ayrılmış ve sosyal bilimlerle yaşam bilimleri arasına epistemik bir sınır çizilmiştir (Meloni, 2016). Johanssen, genlerle yalnızca genetikçilerin ilgilenmesi gerektiğini vurgularken böyle bir alan paylaşımının sinyallerini vermektedir. Genler ya da daha genel bir ifadeyle biyolojik olan her şey biyolojinin, geri kalan da sosyal bilimlerin alanına terk edilmelidir (Meloni, 2016).

Katı kalıtım, Galton'un öncülüğünde Viktorya sonrası İngiltere'de öjeni fikrinin tutunmasının, Almanya'da Alman antropolojisinin Lamarkçılıktan tamamen ayrışmasının ve Darwinciliğin ırkçı ve sınıfçı bir yorumunu benimsemesinin önünü açmıştır (Lipphardt, 2016; Meloni, 2016). ABD genetiği büyük ölçüde bu yeni kalıtım anlayışına ve sosyal bilimler ve biyoloji arasındaki alan paylaşımına uyum sağlamıştır (Roll-Hansen, 2010). Morgan, öjeni karşıtı bir genetikçi olmasına rağmen genetikçilerin sosyal bilimlerin alanına müdahale etmemesinin politik olarak daha yararlı olduğunu düşündüğü için kendi alanının sınırları dışına çıkmamaya özen göstermiştir. Morgan, kendi döneminde yapılan suç işlemeye genetik bir yatkınlık olup olmadığı tartışmalarına girmekten kaçınmış, suçun öğrenilen bir davranış olduğunu ve genetik olarak değil kültürel olarak aktarıldığını, bu yüzden genetikçilerin bu tartışmalara girmemesi gerektiğini ileri sürmüştür (Meloni, 2016).

Biyolojik ve sosyal bilimler arasına inşa edilen sınırlar, ikisinin bir sentezi olan antropolojide örtük bir epistemolojik krizi tetiklemiştir. Antropolog Alfred Kroeber'e (1876-1960) göre bu sınırlar, insanların kültürel özelliklerine biyolojik açıklamalar getirilmesinin önünü kesecek ve bu alanı tamamen antropologlara ve sosyal bilimcilere bırakacaktır. Bu yüzden antropoloji, bu yeni paradigmaya sahip çıkmalıdır (Meloni, 2016). ABD antropolojisinin kurucusu Franz Boas (1858-1942) ise evrimsel biyolojinin ve genetiğin güncel diskurundan duyulan rahatsızlığı paylaşıp da biyolojiyi antropolojiden çıkarma fikrine sıcak bakmadığı için

Kroeber'in karşısındadır. Ona göre antropoloji, insan bilimi olarak insana dair hem biyolojik hem de kültürel her şeyle ilgilenmelidir (Eriksen ve Nielsen, 2001). ABD antropolojisi de Boas'ın insanı hem biyolojik hem de kültürel perspektiften anlamaya dönük bütüncül (holistik) anlayışının temelleri üzerine kurulmuştur (Little ve Buikstra, 2023).

Sosyal ve biyolojik bilimleri birbirinden ayıran, kalıtımı sadece genetik biliminin yöntemleriyle incelenip anlaşılabilir somut bir çalışma konusu olarak atomize eden bu kavrayış, 20. yüzyılın modernist saflaştırma ajandasıyla uyumlu, deyim yerindeyse "çağın ruhuna uygun" bir kavrayıştır ve yarattığı ihtilafa karşın nihayetinde başarılı olmuştur. Sosyal bilimler, Kroeber'in deyiimiyle "*Lamarckçılıkla arasındaki Gordion düğümünü*" çözmüş ve insan doğasına dair her tartışmayı biyolojinin alanına terk etmiştir (Meloni, 2016). Kültürel antropologlar, Boas'ın Amerikan Fiziki Antropologlar Derneği'nin de başkanlarından biri olan öjenik genetikçi Charles Davenport'la (1886-1944) girdiği entelektüel rekabet hariç tutulursa, büyük ölçüde genetik bilimini görmezden gelmeye başlamıştır (Marks, 2012; Meloni, 2016).

Birinci Dünya Savaşı'ndan itibaren genetik biliminin öjeniyle olan teması kademeli olarak azalmıştır. Genetikçiler 1920'lerden itibaren öjeninin sosyal ve politik sonuçlarından çekinmeye başladıkları için bu alanın önde gelen isimleriyle iletişim kurmayı bırakmış, 30'lardan itibaren bilim çevrelerinde öjeni karşıtı görüşlerini yüksek sesle dile getirmeye başlamıştır (Roller-Hansen, 2010; Meloni, 2016). Charles Davenport gibi figürler de çepere itilir (Marks, 2012).

İki savaş arası dönemde ırk kavramı üzerinde benzeri bir stigmanın olmaması nedeniyle genetik bilimi ile ırk arasındaki ilişki aynı biçimde etkilenmemiştir. Genetik bilimciler, Birinci Dünya Savaşı döneminde askeri ve sivil tıp açısından önemli bir sorun olan kan uyuşmazlığı konusunda çalışmalar yürütmüş ve kırmızı kan hücrelerinin bağışıklık sistemi tarafından tanınmasını sağlayan ve kan gruplarının tayininde kullanılan A ve B tipi antijen proteinleri ve bu proteinleri kodlayan genlerin Mendelyen kalıtım örüntüsünü keşfetmiştir. Seroloji (serum bilimi) adı verilen bu yeni disiplinin öncüleri, A, B, 0 ve AB kan gruplarının

frekanslarının popülasyondan popülasyona değişmesinden yola çıkarak frekanslarının ırk tayininde kriter olarak kullanılabileceğini öne sürmüştür. Kan grubu çalışmalarıyla Nobel ödülüne de layık görülmüş serolog Ludwik Hirszfeld'in (1884-1954) "Farklı Irkların Kanları Arasındaki Serolojik Farklılıklar" (1919) makalesi bu konuda yapılmış ünlü çalışmalardan biridir (Boyd, 1963).

Seroloji yalnızca kan proteinlerinden ırk tayini yapılan bir disiplin değildir. AB0 sisteminin yalnızca insanlarda ve Afrikalı kuyruksuz iri maymunlara özgü olduğunun ancak paralel evrimle insanlar ve insan olmayan kuyruksuz iri maymunlarda farklı mutasyonlar biriktiği için kan alışverişinin mümkün olmadığı keşfi insana özgü adaptasyonların daha iyi anlaşılmasını sağlamıştır (Boulton, 2015). Genetikçi William Clouser Boyd (1903-1983) ve eşi Lyle Gifford Boyd (1907-1982) 1930'lerde kan grubu tayininde kullanılan antikorların mumyalanmış örneklerden alınan dokulardaki membran proteinlerine de bağlanabileceğini, böylece mumyaların kan gruplarının ortaya çıkarılabileceğini keşfetmiş ve bugün antik DNA literatüründe kendine fazla yer bulmasa da ilk antik proteomik çalışmalarından birini gerçekleştirmiştir (Boyd ve Boyd, 1934; aktaran Jones, 2016). Bu çalışmalar fizikî/biyolojik antropoloji ve genetiğin ilk temaslarını kurmasını sağlamıştır (Haspel, 2023).

Seroloji 1920'lerde kazandığı irtifayı ırkların birbirinden ayırt edilmesini sağlayacak sabit ve ciddi genetik belirteçler üretmeyi başaramadığı için çok geçmeden kaybetmeye başlamıştır (Lindee ve Santos, 2012; Marks, 2012). Biyolojik antropologların bir kısmı kan gruplarının kayda değer bir şey söylemediği gerekçesiyle bu alana teveccüh göstermemiş, bir kısmı genetikçilerin bile işin içinden çıkamadığı anlamsız ve karmaşık veri yığınının bıkararak serolojiyi terk etmiştir (Boyd, 1963; Marks, 2012). Genetikçiler serolojinin yaşadığı krize karşın genetik biliminin yöntemlerinin antropolojik yöntemlere üstün olduğu görüşündedir. Boyd'a göre "*Serolojinin (ya da daha doğrusu genetiğin) kraniyometriyi ve antropometriyi geride bırakarak ırk antropolojisinin asıl aracı olacağını görmemek imkânsız*"dır (Marks, 2012). Boas'ın doktora öğrencisi antropolog Ashley Montagu da (1905-1999) kan grubu çalışmalarından gelen verilerin kendi ifadesiyle "*kafa şeklindeki kumları sallamak*" gibi standart yöntemlere göre daha kullanışlı olduğu konusunda

genetikçilerle hemfikirdir (Boyd, 1963). Yine de serolojiye dair öngörüler boşa çıkacak, metodolojisine olan güvenin büyük ölçüde yitirildiği bu disiplin ırkçılık karşıtı ve insan hakları temelli siyasetin egemen olacağı İkinci Dünya Savaşı sonrasında bilimsel çevrelerinde kendine yer bulamayacaktır (Lindee ve Santos, 2012).

İkinci Dünya Savaşı dehşeti sonrası akademinin moral standartları köklü bir değişim geçirmiştir (Meloni, 2016). İnsan genetiği ve fiziki antropoloji saygınlığını yitirmiş ve yeniden icat edilmek zorunda kalmıştır (Marks, 2012; Meloni, 2016). İnsan genetiği ırkçı düşünceden ve öjeni geçmişinden kurtulmak için popülasyonlardan ziyade bireylere odaklanan ve insan sağlığı çalışmalarına ağırlık veren, klinik yönü baskın bir disiplin olarak kendini yeniden inşa etmiştir (Chadarevian, 2014). ABD biyolojik antropolojisi, Earnest Albert Hooton (1887-1954) ve öğrencisi Sheerwood Washburn (1911-2000) gibi antropologların öncülüğünde evrimsel süreçlere, insanın uyum sağlama yeteneğine ve insan olmayan primatlara odaklanan bir disipline dönüşmüştür (Marks, 2012).

Savaş sonrası genetiğinin ethosunu Darwinci evrim ve Mendelci kalıtımın “modern sentez”i oluşturmaktadır (de Chadarevian, 2014). Julian Huxley, henüz savaş yıllarında yazdığı “Evrimsel Modern Sentez” (1942) kitabında insanların “Hitlerci” veya “negatif öjenici” olmayan bir şekilde evrimi kontrol edebildiği, insancı, seküler ve liberal bir dünya görüşü ortaya koymuştur (Meloni, 2016). Mayr, Wright ve Dobzhansky gibi isimler bu görüş etrafında birleşerek 1946’da Society for Study of Evolution’ı (İng. Evrim Çalışma Topluluğu) kurmuştur. İnsan evrimi modern sentez çalışmalarının içinde fazla yer almadığı için antropoloji başlangıçta bu diskurun dışında bırakılsa da kısa süre içinde antropologların yokluğunun yarattığı eksikliğin farkına varılmış ve onlar da dâhil edilmiştir (Smocovitis, 2012).

1950’de Pääbo’nun tabiriyle genetiğin Mekkesi kabul edilen Cold Spring Harbor Laboratuvarı’nda antropologlar ve genetikçilerin bir araya geldiği bir “İnsanın Kökenleri ve Evrimi” sempozyumu düzenlenmiştir (Osborn, 1954; Smocovitis, 2012; Pääbo, 2014; Meloni, 2016). Bu sempozyumda insan evrimi ve

çeşitliliği tartışılmış, insanlar ırklar yerine popülasyonlar olarak ele alınmış ve biyolojik antropolojisinin yeniden evrimci bir paradigmaya eklemlenmesini sağlayacak epistemolojik bir bağlam oluşturulmuştur (Meloni, 2016). Bu sempozyumda genetik biliminin biyoloji ve antropolojinin disiplinler arası yakınlaşmasındaki rolüne de yer verilmiştir. Genetikçi Milislav Demerec (1895-1966) sempozyumda yaptığı konuşmada *“İkisi de Darwin’in insanın doğanın bir parçası olduğunu ortaya koyan evrim teorisi gibi temel keşiflerden derinden etkilenmesine rağmen iki yüzyıl boyunca antropoloji ve biyoloji neredeyse tamamen birbirlerinden bağımsız geliştiler. Bizim yüz yılımızda, kalıtım ve varyasyon gibi fenomenleri çalışan genetik biliminin gelişimi biyolojik ve antropolojik araştırmaların tedricen bir araya gelmesini sağladı.”* sözleriyle bu role değinmiştir (Demerec, 1950; akt. Smocovitis, 2012).

Sosyal antropolog Sol Tax da (1907-1995) sempozyumda biyoloji ve antropoloji arasındaki yüzyıllar süren ayrımın kültürel antropologların evrimci açıklamalardan uzaklaşmasına ve bunun sonucu olarak antropolojinin “kişilik bölünmesi yaşayan bir bilime dönüşmesine” neden olduğunu ileri sürmüştür (Smocovitis, 2012). Tax’ın mensubu olduğu Chicago Üniversitesi’nde açılan İnsanın Kökeni dersi biyolojiyi antropolojiye dâhil etme eforunun bir göstergesidir. Bu derste antropolojik, paleontolojik ve genetik veriler birleştirilerek insanlığın kökenleri işlenecektir (Smocovitis, 2012).

1954’te psikologların da katılımıyla düzenlenen “Unity of Knowledge” (İng. Bilginin Birliği) konferansı bu birleşme trendi sosyal bilimleri daha geniş ölçüde kapsamaya başlamıştır. 1959’da düzenlenen Darwin’in doğumunun 150. yılı konferansı antropologlar, biyologlar ve psikologları bir araya getiren bir başka önemli etkinlik olmuştur (Smocovitis, 2012).

1960’larda moleküler biyolojinin ortaya çıkmasıyla biyoloji ve antropoloji arasındaki bir disiplinler arası kesişim daha yaşanmış ve “moleküler antropoloji” adı verilen yeni bir alan ortaya çıkmıştır (Marks, 2012; Smocovitis, 2012). Bu dönemde gerçekleştirilen çalışmalarla kuyruksuz maymun filojenisi daha iyi anlaşılmıştır

(Easteal ve Herbert, 1997). Antropologlar karşılaştırmalı anatomi çalışmalarından yola çıkarak insanların *Hominidae*, kuyuksuz iri maymunların *Pongidae* ailesine ait olduğu ve bu grupların aile düzeyinde ayrıldığı kanaatindeydi. Biyolog Morris Goodman, (1925-2010) hemoglobin proteinlerini kıyaslayarak yürüttüğü karşılaştırmalı immünoloji çalışmalarıyla (1963) insan ve şempanzenin genetik yakınlığının insan ve orangutanın genetik yakınlığından daha fazla olduğunu; insan, şempanze ve gorillerin monofiletik (aynı kökenden gelen) bir takson olduğunu göstermiştir (Easteal ve Herbert, 1997; Marks, 2012). Bu hipotezler daha önce genetik biliminin bilimsel rüştünü kabullenmekte de direnç göstermiş paleontologların şiddetli itirazlarına maruz kalmıştır. Modern senteze katkı veren isimlerden biri olan paleontolog Simpson’a göre insan ve kuyuksuz iri maymunlar arasında anatomik karşılaştırmalarla ortaya konamayan benzerliklerin genetik karşılaştırmaların sonuçları öyle gerektirdiği için kabul edilmesi anlamsızdır (Marks, 2012). 1960’ların sonuna doğru paleontologların fosil karşılaştırmalarında hatalı çıkarımlar yaptığının anlaşılmasıyla tartışmalar son bulmuş ve hominin filojenisi moleküler verilere göre yeniden düzenlenmiştir (Marks, 2012).

Bu dönemde geliştirilen “moleküler saat” yöntemi türlerin birbirlerinden ayrılma zamanlarının belirlenmesini, dolayısıyla türleşme olaylarının kronolojisinin elde edilmesini sağlayarak filojeni çalışmalarına bir başka açıdan katkı sağlamıştır (Lu ve Ho, 2018). Emile Zuckerkandl (1922-2013) ve Linus Pauling (1901-1994) tarafından 1965’te tanıtılan bu yöntem homolog moleküller arasındaki genetik farkların ölçümüne dayanmaktadır. Türler arasında genetik farkın derecesi birbirlerinden ayrılma zamanlarıyla doğru orantılıdır. Fark ne kadar fazlaysa, türler o kadar uzun zaman önce ayrılmış ve ayrı mutasyonlar biriktirmeye başlamışlardır. Mutasyonların sabit bir hızda biriktiği varsayılarak ve belli bir mutasyon hızı belirlenerek karşılaştırılan türlerin ne kadar zaman önce ayrıldığını hesaplamak mümkündür (Zuckerkandl ve Pauling, 1965; Thorpe, 1982; Morgan, 1998). Allan Wilson (1934-1991) ve doktora öğrencisi Vincent Sarich (1934-2012) bu yönteme göre albumin proteininin evrimleşme hızını bir kriter olarak kullanarak insan-primat ayrımının 4-5 milyon yıl önce gerçekleştiğini ortaya koymuştur (Easteal ve Herbert,

1997). Bu gelişmeler literatüre yaptıkları katkılarla birlikte moleküler filojeni yaklaşımının itibarının artmasını da sağlamıştır.

1970’lerde kan serumunda bulunan proteinler kullanılarak insanlar arasındaki genetik çeşitliliğin anlaşılmasına dönük çalışmalar başlamıştır. 1954’te Hooton’ın öğrencisi Alice Brues (1913-2007) kan gruplarının dünyadaki dağılımının doğal seçimden etkilendiğini göstermiştir (Brues, 1954; Little ve Buikstra, 2023). 1958’de Frank Brown Livingstone (1928-2005) Liberya’da sıtma ve orak hücreli anemi ilişkisi üzerine yaptığı çalışmada insana özgü önemli adaptasyonlardan birini ortaya koyarak hem antropoloji hem de genetik literatüründe sonradan klasikleşecek bir çalışmaya imza atmıştır (Livingstone, 1958; Little ve Buikstra, 2023). Bu çalışmalar, 60’ların sonunda tarihe karışan serolojik ırkçılığın yerini insan evrimi ve insan çeşitliliğinin anlaşılmasına yönelik eforlara bırakmasını kolaylaştırmıştır. Bunun başlıca örneği Richard Charles Lewontin’in (1929-2021) “İnsan Çeşitliliğinin Dağılımı” (1972) çalışmasıdır. Lewontin, bu çalışmada insan ırkları olarak değerlendirilen popülasyonların içindeki genetik çeşitliliğin popülasyonlar arasındaki genetik çeşitlilikten daha fazla olduğunu ortaya koyarak bu yeni eğilim ve arayışların simge isimlerinden biri olmuştur (Lewontin, 1972; Marks, 2012).

1980’lere gelindiğinde savaş sonrasında başlayan ve insanlığın bilimsel gelişmelerle iyiye gideceğine dair duyulan iyimser ve apolitik inanç teknolojik gelişmelerin de iyice güçlenmiş ve yaygınlaşmıştır (Källén, 2025). Genetik bilimciler de, bunun bir uzantısı olarak yaşanan “DNA coşkusu”nun etkisi altında, insan genomunun tamamını dizileme projesine girişmiştir. Uluslararası bir konsorsiyum tarafından yürütülen ve 2001’de tamamlanan İnsan Genom Projesi, bilimsel ve klinik çalışmalara olan olağanüstü katkısının yanı sıra İnsan Genom Çeşitliliği Projesi gibi projelerin yanı sıra çeşitli popülasyon genetiği çalışmalarına besiyeri olmuştur (Cavalli-Sforza, 2005; Marks, 2012). Bu çalışmaların en önemlilerinden biri Wilson ve arkadaşlarının 1987’de 147 bireyden alınan mtDNA dizilerini kıyaslayarak modern insan popülasyonlarının 200,000 yıl önce Afrika’da yaşamış bir atadan köken aldığını gösterdiği çalışmadır. Çalışmanın, mtDNA yalnızca dişiler arasında kalıtıldığı için ABD’li bir gazeteci tarafından “mitokondriyel Havva hipotezi” olarak adlandırılan hipotezi büyük yankı uyandırmıştır (Cann, Stoneking ve Wilson, 1987;

Reich, 2018). 1980'ler ve 90'lar boyunca tarih öncesi insan göçleri de popülasyon genetiği çalışmalarının radarına girmiştir.

Antropoloji ve genetiğin son kesişim noktası, 1980'lerde başlayan antik DNA çalışmaları olmuştur.



ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

ANTİK DNA’NIN ORTAYA ÇIKIŞI, GELİŞİMİ VE GÜNÜMÜZDEKİ ANTİK DNA ÇALIŞMALARI

Yüzlerce ila binlerce yıl öncesine tarihlendirilen arkeolojik ya da paleontolojik buluntulardan elde edilen prokaryotik ya da ökaryotik konak DNA’sına antik DNA denir (Mitchell, D., Willerslev, E. ve Hansen, A., 2005; Poulakakis ve ark., 2007; Jones, 2022).

DNA kimyasal stabilitesi sınırlı, postmortem koşullarda hızlı bozunan bir organik moleküldür (Bär ve ark., 1988; Lindahl, 1993; akt. O'Rourke, Hayes ve Carlyle, 2000). Hücre içindeki DNA organizmanın ölümünden sonra enzimatik ve enzimatik olmayan tepkimelerle hidroliz, oksidasyon ve metilasyon gibi süreçlere maruz kalarak dekompozisyona uğrayıp parçalanır (Bär ve ark., 1988). Yüksek sıcaklık, yüksek nem ve aerobik ve anaerobik mikroorganizma varlığı postmortem DNA hasarını hızlandıran etkenlerdir (Bär ve ark., 1988) Düşük sıcaklık, yüksek tuz konsantrasyonu ve hızlı su kaybı gibi koşullarsa aksine hücre içindeki enzimlerin nükleik asitlerin hidrolizini katalizlemeden önce biyolojik etkinliğini kaybetmesini ve DNA’nın korunmasını sağlar (Hofreiter ve ark., 2001). Bu tür elverişli koşullarda DNA’nın 10.000 ila 100.000 yıla kadar korunması, elde edilip dizilenmesi ve arkeolojik ve antropolojik analizler için kullanılması mümkündür (Hofreiter ve ark., 2001; Mitchell, Willerslev ve Hansen, 2005).

Antik DNA diş ve kemik gibi sert dokulardan, deri ve kas gibi yumuşak dokulardan, saç gibi keratinize dokulardan, toprak, çökel ve buzul gibi ortamlardan, dışkı, bitki tohumu ve yumurta kabuğu gibi hücre içeriğine rastlanabilecek buluntulardan ve parşömen gibi organik malzemelerden üretilmiş arkeolojik buluntulardan elde edilebilir (Rollo, Venanzi ve Amici, 1994; Hofreiter ve ark., 2001; Rohland ve Hofreiter, 2007; Oskam ve ark., 2010; Haile, 2011; Kuch ve Poinar, 2011; Lech, 2016). Sayılan tüm bu antik DNA kaynaklarını “*arkeolojik artefaktlar ve ekofaktlar, kalsifiye ve/veya mineralize olmuş biyolojik depozitler ile biyolojik ve kültürel arşivler*” olmak üzere üç kategoriye ayırmak mümkündür

(Green ve Speller, 2017). Elde edilen DNA örnekleri mitokondri, kloroplast ya da nükleus kökenli olabilir (Golenberg ve ark., 1990; Woodward ve ark., 1994; Montiel, Malgosa ve Francalacci, 2001).

Antik DNA çalışmalarına nesli tükenmiş ya da hâlâ var olan canlı türlerinin evrimi, coğrafi kökeni ve göç örüntüleri, canlıların yaşadığı dönemin ekolojik özellikleri ve canlılar arasındaki filojenik ilişkiler hakkında bilgi kaynağı olarak başvurulur (Chelomina, 2006; Green ve Speller, 2017). Antik DNA adli bilimler, antropoloji, arkeoloji, botanik, ekoloji, koruma biyolojisi, paleontoloji, popülasyon genetiği, zooloji hatta uzay biyolojisi gibi çeşitli disiplinlere katkı sağlar (Kaestle ve Horsburgh, 2002; Chelomina, 2006; Kefi, 2011; Sankaranarayanan ve ark., 2014). Antropolojide insanların kökeni, evrimi ve biyolojik çeşitliliğinin, tarih öncesi insan popülasyonlarında biyolojik cinsiyet ve akrabalık ilişkilerinin, tarih öncesi insan ve hayvan göçlerinin, bitki ve hayvan evcilleştirilmesinin ve antik hastalıkların etiyolojisinin ortaya çıkarılmasında antik DNA çalışmalarından yararlanılır (Stone ve ark., 1996; Jones ve Brown, 2000; Cooper ve ark., 2001; Paijmans, Gilbert ve Hofreiter, 2013; Ermini ve ark., 2015; MacHugh, Larson ve Orlando, 2017; Gibbons, 2022; Anthony, 2023; Popli, 2024).

Antik DNA çalışmalarının teorik zeminini 1950'lerden itibaren hücre içeriğindeki organik moleküllerin belirli koşullarda stabilliğini koruduğunu ve arkeolojik buluntulardan organik molekül elde edilmesinin mümkün olduğunu gösteren çalışmalar, pratik zeminini ise 1970'ler boyunca geliştirilen moleküler biyoloji teknikleri oluşturur (Pääbo, 2014; Jones, 2016; Jones, 2022)

Bu alandaki öncü çalışmalardan biri 1980 yılında George Poinar ve Roberta Hess'in 40 milyon yıllık bir kehribar örneğindeki *Mycetophilidae* ailesine ait bir sinek fosilinden nükleus, ribozom, endoplazmik retikulum ve mitokondri gibi hücre organellerinin kalıntılarını elde ettiği çalışmadır (Poinar ve Hess, 1982; akt. Jones, 2022). Bu çalışma fosillerden DNA elde edilebileceğine dair güçlü bir kanıt olarak görülmüştür. Wang Guihai ve Lu Chuanzong, ertesi yıl Changsha kentinde (Hunan, Çin) yer alan Mawangdui arkeolojik kazı alanında bulunan 2000 yıllık bir mumyanın karaciğer dokusundan nükleik asit izole ettiklerini bildirmiş ancak çalışmaları

uluslararası dergilerde yayınlanmadığı için dikkat çekmemiştir (Wang ve Lu, 1981, akt. Jones, 2016; Berger ve Pechenkina, 2018). 1983'te, moleküler filojeni alanındaki çalışmalarıyla bilinen Allan Wilson, Poinar ve Hess'e katılmış, bu isimler o tarihte Wilson'ın laboratuvarında çalışan doktora sonrası araştırmacı Russ Higuchi'nin de katkılarıyla bir sinek fosilinden DNA elde etmeye çalışmış ancak başarılı olamamışlardır (Jones, 2022). Russ Higuchi ve Allan Wilson'un 1984'te bir müzeden elde ettikleri nesli tükenmiş bir quagga'nın (*Equus quagga quagga*) kas dokusundan mtDNA dizilemişlerdir (Higuchi ve ark., 1984; Jones, 2022). Bu quagga çalışması, ilk başarılı antik DNA çalışması olarak kabul edilmektedir. Bu çalışmadan bir yıl sonra, o tarihte Uppsala Üniversitesi'nde doktora öğrencisi olan Svante Pääbo, Berlin Mısır Müzesi'nin koleksiyonuna ait 2400 yıllık bir çocuk mumyasının epidermis (derinin en üst katmanı) ve subkutan (deri altı yağ) dokusundan nükleer DNA dizilemeyi insana özgü tekrarlı bir dizi olan *Alu* dizisini elde etmeyi başarmıştır (Pääbo, 1985).

Bu başarılı çalışmalarda kullanılan materyallerin mumyalama yönteminin bir parçası olarak dokuların hızlı biçimde kurutulmasıyla hazırlanması DNA'nın korunmasını ve binlerce yıl sonra elde edilebilmesini sağlamış ancak bu sürede DNA'nın hasar almasını ve parçalanmasını engelleyememiştir (Pääbo, 2014; Jones, 2016). Çalışmaların gerçekleştirildiği 1980'lerin ilk yarısında DNA kopyalama ve dizileme yöntemleri de günümüzdeki kadar gelişmiş değildir. Higuchi ve Wilson'ın elde ettiği DNA faj vektörleri kullanılarak Sanger yöntemiyle, Pääbo'nun elde ettiği DNA ise plazmit vektörleri kullanılarak Maxam-Gilbert yöntemiyle dizilenmiş ancak her iki çalışmada da DNA fragmanlarının kısa ve hasarlı olmaları nedeniyle dizilenmesi zorlukla gerçekleştirilmiştir.

Daha sonra geliştirilen PCR'in antik DNA çalışmalarında kullanılmaya başlaması bu sorunları henüz başındayken büyük ölçüde çözmüştür. Yöntemin mucidi Mullis de bu gelişmenin antik DNA çalışmalarında etkili olacağını bilincindedir. Mullis'e göre kopyalanmak istenen DNA "*hastaneden alınmış bir doku örneğinden de, tek bir saç telinden de, olay yerinden alınmış bir damla kurumuş kandan da, mumyalanmış bir beyin dokusundan da, buzulda donmuş 40.000 yaşındaki yünlü mamuttan da*" gelse PCR ile çoğaltmak mümkündür (Mullis, 1990).

Pääbo, mumya çalışmasını yaptığı Uppsala'daki laboratuvarından kısa bir süre sonra ayrılmış, çalışmalarına moleküler biyolog olan Prof. Dr. Walter Schaffner'ın Zürih'teki laboratuvarında devam etmiştir. Burada, Schaffner ile Pääbo, nesli tükenmiş Tazmanya kaplanına (*Thylacinus cynocephalus*) ait müze örneklerinden DNA elde etmeye ve PCR ile çoğaltarak dizilemeye çalışmış ancak onlar da bu denemelerinde başarısız olmuşlardır. Pääbo, 1987'de Berkeley'e, Allan Wilson'ın laboratuvarına gitmiş ve onunla çalışmaya başlamıştır. Wilson'ın laboratuvarında PCR yönteminin en güncel thermocycler'lar (sıcaklığı döngü hâlinde yükseltip düşürerek polimeraz zincir reaksiyonunun gerçekleşmesini sağlayan cihaz) kullanılarak uygulanabilmesi işlerini kolaylaştırmıştır (Pääbo, 2014). Burada quagga üzerine yeniden çalışmaya başlamışlar ve Wilson'ın orijinal çalışmasında dizilediği “sitokrom oksidaz I” ve “nikotinamid adenin dinükleotid-H (NADH) dehidrojenaz” gen bölgelerini bir kez daha dizilemişlerdir. Bu bölgeleri PCR ile çoğaltıp Sanger dizilemeyle diziledikleri tekrar çalışmasında orijinal çalışmadaki sonucun daha hatasız bir benzerini elde etmişlerdir (Pääbo, 1988; Pääbo, 2014). Böylece PCR'ın bakteriyle yapılan plazmit vektörü klonlamasına olan metodolojik üstünlüğü de anlaşılmıştır.

Wilson ve Pääbo'nun birlikte yürüttüğü diğer çalışma Little Salt Spring (Florida, ABD) dolininde bulunan 7000 yıllık bir beyin dokusu örneğinden mtDNA diziledikleri çalışmadır (Pääbo, 1988; Jones, 2016). Çalışmada, inceledikleri örneğin yaşayan Amerikan yerlilerinde o güne dek rastlanmamış bir dizi içerdiğini ve bunun Amerika'nın sömürgeleşmesinin tarihine dair önemli bir bulgu olabileceğini ortaya koymuşlardır (Pääbo, 1988; Jones, 2016). Bu çalışmayı 1989'da Erika Hagelberg, Bryan Sykes ve Robert Hedges 300 ila 5,500 yaşında bir insan kemiğinden mtDNA elde ettikleri çalışma takip etmiştir. Kemik fosilinden ilk kez DNA elde edilen bu çalışmayla paleontolojik ve arkeolojik malzemedен de antik DNA elde edilmesinin mümkün olduğu gösterilmiştir (Hagelberg, Sykes ve Hedges, 1989; Jones, 2022). Ardı ardına gelen bu çalışmalar hem çeşitli kaynaklardan antik DNA elde etmenin mümkün olduğunu hem de elde edilen verinin pek çok bağlamda yararlı olabileceğini ortaya koyarak alanın gördüğü ilginin artmasını sağlamıştır.

Antik DNA, bilimsel bir spekülasyondan ibaret olduğu dönemlerden beri alandaki profesyonellerin, medyanın ve kamuoyunun ilgi gösterdiği, magazin değeri ve popüler kültürde karşılığı olan ilgi çekici bir disiplindir (Jones ve Bösl, 2021; Jones, 2022). Pääbo'nun kurucu çalışmalar olarak nitelendirilebilecek ilk çalışmaları bu yüzden çok kısa süre içinde yaşam ve doğa bilimlerinden gelen pek çok bilim insanının benzeri çalışmalar yürütmesine yol açmıştır. İlk antik DNA'cılar, ciddi bir moleküler biyoloji ve biyokimya arka planı olmayan, bu disiplinlerin incelikleri ve küçük ayrıntıları konusunda yeterli donanımdan yoksun, medya ilgisi ya da kişisel hevesle bu tür çalışmalar yürütmek isteyen “adli bilimciler, Mozart'ın neden öldüğüne dair retro teşhisler koymaya bayılacak cinsten doktorlar” gibi insanlardır (Pääbo, 2014; Jones, 2022). Antik DNA, yeni bir disiplin olduğu için henüz kendine özgü metodolojik ve epistemolojik standartları yoktur. Bu da standartlara uyma zorunluluğu hissedilmeden yapılan bu erken çalışmaların disiplinin şöhreti sayesinde Science ve Nature gibi prestijli dergilerde yayınlanma olanağı bulması anlamına gelecektir. Kısa süre içinde alana giren isimler arasında en eski DNA'yı dizileme ve en ses getiren yayını yapma rekabeti gibi bilimsel etik açısından sorunlu davranışlar ortaya çıkmıştır. Golenberg ve arkadaşlarının nesli tükenmiş bir bitkinin (*Magnolia latahensis*) 17 ila 20 milyon yıllık fosilinden kloroplast DNA'sı elde edildiğini öne sürdüğü çalışma bunlardan biridir (Golenberg ve ark, 1990, Jones, 2016). Pääbo “ehliyetsiz moleküler biyologlar” olarak nitelendirdiği bu tür isimlerin kişisel çıkarları için sansasyon yaratarak antik DNA'nın ciddiyetsiz bir disiplin olarak görülmesine yol açma riski olan bu tür çalışmalarından rahatsızdır. Hem Hagelberg ve arkadaşlarının hem de Golenberg ve arkadaşlarının elde ettiği örneklerin otantik DNA olduğundan şüphe ve disiplinin prestiji adına kaygı duymaktadır (Pääbo, 2014; Jones, 2016). Golenberg ve arkadaşlarının çalışmasını doğrulamak için aynı bölgeden (Idaho, ABD) yaprak örnekleri toplayıp kendi laboratuvarında incelemiş ve dizilenen DNA'nın antik bir kloroplast DNA'sı değil örneği kontamine etmiş bir bakteri DNA'sı olduğunu bulmuştur (Sidow, Wilson ve Pääbo, 1991; Jones, 2016).

Kontaminasyon, Pääbo, Higuchi ve Wilson'un 1989'daki bir yayınlarında söz ettiği bir PCR problemidir (Pääbo, Higuchi ve Wilson, 1989). Müze örneği ya da mumya gibi iyi korunmuş dokular yerine fosillerden DNA elde edilen çalışmalar bu

probleme daha da açıktır. Fosil örneklerinden PCR ile çoğaltılacak kadar büyük DNA fragmanı elde etmek düşük bir olasılıktır (Pääbo, 2014). PCR'ın giderek hassaslaşması ve en ufak bir DNA fragmanını bile yakalayıp kopyalayabilecek hâle gelmesi de orijinal DNA örneğinin çok küçük olduğu bir çalışma ortamında ondan biraz daha büyük herhangi bir modern DNA örneğinin onun yerini alarak PCR ile çoğaltılmasını, dolayısıyla modern örneğin çalışma ortamını kontamine etmesini mümkün hâle getirmektedir (Pääbo, 2014). Alanda çalışan birinin ifadesiyle PCR “bir keşmekeştir” (Jones, 2022).

“Kontaminasyon olduğu anda ne ondan kurtulmak ne de kaynağını tespit etmek mümkündür. Bütün ritüelleriyle birlikte laboratuvarda vudu büyüü yapmaya benzer. Yine de sonunda neyin nereden geldiğini anlayamazsınız.” (Jones, 2022).

Pääbo, Higuchi ve Wilson, 1989'daki yayınlarında otantik DNA elde etmek için bazı kriterler ortaya koyarak kontaminasyon sorununun üstesinden gelmeye çalışmışlardır. İlk önerileri “blank extract” (boş özüt) denen, antik DNA dışında her türlü kimyasal ayıracın olduğu bir özütün her bir ekstraksiyon çalışmasında kontrol değişkeni olarak kullanılmasıdır. 1990'da Münih Üniversitesi'ne geçen burada kendi laboratuvarını kuran Pääbo'nun modern DNA'nın okside olması için çamaşır suyuyla dezenfekte edilen, hasar görmesi için geceleri ultraviyole ışık verilen “temiz oda” denen bir özel alan yaratarak kontaminasyon probleminin büyük ölçüde üstesinden gelmeyi başararak boş özütün yanına bir de temiz oda kullanma çözümü eklenmiştir (Pääbo, 2014).

Hagelberg ve Clegg, 1991'de 16. yüzyıldan kalma domuz kemiklerinden standartlara uygun şekilde ekstraksiyon ve izolasyon yaparak antik DNA elde ettiklerini bildiren bir yayın yapmışlardır (Hagelberg ve Clegg, 1991; akt. Pääbo, 2014). Çalışmanın yapıldığı laboratuvarla örneği kontamine etme riski olan modern domuz (*Sus scrofa*) DNA'sı bulunmaması hem elde edilen DNA'nın otantik olduğunu hem de Pääbo ve arkadaşlarının koyduğu standartların alandaki çalışmaların güvenilirliğini ve başarısını arttırdığını göstermiştir (Källén, 2025). Pääbo'dan da teknik bir eleştiri almayan bu çalışma hem onun ya da Wilson'ın grubundan bağımsız üçüncü bir grubun başarıyla gerçekleştirdiği bir çalışma olması

hem de dolaylı olarak hayvan evcilleştirmesine dair veri sunmasıyla iki ayrı bakımdan ilklerden biri olmuştur (Pääbo, 2014).

Pääbo de bu sırada doktora öğrencisi Matthias Höss ile laboratuvarında hayvan fosillerinden DNA elde etme çalışmalarına başlamıştır. Öğrencisiyle birlikte DNA'nın tuzlu çözeltilerde silikon taneciklerine yapışan bir molekül olmasından yola çıkarak "silika ekstraksiyonu" denen bir yöntem geliştirmişler ve DNA örneklerinin yüksek tuz konsantrasyonlu çözeltilere konarak silikona yapışmasını, çözeltinin geri kalanının yıkanıp ortamdan uzaklaştırılmasıyla saf olarak elde edilmesini sağlamışlardır. Bu da alanda ilerlemeye yol açan önemli gelişmelerden biridir (Pääbo, 2014).

Antik DNA, ciddi ve güvenilir bir disiplin olarak akademik anlamda ölçeğini genişletmeye başlamıştır. 1991'de Nottingham Üniversitesi'nde antik DNA sempozyumu düzenlenmiş, sempozyumu takiben antik DNA çalışma grubu kurulmuştur. Nisan 1992'de Ancient DNA Newsletter (Antik DNA Bülteni) dergisi yayın hayatına başlamıştır (Jones, 2022). 1993'te Washington'da 2. antik DNA sempozyumu yapılmıştır. Wilson, Pääbo, Höss, Poinar ve Hagelberg'in ardından yeni isimler ortaya çıkmaya ve çeşitli alanlarda yeni ve öncü antik DNA çalışmaları yapılmaya başlamıştır.

Aynı yıl Paabö ve Höss de silika ekstraksiyon yöntemiyle Pleistosen dönemden kalmış at fosilinden kemik kökenli mitokondriyel DNA dizilemiştir. 1993'te yayını yapılan bu çalışma da 25.000 yıllık kemik örneğinden mtDNA elde edilebileceğini göstermesi açısından önemlidir (Höss ve Pääbo, 1993; akt. Pääbo, 2014). Pääbo ve Höss, 1994'te Rusya Saint Petersburg Üniversitesi Zooloji Enstitüsü'nden Nikolai Vereshchagin'in de desteğiyle yaşları 50.000 ila 9700 yıl arasında değişen beş Sibiry mamutu örneğinden DNA elde etmiştir. Hagelberg ve ekibi de Mark Thomas ve Charles Cook Jr., Andrel Sher, Gennady Baryshnikov ve Adrian Lister'in desteğiyle biri 47000 yaşında olan iki mamuttan DNA elde edip dizilemiştir (Pääbo, 2014, Jones, 2022). 1994'te hem Pääbo ve Höss'ün hem de Hagelberg ve arkadaşlarının mamut çalışmaları yayınlanmıştır (Pääbo, 2014; Jones, 2022). Bu iki çalışma, örneklerin yaşları büyük olmasına rağmen DNA elde edilip

dizilenebileceğini ve moleküler filojeni çalışmalarına çeşitli canlı türlerinden gelen antik DNA verilerinin de dâhil edilebileceğini göstermiştir.

1990'ların ortalarında rota insan kalıntılarına çevrilmeye başlamıştır. Pääbo'nun doktora öğrencisi Oliva Handt, çeşitli arkeolojik kazılardan elde edilmiş iskelet örnekleri ve mumyalar üzerinde çalışıp metodolojisini geliştirmeye çalışırken önemli bir çalışma yapma fırsatı ortaya çıkmıştır. 1991'de iki dağcı tarafından Avusturya ile İtalya sınırındaki Ötzi vadisinde donmuş hâlde bulunan Bakır Çağı'ndan kalma bir mumya (basındaki ismiyle Buz Adam Ötzi) üzerinde çalışmışlar ve 300 nükleotid civarı bir mtDNA parçası dizilemeyi başarmışlardır (Pääbo, 2014).

Alanın öncülerinden olan George Poinar'ın oğlu ve 1994'ten beri Pääbo'nun ekibinin bir parçası olan Hendrik Poinar de 1998'de nesli tükenmiş bir tembel hayvan türüne (*Nothrotheriops shastensis*) ait koprolit (dışkı fosili) örneklerinden DNA elde etmiştir. Bu çalışma da hem DNA'nın bozulmasına sebep olan doğal süreçlerden biri olan Maillard reaksiyonunun etkisini azaltacak bir yöntem geliştirdikleri ve bu yöntemi başarıyla uygulayarak nükleer DNA dizilemeyi başardıkları hem de koprolitler Nevada'da bulunan bir mağaradan elde edildiği için önemlidir. Antik DNA'nın yumuşak ya da sert doku dışında bir kaynaktan elde edilebileceğini ve mağara ortamlarında organik moleküllerin korunabildiğini göstermiştir (Pääbo, 2014; Jones, 2022).

1999'da Eske Willerslev ve arkadaşları yaşları 2000 ila 4000 yıl arasında değişen buzul örneklerinden mantar, bitki ve protist kökenli, toplamda 57 taksona ait çeşitli DNA dizileri elde ederek ilk antik metagenom çalışmasını gerçekleştirmiştir (Willerslev, 1999). Yine 1999'da Pääbo'nun laboratuvarında çalışan doktora sonrası araştırmacı Alex Greenwood'un öncülüğünde mamut fosilinden ilk kez nükleer DNA elde edilmiş ve bu DNA içinde mamutu enfekte etmiş endojen bir retrovirüse ait viral DNA fragmanlarına rastlanmıştır (Greenwood ve ark., 1999; Pääbo, 2014; Jones, 2022). Bu çalışmayla ilk kez evrimsel hatlar ve geçmiş yok oluşlar konusunda antik patojenlerin de bilgi kaynağı olabileceği ortaya çıkmıştır (Jones, 2022).

2000 yılında İngiltere, Manchester’da 5. Antik DNA Sempozyumu düzenlenmiştir. Bu sempozyum, on yıldan uzun süredir büyüyen antik DNA alanının dünyanın çeşitli laboratuvarlarından uzmanları ağırladığı geniş katılımlı bir buluşma olmuştur. Bu sempozyumun düzenlenme amaçlarından biri son yapılan yayınların doğruluğuna dair metodolojik tartışma yürütme olanağı yaratmaktır ancak katılımcılar böyle bir tartışma yürütmekten kaçınmışlardır. Katılımcıların sonradan hatırladığı kadarıyla o gün “herkes İngiliz nezaketiyle öylece oturmuş” ve “son çalışmalarda karşılaşılan hataların nasıl da 80’lerin sonuyla 90’ların ortasını hatırlattığı ancak öğle yemeğinde konuşulmuştur” (Jones, 2022). Sempozyumda konuşma yapan tüm gruplar sonuçlarını son derece özgüvenli şekilde sunmuştur.

Hendrik Poinar ve Pääbo’nun Berkeley’de çalıştığı laboratuvardaki lisansüstü öğrencisi olan Alan Cooper, bu sempozyumun ardından tüm antik DNA laboratuvarlarının çalışmalarının doğruluğundan emin olmak için uyması gereken dokuz kural içeren bir yayın yapmıştır (Poinar ve Cooper, 2000; Jones, 2022). Bu dokuz kural, kısa sürede tüm dünyada antik DNA laboratuvarları için bir standarttır (Fulton, 2012).

2000’lerin ortalarına doğru, birey yerine popülasyon düzeyinde antik DNA çalışmaları yapılmaya başlamıştır. Bu çalışmaların ilk örneklerinden biri Cooper ve arkadaşlarının aynı mağaradaki 14,000 ila 42,000 yıl öncesine tarihlendirilen yedi boz ayı (*Ursus arctos*) örneğinden elde ettikleri mtDNA dizilerini kıyasladığı popülasyon genetiği çalışmasıdır (Leonard, Wayne ve Cooper, 2000). Cooper ve arkadaşlarının çalışmasını Beth Shapiro ve arkadaşlarının 37,000 yıl öncesine tarihlendirilen bizon popülasyonu çalışması takip etmiştir (Shapiro ve ark., 2004).

2005’te NGS’nin ortaya çıkışı antik DNA çalışmalarında PCR’ın yarattığı devinimin bir benzerini yarattır (Jones, 2022). NGS, kısa DNA parçalarını dizilemede oldukça başarılı bir teknik olduğu için antik DNA çalışmaları avantaj kazanmıştır (Jones, 2022). Ancak NGS de tıpkı PCR gibi teknik mucizelerin yanı sıra kendine özgü dikkat edilmesi gereken sorunlar da getirmektedir (Higham, 2022).

İki antik DNA çalışması NGS'nin yarattığı etkiyi göstermesi bakımından önemlidir. Birincisi Noonan ve arkadaşlarının 40000 yıla tarihlendirilen bir mağara ayısı örneğinden metagenom dizilediği, bir diğer ifadeyle, mağara ayısı dışında da örnekte DNA'sına rastlanan her canlı türünün ilgilini DNA fragmanının dizilendiği, toplamda dizilenen baz uzunluğunun 27000 baz çiftini bulduğu çalışmadır (Noonan ve ark., 2005). İkincisi Poinar ve arkadaşlarının shotgun sequencing adı verilen yeni gelişmiş bir yöntemle 28000 yıllık bir mamut örneğinden 13 milyon baz dizisi sekansladığı çalışmadır (Poinar ve ark., 2006).

NGS kontaminasyon problemini tamamen yok etmemiş ancak kontaminasyonun düzeyini hesaplama ve DNA'nın otantikliğini daha iyi saptama olanağı tanımıştır (Higham, 2022; Jones, 2022). PCR zamanlarındaki "vudu büyü" ritüellerinin yerini DNA hasarının analiz edildiği ve elde edilen dizilerinin ne oranda antik DNA dizisi olduğunun tayin edildiği hesaplamalı çalışmalar almıştır (Jones, 2022). NGS ile ayrıca 2010'lara kadar hâlâ büyük ölçüde PCR çalışmaları ile ilerleyen ve yalnızca başı ve sonu çeşitli kimyasal işaretlerle işaretlenen antik DNA parçalarının dizilendiği bu alanda tüm genom dizileme çalışmaları dönemi başlamıştır (Jones, 2022). 2012'de Buz Adam Ötzi'nin de tüm genomunun yayınlanması bu tür çalışmaların ilk örneklerinden biridir (Reich, 2018). Neandertal genomu dizilendikten sonra araştırmacılar arasında antik bitki, patojen vs. türlerinin tüm genomlarını ilk dizileyen kişi olma yarışı başlamıştır. Bazı araştırmacılar Paleo-Eskimolar, Aborijinler ya da Kral III. Richard gibi tarihi figürlerin genomlarını dizilemek için uğraşmışlar, bu araştırmalarla Mezolitik ve Neolitiğin avcı toplayıcıları gibi erken atalarımızın davranışlarına ışık tutmaya, insanlarda laktoz toleransı gibi evrimsel adaptasyonların arkasındaki genetik mekanizmaları açıklamaya çalışmışlardır. Domuz, büyükbaş ve köpek evcilleşmesi gibi süreçler de araştırılmaya başlamıştır (Jones, 2022). Böylece, bu alanda, antik hayvan, insan, bitki ve prokaryot kalıntılarından nükleer, mitokondriyel ve kloroplast kökenli DNA elde edildiğini bildiren; bitki ve hayvan evcilleşmesi, insan patojenlerinin evrimi, insan göçleri ve sosyal organizasyonu gibi evrimsel biyoloji, arkeoloji ve antropoloji açısından önemli konularda dair yeni bulgular ortaya koyan çalışmalar birbirini takip etmiştir.

Bu bölümün devamında, sayılan başlıklarda yapılan antik DNA çalışmalarının literatüre olan katkısını temsil eden çalışma örnekleri verilecektir.

3.1 Bitki Evcilleştirmesiyle İlgili Antik DNA Çalışmaları

Son buzul çağının bitmesinden sonraki 12000 yıl boyunca 2500'den fazla bitki türünün evcilleştirildiği düşünülmektedir (Pont ve ark, 2019). Evcilleştirme, yapay seçilimin yanı sıra türlerin tarım uygulamalarına verdiği adaptif yanıtların da seçilime uğradığı (bilinçsiz seçilim), genetik değişikliklerin iç içe geçtiği uzun ve karmaşık bir süreçtir.

Antik DNA çalışmaları 1980'lerin sonundan itibaren antik bitki kalıntılarına yönelmeye başlamıştır. Arkeolojik kazılarda hem orijinal hem de modifiye edilmiş bitki kalıntılarına rastlamak; bu bitki kalıntılarının oksidasyonla karbona kısmi indirgenmesi (karbonizasyon ya da kömürleştirme), kurutma ile su kaybına uğraması, özellikle aşırı sulu ortamda anoksik (oksijensiz) koşullarda kalması ve kalsiyum fosfat, kalsiyum karbonat veya demir sülfat ile kısmi mineralizasyona maruz kalması durumunda DNA'larının korunması mümkündür. Antik DNA tekniklerinin bitki örneklerinde de uygulanabilir olması arkeolojik kanıtlarla yeterince ilerlenemeyen pek çok konunun aydınlatılmasını sağlamıştır (Brown, 1999).

İlk çalışmalar daha çok arkeolojik kayıtlarda bitki antik DNA'sı varlığını göstermeye odaklanmıştır. İlk kez Hallam ve arkadaşları 1973'te Mısır'da elde edilen 6441 +/-180 yıllık bir kavılca buğdayı (*Triticum dicoccum*) örneğinde nükleus, nükleolus (çekirdekçik) ve kromatinlerin ve en fazla 100 baz çifti uzunluğunda DNA ve RNA fragmanlarının varlığını göstermiştir (Rollo, Venanzi ve Amici, 1991). 1990'ların başında bu bitkilere odaklanmış antik DNA çalışmaları başlamıştır. 1991'de Rollo ve arkadaşları Peru'da elde edilmiş 1000 yıllık bir mısır (*Zea mays*) tohumu örneğinden 140 baz çifti uzunluğunda ribozomal RNA (rRNA) elde etmişlerdir (Rollo, Venanzi ve Amici, 1991). 1993'te Goloubino ve arkadaşları da 600 yıllık mısır koçanı örneğinden DNA elde etmiş, 1994'te de Allaby ve arkadaşları

2000 yıllık buğday tohumu örneklerinde DNA'nın korunduğunu göstermiştir (Brown, 1999).

Sonraki çalışmalar *Tricicum* (buğday), *Hordeum* (arpa) ve *Zea* (mısır) cinsine ait tahıl türlerinin evcilleştirilmesinin daha iyi anlaşılmasına yöneliktir (Rollo, Venanzi ve Amici, 1991). İlk taksonomik çalışmalar buğday üzerinde yapılmıştır (Brown, 1999). Evcilleştirmeye maruz kalan yabani popülasyonun gen havuzundaki genetik çeşitliliği azalır. Bitkinin bazı genlerinin belirli alelleri çiftçiler açısından kıymetli bir fenotip ortaya çıkardığı için zaman içinde frekansını arttırırken diğer alellerin frekanslarının azalması hatta tamamen havuzdan silinmesi mümkündür. Bu mikroevoim, bazı durumlarda genin tamamını değil, belirli bir bölgesini etkiler. Bu bölgelerin başında da genelde genin ifade edilme (proteine çevrilme) sıklığını etkileyerek fenotipe katkıda bulunan promotor bölgesi gelir (Jaenicke-Després ve Smith, 2016).

Zirai açıdan günümüzde önemli bulunan buğday türleri olan *T. turgidum*, *T. durum* (durum buğdayı ya da makarnalık buğday) ve *T. aestivum* (ekmeklik buğday) gibi türleri arkeolojik kayıtlardan elde etmek imkânsızdır. Özellikle bu türler üzerinde yapılan moleküler taksonomi çalışmaları bu türlerin kökeni, evrimi ve değişimine dair önemli veriler sağlarken prehistorik tarıma da ışık tutmuştur (Brown, 1999). Buğday, Epipaleolitik ve erken Neolitik dönemde günümüzdeki Türkiye'de yabani bir tür olan kavılca buğdayından evcilleştirilmeye başlamıştır (Iob, Scott ve Botigué, 2023). Modern buğday türleri diploid (*T. urartu* ve *T. monococcum*), tetraploid (*T. turgidum*, *T. durum* ve *T. timopheevi*) ve hegzaploid (*T. aestivum* ve *T. zhukovskyi*) olmak üzere üç gruba ayrılmaktadır (Alarcón ve Aldasoro, 2015). Bilgiç ve arkadaşları 2016'da Çatalhöyük'te bulunan bir Neolitik yerleşim yerinden elde edilen 8400 yıllık buğday örneklerinden izole edilen HMW alt birimlerine ait gen lokusunun promotor bölgesini çalışmıştır. Bu lokus, glutenin proteininin yüksek molekül ağırlıklı (high molecular weight, HMW) alt birimlerini kodlamaktadır. Glutenin ekmek kalitesinde rol oynadığı için bu lokusun bugün moleküler taksonomi çalışmalarında kullanılan pek çok varyantı ortaya çıkmıştır. Bilgiç ve arkadaşları, çalıştıkları örneklerin hegzaploid olduğunu göstermiştir (Bilgiç ve ark, 2016; Iob,

Scott ve Botigué, 2023). Yabani buğdaylar arasında hegzaploid türler yoktur, bu ploidlik düzeyi evcil buğdaylara özgüdür (Brown, 1999). Bu çalışma buğday evcilleştirmesinin Anadolu’da 8400 yıl önceden beri başlamış olduğuna işaret etmesi açısından önemlidir.

Mısırın yabani *teosinte* bitkisinden 6400 ila 10000 yıl önce bugünkü Meksika’da evcilleştirildiği bilinmektedir (Jaenicke-Després ve Smith, 2016). Antik DNA öncesinde mısır evcilleştirilmesi modern mısır örneklerinin ve arkeolojik kayıtlardan gelen antik mısır buluntularının karşılaştırmalı morfolojik analizleriyle anlaşılmasına çalışılmıştır. Bir diğer veri kaynağı karbon izotop çalışmaları olmuştur (Jaenicke-Després ve Smith, 2016).

Mısırın çiftçiler eliyle seçilime uğrayan gen bölgelerinin başında bitkinin uç kısımlardaki meristemlerin gelişmesini önleyerek evcil mısıra özgü dalsız fenotipi ortaya çıkaran “Teosinte branched 1 (Tb1)”, bitkinin tanelerinde depolayacağı protein miktarını regüle eden “Prolamin-box binding factor (PBF)” ile amilopektin ve amiloz polisakkaritlerinin oranını regüle eden “Sugary 1 (Su1)” gelir. Özellikle Su1’in mısır unundan yapılan ekmeğin kalitesinde rol oynadığı bilinmektedir (Jaenicke-Després ve ark, 2003). Jaenicke-Després ve arkadaşları, 2003 yılında, Meksika’dan elde edilen ve yaşları 650 ila 4300 arasında değişen mısır örneklerinden Tb1, PBF ve Su1 alellerine ait DNA fragmanları elde edip dizilemiştir. Modern mısırın karakteristik özelliği olan alellerin 4400 yıllık örnekte de bulunması tohum içeriği yüksek ve polisakkarit kompozisyonu nedeniyle suyla pişirildiğinde kolay hamurlaşan modern fenotipin 4400 yıl öncesinden beri seçilime uğramış olduğunu göstermiştir.

Antik DNA çalışmaları bitkilerin yalnızca evcilleşme kronolojisine ya da maruz kaldıkları yapay seçim baskılarına değil insan eliyle coğrafi yayılımlarına da ışık tutmuştur. Arkeolojik çalışmalar buğdayın 6000 yıl önce Britanya’ya ulaştığını öne sürerken Wight Adası’nda bulunan bir tarih öncesi yerleşim yerindeki sediman örneğinden Yakın Doğu’daki buluntularla eşleşen bir *Triticum* DNA’sı fragmanı elde edildiğini bildiren bir antik DNA çalışması Britanya’da daha erken dönemde buğday

olduğunu ortaya koymuştur. O dönemde bölgede buğday yetiştirildiğine dair arkeolojik kanıta rastlanmaması nedeniyle buğdayın Balkanlar ya da Güney Fransa gibi Neolitik çiftçilerin yerleşik olduğu uzak bölgelerden gelmiş olabileceği düşünülmüştür (Schiermeier, 2015).

Arkeolojik kanıtlar tarımın 6500 ila 4000 yıl önce Çin'in çeşitli bölgelerine yayıldığını göstermiştir (Larson ve ark, 2010). Li ve arkadaşları Çin'de bulunan bir Bronz Çağı mezarından elde ettikleri buğday örneklerinin hegzaploid olduğunu, dolayısıyla evcil buğdayın bu dönemde (1760-1540 BCE) Çin'de bulunduğunu göstererek arkeolojik veriyi doğrulamıştır (Li ve ark, 2011; Iob, Scott ve Botigué, 2023).

Antik DNA çalışmaları evcil buğdayın geniş bir coğrafi yayılım gösterdiğini ortaya koymasının yanı sıra yabani akrabalarından introgresyonla gen aldığını ve yeni çevrelere adaptasyon kapasitesini ve biyotik streslere karşı dayanıklılığını bu sayede arttırdığını göstererek buğday evriminin anlaşılmasına da katkıda bulunmuştur (Zhao ve ark, 2021).

3.2 Hayvan Evcilleştirmesiyle İlgili Antik DNA Çalışmaları

Omurgalılar şubesinin memeli ve kuş sınıfına dâhil olan pek çok hayvan türü avcı toplayıcı yaşam biçiminden tarıma dayalı yaşam biçimine geçişle birlikte çeşitli zaman dilimlerinde çeşitli coğrafyalarda ürün elde etme, işgücü sağlama ve yakınlık kurma amacıyla insanlar tarafından çoğunlukla yapay seçilimle evcilleştirilmiştir (Zeder, 2012). Günümüzde insanlarla çeşitli biçimlerde ekolojik ilişkileri süren bu evcil türler arasında sığır (*Bos taurus*), domuz (*Sus scrofa*), koyun (*Ovis aries*), keçi (*Capra hircus*), at (*Equus caballus*), eşek (*Equus asinus*), kedi (*Felis domesticus*), köpek (*Canis familiaris*), tavuk (*Gallus gallus*), hindi (*Meleagris gallopavo*), bizon (*Bison bison*), deve (*Camelus dromedarius*), lama (*Lama glama*) gibi türler başta gelmektedir.

Hayvan evcilleşmesi son buzul çağının bitişi ve buzul arası döneme geçişle birlikte başlayan iklim ve çevre değişikliklerinin ve insan popülasyonlarındaki demografik değişikliklerin etkisiyle 15.000 yıl önce Avrasya bölgesinde kurtların evcilleştirilmesiyle başlamıştır (McHugo, Dover ve MacHugh, 2019). 11,000 yıl önce koyun, 10,500 yıl önce keçi, 10,300 yıl önce sığır ve domuz ve 9,500 yıl önce kedi Bereketli Hilal bölgesinde evcilleştirilmeye başlamıştır. Nispeten geç bir dönemde, 5,500 yıl önce Orta Asya’da atlar evcilleştirilmiştir. Bunu aynı dönemde Kuzey Afrika’da evcilleştirilen eşekler takip etmiş, tavukların evcilleştirilmesi ise 4000 yıl önce Doğu/Güney Doğu Asya’da olmuştur (MacHugh, Larson ve Orlando, 2017).

Antik DNA’dan önce hayvan evcilleştirmesinin kronolojisine ve coğrafyasına dair arkeolojik kanıtlar ve modern genetik çalışmalardan bilgi edinilmiştir. Özellikle modern popülasyon genetiği çalışmaları evcil hayvan fenotiplerini ortaya çıkaran genetik süreçler, evcilleştirilmemiş ya da yeni evcilleştirilmeye başlamış hayvanların filocoğrafyası, yabani ve evcil popülasyonlar arasındaki geçmiş gen akışlarının zamanlaması ve kapsamı, türlerin maruz kaldığı doğal, yapay ya da bilinçsiz seçim süreçlerinin işlevsel, kültürel ve ekonomik sonuçları üzerine veri sağlamıştır (MacHugh, Larson ve Orlando, 2017).

Evcil hayvanlar üzerine yapılmış ilk antik DNA çalışması nesli tükenmiş evcil bir türü çalıştıkları için Higuchi ve Wilson’un 1984’teki quagga çalışmasıdır. Hagelberg ve Clegg’in 1991’deki domuz çalışması da benzer şekilde evcil bir türe odaklanan ilk çalışmalardan biri olmuştur. 1990’lar boyunca hem arkeolojik buluntu hem de müze materyali olarak elde edilen hayvan dokuları örneklerinden DNA elde etme çalışmaları sürmüştür, böylece bir yandan antik DNA teknikleri gelişirken diğer yandan hayvan evcilleştirmesine dair pek çok yönden veri elde edilmiştir. Bu dönemde özellikle küçük DNA fragmanlarını paralel olarak dizileme konusunda etkili olan “high throughput screening (HTS)” (İng. yüksek verimli tarama) tekniğinin geliştirilmesiyle mamutlar (*Mammuthus primigenius*) ve vahşi sığırlar (*Bos primigenus*) gibi evcilleşme öncesi türlerin yanı sıra atlar, kurtlar, köpekler evcil türler çalışmalara dâhil edilmiştir. Ne var ki, teknik gelişmelere rağmen

Bereketli Hilal bölgesi başta olmak üzere hayvan evcilleştirilmesinin merkezi olan bölgelerin ikliminin ve coğrafi koşullarının tıpkı insan DNA'sında olduğu gibi hayvan DNA'sının korunması için de elverişli olmaması nedeniyle antik DNA literatürünün kapsamı sınırlı kalmıştır (MacHugh, Larson ve Orlando, 2017). Yine de özellikle antik mtDNA çalışmaları sayesinde hayvanların evcilleştirilme süreçlerine dair pek çok veri elde edildiği göz ardı edilmemelidir (Ottoni ve Neer, 2020).

Yabani popülasyonlar kendilerine özgü bir coğrafi yayılım gösterirken evcil popülasyonlar insan yayılımına eşlik etmiştir. Evcil türlerin evcilleştirme süreçlerine özgü seçimlere maruz kalarak edindikleri, onları yabani popülasyonlardan ayıran genetik markörler sayesinde habitatlarının ve göç rotalarının ortaya çıkarılması mümkündür. Bu da evcilleştirmelerinin kronolojisine ve filocoğrafyasına dair bilgi vermektedir. Bu genetik markörlerin başında mtDNA haplogrupları gelmektedir (Ottoni ve Neer, 2020).

Sığır evcilleşmesi Avrupa, Anadolu ve Yakın Doğu'dan elde edilen buluntular sayesinde antik boynuzlugiller (*Bovidae*) ailesi mitokondriyel çeşitliliğinin karakterize edilmesiyle daha iyi anlaşılmıştır. Bailey ve arkadaşları (1996) İngiltere, İtalya, İrlanda ve Mısır'daki buluntu yerlerinden elde edilen ve yaşları 12,000 ila 2000 arasında değişen vahşi ve evcil sığır örneklerinden mtDNA fragmanları izole etmiş ve An1, An2, An3, An5 ve An6 antosiyanin primerlerini kullanarak en çok bilgi vereceği düşünülen bölgeleri dizilemiştir. Elde edilen dizilerin sığır referans genomuyla karşılaştırmalı analizi Avrupalı ve Afrikalı evcil sığırların filogenetik açıdan tanı değeri taşıyan üç pozisyonda (16050, 16113 ve 16255) ayrıldığını, antik Avrupalı evcil sığırların günümüzdeki Avrupalı evcil sığırlara daha yakın olduğunu göstermiştir. Bu iki popülasyon 46000 ila 22500 yıl önce ayrılmış, Avrupalı evcil sığırlar Pleistosen ile erken Holosen arasında Avrupa'ya yayılmıştır. Bollongino ve arkadaşları (2012) İran'daki çeşitli buluntu yerlerinden elde ettikleri 15 antik sığır mtDNA'sından özellikle filogenetik analizler açısından değerli olan "hypervariable" bölgeleri (np 15914-8) dizilemiş ve bu dizileri Irak ve Türkiye'den elde ettikleri 26 modern sığırdan dizisiyle karşılaştırmıştır. Çalışma, sığır evcilleşmesinin 10.000 yıl önce Dja'de El Mughara (günümüzde Suriye) ve Çayönü (günümüzde Türkiye)

bölgelerindeki çanak çömleksiz Neolitik yerleşim yerlerinde kısıtlı bir dişi stokla başladığını ortaya koymuştur. Scheu ve arkadaşlarının (2015) Avrupa'daki çeşitli bölgelerden elde ettiği 193 antik sığır mtDNA'sı örneğinden "d-loop" fragmanını dizilemiş ve 593 modern sığır mtDNA'sının "d-loop" fragmanı ile karşılaştırmıştır. Çalışma sığır evcilleşmesinin 9000 yıl önce Güneydoğu Asya'da başladığını göstermiştir. 2019'da Verdugo ve arkadaşları tarafından yapılan bir çalışmada ise Bereketli Hilal bölgesi ve çevresinden elde edilen tarihleri İ.Ö. 7. yüzyıl ila İ.S. 2. yüzyıl arasında değişen altısı vahşi sığıra ait olan 67 antik sığır örneğinden DNA izole edilip genom boyu dizileme yapılmıştır. Çalışmada evcil sığırların kurak çevrelere adapte olan yabani zebu sığırlarıyla (*Bos indicus*) arasında çiftleşmeye işaret eden ortak allellere rastlanmıştır. 4200 yıldan eski örneklerin genomunda bu allellere rastlanmaması, bu gen akışının Yakın Doğu'da bu dönemde başlayan birkaç yüzyıllık bir kuraklık dönemi esnasında olduğunu ve evcil sığırların hayatta kalma ve üreme başarısının arttığını düşündürmüştür.

Domuz evcilleşmesi konusunda zooarkeolojik kanıtlar ve modern popülasyon genetiği çalışmaları evcil türlerin yaban domuzlarından ayrı ayrı birkaç yerde evcilleştirildiğini ortaya koymuştur. Antik DNA çalışmaları, evcil domuz popülasyonlarının yayılımının daha iyi anlaşılmasına katkıda bulunmuştur. Larson ve arkadaşlarının 2007'de yaptığı çalışmada, Batı Avrasya'dan elde edilmiş 323 modern, 221 antik domuz mtDNA'sı örneği karşılaştırmalı analiz edilmiştir. Yakın Doğu'da evcilleşmiş domuzlara özgü Y1 ve Y2 haplotiplerini (Y2 haplotipi Türkiye'de bulunan modern yaban domuzu popülasyonlarında da vardır) takip ederek bu domuzların yayılımını ortaya çıkarmıştır. Y1 haplotipine Romanya, Almanya ve Fransa'daki buluntu yerlerinden elde edilen 6000 ila 5000 yaşındaki örneklerde rastlanması buğday gibi domuzların da Neolitik dönemde Avrupa'ya yayıldığını göstermektedir. Y2 haplotipine de Korsika (geç Neolitik) ve Hırvatistan'daki (15. yüzyıl) buluntu yerlerinden alınan örneklerde rastlanması aynı dönemde Akdeniz üzerinden ikinci bir evcil domuz hareketliliği yaşandığına işaret eder. Larson ve arkadaşları, böylece, Doğu Anadolu'da evcilleşen domuzların Neolitik boyunca iki ayrı rotayı takip ederek Avrupa'ya yayıldığını göstermiştir. Caliebe ve arkadaşları da 2017'de günümüzde Almanya, Hollanda Polonya sınırları içinde kalan

dokuz Neolitik yerleşim yerinden 87'si evcil 29'u yaban domuzlarına ait 116 örnekten mtDNA dizilemiştir. 7000 ila 6000 yıl yaşındaki örneklerde Y1 ve Y2 haplotiplerinin varlığı bu bölgeye güneyden evcil domuzların geldiğini göstermiştir. Bu da, Avrupa'daki çiftçilerin İ.Ö. 5000-4000 civarında yaban domuzlarını evcil domuz sürülerine dâhil ederek onları da evcilleştirme stratejisi yürüttüğünü düşündürmüştür (MacHugh, Larson ve Orlando, 2017; Irving-Pease ve ark, 2019).

Vilâ ve arkadaşları 2001'de yaptıkları bir çalışmada evcilleştirme öncesine, Viking dönemine ve günümüze ait örneklerden mtDNA elde ederek karşılaştırmalı bir analiz yaparak at evcilleştirmesine dair önemli bulgular elde etmiştir. Yazarlara göre Bakır Çağı'nın (İ.Ö. 5000-3000) sonlarından Bronz Çağı'na uzanan bir süreçte Orta Asya'daki çiftçiler bölgeye yayılmış olan yabani at popülasyonlarını yakalayıp ehlileştirerek türün evcilleşmesini sağlamıştır (McHugo, Dover ve MacHugh, 2019). Orlando ve arkadaşları 2013'te Kanada'da permafrosttan elde ettikleri 560 ila 780 bin yıl yaşındaki at kemiğinden tüm genom dizilemesi yapmış ve bu genomu 43 bin yıl yaşındaki bir başka örneğin yanı sıra beş ayrı modern at türünün genomuyla karşılaştırarak nesli tükenmiş tüm at türlerinin en az 4 milyon yıl önce ortak atalarından ayrılmaya başladığını ortaya koymuştur. O güne dek *Equus* cinsinin en fazla 2 milyon yıl önce ortaya çıktığı kabul edildiği için bu antik DNA çalışması ezber bozucu olmuştur (McHugo, Dover ve MacHugh, 2019). Bu çalışma, bugüne dek elde edilmiş yaşlı örnekten yapılmış antik DNA çalışması olması bakımından da önemlidir (Houldcroft, Rifkin ve Underdown, 2019).

Leonard ve arkadaşları 2002'de Güney Amerika ve Alaska'dan elde edilmiş Avrupa ile temas öncesi dönemden kalma mtDNA örneklerini sekanslayarak Eski Dünya bozkurtlarının (*C. lupus*) antik Amerikalı ve Avrasyalı evcil köpeklerin ortak atası olduğunu ortaya koymuştur. Skoglund ve arkadaşları 2015'te Sibirya'da bulunan 35 bin yıl yaşındaki bir kurt fosilinden 1x kapsamlı genom dizilemesi yapmıştır. Elde ettikleri diziyi modern köpek genomuyla kıyaslayarak kurtlar ve köpeklerin ortak atalarından 27 bin yıl önce ayrıldıklarını ortaya koymuştur. Frantz ve arkadaşları (2016) İrlanda'da Neolitik dönemden kalma bir mezardan elde ettikleri 4.8 bin yıl yaşındaki bir köpek fosili örneğinden 28x kapsamlı nükleer

genom dizilemesi yapmış ve bu genomu diğer antik köpek mtDNA genomu, modern köpek ve modern kurt nükleer genomu dizileriyle karşılaştırarak analiz etmişlerdir. Elde ettikleri bulgular, köpeklerin Geç Pleistosen’de Doğu ve Batı Avrasya’daki iki ayrı kurt popülasyonundan ayrı ayrı evcilleştirildiğini, Doğu Avrasya’daki evcil köpeklerin, 6.4 ila 14 bin yıl önce insan göçleriyle birlikte Avrupa’ya gelerek kısmen Avrupalı köpeklerin yerini aldığını göstermiştir. 2017’de, Botigué ve arkadaşları Almanya’daki çeşitli Neolitik yerleşim yerlerinden elde ettikleri örneklerden köpek nükleer genomu dizilemiş ve bu genomlarla kendi karşılaştırmalı analizlerini yaparak Frantz ve arkadaşlarının önerdiği ikili evcilleştirme ya da Doğu Avrasya kökenli köpekler ile Avrupalı köpekler arasındaki yer değiştirme hipotezlerinin doğrulanmadığını bildirmiştir. Amerika’daki evcil köpek popülasyonlarının kökeni de antik DNA çalışmalarıyla aydınlatılmaya çalışılan bir başka konudur. Ní Leathlobhair ve arkadaşları (2018) Kuzey Amerika ve Sibirya’da elde edilen örneklerden 71’i mtDNA, 8’i nükleer DNA olmak üzere 29 antik DNA dizisi elde etmiş ve karşılaştırmalı analizlerle Amerika’daki evcil köpeklerin Amerika’daki kurt popülasyonlarından gelmediğini ortaya çıkarmıştır. Bu köpeklerin kökeni 10 bin yıldan önce insanlarla birlikte Bering Bozkırını geçerek Amerika’ya gelen Asyalı evcil köpeklerdir. Son 500 yılda, Avrupalıların Amerika’ya gelişiyle birlikte yanlarında gelen Avrupalı köpekler, yazarların düşüncesine göre getirdikleri bulaşıcı hastalıklar nedeniyle bu popülasyonu neredeyse tamamen yok etmiş ve onların yerini almıştır (McHugo, Dover ve MacHugh, 2019).

3.3 İnsan Hastalıklarıyla İlgili Antik DNA Çalışmaları

Eski insan popülasyonları etiyolojisi bilinen ya da bilinmeyen pek çok bulaşıcı ya da kalıtsal, akut ya da kronik hastalıktan etkilenmiştir. Antik DNA öncesinde, iskelet çalışmaları özellikle kronik hastalıklar konusunda başvuru kaynağı olmuştur (Maixner, Gresky ve Zink, 2021). Bulaşıcı hastalıklar ise antibiyotik öncesi dönemlerde konağın hızlı bir şekilde ölümüne sebep olduğundan iskelette ya hiç belirti bırakmamış ya da çok az belirti bıraktığından bu tür hastalıkların iskelet morfolojisinden anlaşılması her zaman mümkün olmamıştır. Birden fazla etkenin aynı anda morbiditede rol oynadığı komorbid tabloların da iskelet çalışmalarıyla

açığa çıkartılması zordur. Moleküler çalışmalar özellikle bu tür durumlarda aydınlatıcıdır (Stone ve Ozga, 2019).

Antik DNA ile hastalıkların çalışılması 1990'ların başındaki patojen çalışmalarıyla başlamıştır (Stone ve Ozga, 2019). İnsanların patojenlerle olan parazit-konak ilişkisi evcil bitki ve hayvanlarla kurdukları simbiyotik ilişkiden daha eskidir ve daha uzun bir geçmişe dayanır (Houldcroft, Rifkin ve Underdown, 2019). Bu yüzden antik mikrobiyoloji, DNA çalışmalarıyla aydınlatılması gereken önemli bir alandır. İlk antik DNA çalışmalarında patojen varlığının saptanması ve elde edilen DNA örneklerinin dizilenmesinden ibaret kalınırken daha sonra filojenetik çalışmalar da gelmiş ve patojen evrimine dair de önemli veriler elde edilerek antropolojinin yanı sıra modern mikrobiyolojiye de katkı sağlayacak bir literatür oluşmuştur (Stone ve Ozga, 2019). Gelecekte, antik DNA'nın bazı mikroorganizmaların nasıl insan patojenine dönüştüğüne dair aydınlatıcı olması umulmaktadır (Houldcroft, Rifkin ve Underdown, 2019).

1998'de Raoult ve Drancourt 16. ve 18. yüzyıl arasında veba salgınından ölmüş bireylere ait ("veba dişi" olarak bilinen karakteristik kavitelerden tespit edilmiş) diş örneklerinin dentin tabakasından DNA izole etmiştir. Veba etkeni olan *Yersinia pestis* bakterisi diş dokusunu da enfekte ettiği için örneklerden patojen DNA'sına ulaşmak mümkün olmuştur. Bakterinin genomunda biri virülansla da doğrudan ilişkili olan "plasminogen activator-encoding (PLA)" geni olmak üzere iki DNA bölgesini dizilemiştir. Bu çalışma antik mikroorganizma çalışması olmasının yanı sıra diş dokusundan antik DNA edildiğini göstermesi açısından da önemlidir (Drancourt, 1998; akt. Ermini, 2014). Donoghue ve arkadaşları (2005) Macaristan, Mısır, İsrail ve İsveç'teki çeşitli buluntu yerlerinden gelen 1. ila 16. yüzyıldan kalma iskelet örneklerinden DNA izole etmiştir. *M. tuberculosis* bakterisinin genomunda bulunan IS6110 (*Mycobacterium tuberculosis* Complex-Specific Insertion Sequence) insersiyon dizisiyle *M. leprae* bakterisinin genomunda bulunan RLEP (*M. leprae*-specific repetitive element) bölgelerini hedefleyerek PCR yapmıştır. Örnek alınan buluntu yerlerinin tümünde bu patojenlerden en az birinin, dördünde ikisinin birden varlığı tespit edilmiştir. Bu çalışmada, Raoult ve Drancourt'un çalışmasında olduğu

gibi hastalığın zaten dış morfolojisinden tayin edildiği örnekler incelenmemiştir. Donoghue ve arkadaşlarının incelediği örneklerden bazıları görünürde hiçbir patolojisi yokken tüberküloz pozitif çıkmıştır. *M. tuberculosis* nadiren (vakaların %3 ila %5’inde) kemik lezyonlarına neden olan bir solunum sistemi enfeksiyöz ajanıdır. Böylece arkeolojik ve antropolojik yöntemlerle tüberküloz olduğu anlaşılamayan iskelet buluntularının pozitifliği ancak antik DNA verisiyle anlaşılmıştır. Çalışmada ayrıca, bazı bireylerde aynı anda hem *M. tuberculosis* hem *M. leprae* enfeksiyonu görüldüğünü yani cüzzam ve verem komorbiditesine rastlandığı ortaya çıkmıştır.

Antik DNA, mumya çalışmalarıyla kalp damar hastalıklarının da daha iyi anlaşılmasını sağlamıştır. Shin ve arkadaşları (2017) Kore’de 17. yüzyıldan kalma bir kadın mumyasının genomunu incelemiş ve ateroskleroza olduğu düşünülen ancak hastalığının etiyolojisine dair hiçbir bulgu edinilemeyen bireyde kalp hastalıklarıyla ilişkili genetik markörleri aramıştır. Sanayi Devrimi öncesi toplumlarda hareketsiz yaşam, tütün kullanımı ya da doymuş yağca zengin beslenme gibi nispeten modern etmenlere nadiren rastlanırken kalp hastalıklarının geçmiş popülasyonları bugünküne benzer sıklıkta etkilediği bilinmektedir. Bu da bu hastalıkların etiyolojisine dair en başta genetik faktörlerin araştırılmasını gerekli kılmaktadır. Shin ve arkadaşları, bu bireyde günümüz Asya toplumlarında majör bir kalp hastalığı risk faktörü olduğu düşünülen yedi farklı alelin (rs5351, rs10757274, rs2383206, rs2383207, rs10757278, rs4380028 ve rs1333049) varlığını bildirmiştir.

Nadir hastalıkların %39’unun genetik bir etiyolojisinin olduğu düşünülmektedir. Bu hastalıkların önemli bir kısmını da 400’den fazla tanımlanmış biçimiyle nadir kemik hastalıkları oluşturmaktadır (Maixner, Gresky ve Zink, 2021). Antik DNA, bu tür hastalıkların çalışılmasında da önemlidir. Moleküler tanı ile nadir bir genetik hastalığın iskelet üzerinde gösterildiği ilk çalışmalardan biri Boer ve arkadaşlarının (2017) Amsterdam Üniversitesi (Hollanda) anatomi müzesi olan Vrolik Müzesi’ndeki 180 yıllık bir akondroplastik bir iskelet üzerinde yaptıkları çalışmadır. Uzunların özel olarak kısa kalmasıyla karakterize akondroplazi cücelikle sonuçlanan bir iskelet hastalığıdır. Otozomal dominant ve Mendelyen kalıttır. Sorumlu gen “fibroblast growth factor receptor 3 (FGFR3)” genidir. Çalışmanın

yazarları bu iskeletin premolar dişlerinden birinden başarılı şekilde nükleer DNA'sı izole etmiş ve FGFR3 geninde akondroplastik fenotipe yol açan G1138A mutasyonunun varlığını göstermişlerdir (Maixner, Gresky ve Zink, 2021).

Cassidy ve arkadaşları (2020) Stone Age mezarlarında gömülü olan seçkin bir hanedanın mensubu bireylerde Down Sendromu (trizomi 21) varlığını göstermiştir. Down Sendromlu bir erkek çocuğun izotop analizlerinden emzirildiği, dolayısıyla çocuk yaşta öldüğü de anlaşılmıştır (Maixner, Gresky ve Zink, 2021).

3.4 İnsan Göçleriyle İlgili Antik DNA Çalışmaları

1980'ler ve 90'lar boyunca biriken arkeolojik, genetik ve fosil kanıtlar modern insanların 100.000 yıl önce Afrika'da yaşamış bir atadan köken aldıkları konusunda bir uzlaşma yaratmıştır (Reich, 2018). Anatomik olarak modern insanın Afrika'da ortaya çıktığı kesinleştikten sonra tartışmaların odağı Afrika'nın neresinde (Doğu, Güney ya da Kuzey Afrika) ortaya çıktığına ve ne zaman hangi rotayı (kuzey ya da güney rotası) izleyerek Afrika'dan ayrıldığına kaymıştır. Antik DNA bulguları da buluntuların nadirliği ve dağınıklığı nedeniyle; modern popülasyon genetiği çalışmaları da günümüzde yaşayan topluluklar popülasyonlar arası yer değiştirme, genetik sürüklenme, genetik karışma ve göçler nedeniyle geçmişteki popülasyonları tam olarak yansıtmayabileceği için Afrika'dan çıkış yapbozunu tamamlamakta yetersiz kalmıştır (Lopez, Van Dorp ve Hellenthal, 2015). Yine de Cann ve arkadaşlarının (1987) "mitokondriyel Havva" olarak popülerize edilen mtDNA haplogrubu çalışması takip eden ve mitokondriyel ve Y kromozomu haplogrubu verisi elde edilen antik DNA ve popülasyon genetiği çalışmaları geçmiş insan hareketlerine dair pek çok soruya yanıt vermeyi başarmıştır.

İnsan mitokondriyel DNA'sı, 13'ü kodlanan 24'ü kodlanmayan toplam 37 bölgeden oluşan 16569 bazlık bir halkasal DNA molekülüdür. MtDNA'nın ortalama mutasyon hızı kodlanan bölgede bölge başına yılda 1.26×10^{-8} ikame (yer değiştirme) mutasyonudur (Fu ve ark, 2013). Haplotip, tanımlanmış bir DNA bölgesinde yer alan bir kromozomda iki veya daha fazla polimorfizm (mutasyon

sonucu oluşan çeşitlilik) gösteren bölgedeki çokbölgeci haploid genotiptir (Templeton, 2005). Modern insan popülasyonlarının en eski dallanma noktası olarak kabul edilebilecek mtDNA ayrımı 157,000 yıl önce yaşanmış; mtDNA genomu L (Afrika) ve L3 (Kuzey Afrika ve Avrupa) haplogruplarına ayrılmıştır. Ardından L3 haplogrubu 70.2 bin yıl önce M ve N haplogruplarına ayrılmıştır. N haplogrubu 60.2 bin yıl önce A, R, I, W ve X haplogruplarına, bu haplogruplardan R de 50.0 bin yıl önce B, J, T, U, K, U6 ve H haplogruplarına ayrılmıştır. M haplogrubu da 48.4 bin yıl önce M1, C ve D haplogruplarına ayrılmıştır. L haplogrubu Afrikalılara, M1 ve U6 Kuzey Afrikalılara, C, D, A ve B Asya kıtasına özgü haplogruplardır. J, T, K, H, I, W ve X ise Avrupa kökenlidir (Fu ve ark, 2013).

Modern insan Y kromozomu kodlanmayan bölgelerin tekrar sayılarından kaynaklanan varyasyonlar da ihmal edilmezse 60 milyon civarı baz çifti uzunluğundadır (Rhie ve ark, 2023). Kromozomun %95'i yaklaşık 50 milyon baz çiftinden oluşan “non-recombining Y” (NRY) bölgesinden ibarettir. Bu bölgede paralel ve geri mutasyon gibi mutasyonlar az görüldüğünden ortaya çıkan varyantlar nispeten sabittir ve babadan oğula aktarılabilir kesintisiz bir patrilineal hat ortaya çıkmasını sağlar. Mutasyonlar belli coğrafi bölgelerdeki popülasyonların gen havuzlarına özgün olduğundan geçmiş insan popülasyonlarının coğrafi hareketliliğinin de anlaşılmasını sağlar. Bu yüzden, NRY analizleri antropolojik veri elde etme amacıyla sıkça kullanılır (Hammer ve Zegura, 2002; van Oven ve ark, 2013). NRY çeşitliliğini etkileyen mutasyonlar mikrouydu, miniuuydu, kısa rasgele tekrar (short tandem repeat, STR), insersiyon/delesyon polimorfizmleri ve tekli nükleotid polimorfizmleridir (single nucleotide polymorphism, SNP). NRY bölgesi toplam 245 mutasyon olayıyla A'dan R'ye kadar giden harflerle temsil edilen 18 büyük haplogrup da dâhil olmak üzere 153 haplogruba ayrılmaktadır (Hammer ve Zegura, 2002).

Mitokondriyel DNA ve Y kromozomu haplogrupları hem modern popülasyon genetiği hem de antik DNA çalışmalarında kullanılarak geçmişteki insan hareketlerinin filoğrafyasının daha iyi anlaşılmasına yardımcı olmaktadır.

Bramanti ve arkadaşları 2009'da kuzey ve orta Avrupa'daki buluntu yerlerinden elde edilen 22 avcı toplayıcı ve erken çiftçi örneğinden elde ettiği antik mtDNA sekanslarını karşılaştırarak bölgedeki genetik devamlılığın izini sürmeye çalışmıştır. Avcı toplayıcı örneklerinden ikisi U, ikisi U4, geri kalanları U5'in alt kladlarını taşıırken biri K, biri J, ikisi ise T2e kladını taşımaktadır. Erken çiftçilerde ise hiç U4 veya U5 örneği bulunmamıştır. Aynı şekilde çiftçilerde bulunan N1a ve H haplotipleri de avcı toplayıcılarda yoktur. Neredeyse tüm avcı toplayıcılar tek bir mtDNA taşıırken daha sonra gelen çiftçilerin mtDNA'larının farklılaşması, Avrupalı çiftçilerin Avrupalı avcı toplayıcılardan köken almadıklarını göstermiştir.

Skoglund ve arkadaşları (2012) tarımın nispeten geç (İÖ 6000 yıl önce) ulaştığı ve ilk bin yıl avcı toplayıcı ve tarıma dayalı kültürlerin birlikte yer aldığı İsveç'teki buluntu yerlerinden elde edilmiş yaklaşık İÖ 5000 yıl öncesine tarihlendirilen 3 avcı toplayıcı ve 1 çiftçi bireyin nükleer ve mtDNA'sını dizilemiştir. Avcı toplayıcılar V ve U, çiftçi H kladını taşımaktadır. Bireylerin genomlarından elde edilen fragmanların modern Avrupalı toplumların referans genomlarıyla da karşılaştırıldığı çalışmada bu dört bireyin de modern İsveçlilerden uzak olduğu; avcı toplayıcı grubun Finler başta olmak üzere diğer Kuzey Avrupalı toplumlara, çiftçinin ise Kıbrıslılar ve Yunanlar başta olmak üzere Güney Avrupalı toplumlara yakın olduğu ortaya çıkmıştır. Bu çalışmaya dek, o dönemde İsveç'te yaşayan avcı-toplayıcıların kökeninin Baltık Denizi'nin zengin ekosisteminden ve balık çeşitliliğinden yararlanmak istediği için avcı-toplayıcı bir yaşam tarzı benimsemiş çiftçilere dayandığıdır. Birkaç bin yıl öncesinden beri İsveç'in de dâhil olduğu kuzey Avrupa'da yaşamış avcı toplayıcılardan gelmedikleri düşünülmektedir. Bu çalışma bölgedeki avcı toplayıcılar ve çiftçilerin birbirilerinden genetik olarak uzak olduğunu göstererek bu teorinin yanlış olduğunu ortaya koymuştur (Reich, 2018).

Skoglund ve arkadaşlarının çalışması, Yakın Doğu kökenli Neolitik çiftçilerin Avrupa'ya yayılma modeline dair de önemli bulgular ortaya koymuştur. Cavalli-Sforza'nın 1984'te ortaya attığı ve geniş çapta destek görmüş hipotezine göre Neolitik çiftçilerin bölgeye yayılırken bölgedeki yerli avcı toplayıcılarla büyük ölçüde genetik karışma yaşamıştır. Ancak gerçekte genetik karışmanın çok daha az

olduğu gösterilmiştir. Bu da iki popülasyon arasında karışım değil, sonradan gelenin öncekinin yerini aldığı bir yer değiştirme hareketine işaret etmiştir (Reich, 2018).

Bu dönemde yapılan popülasyon genetiği çalışmaları modern Kuzey Avrupalı popülasyonlarının mutasyon frekansı bakımından Güney Avrupalı ve Amerikan yerlisi bireylerin arasında olması geçmişte Kuzey Avrasya’da yaşamış ancak Bering Boğazı’nı geçerek Amerika kıtasına göç etmiş bir Antik Kuzey Avrasyalı popülasyonun olup olmadığı tartışmasını ortaya çıkarmıştır. Asya'nın en doğu noktası ile Amerika'nın en batı noktası arasında yer alan Bering Boğazı Son Buzul Maksimumunda (23 ila 19 bin yıl önce) Pasifik Okyanusunun kuzeyindeki su seviyelerinin düşmesi ve buzulların kapatmasıyla birlikte insanlar tarafından yürünerek geçilmesi mümkün olan bir rotaya dönüşmüş ve bu yüzden Asya kıtasından Amerika kıtasına insan göçünde rol oynadığı öne sürülmüştür (Willerslev ve Meltzer, 2021). Bu göçün zamanlaması bilinmemektedir. Coğrafi kanıtlara göre 15 ila 14 bin yıl öncesine dek buzul varlığı nedeniyle bu koridoru tamamen geçmek mümkün değildir. 1800 kilometre uzunluğundaki bu koridor, tamamen buzdan arındıktan sonra da uzunluğu göz önünde bulundurulduğunda aylar sürecektir bir hareketliliğe evsahipliği edecek ve bu süreçte insanların oradaki bitki ve hayvan popülasyonlarıyla beslenmeleri gerekecektir. Pedersen ve arkadaşları (2016) yaptıkları antik metagenom çalışmasında 12,600 yıl öncesinde vejetasyonun olmadığını ve hayvanların bölgeyi henüz kolonize etmediklerini, dolayısıyla bu rotanın göç için biyolojik olarak uygun olmadığını göstermişlerdir.

Bering Boğazı’nın Asya ve Amerika arasındaki arkeolojik buluntu yerlerinden elde edilen insan antik DNA’sı örnekleriyle bu göçe dair başka bulgular da elde edilmiştir. Willerslev ve arkadaşları Sibiry’a’daki Üst Paleolitik yerleşim yeri olan Mal’ta’da bulunan 24 bin yıl önceye tarihlendirilmiş genç bir erkek fosilinden 1x kapsamlı mitokondriyel DNA dizilemesi yapmış ve bireyin U haplogrubunda olduğunu göstermiştir. 1,5x kapsamlı Y kromozomu dizilemesi de yapılan birey ve R haplogrubuna yerleştirilmiştir. R haplogrubunun mevcut alt soyları Batı Avrasya, Güney Asya ve Altay bölgesine kadar uzanır. R’nin kardeş soyu olan Q haplogrubu da Amerikalı yerlilerdeki en yaygın haplogruptur. Yerli Amerikalılara yakın olan

bazı Q soylarının Altay bölgesinde bulunduđu da daha önceki çalışmalardan bilinmektedir. Bulgular, Mal'ta bireyinin hem Avrupalılarla hem de Yerli Amerikalılarla genetik yakınlığının yüksek olduğunu bildirmiştir. Bu çalışma, Yerli Amerikalıların antik Kuzey Avrasyalılarından ve Dođu Asyalılardan köken aldığı konusundaki görüşleri doğrulamıştır (Raghavan ve ark, 2014; Reich, 2018). Rasmussen ve arkadaşları 2014'te Montana, Kuzey Amerika'da bulunan ve günümüzden 13,000 ila 12,600 yıl öncesine tarihlenen Anzick arkeolojik buluntu yerinden elde edilen bir bireye ait kemik örneklerinden bireyin genomunu 14,4x kapsamda dizilemiştir. Erkek olduğu belirlenen bu bireyin Y kromozomu haplogrubu Q'nun alt soylarından biri olan Q-L54'tür. Rasmussen ve arkadaşları, Anzick bireyinin genomunu diğer antik ve modern popülasyonlara ait referans genomlarla karşılaştırarak Mal'ta bireyinden yerli Amerikalılara gen akışı olduğunu göstermiştir. Çalışmaları, Amerika'nın Anzick buluntu yerinde yaşamış antik popülasyonun birkaç bin yıl önce oraya yerleşmiş bir kurucu popülasyondan geldiğini göstermiştir. Willerslev ve Meltzer 2021'de yaptığı bir derleme çalışmasında o güne dek yapılan antik DNA ve modern popülasyon genetiği çalışmalarını karşılaştırmalı olarak analiz etmiş ve Kuzeydođu Asya'dan Amerika'ya 20,000 yıl önce Pasifik'in güneyi boyunca uzanan bir rotayla ilk göçün gerçekleştiğini, uzun süre izole kalan bu popülasyonun antik Beringyalılar, atasal Amerikan yerlileri ve hayalet bir popülasyon olmak üzere üç alt popülasyona ayrıldığını, Amerikan yerlilerinin ata popülasyonunun buzulların erimesiyle birlikte Amerika'nın güneyine doğru hareket etmeye devam ettiğini ve Kuzey Amerikalı yerlisi, Güney Amerikalı yerlisi ve Big Bar popülasyonu olmak üzere üç popülasyona daha ayrıldığını ortaya koymuştur. Bu bulgular, Amerikan yerlilerinin Asya kökenli olduğu görüşünü desteklemektedir (Willerslev ve Meltzer, 2021, Källén, 2025).

Kuzey Avrasyalı popülasyonların Yerli Amerikalıların genomuna olduğu kadar modern Avrupalıların genomuna yaptığı katkı hem modern popülasyon genetiği hem de antik DNA çalışmalarının mercek altına aldığı bir konudur. Çalışmalar Anadolu'dan gelen çiftçilerle Avrupalı avcı toplayıcıların nasıl birbirine karıştığını ve modern Avrupalı popülasyonların genetik mirasının hangi geçmiş demografik süreçlerden hangi şekilde etkilendiğini anlamaya odaklanmıştır. Başlangıçta iklim ve

coğrafi koşullar nedeniyle tarım ve evcilleştirmenin merkezi olan Yakın Doğu'dan insan ve hayvan antik DNA'sı elde etme ve dizileme çalışmaları zorlayıcı olmuştur. 2014'te diğer iskelet bölgelerine göre 183 kata varan oranda endojen DNA içerdiği anlaşılan petrus kemiğinin izolasyon ve dizileme başarısını arttırması ve 2010'ların ikinci yarısında gelişmeye çıkan moleküler genetik yöntemleriyle birlikte Yakın Doğu odaklı çalışmalar literatüre eklenmeye başlamıştır (Reich, 2018; McHugo, Dover ve MacHugh, 2019).

Lazaridis ve arkadaşları (2022) Güneydoğu Türkiye, Kuzey Irak, Kıbrıs, Kuzeybatı Zağros ve Ermenistan'ı kapsayan bölgedeki çanak çömleksiz Neolitik dönemden kalma fosil buluntulardan elde ettikleri Y kromozomu haplogruplarıyla ilk Neolitik topluluklarının nasıl ortaya çıktığını daha iyi anlamaya çalışmıştır. Genom verileri, bölgedeki çiftçilerin yalnızca oradaki avcı toplayıcılardan köken almadığına, çeşitli zamanlarda yapılan ayrı ayrı göçlerin bu topluluğu şekillendirdiğine işaret etmiştir. 10,000 yıl önce Irak ve Suriye üzerinden, 6500 yıl önce Doğu Akdeniz'den, aynı dönemde Kafkasya'dan avcı toplayıcı popülasyonların geldiği üç göç yaşanmış, son olarak 5000 yıl önce Yamnaya olarak bilinen göçebe bir bozkır topluluğu Karadeniz'in kuzeyinden bölgeye gelmiştir. Bu çalışma, birbiriyle etkileşim hâlinde olan farklı toplulukların bitki evcilleştirmesi, dolayısıyla tarıma ilişkin pratikleri geliştirdiğini öne süren arkeolojik bulguları da doğrulamıştır.

Lazaridis ve arkadaşları bir başka çalışmada (2022) "Güney Yayı" adını verdikleri Anadolu, Balkanlar, Ege, Kıbrıs, Mezopotamya, Levant, Ermenistan, Azerbaycan ve İran'ı kapsayan coğrafi bölgeye ait buluntulardan 777 bireyin genom boyu verisini elde etmiş ve bölgedeki insan hareketliliğinin zaman ve mekân boyutunun ve kültürel bağlamının daha iyi anlaşılmasını sağlamıştır. Çalışma, Yamnaya popülasyonlarının batıda Avrupa'yı doğuda Çin ve Hindistan'a bağlayan bir göç zincirini başlattığını ortaya koymuştur. Bozkırdan gelen bu göçmenlerin bir kısmı daha sonra Anadolu ve Hint Avrupa dillerinin öncüsü olacak diller konuşmuştur. Yamnaya insanları gittikleri bölgedeki yerlilerle karışmış; Batıya göçleri Yunanca, Arnavutça gibi dillerin doğmasına yol açacak bir kök dili oluşturmuş, 4000 yıl önce Kafkaslara geçerek yaptıkları kültürel katkı da Ermeniceyi

doğurmuştur. Neolitik dönemde yaşayan Anadolu lular ise yerli avcı toplayıcı toplulukların Kafkaslar, Mezopotamya ve Levant'tan gelen göçlere maruz kalmasıyla oluşmuş, Hititçe ve Hurrice gibi diller bu genetik ve kültürel karışımın sonucunda oluşan topluluklar tarafından konuşulmuştur.

Tarım devriminden sonra Bereketli Hilal bölgesindeki popülasyonların yoğunluğundaki artış göçü tetiklemiştir. Günümüzde Türkiye sınırları içinde kalan bölgelerdeki çiftçiler Avrupa'ya, İsrail ve Ürdün'de kalan bölgelerdeki çiftçiler Doğu Afrika'ya, İran'daki çiftçilerle akraba olan çiftçiler de Hindistan ile Karadeniz ve Hazar Denizi'nin kuzeyindeki bozkırlara yayılmışlardır. Bu göçler sonucunda yaşanan gen akışları bugünün Kuzey Avrupalılarla ilişkilendirilen mavi göz, sarı saç ve açık ten gibi özgün fenotipik rekombinasyonları da ortaya çıkarmıştır. Antik DNA çalışmaları 8000 yıl öncesinin Batı Avrupalı avcı toplayıcılarının koyu tenli, koyu renk saçlı ve mavi gözlü; Avrupalı ilk çiftçilerin ise açık tenli, koyu renk saçlı ve kahverengi gözlü olduğunu göstermektedir. Sarı saç ortaya çıkaran melanin mutasyonuna dair bilinen en erken örnek 17 bin yıl önce Baykal Gölü civarındaki antik Kuzey Avrasyalı popülasyonlarda gösterilmiştir. Bu da, bu karakterin Avrupa'da yaygınlaşmasında ataları antik Kuzey Avrasyalı olan popülasyonların Avrupa'ya göçünün etkili olduğunu göstermektedir (Reich, 2018).

3.5 Geçmişteki İnsan Sosyal Organizasyonu ile İlgili Antik DNA Çalışmaları

Akrabalık, geçmişteki insan topluluklarının sosyal organizasyonunu anlamak için önemli parametrelerden biridir. İnsan topluluklarında herkesin baba tarafından akraba olduğu patrilineal (babasoylu) sistem ve anne tarafından akraba olduğu anasoylu (matrilineal) sistem olmak üzere iki akrabalık sistemi görülmüş, patrilineal sistemin görüldüğü topluluklara daha yaygın biçimde rastlanmıştır. Bu sisteme çoğu zaman patrilokallik ya da kadın egzogamisi olarak bilinen, kadınların topluluk dışından bir erkekle evlenip erkeğin yaşadığı yere göç etme davranışı da eşlik etmiştir. Yazı öncesi dönemde sosyal organizasyona dair kanıt elde etmek zor

olduğundan, antik DNA çalışmalarıyla biyolojik akrabalığın anlaşılması evlilik ve yerleşme pratikleri bağlamında aydınlatıcı olmuştur (Orlando, 2023).

Lalueza-Fox ve arkadaşları (2012) El Sidrón mağarasında bulunan 12 Neandertal bireyine ait örneklerden mtDNA ve Y kromozomu dizilemiş ve 9 bireyin cinsiyet tayini yapılmıştır. Bunlardan 6'sı erkek, 3'ü dişidir. Kemik morfolojisinden erkek olduğu düşünülen bireylerden Y kromozomu, dişi olduğu düşünülen bireylerden mtDNA elde edilmesi iki yöntemin karşılıklı doğrulanmasını sağlamıştır. 12 bireyden biri hariç hepsi A (yedi birey) ve C (dört birey) mtDNA haplogrubunu taşımaktadır. Üç dişi A, B ve C haplogruplarını taşımaktadır. Bu da dişilerin farklı bir soydan geldiklerini göstermektedir. Bu da Neandertallerde patrilokal çiftleşme davranışı görüldüğüne dair bir örnektir.

Blöcher ve arkadaşlarının (2023) 3800 yıl önce Orta Asya'da yaşamış pastoral bir topluluk üzerinde yaptıkları antik DNA çalışmasında erkek kardeşlerin topluluğun merkezinde olduğunu göstermesi bir başka önemli çalışmadır. Çalışma, Nepluyevsky'de (günümüzde Rusya) Bronz Çağı'ndan kalma bir kurganda (toplu mezar) bulunan 44 iskelet üzerinde yapılmıştır. Çoğu sığır çobanı olan bireylerin en yaşlısı 50 yaşındadır. 32 bireyden elde edilen mitokondriyel DNA'lar H, T, U, K ve N haplogruplarının çeşitli alt soylarına aitken Y kromozomu haplogrupları büyük ölçüde Q ve birkaç bireyde R'nin birbirine yakın alt soylarıdır. Mitokondriyel DNA'da büyük bir çeşitlilik varken Y kromozomlarında neredeyse sabit bir haplogrubun baskın olması bu topluluğun tek bir erkeğin kurucusu olduğu bir klanla çeşitli klanlardan başka kadınların katılmasıyla oluşan patrilineal ve patrilokal bir topluluk olduğunu ortaya koymuştur. Otozomal kromozom analizleri de kadınlar arasında daha yüksek bir çeşitliliğin olduğunu göstererek bu verileri doğrulamaktadır. Kurgan, altı erkek kardeş, eşleri, çocukları ve torunlarından oluşan üç kuşağın ölümlerinin gömüldüğü bir aile mezarlığı gibidir. Diğer kardeşlerin en fazla üç çocuğu varken kardeşlerin en yaşlısının sekiz çocuğunun olması ve iki farklı kadından çocuk yapan tek kardeşin o olması en büyük erkeğin ayrıcalıklı konumuna işaret etmektedir.

Fowler ve arkadaşları (2022) Kuzey Britanya’da İ.Ö. 17. yüzyılda yaşamış bir Neolitik topluluğundan DNA dizileri elde etmiş ve analiz etmiştir. 27 bireyin beş kuşağının bir arada gömülü olduğu aileden geldiği 36 bireyin incelendiği bu çalışmada, mtDNA ve Y kromozomu örüntülerine ve otozomal kromozom dizilerindeki eşleşmeme (İng. mismatch) frekanslarına, bireylerin cinsiyetlerine ve kaç yaşında öldüklerine bakılarak aile ağacı çıkarılmış ve bireylerin biyolojik ilişkisi anlaşılmıştır. MtDNA dizileri, beş kuşaklık bu ailenin kökeni N’nin alt haplogruplarından birini taşıyan erkeğe dayanmaktadır. Bu erkek sırasıyla farklı haplogruplar taşıyan dört kadından çocuk sahibi olmuştur. Bu çalışmanın öne çıkan tarafı kurucu erkeğin soyundan gelmeyen, mitokondriyel DNA haplogruplarına bakıldığında annelerin önceki evliliklerinden olduğu anlaşılan çocukların da aile mezarlığında gömülü olmasıdır. Bu bulgu, üvey oğulların bu patrilokal ve patrilineal topluluğa kabul edildiklerini göstermiştir (Orlando, 2023).

Bugüne dek yapılan pek çok antik DNA çalışması antropolojik verilerle uyumlu olarak patrilineal ve patrilokal pratiklere işaret ederken Rivollat ve arkadaşları (2023) Fransa’da bulunan Neolitik dönemden kalma bir mezarda yetişkin ve aileden olan kadınların bölgede kaldığını hatta aileden olmayan erkeklerle orada çocuk yaptığını göstererek bir istisnayı literatüre kazandırmıştır. Yaka ve arkadaşlarının (2021) Çatal Höyük ve Barcın Höyük’te birbiriyle akraba olmayan insanların aynı eve gömüldüğünü gösteren çalışması da benzeri şekilde istisnai bir sosyal organizasyonu ortaya koymuştur.

Antik DNA çalışmaları toplumsal konumların daha iyi anlaşılmasına da yardımcı olmuştur. Mitnik ve arkadaşları (2019) Lech Vadisi’ndeki (Avusturya) Bronz Çağı mezarlarındaki silahların yalnızca aynı soydan gelen ve biyolojik akrabalığı olan erkeklerle ait olduğunu, soyun dışındaki erkeklerin mezarlarında silah olmadığını göstermiştir. Bu çalışmada ayrıca yüksek statülü erkek ve kadınların yanına gömülü olan düşük statülü bireylerin genetik olarak ilintisiz olması bu bireylerin ev kölesi olabileceğini düşündürmüştür.

3.6 Diğer İnsan Türleriyle İlgili Antik DNA Çalışmaları

1856'da ilk kez Neandertallerin keşfedilmesi bilindiği biyolojik antropolojide bir eksen değişikliğine yol açmış ve fosil buluntularla insan evrimini daha iyi anlamaya yönelik çalışmaları beraberinde getirmiştir. 1920'lerle birlikte homininlere ait fosil kayıtları ortaya çıkmaya başlamıştır. İlk olarak Zambiya'da eski bir insan türü olan *Homo rhodesiensis*'e ait bir fosil buluntu elde edilmiş, ardından, 1924'te Güney Afrika'da 2 milyon yıl yaşında bir *Australopithecus africanus* fosili bulunmuştur (Higham, 2023). 1950'lerde Australopithecuslar insanların en erken ataları olarak kabul edilmiştir. 1959'da Tanzanya'da bir Australopithecus türü olan *Zinjanthropus* ve 1964'te aynı bölgede bir insan türü olan *Homo habilis* buluntularına erişilmiştir. 1960'lar ve 80'ler boyunca Australopithecus, *Homo habilis* ve bir başka insan türü olan *Homo erectus* keşifleri devam etmiştir. Paleoantropolojik çalışmalar Australopithecus ile *Homo* arasındaki geçişleri, *Homo* türlerinin birbirinden ayrılma, göç ve yayılım ve nihayetinde yok olmalarını anlamaya çalışmıştır.

Antik DNA çalışmaları, paleoantropolojiye özellikle *Homo sapiens*'in *Homo neanderthalensis* ve *Homo denisova* gibi insan türleriyle olan filogenetik ilişkisinin anlaşılması yönünden katkı yapmıştır.

Neandertaller Avrupa'ya yerleşen daha arkaik homininlerden evrimleşmiş; alet yapımı, sosyal organizasyon (hastalara bakma ve ölü gömme), sembolik düşünce gibi konularda modern *Homo sapiens*'ler ile ortak davranışsal adaptasyonları olan soyu tükenmiş bir insan türüdür. Arkeolojik ve antropolojik veriler ışığında daha önce Neandertaller hakkında modern Avrupalıların atası oldukları, modern insan genomuna katkıda bulundukları ya da modern insanlarla hiçbir temas yaşamadan ve gen alışverişinde bulunmadan yok oldukları gibi pek çok hipotez ortaya atılmıştır.

Neandertal DNA'sı çalışmaları, dolaylı olarak Pääbo'nun 90'lar sonunda yaptığı bir rota değişikliğinin sonucu olarak ortaya çıkmış ve hız kazanmıştır. Pääbo, antik DNA alanının donmuş mamut ya da zooloji müzesi örneği çalışılan, amaçsız ve anlatsız bir alana dönüşmesinden korkarak bir tür kariyer krizi yaşamaya başlamıştır. Temmuz 1991'de lösemiden yaşamını yitiren Allan Wilson gibi onun da

asıl motivasyonu insanların kökenlerine, evrimine ve eski insan türlerine dair karanlıkta kalan yerleri aydınlatmaktır. Bu amaç doğrultusunda, Buz Adam Ötzi gibi görece yakın döneme ait ve DNA'sı büyük ölçüde modern insan DNA'sına benzer örnekleri bir kenara bırakıp daha eski insan türlerini çalışmaya karar vermiştir. Hedefi, en yeni buluntunun 30,000 yıl öncesine tarihlendirildiği Neandertalleri çalışmak, Neandertal DNA'sı ile modern insan DNA'sı arasındaki değişiklikleri tespit etmek ve buradan insan evrimine dair bulgu elde etmektir (Pääbo, 2014).

Pääbo ve arkadaşları 1997'de Feldhofer Mağarası'ndan (Almanya) 100.000 ila 30.000 yıl öncesine tarihlendirilmiş bir Neandertal fosilinin sağ üst kol kemiğinden alınmış kemik örneğinden mtDNA bölgesi dizilemiştir (Krings, 1997, Pääbo, 2014). Elde edilen mtDNA fragmanları plazmit vektörleriyle çoğaltılmış, kopyaların otantiklikleri insan mitokondriyal genomunun referans dizileriyle kıyaslanarak değerlendirilmiştir. Bazı kopyaların insan referans dizilerine yakın olması (yalnızca birkaç pozisyonda değişiklik olması) 1856'da keşfedildiğinden beri çeşitli çalışmalarda kullanılan bu buluntunun modern insan mitokondriyal DNA'sıyla kontamine olduğunu düşündürmüş, çalışmada modern olmadığı anlaşılan diğer diziler dikkate alınmıştır. Geri kalan fragmanlardan Neandertal kökenli olduğu düşünülen bir tanesi modern insan genomuna bağlanmayan bir primer kullanılarak PCR ile çoğaltılmış ve jel elektroforeziyle ayrılmıştır. Kopyalar farklı primerlerle çoğaltılıp dizilenmiş farklı klonlardan elde edilen diziler birleştirilerek 379 nükleotidlik "hypervariable region 1 (HVR1)" bölgesinin dizisi elde edilmiştir. İnsan referans dizisine şempanze ve goril gibi diğer homininlerin HVR1 dizileri de dâhil edilerek mitokondriyal DNA tabanlı bir filogenetik rekonstrüksiyon yapılmış ve Neandertallerin yaklaşık 500,000 yıl önce, yani mitokondriyal Havva'dan çok önce insanlarla olan ortak atalarından ayrıldığı ortaya çıkarılmıştır. Neandertallerin insan mitokondriyal DNA havuzunun dışında olduğu ve insan mtDNA'sına bir katkı yapmadıkları gösterilmiştir.

Ovchinnikov ve arkadaşları (2000) Kafkasya'da bulunan Mezmaiskaya Mağarası'nda elde edilen Neandertal iskeletinden mtDNA elde ederek farklı Neandertal bireylerinin genomlarının da filogenetik rekonstrüksiyonlara katkıda

bulunmasını hedeflemiştir. Bu örnekten 345 baz çifti uzunluğunda HVR1 bölgesi dizilenmiş ve hem modern insan referans dizisiyle hem de Feldhofer örneğinden elde edilen diziyle kıyaslanmıştır. Mezmaiskaya dizisi ile modern insan dizisi arasında 27, Feldhofer dizisi arasında 19 nükleotidlik fark vardır. Çalışmada Pääbo'nun savunduğu bazı standartlara uyulmamasına (örneğin örneklerin PCR ile birden fazla kez çoğaltılmamasına) rağmen dizilerin birbirleriyle büyük ölçüde benzer olması her iki çalışmada da otantik Neandertal mtDNA'sı elde edildiğini doğrulamıştır (Pääbo, 2014).

2000 yılında Pääbo'nun öğrencisi Matthias Krings, Hırvatistan'daki Vindija Mağarası'ndan çıkarılan 42,000 yaşındaki bir Neandertal kemik örneğinden mitokondriyel DNA elde etmiş ve 357 baz çifti uzunluğundaki HVR1 ile 288 baz çifti uzunluğundaki HVR2 bölgelerini dizilemiştir (Krings, 2000). Hem Feldhofer hem de Vindija Neandertal mtDNA'sında modern insanlarda olmayan bir adenin insersiyon mutasyonu vardır. Modern insan DNA'sından ortalama 34.9 baz ikâmesi mutasyonuyla ayrılmışlardır. Modern insan popülasyonlarından elde edilmiş mtDNA dizileriyle yapılan karşılaştırmalı analizler, Neandertallerin Afrikalı popülasyonlarla Asyalı popülasyonlara Avrupalı popülasyonlardan daha yakın olduklarını ortaya koymuştur. Bu çalışmalar, Neandertallerin modern Avrupalıların atası olduğu fikrini zayıflatmıştır. Krings ve arkadaşları, Neandertaller ve modern insan popülasyonları arasında çiftleşme olup olmadığına dair bir çıkarım yapmamış, çiftleşme olmuşsa da bunun mtDNA'ya yansımadığını, modern insan mtDNA'sında Neandertal katkısı olmadığını öne sürmüştür.

2006 yılında, İnsan Genom Projesi'nin tamamlanmasından beş yıl sonra, Svante Pääbo ve Berkeley'de laboratuvarı olan Edward M. Rubin, bunun antik DNA alanındaki bir karşılığı sayılabilecek Neandertal Genom Projesi'ni başlatmıştır (Pääbo, 2014; Higham, 2022). Pääbo ve Rubin, projeye Max Planck Enstitüsü Evrimsel Antropoloji Laboratuvarı'ndan gönderilen bir kemik örneğini ayrı ayrı dizileyerek başlamıştır. Pääbo, çalışmasında “shotgun sequencing” (İng. shotgun dizileme) yöntemiyle ile dizileme yaparak bir gen kütüphanesi oluşturmayı hedeflemiştir. Gen kütüphanesi oluşturmak, bir hücreden, dokudan, organdan ya da

organizmadan gelen farklı farklı DNA dizilerini bir araya getirerek bireyin genomunun tamamını elde etmektir. Bundan önceki Neandertal çalışmalarında en fazla birkaç yüz bazlık küçük DNA fragmanları elde edilebilmiş ve bunların kontaminasyon ürünü değil, endojen DNA olduğu doğrulanabilmiştir. Mevcut buluntulardan (Feldhofer, Vindija ve İspanya’da bir buluntu yeri olan El Sidrón mağarasından elde edilen örnekler) yeterince DNA elde edilse bile oluşan koleksiyonun tamamen bulaşsız bir Neandertal genomu olma ihtimali zayıftır. DNA fragmanlarının elde edildiği buluntudan gelen başka organizmalara ait kontaminasyon etmenlerinin de dizilenip kütüphaneye dâhil edilmesi riski vardır. Bu çalışmada da prokaryot orijinli kontaminasyon ortaya çıkmıştır. Pääbo ve ekibi bakterilere özgü CGCG, CCGG ve CCCGGG gibi guanin-sitozin tekrarlarını içeren dizilerin restriksiyon enzimleriyle kesilip atılmasını sağlayarak dizileri bakteri kontaminasyonundan kurtarmayı başarmıştır. İnsan genomunda sitozinden sonra guaninin gelmesiyle oluşan CG motifleri nadirdir. Bunu nedeni memelilerin yalnızca arkasından guanin gelen sitozinleri metillemesinin zamanla DNA replikasyonunu zorlaştırması, mutasyon riskini arttırması ve bu yüzden evrimsel süreçte CG motiflerinin elenmiş olmasıdır. Neandertal dizilerinin modern insan DNA’sıyla kontamine olması ihtimalini elimine etmek için kütüphane hazırlama süreçleri temiz odada yürütülmüş ve fragmanlar modern insan DNA’sından ayırt edilebilmesi için özel tasarlanmış adaptörlerle (TCAG adaptörleri) sekanslanmıştır (Pääbo, 2014). Son olarak elde edilen kütüphane insan ve şempanze kütüphanesiyle karşılaştırılıp hâlâ elimine olmamış bakteriyel ya da fungal kontaminasyonlar tespit edilip diziden kaldırılmıştır (Reich, 2018). Böylece, otantik olduğu bilinen her biri 30 ila 70 arasında baz çiftinden oluşan 1 milyon nükleotidin kıyaslanarak yerine yerleştirilmesiyle *in silico* (bilgisayar ortamında) haritalanmış 3 milyon baz çiftlik Neandertal genomu dizisi elde edilmiştir.

Neandertal genomunun dizilenmesi Neandertaller ve modern insanlara dair önemli soruların yeniden sorulmasına yol açmıştır. Bu iki türün hiç karşılaşp karşılaşmadığı bu soruların başında gelmektedir. Neandertal ve Homo sapiens fosilleri arasındaki bazı morfolojik benzerlikler gen akışı ihtimalini canlı tutmuş

ancak mtDNA verileri böyle bir şeyin olmadığına işaret etmiştir. Bu soruya kesin bir yanıt verebilmek için Neandertal genomu Afrika ve Avrupa kökenli modern insan genomuyla kıyaslanmıştır. Neandertaller Afrika'da hiç bulunmadığına, tür olarak Avrupa'da ortaya çıktıklarına göre, Avrupa'daki Homo sapienslerle karşılaşmış olmalı ve modern Avrupalı genomu Neandertal genomuna daha yakın olmalıdır. Sekans kıyaslamaları modern insanlarla Neandertaller arasında çiftleşme olduğunu doğrulamış ve insan DNA'sının %1 ila 4'ünün Neandertallerden geldiğinin ortaya koymuştur (Reich, 2018; Jones, 2022; Higham, 2022). 2010 yılında Neandertal Genom Projesi'nin dönüm noktası olan bir makale ve tüm dizisinin taslağı yayınlanmıştır (Green ve ark., 2010; Higham, 2022; Jones, 2022).

Antik DNA çalışmaları Neandertaller ve modern insanların ayrılma zamanlarına ve Neandertal hareketliliğine de katkı yapmıştır. Elde edilen farklı Neandertal buluntularından elde edilen DNA'larda gösterilen mitokondriyel çeşitliliğin bu bağlamda katkısı büyük olmuştur. 70,000 yıl önce bir Neandertal popülasyonunun Avrupa'dan ayrılıp Orta Asya'ya, Altay Dağları'na ve Yakın Doğu'ya göç ettiği, Yakın Doğu'da 130,000 ila 100,000 yıl öncesinden beri yerleşik olan Homo sapiens'lerle karşılaştığı, 54,000 ila 39,000 yıl önce iki tür arasında çiftleşme olduğu anlaşılmıştır. Homo sapiens popülasyonları Yakın Doğu'dan başlayarak her yerde Neandertallerin yerini almış, Neandertaller 39,000 yıl önce civarı yok olmuştur (Reich, 2018).

Antik DNA çalışmaları diğer insan türleriyle ilgili de önemli gelişmeleri beraberinde getirmiştir. Fosil çalışmalarıyla varlığı ortaya konamamış bir insan türü (*Homo denisova*) sadece antik DNA çalışmasıyla keşfedilmiştir. 2009'da Pääbo ve ekibi Altay Dağları'nda bulunan Denisova Mağarası'ndan çıkan küçük bir parmak kemiğinden mitokondriyel DNA dizilemiştir. Sonuçların Neandertal ve *Homo sapiens* referans mtDNA dizisinden uzak olması, bu örneğin önceden bilinmeyen bir insan türüne ait olduğunu göstermiş ve bu yeni insan türüne Denisova insanı adı verilmiştir (Pääbo, 2014; Higham, 2022). 2011'de aynı örnekten elde edilen DNA ile Denisovan genomu tamamen dizilenmiştir (Jones, 2022). Daha sonra yapılan çalışmalarla Neandertal ve Denisova ayrımının 470,000 ila 380,000 yıl önce, bu iki

grubun modern insanla olan ortak atasından da 770,000 ila 550,000 yıl önce ayrıldığı ortaya konmuştur (Reich, 2018).

2014'ün başında Matthias Meyer, Svante Pääbo ve arkadaşları dört yüz bin yıldan önceye tarihlendirilmiş bir *Homo heidelbergensis* bireyinin mitokondriyel DNA'sını dizileyerek şimdiye kadarki en eski insan DNA örneğini dizilemişlerdir (Reich, 2018).

3.7 Nükleer DNA İle Yapılan Antik Dna Çalışmaları

Mitokondriyel DNA ve Y kromozomu çalışmaları geçmiş insan popülasyonlarının coğrafi hareketliliği ve sosyal organizasyonuna dair önemli bilgi kaynakları olsa da taşıdıkları genlerin biyolojik katkısının sınırlı olması nedeniyle insan fizyolojisine dair fazla veri sunmamaktadır. Mitokondrideki protein kodlayan 13 genin tamamı hücre solunumuyla ilişkilidir. Y kromozomundaki genlerin de büyük bir kısmı birincil ve ikincil cinsiyet karakteristiklerinin ortaya çıkması ve gelişimini kontrol etmektedir. Özellikle kodlanan bölgelerin dizilendiği antik DNA çalışmalarında otozomal kromozomlardan gelen veriler bu bağlamda daha önemlidir.

İnsan ve Neandertal genomunun karşılaştırılmasından gelen veriler ayrıca bu iki tür ayrıldıktan sonra gen havuzlarında ortaya çıkan değişikliklerin fenotipik etkilerinin, maruz kaldıkları seçilim baskılarının ve edindikleri adaptasyonların daha iyi anlaşılmasını sağlamıştır. Bu bağlamda “forkhead box protein 2” (FOXP2), “microcephalin1” (MCPH1) ve “melanocortin 1 receptor” (MC1R) gibi bazı genler çalışılmıştır.

FOXP2, özellikle sinir sisteminde ifade edilen dil öğrenme ve konuşma becerisiyle ilgili pek çok genin transkripsiyonunda rol oynayan bir transkripsiyon faktörünü kodlamaktadır. Modern insanlarda FOXP2 mutasyonunun konuşma bozukluklarına yol açtığı bilinmektedir. FOXP2 embriyonik gelişimin çok erken aşamalarından itibaren işlev gördüğü için pek çok omurgalıda yüksek düzeyde korunmuş bir genidir. İnsan ve fareye yol açan evrimsel hattın 70 milyon yıl önce

ayrıldığı gösterilmiştir. İnsan ve şempanzenin ortak atasını fareden ayıran evrimsel süreç de kabaca 130 milyon yıl almış ve bu sürede FOXP2 proteininde yalnızca tek bir amino asit değişikliği ortaya çıkmıştır. Buna karşın, insan ve şempanze hattı 4,6-6,2 milyon yıl önce ayrıldığından beri, insan hattında iki sabit amino asit değişikliği ortaya çıkmıştır. Şempanze ve diğer primat hatlarında orangutan hattındaki bir değişiklik dışında hiçbir değişiklik ortaya çıkmamış, FOXP2 aynı bu türlerde aynı kalmıştır (Enard ve ark, 2002). Bu genin vokal öğrenme yeteneğini regüle ettiği öne sürülmektedir. Tıpkı insanlar gibi vokal öğrenme yeteneği olan ötücü kuşlarda yapılan “FOXP2-knock down” çalışmalarının kuşların vokal öğrenme yeteneğini azaltması bu hipotezi desteklemektedir. Antik DNA verisi elde edilmeden önce, bu genin amino asit değişikliğine yol açan insanın şempanzeden ayrılmasını sağlayan dizisinin 200.000 ila 100.000 yıl önce sabitlendiği düşünülmüştür (Fisher, 2019). Neandertal genomundan elde edilen veriler, modern insan ve Neandertallerin aynı FOXP2 dizisini taşıdığını göstermiştir (Krause ve ark, 2007). Bu da bu genin bugünkü dizisinin modern insan ve Neandertallerin ortak atasından ayrıldığı 400,000 ila 300,000 bin yıl öncesinden de eski bir tarihte sabitlendiğini ortaya koymuştur.

MC1R geni melanositlerin membranlarında bulunan “melanocortin 1 receptor” isimli G proteinine bağlı reseptörü kodlamaktadır. MC1R, bir melanin pigmenti türü olan ömelanın sentezini regüle eden bir hücre içi sinyal yolağının reseptörüdür. Ömelanın, güneş ışığının karsinojenik etkisine karşı epidermis hücrelerini koruyan bir pigmenttir. MC1R geni pek çok alelik varyasyonu olan polimorfik bir gendir. Bu genin bazı “işlev kaybı” (İng. loss of function) varyantları (Val60Leu (rs1805005*T), Val92Met (rs2228479*A), Arg151Cys (rs1805007*T), Arg160Trp (rs1805008*T), and Asp294His (rs1805009*C)) kızıl saç ve açık ten fenotipini ortaya çıkarmaktadır (Rouzaud ve ark, 2005; Ding ve ark, 2014). Lalueza-Fox ve arkadaşları (2007) iki Neandertal bireyinden MC1R’nin modern insanlarda olmayan bir işlev kaybı varyantını (R307G (Arg307Gly)) dizilemiştir. Hücre kültürü çalışmaları bu varyantı ifade eden hücrelerin sinyal yolağındaki ikincil mesajcı konsantrasyonunun ve hücre yanıtının (ömelanın pigmenti üretiminin) azaldığını göstermiştir. Bu da, bu alel bakımından homozigot Neandertallerin kızıl saçlı ve açık tenli olabileceğini ortaya koymuştur. Bu fenotipin ultraviyole ışıkla D vitamini

üretimini indüklediği için Avrupa’da seçim avantajı yaratıp yaratmadığı bir tartışma konusudur. Solar irradyasyon azaldığı için MC1R’nin düşük ömelenin pigmentasyonuna neden olan alellerinin frekanslarının artmış olması da mümkündür.

MCPH1 geni, embriyonik gelişimde nöroprogenitör hücrelerin proliferasyonunu ve yenilenmesini regüle ederek sinir sistemi gelişiminde rol oynayan bir gendir. MCPH1 mutasyonları insan tip 1 primer mikrosefalisi adı verilen ve doğumda beyin küçüklüğü (dolayısıyla kafatası küçüklüğü) ile kendini gösteren bir nörogelişim bozukluğuna neden olur (Kristofova, 2022). Modern insanlarda birbirine yakın MCPH1 haplotiplerinden oluşan D haplogrubunun 37,000 yıl önce tek bir kopyadan ortaya çıkıp pozitif seçilime uğrayarak gen havuzunda 0.7 (%70) frekansa ulaştığı bilinmektedir. Popülasyon genetiği çalışmaları bu haplogrubun modern insanların 1.1 milyon yıl önce birbirinden ayrıldığı bir hattan köken aldığını ve 37,000 yıl önce introgresyonla modern insanların gen havuzuna girdiğini öne sürmüştür (Evans ve ark, 2006). Bu haplogrubun Avrupa’da Afrika’dakinden daha yaygın olması bu introgresyonun Neanderallerle yapıldığı hipotezinin ortaya atılmasına neden olmuştur. Lari ve arkadaşları (2010) Monti Lessini’de (İtalya) bir buluntu yerinden elde edilen bir 50,000 yıl önceye tarihlendirilmiş bir Neandertal fosilinden MCPH1 geni izole edip dizilemiş bireyin bu genin D haplogrubunu taşımadığını göstermiştir. Neandertal, MCPH1 geninin atasal formunu homozigot olarak taşımaktadır. Bu bulgu, modern insan MCPH1 varyasyonuna Neandertal katkısı olmadığını ortaya koymuş ve hipotezi yanlışlamıştır.

İnsanlarda acı tadın algılanmasını “taste receptor 2 member 38” (TAS2R38) geni kontrol etmektedir. Bu gen, glukozinolatlar adı verilen acı tattan sorumlu bir molekül ailesinin ligand olarak bağlanabildiği bir G proteinine bağlı reseptörü kodlamaktadır. Glukozinolatlar bitkilerde üretilen ikincil metabolitlerdir ve çeşitli epitel hücrelerin membranlarındaki TAS2R38 reseptörünü aktive ettiklerinde acı tat algılanmasına neden olmaktadır. Bu reseptöre feniltiyokarbamid (İng. phenylthiocarbamide, PTC) ve 6-n-propiltiyourasil (İng. 6-n-propylthiouracil, PROP) gibi sentetik moleküller de ligand olarak bağlanabilmektedir. Pek çok aleli bilinen bu genin tadı algılayan ve algılamayan fenotipleri ortaya çıkaran iki aleli Afrika dışındaki modern insan popülasyonlarında yaygındır. Bu aleller her biri aminoasit

değişikliklerine (A49P, A262V ve V296I) neden olan üç nükleotid pozisyonunda gerçekleşmiş ikâme mutasyonlarıyla ortaya çıkmıştır. Prolin, alanin ve valin kombinasyonu tadın algılanmasına, diğer kombinasyon ise algılanmamasına neden olmaktadır. Acı tadı algılayabilmenin zehirli bitkileri tüketmeyi engellediği için seçilim avantajı yaratmasına rağmen acı tadı algılayamayan bireylerin de yaygın olması dengeleyici seçilim öyküsüyle açıklanmaktadır. Lalueza-Fox ve arkadaşları (2009) El Sidrón mağarasındaki Neandertal örneklerinden birinden TAS2R38 geni dizilemiş ve söz konusu bireyin reseptör proteininin prolin-alanin ve valin kombinasyonunu taşıdığını, dolayısıyla acı tadı algılayabildiğini göstermiştir. Bu bulgu acı tat algılama konusundaki varyasyonun Neandertaller ve modern insanlar ayrılmadan önce ortaya çıktığını ortaya koymaktadır.

Neandertal genomu sayesinde çalışılan bir diğer konu da AB0 kan grubu sistemidir. Bu gruplandırmayı sağlayan alyuvar, epitel ve endotel hücrelerin membran glikoproteinlerinin fenotipini ABO geni kontrol etmektedir. Bu gen, H antijeni adı verilen bu glikoproteinlere bir şeker rezidüsü ekleyerek onların işlevsel hâlini almasını sağlamaktadır. A alelinden kodlanan enzim antijene N-asetil galaktozamin şekerini, B alelinden kodlanan enzim ise D-galaktoz (galaktoz şekerinin D enantiyomeri) şekerini eklerken O aleli enzimin işlevini kaybetmesine ve H antijenine şeker eklenmemesine neden olmaktadır. Bu alellerin ikili kombinasyonları A, AB, B ve 0 kan gruplarını oluşturan antijen fenotiplerinin ortaya çıkmasını sağlamaktadır. İnsan hattında B alelinin 3.5 milyon, O alelininse 1.15 milyon yıl önce A alelinden ayrıldığı tahmin edilmektedir. O aleli, Neandertal-modern insan ayrımından sonra ortaya çıkmıştır. Lalueza-Fox ve arkadaşları (2008) El Sidrón kazılarından elde edilmiş iki Neandertal bireyi buluntusundan ABO gen bölgesini izole edip dizilemiş ve O alelini taşıdıklarını göstermişlerdir. Bu da söz konusu alelin modern insan ve Neandertallerin ortak atasında bulunduğunu, dolayısıyla bu alelin 1 milyar yıl önce ortaya çıktığı hipotezinin doğru olabileceğini göstermiştir.

Ham ve arkadaşlarının (2019) çalışması Neandertallerle modern insanların çiftleşmesiyle modern insan genomuna eklenen bir SNP'nin (1. kromozomun "P-selectin (SELP)" geninin intronunda yer alan rs3917862) fonksiyonunu araştırmıştır

(Houldcroft, Rifkin ve Underdown, 2019). Bu SNP'nin yer aldığı gen (SELP) bir hücre adezyonu proteini kodlamaktadır. Hücre adezyon proteinleri, hücrelerin komşu hücrelerle ya da hücre dışındaki sıvı ortamla (matriks) etkileşimde olmasını sağlayan önemli membran proteinleridir. Hücrelerin bir arada kalmasını sağlarken yeri geldiğinde hücre hareketine de imkân vermektedirler (Karamanos ve ark., 2021). Bu çalışmada incelenen SELP geninden kodlanan hücre adezyon proteini de damarların endotel tabakasını oluşturan hücrelerin ve kan pulcuklarının membranında bulunan, enflamasyon durumunda lökositlerin damar endotelinden çıkmasına yardımcı olan bir proteindir. Yazarlara göre, Neandertal haplotipi olan rs3917862, pıhtılaşma bozukluklarıyla (aşırı pıhtılaşmayla) ilişkili bulunmasına rağmen bir seçim avantajı yaratmış, erken modern insanların Afrika'dan çıkışı esnasında aşırı pıhtılaşmanın fizyolojik bir yararı görüldüğü için elenmemiştir (Houldcroft, Rifkin ve Underdown, 2019).

3.8 Cinsiyet Tayininde Kullanılan Antik DNA Çalışmaları

Arkeolojik ve antropolojik çalışmalarda incelenen iskelet popülasyonlarının demografik özelliklerinin, özellikle de bireylerin cinsiyetlerinin bilinmesi iş bölümü, sosyal tabakalanma ve inanç sistemleri gibi boyutların daha iyi anlaşılmasını sağladığı için gereklidir (Skoglund ve ark, 2013). Bu amaçla fosillerden morfolojik ve osteometrik yöntemlerle cinsiyet tayini yapılmaktadır. Antik DNA çalışmalarına özellikle fosil buluntuların morfolojisinin anlaşılamadığı ya da osteometrik ölçümün yapılmasına imkân vermediği örneklerden ya da ikincil cinsiyet karakteristiklerinin tam olarak iskelete yansımadağı çocuk fosillerinden cinsiyet tayini yapılmasında başvurulmaktadır (Weiss, 2024). Moleküler çalışmalar ayrıca morfolojik ve osteometrik verilerin doğrulanması amacıyla da kullanılmaktadır.

Bir buluntudan Y kromozomuna özgü bir bölge olan “sex determining region Y” (SRY) bölgesine ait dizilerin elde edilmesi buluntunun elde edildiği bireyin biyolojik cinsiyetinin erkek olduğunu göstermektedir. Dışın enamel tabakasındaki ameloblast hücreleri tarafından salgılanan bir matris proteini olan amelogenin de cinsel dimorfik fenotipleri olduğu için cinsiyet tayininde kullanılmaktadır. Dişilere

özgü amelogenin proteini X kromozomunda bulunan “amelogenin X (AMELX)”, erkeklere özgü amelogenin proteini ise y kromozomunda bulunan “amelogenin Y (AMELY) geni tarafından kodlanan versiyonlardır (Skoglund ve ark, 2013).

3.9 Primat Çalışmalarında Kullanılan Antik DNA Çalışmaları

Antik DNA çalışmaları insan olmayan primatların evrimi ve filojenisi çalışmalarına sınırlı katkı yapmıştır. Henüz hominid olmayan primat paleogenomu dizilenmemiş ve tek tük çalışmalarda antik DNA elde edilmiştir (Veeramah, 2018). Bunun en önemli nedenlerinden biri primatların 16 aile, 79 cins ve 504 türe ayrılan kalabalık ve coğrafi olarak dağınık bir grup olmasıdır. Primat türlerinin üçte ikisi günümüzde çoğu tropikal yağmur ormanlarıyla çevrili olan Brezilya, Endonezya, Kongo Demokratik Cumhuriyeti ve Madagaskar’dadır. Bu bölgeler yüksek sıcaklık, yüksek nem ve asidik toprak nedeniyle DNA korunması için elverişli değildir. Primatların ortaya çıktığı Amazon, Kongo ve Güneydoğu Asya’nın yağmur ormanlarında fosil kayıt son derece azdır, daha çok fosil buluntu elde etmek için çalışma yürütmek de politik faktörler nedeniyle araştırmacılar için zordur. Son nedenle karşılaştırmalı analiz yapılmasını sağlayacak uygun bir referans genomunun olmamasıdır. Günümüzde tüm kuyuksuz iri maymunlar için yüksek kalitede referans genomu varken Eski Dünya maymunlarından yalnızca *Macaca mulatta*, *Cercocebus atys* ve *Chlorocebus aethiops sabaeus* olmak üzere üç türün referans genomu oluşturulmuştur (Veeramah, 2018).

Bu zorluklara rağmen literatürde en azından bazı genç örneklerden mtDNA elde edildiğini gösteren çalışmalar vardır. Aifat ve arkadaşları (2016) *Presbytis hosei* ve *Presbytis frontata* türlerine ait altı müze örneğinden elde ettikleri cilt dokusundan sitokrom B sekansı içeren mtDNA fragmanı dizilemiştir. Bu sekanslardan yola çıkarak *Presbytis* cinsi içindeki türlerin birbirine olan genetik uzaklığını ortaya koymaya çalışmışlardır. Bulgular, *P. hosei*’nin *P. chrysomelas* ve *P. frontata*’ya yakın olduğunu göstermiştir. Woods ve arkadaşları da (2018) soyu tükenmiş bir tür

olan *Xenothrix* 'ten mtDNA ve n kleer DNA fragmanları dizilemiř ve bu t r n Neotropikal maymunlarla uzaktan ilintili olmadıėını, ada ekosisteminde b y k  aplı bir v cut planı modifikasyonu ge irmiř bir titi maymunu olduėunu ortaya  ıkarmıřlardır.



DÖRDÜNCÜ BÖLÜM

TÜRKİYE’DE ANTİK DNA ÇALIŞMALARI

Türkiye’de antik DNA çalışmaları ilk kez 1990’larda adli bilimlerde kimlik tayini için iskeletlerden DNA elde etme çalışmalarıyla başlamıştır. 2000’lerin sonuna doğru kişisel motivasyonlarıyla alana giren moleküler biyologlar ile tıp ve diş hekimlerin antropoloji ve arkeoloji disiplinleriyle kazı buluntularını teslim almak dışında temas kurmadan gerçekleştirdiği bağımsız çalışmalarla ilerlemiştir (Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024). Erken çalışmalarda, kazı alanlarına ve oradaki iskelet popülasyonlarına dair derinlemesine bilgisi olmayan araştırmacılar çalışma yürütmüş ve sonuçlar bir bağlam üretmekten yoksun kalmıştır. Bu çalışmalar elde ettikleri diş ve kemik buluntularından DNA izole etmekteki teknik başarıları dışında alana bir katkı sunmamışlardır.

Türkiye’de moleküler biyoloji ve genetik bölümlerinin kısıtlı imkânlarla laboratuvar çalışmalarını yürütmesi, ilk antik DNA çalışmalarının teknik zorluklarla ve büyük ölçüde eksik yapılmasına neden olduğu için alandaki boşluğu yurt dışındaki kurumlar doldurmuştur. Türkiye’nin tarımın, hayvancılığın, ilk Neolitik kültürlerin ve Avrupa’daki avcı toplayıcı ve erken çiftçi popülasyonlarını etkileyen büyük göçlerin merkezlerinden biri olması buradaki buluntu yerlerini antik DNA çalışmaları için ilgi çekici hâle getirmiştir. Bu da antik DNA çalışmalarının daha büyük ölçüde parçalanmasına, ortak bir çalışmayı birbirinden daha bağımsız kişi ve kurumların yürütmesiyle daha büyük bir teorik ve pratik kopukluk yaşanmasına neden olmuştur.

2012 yılında kurulan ODTÜ-Hacettepe Antik DNA laboratuvarının antropoloji ve genetikten gelen uzmanların işbirliğiyle çalışmalar yürütülen bir laboratuvar olması bu sorunu bir ölçüde kapatmış ve bağlamı iyi kurulmuş, antropolojik ve genetik verilerin doğru bir kuramsal çerçeveye oturtulduğu disiplinler arası çalışmalar yürütülmeye başlamıştır.

Bu bölümde Türkiye’deki buluntularla hem Türkiye’den hem de yurt dışından araştırmacıların yaptığı antik DNA çalışmalarından bazıları derlenmiştir.

4.1 Türkiye’den Elde Edilen Örneklerle Yurt Dışında Yapılan Çalışmalar

Bu bağlamdaki ilk çalışma Jehaes ve arkadaşlarının Sagalassos antik kentindeki (Ağlasun, Burdur) iskelet popülasyonundan elde edilen diş ve kemik örneklerinden mitokondriyel DNA ile X ve Y amelogenini dizilediği çalışmadır (Jehaes ve ark., 1996; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024). İS 11. ila 13. yüzyıla tarihlendirilen bir gömü alanından elde edilen örneklerin morfometrik yöntemlerle yaş ve cinsiyetleri tayin edilmiş, araştırmacılar dört bireyden mtDNA HVR1 ve HVR2 bölgelerinin dizilerini elde etmişlerdir. Bu bireylerden ikisi aynı mezara gömülmüştür ve mtDNA dizileri yalnızca bir nükleotid bakımından farklıdır. Bu da araştırmacılara aralarında maternal bir ilişki olabileceğini düşündürmüştür. İskeletlerin ancak üçünün moleküler yöntemle cinsiyeti tayin edilebilmiş ve morfometrik yöntemlerle uyumlu sonuçlar alınmıştır.

2001’de Tell Kurdu Höyüğü’nden (Antakya, Hatay) elde edilen 14 iskelet örneğinin mitokondriyel genomunun HVRI bölgesi ve diş örneklerinden elde edilen amelogenin bölgesi dizilenerek moleküler cinsiyet tayini yapılmıştır (Yener ve ark., 2000; Özcan, 2010; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

2011’de Ottoni ve arkadaşları Sagalassos kazılarında elde edilmiş 53 iskelet örneğinden mitokondriyel DNA elde etmiş ve HVR1 ve HVR2 bölgelerini dizilemiştir. mtDNA haplogrupları tayin edilen bu bireylerden ikişer tanesinin maternal ilişkisinin olduğu bir başka bireye yakın gömüldüğü ortaya çıkarılmış, böylece gömü pratiklerine ilişkin veri elde edilmiştir. Bireylerin hepsi X (X, W ve N1b) ve R (R0a, H, V, HV, U, K, J and T) gibi Batı Avrupalıların karakteristik haplogruplarını taşımaktadır. (Ottoni ve ark., 2011; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

Bir diğer yurt dışında yürütülen çalışma Titriş Höyük (Karaköprü, Şanlıurfa) kazılarında elde edilen diş ve kemiklerin Hacettepe Üniversitesi DNA Laboratuvarı’nda analiz edilip DNA çıktığı bilinen örneklerin Coriell

Üniversitesi'nde dizilendiği çalışmadır (Matney ve ark., 2012; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024). Çalışmada, Bronz Çağı'ndan kalma bir morgda keşfedilmiş ve çoğunda kafa travması tespit edilmiş 19 bireyden DNA elde edilmiştir. Arkeolojik çalışmalar bu 19 bireyin birbiriyle ilgisiz olduğunu öne sürerken antik DNA verisi genetik olarak yakın olduklarını tespit etmiştir.

2014'te Rubini ve arkadaşları Kovuklukaya (Boyabat, Sinop) kazılarında elde edilen bir çocuk iskeletinin kranyumundan *M. leprae* bakterisine ait DNA örneği elde etmişlerdir (Rubini ve ark., 2014; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

Chyleński ve arkadaşları 2019'da Çatalhöyük (Çumra, Konya) antik kentindeki bir Neolitik yerleşim yerinde bulunan iskelet örneklerinden mitokondriyel DNA dizilemiştir. MtDNA bulguları evlerin altındaki mezarlara gömülü bireyler arasında maternal bir yakınlık olmadığını göstermiştir. Yazarlar bu durumu maternal soyların çok çeşitli olmasına ya da gömü pratiklerinin biyolojik akrabalık dışında bir kritere tabii olmasından kaynaklanabileceğini öne sürmüştür. Haplogrup tayini de yapılan çalışma bu popülasyonun Marmara Bölgesi'ndeki popülasyonlardan biriyle genetik yakınlığının fazla olduğunu ortaya koymuştur. Bu çalışma, Neolitik kültürün ortaya çıkması ve yayılmasında orta Anadolu'daki popülasyonların kilit bir rolünün olduğunun altını çizmiştir (Chyleński ve ark., 2019; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

4.2 Türkiye'den Elde Edilen Örneklerle Türkiye'de Yapılan Çalışmalar

Türkiye'de antropolojik örneklerden DNA eldesi çalışmaları 2007'de başlamıştır. Yoncatepe Kalesi ve Nekropolü kazılarında çıkan diş ve iskelet örnekleri üzerinde iki ayrı antik DNA çalışması gerçekleştirilmiştir. İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü'nde öğretim üyesi olan antropolog Mehmet İşcan ve aynı enstitüde görev yapan adli bilimci Havva Altunçul, Yoncatepe kazılarında elde edilen kemik ve iskelet örneklerinden DNA elde etmişlerdir. Bu çalışma, temiz odanın olmadığı İstanbul Üniversitesi Adli Tıp Enstitüsü Antropoloji Laboratuvarı'nda gerçekleştirilmiştir. Kontaminasyon sorununun üstesinden gelmek için standart moleküler biyoloji teknikleriyle sterilizasyon yapılmış, 2000'lerin

başında ortaya konan “blank extract” gibi kriterlere uyulmuş ve DNA, Pääbo’nun geliştirdiği silika ekstraksiyon yöntemiyle elde edilmeye çalışılmıştır. Bu çalışmanın elektroforez aşamasında bant görülmediği için kemik ve diş örneklerinden az miktarda DNA elde edildiği anlaşılmıştır. Kemikten çalışılacak miktarda DNA çıkmazken dişlerden çıkan DNA örneğini PCR ile biraz çoğaltmak mümkün olmuş ancak dizileme yapılmamıştır.

2009’da Aka ve Alakoç, Ankara Üniversitesi Adli Tıp Bilimleri’ne bağlı bir laboratuvarında kontaminasyona karşı UV ve kimyasallarla örnekleri sterilize ederek ve PCR ve diğer işlemleri ayrı laboratuvar bölümlerinde gerçekleştirerek Yoncatepe’den çıkan diş örneklerinden DNA elde etmişlerdir. DNA, diş örneklerinden standart moleküler biyoloji yöntemi olan fenol-kloroform yöntemiyle elde edilmiş, DNA miktarı spektrofotometre ile ölçülür ve PCR ile çoğaltılmıştır. PCR, birkaç örnekte amelogenin ve D8S1179 bölgeleriyle eşleşip bu bölgeleri çoğaltmıştır (Alakoç ve Aka, 2009; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

2010’da Selçuk Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü’nden Hasibe Çingilli Vural, Koranza antik kenti (Yatağan, Muğla) nekropol alanından elde edilen kemik örneklerinden standart moleküler biyoloji yöntemleriyle DNA izole etmiştir. DNA miktarı spektrofotometre ile ölçülmüş ve PCR ile çoğaltılmıştır (Vural, 2009; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024) 2010’da bu çalışma aynı antik kentten gelen diş, kemik ve hayvan kemiği örnekleriyle tekrarlanmıştır. DNA standart moleküler biyoloji teknikleriyle izole edilmiş, DNA miktarı spektrofotometre ile tespit edilmiş ve örnekler PCR ile çoğaltılmıştır. Vural, bu çalışmanın bir antik DNA laboratuvarında gerçekleştirildiğini belirtse de çalışmanın Moleküler Biyoloji ve Genetik bölümüne ait standart bir moleküler biyoloji laboratuvarında gerçekleştirildiği anlaşılmaktadır. Ancak UV irradyasyonu ve çamaşır suyuyla temizleme önlemleri alınmıştır. Bu çalışmada insan ve hayvan örneklerinden ilk kez mitokondriyel genomda bulunan sitokrom C oksidaz bölgesi dizilenmiş ve bu dizi kullanılarak tür tayini yapılmıştır (Vural ve Tırpan, 2010; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

Aynı yıl Alakoç ve arkadaşları Yoncatepe’den alınan dişörneklerinden DNA izole etmiş ve Faktör V Leiden hastalığına neden olan F5 geni bakımından heterozigot bir bireyin genini dizilemişlerdir. Bu çalışma Türkiye’de bir antik hastalığın etiyojisinin moleküler yöntemle ortaya çıkarıldığı ilk antik DNA çalışmasıdır (Alakoç ve ark., 2010; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

2011’de Sivas Cumhuriyet Üniversitesi Antropoloji ve Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü’nden Serdar Arslan, Ayşen Açikkol ve Ertan Mahir Korkmaz, benzeri önlemleri alarak standart moleküler biyoloji yöntemleriyle Oylum Höyük (Kilis) kazılarında elde edilen kemik örneklerinden X ve Y kromozomuna özgü gen bölgelerini çoğaltarak cinsiyet tayini yapmışlardır (Arslan, Açikkol ve Korkmaz, 2011; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

2012 yılında Hacettepe Üniversitesi ve Orta Doğu Teknik Üniversitesi’nin ortak çalışmasıyla Türkiye’nin ilk antik DNA laboratuvarı açılmıştır. Bu laboratuvar, kontaminasyon riskine karşı fiziksel olarak ayrı odalar kullanılan ve araştırmacıların girişinin sınırlandırıldığı bir antik DNA laboratuvarıdır. Yaka, 2015’te bu laboratuvarında Cemialo Sırtı (Beşiri, Batman) bireylerinden mitokondriyel DNA analizi çalışması yapmış ve HVR1 ve HVRII bölgelerini çoğaltıp dizilemiştir. Çalışmada diş ve kemik örnekleri kullanılan 9 bireyin 5’i H, 2’si HV, 2’si M haplogrubunu taşıdığı gösterilmiştir (Yaka, 2015; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024). 2017’de Kılınç ve arkadaşları tarafından Anadolu’da Neolitik döneme geçişin daha iyi anlaşılması için daha önce dizilenmiş 99 bireyin genomları kıyaslanmıştır. Neolitik başlarında (İ.Ö. 9. yy) bölgede olan orta Anadolu’luların yerli avcı toplayıcılardan köken almış bireyler oldukları, bölgeye göçle yerleşmedikleri hipotezleri doğrulanmıştır (Kılınç ve ark., 2017; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).

2020’de Tekeli ve arkadaşları Ankara Üniversitesi’nin Adli Tıp Bilimleri Laboratuvarı’nı kullanarak Türkiye’nin farklı farklı arkeolojik kazı alanlarından gelen iskeletler üzerinde Y kromozomuna özgü bir bölgeye göre cinsiyet tayini yapılmıştır (Tekeli ve ark., 2020; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024). Bu çalışma 90’lardan beri Türkiye’de yapılan iskelet üzerinden adli bilimlerin yöntemlerini kullanarak gerçekleştirilen bir çalışmadır.

2021’de Atılgan ve Arıcan, Zonguldak ve İstanbul Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik bölümlerinde Tlos (Fethiye, Muğla) kazılarında elde edilen iskelet örneklerinden mitokondriyel DNA dizilemiştir (Atılgan ve Arıcan, 2021; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024). 2022’de Altınışık ve arkadaşları Çayönü (Ergani, Diyarbakır) iskeletleri üzerinde akrabalık, genetik çeşitlilik vs. inceledikleri geniş kapsamlı bir çalışma yapmışlardır (Altınışık ve ark., 2022; akt. Altunçul, Bülbül ve Filoğlu; 2024).



SONUÇ VE TARTIŞMA

Antik DNA, çeşitli jeolojik devirlerde yaşamış çeşitli canlı türlerinden geriye kalan buluntulardan elde edilen ve pek çok disipline katkı sunan önemli bir disiplin olmasına rağmen Pääbo, Cooper ve Wilson gibi kurucuların vizyonu ile merkezine insan türlerinin biyolojik ve sosyal evrimini almış ve antropoloji ve genetiği birlikte daha yoğun şekilde içeren disiplinlerarası bir çalışma alanına dönüşmüştür.

Antropoloji ve biyoloji, antik DNA'dan önce, iki yüzyıldan uzun bir süredir teorik ve pratik olarak pek çok kez birbiriyle karşılaşmış iki disiplindir. Birinci karşılaşmaları 19. yüzyılda evrim teorisi ile olmuştur. Fizikî (günümüzde biyolojik) antropoloji insanın kökenlerini, insan türlerini ve belirli bir tarihi periyot boyunca insan ırklarını evrimci bir çerçevede ele almıştır. Antropoloji ve biyolojinin ya da artık biyolojinin yeni bir alt dalı olan genetiğin ikinci karşılaşması II. Dünya Savaşı sonrasında modern sentez ile olmuştur. Fizikî antropoloji, modern sentezin çizdiği epistemolojik çerçeveden yararlanarak ırk bilimi yerine insan evrimi ve insanın biyolojik çeşitliliğini çalışan bir disipline dönüşmüştür. Antropoloji ve genetiğin ya da bu kez de genetiğin içinde ortaya çıkan moleküler biyolojinin üçüncü karşılaşması 1960'lardan sonra gelişen insan genetiği çalışmaları ile olmuştur. Bu çalışmalar insan evrimi, filojenisi, tarih öncesi insan göçleri ve günümüzdeki insan çeşitliliğinin daha iyi anlaşılmasına katkı sunmuştur. Bu iki disiplinin son karşılaşması antik DNA ile olmuştur. Antik DNA çalışmaları, insan genetiği diskuruna diğer insan türlerini de dâhil etmiş; arkalarında taş aletler, kemikler ve dişler dışında neredeyse hiçbir iz bırakmamış bu insan türlerine dair tek başına arkeolojik ve antropolojik çalışmalarla erişilemeyecek bulgulara erişilmesini ve tarih öncesinin karanlıkta kalmış pek çok boyutunun aydınlatılmasını sağlamıştır. Antik bitki, hayvan ve mikroorganizmalardan elde edilen verilerden de yararlanılmasını ve eski insan topluluklarının yaşamlarının daha iyi anlaşılmasını da sağlamıştır. Bu tezde özellikle antropolojik ve arkeolojik yöntemlerin sınırlılıklarını aşarak insan evrimine ve geçmişine dair pek çok soruya yanıt veren antik DNA çalışmaları sıralanarak alanın bu yönüne vurgu yapmak da amaçlanmıştır.

Antropoloji ve genetik, antik DNA çalışmalarında ele alınan konular başta olmak üzere önemli ve kapsamlı pek çok kesişim alanı olan iki disiplinken aralarındaki ilişki disiplinler arası sınırlı işbirliklerinin ötesine geçmemiş, bu ortaklıklardan özgün bir sentez üretilmemiştir. Dolayısıyla, Demerec'in genetiğin antropoloji ve biyolojiyi yakınlaştıracığına dair öngörüsü büyük ölçüde gerçekleşmemiştir. Savaş sonrası atmosfer öjeni ve ırk bilimi gibi stigmatize edilmiş konulardaki ortaklıkları sona erdirdikten sonra antropoloji, arkeoloji ve sosyolojiyle iç içe bir sosyal ve beşeri bilim olarak, genetik ise özellikle insan genetiğini birey düzeyinde ve klinik bir çerçevede çalışan bir yaşam ve sağlık bilimi olarak yeniden yapılanmıştır. Bu nedenle antik DNA'nın ortaya çıktığı 1980'lerde bu iki disiplin arasında akademik ve profesyonel bir ortaklaşma hemen hemen yok gibidir.

İki disiplinin insan evrimi, biyolojisi ve davranışı gibi ortaklaştıkları konularda bir araya gelmemelerinin asıl nedeni iki disiplinin ürettikleri bilgi, kullandıkları yöntem ve çalışma alanları bakımından birbirlerinden uzaklaşmalarının ve ortak geçmişlerinin stigmatından sıyrılmak istemeleri değil, bu karşılaşmaların yaşandığı tarihsel dönemin entelektüel yaşama getirdiği kısıtlamalardır. 19. yüzyılın Batılı biyologları ve antropologları aynı habitusu paylaştıkları için disiplinler arası güçlü temaslar kurmuş, birbirlerini bilimsel ve felsefi yönden besleme şansı edinmişlerdir. Genetik bilimi ise sosyal bilimler ve doğa bilimler arasında keskin ayrımların yapıldığı 20. yüzyılda doğmuş, bu yüzyılın antropologları ve çiçeği burnunda genetikçileri dâhil oldukları parçalanmış entelektüel yaşamın gereksinimlerine uymuş ve kendi disiplinlerinin sınırlarının dışına çıkmamıştır. Bu yüzden modern sentezi doğuran çalışmalarda insan evrimini temsilen antropologlar sonradan ve sınırlı şekilde yer almış, Dobzhansky ve Tax gibi isimlerin öncülüğünde gerçekleşen akademik toplantılar, çalışmalar ve yayınlar bir yere varamamıştır. Hooton'ın, 1950 Cold Spring Harbor Sempozyumu'nda konuşan popülasyon genetikçilerinden sıkıldığı için öğrencisi Washburn'e *"Sherry, artık popülasyon kelimesini duymak bile istemiyorum!"* diye sitem etmesi bunun bir ironik bir örneğidir. Biyologların ve genetikçilerin baktığı yerden popülasyonlar, antropologların baktığı yerden ırklar ya da etnik gruplar olarak kategorize edilen nesneler esasen bu araştırmacıların da özne olarak mensubu oldukları insan topluluklarıdır. Ne var ki, adapte oldukları

entelektüel pratikler iki disiplinin mensuplarının aynı yere birbirlerinin merceğinden bakmalarına, birbirlerinin terminolojisini sahiplenmelerine ve nihayetinde birbirlerinin diskurlarına katkıda bulunmalarına engel olmaktadır.

Günümüzde de antik popülasyon genetiği çalışmaları bağlamında arkeoloji ve genetik arasında gerilimler yaşanmaya devam etmektedir. Aradan geçen on yıllar içinde söz konusu disiplinler popülasyon teriminin gerekliliği ve işlevselliği konusunda fikir birliğine varmış ancak bu terimin neye işaret ettiği konusundaki çatışmaları giderememiştir. “The Trouble with Ancient DNA” (İng. Antik DNA’nın Sorunu) kitabının yazarı arkeolog Anna Källén’a göre (2025) Willerslev gibi isimler, modern popülasyon genetiği yöntemlerinin uygulayamadıkları (eski insan topluluklardan kontrollü biçimde rasgele bireyler seçilerek genomlarının dizileyemedikleri) hâlde çok geniş bir zaman dilimi ve coğrafyadan elde edilen birkaç bireyin genomunun antik bir popülasyonu temsil ettiği varsayımıyla antik popülasyon genetiği çalışmaları yürütmekte, böylece bilimsel standartlara uygun olmayan yöntemler kullanarak güvenilmez çıkarımlar yapmaktadırlar. Antropogenetikçi Jennifer Raff’a göre antik DNA’cılar da kendi yöntemlerinin sınırlılıklarının aynı ölçüde farkındadır, *“paleogenetikçiler çoğu zaman tek bir genomdan gelen bilgiye dayanarak “insanlardan” bahsederken bu karakterizasyonun ne kadar gülünç olduğunu da kabul etmektedirler”* (2022). Burada dikkat çeken nokta, ne kadar sistematik yöntemler kullanılırsa kullanılsın geçmiş insan topluluklarına ait arkeolojik nesneler de rasgele ve kontrolsüz şekilde elde edileceği için arkeolojinin metodolojisinin de tabi tutulması gereken bir standart arayışının yalnızca genetik yöntemi, yani antik popülasyon genetiği çalışmalarını hedef alıyor gibi görünmesidir. Üstelik, bu eleştirinin, antik DNA çalışmalarında genom dizilemenin ne kadar uzun ve zorlu çalışmalar sonunda mümkün olduğunu ve antik popülasyon çalışmalarının arkeoloji ve antropoloji açısından hâlâ ne kadar önemli bir veri kaynağı olduğunu atladığı da eklenmelidir.

Arkeolojik ve moleküler yöntemin birbirine denk sınırlılıkları olmasına rağmen antik DNA’nın orantısız biçimde eleştirilmesinin başlıca nedeni ilk yıllarında yoğun bir medya ve kamuoyu ilgisine mazhar olmuş “yıldız” bir disiplin olarak doğan bu alanın arkeolojik çalışmaları ikincilleştirmesidir (Jones ve Bösl, 2021). Antik DNA,

henüz yollarının antropolojiyle kesişmediği Pääbo öncesi dönemlerde “gelecekte dinozorların yeniden canlandırılmasını sağlayacak” fantastik bir potansiyel taşıyan ancak doğa bilimlerinin savaş sonrası itibarı sayesinde bu potansiyeline itimat edilen bir “celebrity science” (İng. şöhretli bilim dalı) uzun süre medyayı, kamuoyunu ve kültür endüstrisini beslemiştir (Morell, 1993; Jones, 2018). Arkeoloji, antropoloji ve genetiği kesiştiren insan antik DNA’sı çalışmaları “*serüven ve gizemin Indiana Jonesvari cazibesıyla arkeolojiyi ve sağlam kanıtların metonimi ve yaşamın haritası olarak DNA’yı*” yani “*popüler kültürün iki ikonunu birleştirdiği için eşsiz bir ilgi çekme potansiyeli taşımaktadır*” (Källén, 2025). Bu da, antik DNA’nın arkeoloji ve antropolojik yöntemlerin tek başına uyandıramadığı ilgi ve heyecanı uyandırmasının önünü açmaktadır. Hedenstierna-Jonson ve arkadaşlarının 2017 yılındaki çalışmasının uğradığı akıbetin bu bağlamda örnek olarak verilmesi mümkündür. Hedenstierna-Jonson ve arkadaşları Birka’da (İsveç) bulunan bir Viking mezarından çıkan bir savaşçıya ait iskeletten nükleer DNA elde etmiş ve Y kromozomu olmayan bu bireyin kadın olduğunu ortaya koymuştur. Bu Viking savaşçısının kadın olduğu daha önce morfolojik ve osteometrik çalışmalarla ortaya çıkarılmış, yayını yapılmış ve yayın literatürdeki yerini almıştır. Söz konusu arkeolojik ve antropolojik çalışmalar bir medya ilgisine mazhar olmamışken, Hedenstierna-Jonson ve arkadaşlarının antik DNA çalışması yayınlanır yayınlanmaz büyük bir yankı uyandırmış; gazete haberlerinde, dijital sanat eserlerinde, belgesel film ve sinema filmi projelerinde ve çeşitli sosyal medya platformlarında kendine yer bularak sosyal medya, geleneksel medya ve kültür endüstrisini epey meşgul etmiştir. Bu eleştiriler, antik DNA’nın gerçek potansiyeli ve kapsamını aşan ve çarpıtan bir retorik üretilmesinden arkeologlar ve antropologlar kadar (medya ilgisi ve maddi karşılık beklentisiyle alana çekilen ilk araştırmacılar veya Reich gibi medyatik isimler hariç tutulursa) genetikçilerin de rahatsız olduğu, Pääbo gibi kurucu isimlerin kariyerlerinin erken dönemlerini antik DNA’yı Jurassic Park mirasından sıyırmaya harcadığı ve bu medya ilgisinin esas sorumlusunun genetik bilimciler olmadıkları atlanmadan yapılırsa daha anlamlı olacaktır (Callaway, 2018; Källén, 2025). Bir genetikçinin Källén’a (2025) “*Kimse bakterilerin hücre duvarındaki peptidoglikan tabakaya dair bir şey okumak istemiyor. Belki bu daha önemli bir şey, hatta muhtemelen çok daha önemli bir şey ama sokaktaki insan bunu okumuyor. İnsanlara*

ancak mamutlar ya da krallarla ilgili güzel bir hikâye yazarsanız okuyor.” sözleriyle ifade ettiği gibi bilimsel çalışmalar söz konusu olduğunda da kitlelerin talepleri kendi arzını yaratmaktadır.

Antik DNA’nın ayrıcalıklı konumu, bir parçasıyla teknik ilerlemeye duyulan ölçüsüz hayranlıkla karakterize olan 20. yüzyılda ortaya çıkmış genetik ve moleküler biyoloji bilimlerinin edindiği itibara dayanmaktadır. Doğa bilimleri ve sosyal bilimler arasındaki modernist ayrımın veçhelerinden biri, 20. yüzyıl boyunca, doğa bilimlerinin daha standardize ve güvenilir veri ürettiğine, bu nedenle sosyal bilimler karşısında kaçınılmaz bir üstünlüğünün olduğuna dair kolektif bir kanaat oluşmasıdır. Savaş sonrası dönemde yükselen genetik, bilim ve teknolojinin insan yaşamını iyiye götürecektir şekilde ilerlemesine tanıklık etmenin coşkusuyla sarılmış bir ortamda insan yaşamının “kodlarını” ortaya çıkarmayı ve gerektiğinde “düzeltmeyi ve iyileştirmeyi” vaat ederek özgün ve ayrıcalıklı bir konum elde etmiştir. 20. yüzyıl, bir ifadeyle, “DNA yüzyılı” olmuştur (Meloni, 2016). DNA ya da genler kültürel imgeler olarak popülerize olmuş ya da bir diğer ifadeyle “ikonlaşmıştır” (Van Dijck, 1998; Nelkin ve Lindee, 1999; Roberts ve ark, 2019). Antik DNA, bu kolektif tutum sayesinde, antropoloji ve arkeolojinin uzun süredir pek çok standardize yöntemle hâli hazırda profesyonel biçimde bilgi ürettiği alanlarda bilimsel bir otorite hâline gelmiştir. Erken çalışmaların başarısı sıkça “antik DNA devrimi” veya “antik DNA mucizesi” olarak tanımlanmış, disiplinin geleneksel yöntemlere alternatif olarak gösterdiği başarılar mezkûr modernist önyargıyla egzajere edilmiş, hatta antik DNA’nın doğuşu o güne değin büyük ölçüde arkeolojik ve antropolojik yöntemlerle kat edilmiş mesafe neredeyse bir çırpıda görünmezleştirilerek “arkeolojide/insan evriminde bir devrim” olarak nitelendirilmiştir (Gibbons, 2015; Källén ve ark, 2019; Society for American Archaeology (SAA), 2019; Källén, 2025).

Sosyal bilimler ve doğa bilimleri arasındaki modernist ayrımın bir sonucu da, antik DNA’nın bir kesişim alanı olarak (biyolojik antropoloji kadar doğrudan olmasa da) sosyal ve kültürel antropoloji hatta sosyoloji gibi diğer alt dalları da içerdiği hâlde bu disiplinlerle nispeten daha kopuk ve gerilimli ilişkiler kurmasına neden olmasıdır. Boas’ın savunucusu olduğu, insanı hem biyolojik hem de kültürel

perspektiften anlamaya dönük bütüncül (holistik) antropoloji perspektifi bu ayrım nedeniyle neredeyse hiçbir zaman inşa edilememiş ve antropolojiyi kimlik çatışması yaşayan çelişik bir alan hâline getirmiştir. Biyolojik antropolojinin uzun bir süre öjeni ve ırkçılıkla iç içe bir disiplin olması sosyal ve kültürel antropoloji tarafından stigmatize edilmesine ve iki alanın daha da ayrışmasına neden olmuş, sosyal ve kültürel antropoloji ile biyolojik antropolojinin ortak çalışmaları sınırlı kalmıştır (Borofsky, 2002). Sosyal ve kültürel antropologlar evrimsel biyolojinin diskuruna ve biyolojik antropolojiyle olan kesişim alanlarına genel olarak ilgisizdir (Buetter-Janusch, 1969). Bu da insan evrimine dair birbiriyle diyalektik ilişki kuramayan karşıt anlatıların üretilmesine neden olmuştur. Tax, bu akademik manzarayı “*İnsan evrimi kültürün insanın biyolojisine eklenmesini de içerir. İnsan düzeyinde kültürel evrim farklı bir şeydir. Antropologlar birincisini sorgusuz sualsiz kabul ederken ikinci hususta bölünürler.*” eleştirisiyle tarif etmiştir (Smocovitis, 2012). Tax’ın bu eleştiriyi yaptığı yıllardan günümüze, sosyal ve kültürel antropoloji ile biyolojik antropoloji arasında gerilim ve yalıtılmışlık artmıştır (Borofsky, 2002). Bunun sonucunda, postmodern akademik üretimin doğasına uygun biçimde insanın biyolojik ve sosyal yapısını daha da parçalı ve bölünmüş bir biçimde çalışan daha kopuk bir antropoloji diskuru ortaya çıkmıştır. Bu postmodern parçalanmışlık, sosyal ve kültürel antropolojinin biyoloji ve genetikle olan mesafesini daha da arttırmış ve iki alan arasındaki çatışmaları daha da şiddetlendirmiştir. Calcagno’ya göre artık sosyal ve kültürel antropologların “*bir popülasyon genetiği makalesine verecekleri tek karşılık DNA’nın hegemonik beyaz erkeklerin hayal gücünde yarattığı bir şey olduğu*”dur (Calcagno, 2003). Sosyal ve kültürel antropologların genetiğe olan ilgisizliklerinin birebir karşılığı biyologlar, moleküler biyologlar ve genetik bilimcilerde de bulunmaktadır. Bu alanlardan gelen bilim insanlarının çoğu kendi alanlarının metodolojisi ve epistemolojisine gömülmüş durumdadır ve arkeoloji ve antropolojiye duydukları ilgi sınırlıdır. Kuper ve Marks (2011) bunu şöyle ifade etmektedir: “*Biyologlar genetik, sinirbilim, primatoloji veya evrim teorisindeki yeni gelişmeleri takip ederler. Arkeolojiye -belki çok eski insanların arkeolojisi hariç- veya etnografyaya, seks ve şiddet hakkındaki bilgi parçacıkları hariç, pek ilgi göstermezler. Bazıları, eğer zaman ayırabilselerdi, kültürel antropolojiye biraz evrimci anlayış katabileceklerini düşünüyor gibidir ancak bunun için de çok*

meşgullerdir.” Bunların ışığında, sosyal ve kültürel antropolojiyle işbirliği yapan ve birlikte söylem üreten bir antik DNA disiplininin irrasyonel bir akademik beklentiden ibaret olduğu anlaşılmaktadır.

Arkeoloji, antropoloji ve genetiğin kesiştiği alanlarda çalışan, böylece “sınırın öte tarafındaki” disiplinin teorisi ve pratikleriyle muhatap olan arkeologlar, antropologlar, moleküler biyologlar ve genetik bilimciler ise çoğunlukla hâkim olmadıkları “ötekinin” metodolojisine dair kuşkucu, indirgemeci, yer yer karikatürize eden ve (özellikle genetik bilimciler söz konusu olduğunda) üstenci bir tavır geliştirmektedir. İngiliz antropolojisindeki yerine değindiğim Thomas Henry Huxley’in, 1883 gibi erken bir tarihte “*bilimi sanatı tehdit eden bir canavar, bilim insanını da onu kurtaran bir kahraman*” olarak görmesi bu bağlamda anlamlıdır (ve sonraki yüzyılın ethos’unun anakronik bir habercisidir). Bu tutumun güncel bir uzantısı da antik DNA Reich’in kendisini “arkeologlara antik DNA teknolojisini getiren bir ebe” olarak tanımlaması ve arkeologları Ludist gibi davranmayıp bu teknolojiyi kucaklamaya çağırmasıdır (Callaway, 2018; Källén ve ark., 2021).

Disiplinlerası temassızlık nedeniyle arkeolog ve antropologların antik DNA çalışmalarına paydaş olarak dâhil edilmemeleri, bambaşka bir formasyonlarının olması nedeniyle genetik veriyi anlama ve yorumlama becerilerinin kısıtlı olması ve bunun sonucu olarak yanlış değerlendirmeler yapabilmeleridir. Bu iletişimsizliğin en iyi anlaşılabilirdiği örneklerden biri, 1990’larda Pääbo’nun laboratuvarının antropologlar arasında popüler olmasıyla laboratuvarında etnografi çalışması yapmaya giden antropolog Amade M’charek’in tanıklıklarıdır. M’charek, etnograf olarak katıldığı laboratuvar toplantılarında tartışılan pek çok şeyi anlamamış, çoğunu sonradan Krings ve Pääbo başta olmak üzere diğerlerine sorarak antik DNA çalışmalarının çoğunu aslında yanlış anladığını fark etmiştir. Örneğin, Krings’in Neandertal mtDNA’sını dizilediği çalışmasında tüm mtDNA dizisinin elde edildiğini düşünürken aslında yalnızca HVRI bölgesinin dizilendiğini çok sonra anlayabilmiştir (M’charek, 2005). Källén, arkeologların da benzer bir durumda olduğunu, çalışmaların materyal ve metod kısımlarını anlamayacaklarını düşündükleri için doğrudan atlayıp sonuç kısmını okuduklarını ve bu yüzden çalışmaları doğru şekilde değerlendiremediklerini söylemektedir. Antik DNA çalışmalarının “soru odaklı”

(question driven) çalışmalardan metagenomik verilerin yazılım dilleri yardımıyla analiz edildiği “veri odaklı” (data driven) çalışmalara kayması bu durumu daha da kötüleştirmiştir (Jones, 2022). Källén’a göre “*genetik laboratuvarının dışındaki pek çok insana zaten muğlak gelen bu araştırma alanında biyoinformatiğe olan kayma kara kutunun duvarlarını kalınlaştırmış ve DNA analizlerinin (arkeolog ve antropologların) içgörülerden yararlanmasını daha da zor hâle getirmiştir*” (2025).

Antropoloji ve arkeoloji alanındaki insanların antik DNA çalışmalarına karşı ilgisizliği ya da tepkiselliği açıklanabilir ve anlaşılabilir olmakla birlikte bu durumun medya ve kamuoyunun tersine savrulmalarına ve bu çalışmaların yaptığı katkıyı hiçleştirmeye dönük bir tavır üretmelerine neden olma riski olduğu unutulmamalıdır. Moleküler veri antropolojik ve arkeolojik veriyi her bağlamda aşan ve tüm sorulara cevap veren bir İngiliz anahtarı değildir. Tüm manuel hatalardan ve yanlışlıklardan arındırılmış saf bir bilgi üretimi pratiği de sunmamaktadır. Antik DNA çalışmalarında çoğu zaman kişisel yorumlar, bakış açıları ve yanlışlıklar çalışmanın bulgularını etkileyebilmektedir. Neandertal-insan çiftleşmesine dair aynı SNP verisinin farklı çıkarımlara neden olması bunun bir örneğidir. Bunun yanı sıra, antik DNA çalışmalarının da alandaki araştırmacıların sürekli altını çizdikleri ve aşmak için disiplinin başlangıcından biri titiz ve sabırlı bir çaba gösterdikleri teknik sınırlılıkları da vardır. Ancak tüm bu boyutlar, genetik çalışmaları önyargılı biçimde alandan dışlamak için değil, moleküler veriye gereğinden fazla itimat ederek gerçekte aramızdaki mesafeyi açmaktan kaçınmak için vurgulanmalıdır. Antik DNA çalışmalarının çeşitli alanlarda pek çok kritik soruya cevap ürettiği ve doğru bir bağlamda yürütülürse üretmeye devam edeceği göz ardı edilmemelidir.

Bu bağlamda, Lazaridis ve arkadaşları da (2022) Güney Arkı çalışmasında yazılı kaynaklarla antik DNA’dan elde edilen bilgiyi karşılaştırırken benzer bir vurgu yapmaktadır:

“Bu çalışmada, geçmişteki devletlerde ve imparatorluklarda yaşayan insanlar hakkında üçüncü bir bilgi kaynağı sağlamak için antik DNA’nın gücünden yararlanıyoruz. Bu veçhelerin çoğu, anlattıkları olayların zamanına yakın bir zamanda yazılmış antik metinlerde kaydedilmiş veya ima edilmiştir. Ancak, hiçbir

metin tamamen nesnel değildir ve tüm metinler kaçınılmaz olarak yazarların önyargıları ve dünya görüşleri tarafından şekillendirilir. Antik DNA, kendi güçlü ve zayıf yönleriyle bağımsız kanıtlar sunar ve kendi başına geçmişin bir resmini çizemez. Bununla birlikte, antik metinleri ve arkeolojiden gelen kanıtları tamamlar. Genetik verileri kullanarak, geçmiş süreçler hakkında, özellikle insanların hareketleri ve biyolojik fenotipler açısından, bu tür veriler olmadan mümkün olabilecekten daha ayrıntılı bir izlenim elde etmeyi umabiliriz.”

Antik DNA, daha başka şekilde inşa edilmiş entelektüel zeminlerde antropoloji ve genetiğin ortak vizyonunun ve işbirliğinin ürünü olarak doğabilecek bir disiplinken birbirinden bağımsız birkaç moleküler biyoloğun ve hekimin kişisel vizyonunun ve tesadüfi başarılarının sonucu olarak ortaya çıkmış ve iki disiplin içinde kendine ayrı ayrı sonradan edinmiştir. Pääbo, 1984'te Uppsala Üniversitesi'nde tıp eğitimi alırken eski Mısır dillerine duyduğu kişisel ilginin sonucu olarak, tarihe geçen ilk antik DNA çalışmalarından biri olarak andığımız mumya çalışmasını, laboratuvarındaki diğer arkadaşlarından gizli şekilde gerçekleştirmiştir (Pääbo, 2014). Çünkü 20. yüzyılın entelektüel yaşamı Pääbo gibi yetenekli ve adanmış bilim insanlarına geçmişte ve günümüzde yaşayan insan topluluklarını biyolojik ve kültürel olarak bütünüyle ele alabilecekleri, genetik yapılarını inceledikleri insanların dillerine ve kültürlerine dair veri elde edebilecekleri ve bilgi üretebilecekleri bir akademik faaliyet modeli sunamamıştır. Dahası, arkeolojiye duyduğu çekime karşı koyamayarak antik DNA alanının kurucularından biri olmasına rağmen bizzat Pääbo de antropologlara dair profesyonel önyargılarından arınamamıştır. M'charek, yayını yaptıkları bir dizinin neye dayanarak önerildiğini sorduğunda kahkaha atmış ve “*dizinin önerilmediğini, tespit edildiğini, işte yapısalcılar ve genetikçiler arasındaki farkın da bu olduğunu (bir taraf öneride bulunurken diğer tarafın tespit ettiğini)*” söylemiştir (M'charek, 2005).

Antik DNA'nın disiplinler arası çalışma alanı olarak gelişme imkânı bulamaması, alanda çalışanları da pek çok açıdan olumsuz etkilemektedir. Antik DNA araştırmacıları hâlâ sosyal bilimlerle biyolojik bilimlerin arasında sıkışıp kalmış hissetmekte, dahası kendilerini ikisine birden ait görmemektedirler. Araştırmacıların çoğu “*bir gün Sibiry'a'nın geçmiş bitki örtüsünü, başka bir gün Yeni Dünya'da ilk*

göç eden insanların etnisitesini” çalışan moleküler biyologlardır ve çeşitli kaynaklardan elde edilmesi zor DNA fragmanlarını elde edebilen yetenekli insanlar olmak dışında bir katkı yaptıklarını hissedemedikleri için akademik anlamda bir kimlik krizi yaşamaktadırlar. İki alan arasında somut bir ortaklık kurulmamış olması bu araştırmacıların istihdam edilme ve araştırma desteği bulmalarını da zorlaştırmaktadır. Araştırmacılar, içinde bulundukları disiplini öylesine dağınık bir alan olarak görmektedir ki, yeni nesil dizileme yöntemlerinin gelişmesiyle kontaminasyon sonucunun büyük ölçüde bitmesinin antik DNA araştırmacılarını birleştiren en önemli unsurlardan birini, adeta disiplinin “epistemolojik çatısını” ortadan kaldırdığını düşünmektedir (Jones, 2022).

Antropoloji, arkeoloji ve genetik arasındaki profesyonel ve entelektüel çatışmaların ve kopuklukların çözümü bu disiplinlerin akademinin imkânları içinde bilgi üretimine dâhil olan modernist ikilikleri ve postmodernist parçalanmaları aşarak eşit hızda çalışabilecekleri karşılaşma olanaklarını arttırmaktan geçmektedir.

Bunun için atılan önemli adımlardan biri Algee-Hewitt ve Goldberg’ın antropolog ve genetikçileri 2016 yılında Missouri’de (ABD) düzenledikleri “Thinking Anthropologically about Genetics” (İng. Genetik Hakkında Antropolojik Düşünmek) sempozyumunda bir araya getirmeleridir (Algee-Hewitt ve Goldberg, 2016). Antropoloji ve genetiğin kesişim alanlarında çalışan bilim insanlarının bu disiplinlerin birbirinden farklı yöntemlerini birleştirmenin getirdiği zorlukları kabul ederek interdisipliner imkânlar bulmaları gerekmektedir.

Benzeri bir efor da 2018-2021 arasında Stockholm Üniversitesi’nde (İsveç) yürütülen “Code Narrative History: Making Sense of Ancient DNA in Contemporary Society” projesidir. Proje, hem beşeri ve sosyal bilimlerden hem de genetik alanından gelen birçok profesyoneli hem yüz yüze hem de çevrimiçi olarak bir araya getirip uzun ve verimli tartışmalarla alandaki karşılıklı önyargı ve karikatürizasyonların önüne nasıl geçileceğini ve antik gen dizilerinden yola çıkarak nasıl anlamlı tarihi anlatılar oluşturulacağını anlamaya çalışmıştır. Tartışmalardan, genetik kökenli olmayan araştırmacıların laboratuvar ortamlarında daha çok var olmalarının, genetik çalışmaları eleştirirken alanlarına içkin “sorunsallaştırıcı”

tavirdan uzak durmalarının yararlı olacağı sonucunu çıkmıştır (Strand ve Källén, 2024).

Bu çalışmalar, umut verici oldukları ölçüde dar kapsamlı ve çözüm bulma potansiyelleri bakımından sınırlıdır. Antik DNA'nın geleceğine dair daha etkili işbirlikleri kurulması için arkeoloji, antropoloji ve genetik alanından gelen araştırmacıların birlikte çalışabilecekleri eğitim ve araştırma kurumları inşa edilmelidir. Antik DNA'cılar, bireysel motivasyonlarıyla akademik göçler yaparak değil, lisansüstü eğitim hayatlarının olabildiğince erken dönemlerinde böyle disiplinlerarası kurumlarda eğitim ve araştırma faaliyetleri yürüterek yetiştirilmelidir. Mulligan'a göre (2017) *“her antik DNA çalışması arkeologlar, fizikî antropologlar, dilbilimciler ve ilgili araştırmacılardan gelen özel geri bildirimlerle dikkatlice planlanmalı genetik dışı analizlere uygun olmayan iyi korunmuş örneklerin berraklıkla yanıt verebileceği sorulara odaklanmalıdır”*. Arkeologlar, antropologlar ve genetikçilerin birbirleriyle temas etmediği ve işbirliği yapmadığı, kazı alanları ve laboratuvarlardan ayrı ayrı gelen bulguların birleştirilmesiyle elde edilen kırkyama çalışmaların antik DNA'nın potansiyelini sınırlandırdığı göz ardı edilmemelidir.

Antik DNA çalışmalarının odaklandığı topluluklar biyolojik, sosyal ve kültürel boyutlarıyla bir bütündür ve bütünlükleriyle anlaşılmalı hak etmektedirler. Bunun için bu alanda çalışanlar *“ortak çalışmalarını başarı ile sürdürmek için birbirlerine uygun metot ve teknik geliştirmek zorundadırlar”* (İşcan ve ark, 2020). Geçmişin aksine ortak sempozyumlar sınırlı karşılaşmalar ve kahve sohbetlerinden ibaret kalmamalı; disiplinler epistemolojik çatışmaların yarattığı zorluklara rağmen karşılıklı anlayış, işbirliği arayışı ve uyumla çalışmayı ve ortak bir anlatı üretmeyi başarmalıdır. İnterdisipliner bir köprü, tanımı gereği birbiriyle bağlantısı olmayan iki disiplin arasında kurulacaktır. Bunun sorumluluğu iki disipline de emek veren tüm paydaşlara düşmektedir.

KAYNAKÇA

- AIFAT, N. R., YAAKOP, S., & MD-ZAIN, B. M.: 2016 "Ancient DNA analyses of museum specimens from selected Presbytis (Primate: Colobinae) based on partial Cyt b sequences." AIP Conference Proceedings 1784(1), 060024.
- ALAKOÇ, Y. D., VE AKA, P. S.: 2009 "‘Orthograde Entrance Technique’ to Recover DNA from Ancient Teeth Preserving the Physical Structure." Forensic Science International, 188(1-3), 96-98.
- ALAKOÇ, Y. D., AKA, P. S., EĞİN, Y., VE AKAR, N.: 2010 "Factor V Leiden in an Urartian, Dating Back to 1000 BC," Clinical and Applied Thrombosis/Hemostasis, 16(6), 679-683.
- ALARCÓN, M., & ALDASORO, J. J.: 2015 "Genetic Diversity of Plants Used for Food in the Mediterranean." The Mediterranean Diet, Academic Press, 601-610.
- ALGEE-HEWITT, B. F., & GOLDBERG, A.: 2016 "Better together: Thinking anthropologically about genetics." American Journal of Physical Anthropology, 160(4), 557-560.
- ALTINIŞIK, N. E., KAZANCI, D. D., AYDOĞAN, A., GEMİCİ, H. C., ERDAL, Ö. D., SARIALTUN, S., ... VE SOMEL, M.: 2022 "A Genomic Snapshot of Demographic and Cultural Dynamism in Upper Mesopotamia During the Neolithic Transition," Science Advances, 8(44).
- ALTUNÇUL, H., BÜLBÜL, Ö., VE FİLOĞLU, G.: 2022 "Antik DNA: Geçmişin Yankılarında DNA’nın İzini Sürmek," Antik DNA’da Kimliklendirme içinde (ed. Vural B., Yurdagül G. E., ve Akçapınar G. B.), 2. Baskı, Ginko Bilim.
- ANTHONY, D. W.: 2023 "Ancient DNA and Migrations: New Understandings and Misunderstandings," Journal of Anthropological Archaeology, 70, 101508.

- ARSLAN, S., AÇIKKOL, A., VE KORKMAZ, E.: 2011 "The Optimization of aDNA Extraction Protocol and Sex Determination of Bronze Age Individuals from Oylum Höyük (Kilis, Turkey)," *Turkish Journal of Biology*, 35(6), 647-653.
- ASLIHAN YENER, K., EDENS, C., CASANA, J., DIEBOLD, B., EKSTROM, H., LOYET, M., VE ÖZBAL, R.: 2000 "Tell Kurdu Excavations 1999," *Anatolica*, 26, 31-117.
- ATILGAN, U. C., ARICAN, E.: 2021 "Tlos (Fethiye/Muğla) Kazılarında Bulunan İskeletlerde Moleküler Analizler," *Socrates Journal of Interdisciplinary Social Studies*, 8, 11-22.
- AYALA, F. J.: 2023 "Two Revolutions: Copernicus and Darwin," *Genetika*, 55(2), 775-784.
- BARTON, N. H.: 2022 "The 'New Synthesis'," *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 119(30).
- BEADLE, G. W., TATUM, E. L.: 1941 "Genetic Control of Biochemical Reactions in *Neurospora*," *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 27(11), 499-506.
- BECK, S., POHL, F. M.: 1984 "DNA Sequencing with Direct Blotting Electrophoresis," *The EMBO Journal*, 3(12), 2905-2909.
- BENNER, S. A.: 2010 "Defining Life," *Astrobiology*, 10(10), 1021-1030.
- BERGER, E., & PECHENKINA, K.: 2018 "Bioarchaeology of China: Bridging biological and archaeological inquiries," *Archaeological Human Remains: Legacies of Imperialism, Communism and Colonialism*, 25-43.

BERNASCONI, R.: 1999	“İrk Kavramını Kim İcat Etti: Felsefi Düşünce İrk ve İrkçilik” içinde “İrk Kavramını Kim İcat Etti? Aydınlanmanın İrkı İnşa Edişinde Kant’ın Rolü”, Metis Yayınları, 33-66.
BERRY, A., BROWNE, J.: 2022	"Mendel and Darwin," Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 119(30).
BLÖCHER, J., BRAMI, M., FEINAUER, I. S., STOLARCZYK, E., DIEKMANN, Y., VETTERDIETZ, L., ... & BURGER, J.: 2023	“Descent, marriage, and residence practices of a 3,800-year-old pastoral community in Central Eurasia.” Proceedings of the National Academy of Sciences, 120(36).
BOER, L. L., NAUE, J., DE ROOY, L., & OOSTRA, R. J.: 2017	“Detection of G1138A mutation of the FGFR3 gene in tooth material from a 180-year-old museological achondroplastic skeleton”, Genes, 8(9), 214.
BOGORAD, L.: 1998	"Discovery of Chloroplast DNA, Genomes and Genes," Discoveries in Plant Biology, 15-43
BOLLONGINO, R., BURGER, J., POWELL, A., MASHKOUR, M., VIGNE, J. D., & THOMAS, M. G.: 2012	“Modern taurine cattle descended from small number of near-eastern founders.” Molecular biology and evolution, 29(9), 2101-2104.
BOROFSKY, R.: 2002	“The four subfields: Anthropologists as mythmakers.” American Anthropologist, 104(2), 463-480.
BOULTON, F.: 2015	“Blood transfusion and the World Wars”. Medicine, Conflict and Survival, 31(1), 57-68.
BOWLER, P.J.: 1971	"Preformation and pre-existence in the seventeenth century: A brief analysis," Journal of History of Biology, 4, 221–244.

BOWLER, P.J.: 1993	"The Invention of Progress: The Victorians and the Past", Bulletin of Science, Technology & Society, 13(3), 166.
BOWLER, P. J.: 2015	"The Mendelian revolution : the emergence of hereditarian concepts in modern science and society", Bloomsbury Press.
BOWLER, P.J.: 2020	"Evolution: The History of an Idea", 3. baskı, University of California Press,
BOYD, W.C., BOYD, L.G.: 1934	"An Attempt to Determine the Blood Groups of Mummies", Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine, 31(6), 671-672.
BOYD, W.C.: 1963	"Four Achievements of the Genetical Method in Physical Anthropology", American Anthropologist, 65(2), 243-252.
BOYLAN, M.: 1986	"Galen's Conception Theory", Journal of the History of Biology, 19(1), 47-77.
BRAMANTI, B., THOMAS, M. G., HAAK, W., UNTERLÄNDER, M., JORES, P., TAMBETS, K., ... & BURGER, J.: 2009	"Genetic discontinuity between local hunter-gatherers and central Europe's first farmers", Science, 326(5949), 137-140.
BROWN, E.: 2000	"Socrates the Cosmopolitan", Stanford Agora: An Online Journal of Legal Perspectives, 1(1), 74-87.
BROWN, T. A.: 1999.	"How ancient DNA may help in understanding the origin and spread of agriculture", Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 354(1379), 89-98.
BRUES, A. M.: 1954	"Selection and polymorphism in the A-B-O blood groups", American Journal of Physical Anthropology, 12(4), 559-598.

BUETTNER-JANUSCH, J.: 1969	"Division Of Anthropology: The Nature And Future Of Physical Anthropology", Transactions of the New York Academy of Sciences, 31, 128-138.
BULMER, M.: 1999	"The development of Francis Galton's ideas on the mechanism of heredity", Journal of the History of Biology, 32(2), 263–292.
BÄR, W., KRATZER, A., MÄCHLER, M., & SCHMID, W.: 1988	"Postmortem stability of DNA", Forensic Science International, 39(1), 59-70.
CALCAGNO, J. M.: 2003	"Keeping biological anthropology in anthropology, and anthropology in biology", American Anthropologist, 105(1), 6-15.
CALLAWAY, E.: 2018	"Divided by DNA: The uneasy relationship between archaeology and ancient genomics", Nature, 555(7698), 573-576.
CANN, R., STONEKING, M., & WILSON, A.: 1987	"Mitochondrial DNA and human evolution", Nature, 325, 31–36.
CASSIDY, L. M., MAOLDÚIN, R. Ó., KADOR, T., LYNCH, A., JONES, C., WOODMAN, P. C., ... & BRADLEY, D. G.: 2020	"A dynastic elite in monumental Neolithic society", Nature, 582(7812), 384-388.
CAVALLI-SFORZA, L.: 2005	"The Human Genome Diversity Project: past, present and future", Nature Reviews Genetics, 6, 333–340.
CHARLESWORTH, B., & CHARLESWORTH, D.: 2009	"Darwin and Genetics", Genetics, 183(3), 757–766.
CHELOMINA, G. N.: 2006	"Ancient DNA", Russian Journal of Genetics, 42(3), 219-233.

CHYLEŃSKI, M., EHLEER, E., SOMEL, M., YAKA, R., KRZEWIŃSKA, M., DABERT, M., ... & MARCINIAK, A.: 2019	"Ancient mitochondrial genomes reveal the absence of maternal kinship in the burials of Çatalhöyük people and their genetic affinities", <i>Genes</i> , 10(3), 207.
CIUREA, A. V., GLAVAN, L. A., COSTIN, H. P., COVACHE-BUSUIOC, R. A., & BREHAR, F. M.: 2024	"Celebrating 70 years of DNA discovery: exploring the Blueprint of Life", <i>Journal of Medicine and Life</i> , 17(4), 387–391.
COBB, M.: 2006	Heredity before genetics: a history", <i>Nature Reviews Genetics</i> , 7(12), 953–958.
COOPER, A., RAMBAUT, A., MACAULAY, V., WILLERSLEV, E., HANSEN, A. J., & STRINGER, C.: 2001	"Human origins and ancient human DNA", <i>Science</i> , 292(5522), 1655-1656.
DAHLM, R.: 2005	"Friedrich Miescher and the discovery of DNA", <i>Developmental Biology</i> , 278(2), 274–288.
DARDEN, L.: 1977	"William Bateson and the promise of Mendelism", <i>Journal of the History of Biology</i> , 10, 87–106.
DARWIN, C.: 1885	"The variation of animals and plants under domestication" Volume 2, <i>Daya Books</i> .
DE CHADAREVIAN, S.: 2014	"Chromosome surveys of human populations: between epidemiology and anthropology", <i>Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences</i> , 47, 87-96.
DE MARRAIS, R.: 1974	"The Double-Edged Effect of Sir Francis Galton: A Search for the Motives in the Biometrician-Mendelian Debate", <i>Journal of the History of Biology</i> , 7(1), 141–174.

DHALL, A. & CHATTERJEE, C.: 2011	"Chemical Approaches to Understand the Language of Histone Modifications", ACS Chemical Biology, 6 (10), 987-999.
DING, Q., HU, Y., XU, S., WANG, C. C., LI, H., ZHANG, R., ... & JIN, L.: 2014	"Neanderthal origin of the haplotypes carrying the functional variant Val92Met in the MC1R in modern humans", Molecular Biology and Evolution, 31(8), 1994-2003.
DONOGHUE, H. D., MARCSIK, A., MATHESON, C., VERNON, K., NUORALA, E., MOLTO, J. E., ... & SPIGELMAN, M.: 2005	"Co-infection of Mycobacterium tuberculosis and Mycobacterium leprae in human archaeological samples: a possible explanation for the historical decline of leprosy", Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 272(1561), 389-394.
DRANCOURT, M., ABOUDHARAM, G., SÍGNOLI, M., DUTOIR, O. & RAOULT, D.: 1998	"Detection of 400-Year-Old Yersinia pestis DNA in Human Dental Pulp: An Approach to the Diagnosis of Ancient Septicemia", Proceedings of the National Academy of Sciences, 95(21), 12637-12640.
EASTEAL, S., HERBERT, G.: 1997	"Molecular Evidence from the Nuclear Genome for the Time Frame of Human Evolution", Journal of Molecular Evolution, 44, 121-132.
ENARD, W., PRZEWORSKI, M., FISHER, S. E., LAI, C. S., WIEBE, V., KITANO, T., ... & PÄÄBO, S.: 2002	"Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language", Nature, 418(6900), 869-872.
ERUKSEN, T. H. & NIELSEN, F. S.: 2001	"A History of Anthropology", 1. Baskı, Pluto Press.
ERMINI, L., DER SARKISSIAN, C., WILLERSLEV, E. & ORLANDO, L.: 2015	"Major Transitions in Human Evolution Revisited: A Tribute to Ancient DNA", Journal of Human Evolution, 79, 4-20.
EVANS, P. D., MEKEL-BOBROV, N., VALLENDER, E. J., HUDSON, R. R., & LAHN, B. T.: 2006	"Evidence that the adaptive allele of the brain size gene microcephalin introgressed into Homo sapiens from an archaic Homo lineage", Proceedings of the National Academy of Sciences, 103(48), 18178-18183.

EYSENCK, H. J.: 1980	“The Biosocial Nature of Man”, <i>Journal of Social and Biological Structures</i> , 3(2) 1980, 125-134.
FALK, R.: 1984	"The Gene in Search of an Identity", <i>Human Genetics</i> , 68(3), 195-204.
FISHER, S. E.: 2019	“Human genetics: the evolving story of FOXP2”, <i>Current Biology</i> , 29(2), R65-R67.
FOWLER, C., OLALDE, I., CUMMINGS, V., ARMIT, I., BÜSTER, L., CUTHBERT, S., ... & REICH, D.: 2022	“A high-resolution picture of kinship practices in an Early Neolithic tomb”, <i>Nature</i> , 601(7894), 584-587.
FRANTZ, L. A., MULLIN, V. E., PIONNIER-CAPITAN, M., LEBRASSEUR, O., OLLIVIER, M., PERRI, A., ... & LARSON, G.: 2016	“Genomic and archaeological evidence suggest a dual origin of domestic dogs”, <i>Science</i> , 352(6290), 1228-1231.
FRIXIONE, E. & RUIZ-ZAMARRIPA, L.: 2019	"The 'Scientific Catastrophe' in Nucleic Acids Research that Boosted Molecular Biology", <i>The Journal of Biological Chemistry</i> , 294(7), 2249-2255.
FU, Q., MITTNIK, A., JOHNSON, P. L., BOS, K., LARI, M., BOLLONGINO, R., ... & KRAUSE, J.: 2013	“A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes”, <i>Current biology</i> , 23(7), 553-559.
FULTON, T. L.: 2012	“Setting Up an Ancient DNA Laboratory”, <i>Ancient DNA: Methods and Protocols</i> , 1-11.
GALERA, A.: 2017	"The Impact of Lamarck's Theory of Evolution Before Darwin's Theory", <i>Journal of the History of Biology</i> , 50(1), 53-70.
GIBBONS, A.: 2015	“Revolution in human evolution”, <i>Science</i> , 349(6246), 362–366.
GIBBONS, A.: 2022	“Ancient DNA reveals Black Death source”, <i>Science</i> , 376(6599), 1254-1255.

GILBERT, S.: 2011	"The Decline of Soft Inheritance", Transformations of Lamarckism: From Subtle Fluids to Molecular Biology, ed. Gissis, S. B. & Jablonka, E., Massachusetts, MIT Press, 121- 126.
GILJE, N., SKIRBEKK, G.: 2001	"A History of Western Thought: From Ancient Greece to the Twentieth Century", Routledge Books.
GILLHAM, N. W.: 2001	"Evolution by Jumps: Francis Galton and William Bateson and the Mechanism of Evolutionary Change," Genetics, 159(4).
GOLENBERG, E. M., GIANNASI, D. E., CLEGG, M. T., SMILEY, C. J., DURBIN, M., HENDERSON, D., VE ZURAWSKI, G.: 1990	"Chloroplast DNA Sequence from a Miocene Magnolia Species," Nature, 344(6267), 656- 658.
GUSTAFSSON, A.: 1969	"The Life of Gregor Johann Mendel—Tragic or Not?", Hereditas, 62(1-2), 239-258.
GREEN, E. J., SPELLER, C. F.: 2017	"Novel substrates as sources of ancient DNA: prospects and hurdles", Genes, 8(7), 180.
GREENWOOD, A. D., CAPELLI, C., POSSNERT, G., & PÄÄBO, S.: 1999	"Nuclear DNA Sequences from Late Pleistocene Megafauna", Molecular Biology and Evolution, 16(11), 1466-1473.
HAGELBERG, E., SYKES, B., & HEDGES, R.: 1989	"Ancient Bone DNA Amplified," Nature, 342(6249), 485-485.
HAGELBERG, E., & CLEGG, J. B.: 1991	"Isolation and Characterization of DNA from Archaeological Bone," Proceedings. Biological Sciences, 244(1309), 45–50.
HACKING, I.: 2006	"Genetics, Biosocial Groups & the Future of Identity," Daedalus, 135(4), 81–95.

- HAILE, J.: 2011 "Ancient DNA extraction from soils and sediments", *Ancient DNA: Methods and Protocols*, Humana Press, 57-63.
- HALE, P. J., KENNEDY, M.: 2025 "Evolution in Victorian Britain, Volume I: Evolution Before Darwin", Routledge Books.
- HALLIDAY, R. J.: 1971 "Social Darwinism: a definition", *Victorian Studies*, 14(4), 389-405.
- HAM, E., UNDERDOWN, S. J., HOULDCROFT, C. J.: 2019 "The relative roles of maternal survival and inter-personal violence as selection pressures on the persistence of Neanderthal hypercoagulability alleles in modern Europeans", *Annals of Human Biology*, 46(2), 99-108.
- HAMMER, M. F., & ZEGURA, S. L.: 2002 "The human Y chromosome haplogroup tree: Nomenclature and phylogeography of its major divisions", *Annual Review of Anthropology*, 31(1), 303-321.
- HARVEY, J.: 2008 "Darwin in a French Dress: Translating, Publishing and Supporting Darwin in Nineteenth-Century France", *The Reception of Charles Darwin in Europe*, 2, 354-374.
- HASPEL, R. L., SCHNEIDER, W. H., VEGE, S., VE BRUNKER, P. A. R.: 2023 "Blood Group Serology and 'Race': Looking Back to Move Forward", *Transfusion Medicine Reviews*, 37(3).
- HIGHAM, T.: 2023 "Afrika'dan Çıkış", *Bizden Önceki Dünya*, Nova Kitap, 19-39.
- HIGUCHI, R., BOWMAN, B., FREIBERGER, M., RYDER, O. A., & WILSON, A. C.: 1984 "DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family", *Nature*, 312(5991), 282-284.
- HOFREITER, M., SERRE, D., POINAR, H. N., KUCH, M., & PÄÄBO, S.: 2001 "Ancient DNA", *Nature Reviews Genetics*, 2(5), 353-359.

HOQUET, T.: 2014	"Biologization of Race and Racialization of the Human: Bernier, Buffon, Linnaeus", <i>The Invention of Race</i> , Routledge Books, 17-32.
HOULDCROFT, C. J., RIFKIN, R. F., & UNDERDOWN, S. J.: 2019	"Human biology and ancient DNA: exploring disease, domestication and movement", <i>Annals of Human Biology</i> , 46(2), 95-98.
HÖSS, M., PÄÄBO, S.: 1993	"DNA Extraction from Pleistocene Bones by a Silica-Based Purification Method," <i>Nucleic Acids Research</i> , 21(16), 3913–3914.
IOB, A., SCOTT, M. F., & BOTIGUÉ, L.: 2023	"Ancient Wheat Genomes Illuminate Domestication, Dispersal, and Diversity" <i>The Wheat Genome</i> , Springer International Publishing, 113-134.
IRVING-PEASE, E.K., RYAN, H., JAMIESON, A., DIMOPOULOS, E.A., LARSON, G., FRANTZ, L.A.F.: 2018	"Paleogenomics of Animal Domestication", <i>Paleogenomics. Population Genomics</i> . Springer International Publishing.
JAENICKE-DESPRÉS, V. R., SMITH, B. D.: 2016	"Ancient DNA and the integration of archaeological and genetic approaches to the study of maize domestication" <i>Histories of Maize in Mesoamerica</i> , Routledge Books, 32-44.
JEHAES, E., WAELEKENS, M., MUYLDERMANS, A., CASSIMAN, J. J., SMITS, E., POBLOME, J., ... VE DECORTE, R.: 1996	"DNA Analysis of Archaeological Human Remains from Sagalassos", <i>Sagalassos V: Report on the Survey and Excavation Campaigns of</i> , 821-831.
JENKINS, D. T.: 2003	"The Western Wool Textile Industry in the Nineteenth Century," <i>The Cambridge History of Western Textiles</i> , 2, 761-789.
JONES, M., BROWN, T.: 2000	"Agricultural origins: the evidence of modern and ancient DNA", <i>The Holocene</i> , 10(6), 769-776.

- JONES, M.: 2016
 “Unlocking the Past: How Archaeologists Are Rewriting Human History with Ancient DNA”, Skyhorse Publishing.
- JONES, E.D.: 2018
 “Ancient DNA: a history of the science before Jurassic Park”, Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences, 68, 1-14.
- JONES, E. D., & BÖSL, E.: 2021
 “Ancient human DNA: A history of hype (then and now).” Journal of Social Archaeology, 21(2), 236-255.
- JONES, E. D.: 2022
 “Ancient DNA: The Making of a Celebrity Science, Yale University Press.
- JONES, M.: 2016
 “Unlocking the Past: How Archaeologists Are Rewriting Human History with Ancient DNA”, Skyhorse Publishing.
- KAESTLE, F. A., HORSBURGH, K. A.: 2002
 “Ancient DNA in anthropology: methods, applications, and ethics”, American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists, 119(S35), 92-130.
- KAGAN, J.: 2009
 “The Three Cultures: Natural Sciences, Social Sciences, and the Humanities in the 21st Century”, Cambridge University Press.
- KARAMANOS, N. K., THEOCHARIS, A. D., PIPERIGKOU, Z., MANOU, D., PASSI, A., SKANDALIS, S. S., ... & ONISTO, M.: 2021
 “A guide to the composition and functions of the extracellular matrix”, The FEBS Journal, 288(24), 6850-6912.
- KEFI, R.: 2011
 “Ancient DNA investigations: A review on their significance in different research fields”, International Journal of Modern Anthropology, 1(4), 61-76.
- KILINÇ, G. M., KOPTEKİN, D., ATAKUMAN, Ç., SÜMER, A. P.,
 "Archaeogenomic Analysis of the First Steps of Neolithization in Anatolia and the Aegean",

DÖNERTAŞ, H. M., YAKA, R., ... VE
SOMEL, M.: 2017

Proceedings of the Royal Society B: Biological
Sciences, 284(1867).

KING, H.: 2018

"Women and Doctors in Ancient Greece", In
Reproduction: Antiquity to the Present Day,
Cambridge University Press, 39–52.

KITCHER, P.: 1982

"Genes", The British Journal for the Philosophy
of Science, 33(4).

KNIGHT, T. A.: 1799

"An Account of Some Experiments on the
Fecundation of Vegetables. In a Letter from
Thomas Andrew Knight, Esq. to the Right Hon.
Sir Joseph Banks, K. B. P. R. S.", Philosophical
Transactions of the Royal Society of London,
89, 195–204.

KRISTOFOVA, M., ORI, A., & WANG, Z. Q.:
2022

"Multifaceted microcephaly-related gene
MCPH1", Cells, 11(2), 275.

KRAUSE, J., LALUEZA-FOX, C.,
ORLANDO, L., ENARD, W., GREEN, R. E.,
BURBANO, H. A., ... & PÄÄBO, S.: 2007

"The derived FOXP2 variant of modern
humans was shared with Neandertals", Current
biology, 17(21), 1908-1912.

KREMER, J.: 2003

"The haematogenous reproduction theory of
Aristotle", Nederlands Tijdschrift Voor
Geneeskunde, 147(51), 2529-2535.

KRESGE, N., SIMONI, R. D., HILL, R. L.:
2004

"Chargaff's Rules: the Work of Erwin
Chargaff", Journal of Biological Chemistry,
280(24), 172 – 174.

KRINGS, M., STONE, A., SCHMITZ, R. W.,
KRAINITZKI, H., STONEKING, M., &
PÄÄBO, S.: 1997

"Neandertal DNA sequences and the origin of
modern humans", Cell, 90(1), 19–30.

KRINGS, M. VD: 2000

"A view of Neandertal genetic diversity",
Nature Genetics, 26, 144–146.

- KROEBER, A. L.: 1954 "The Place of Anthropology in Universities", *American Anthropologist*, 56(5), 764–767.
- KUCH, M., POINAR, H.: 2011 "Extraction of DNA from paleofeces", *Ancient DNA: Methods and Protocols*, Humana Press, 37–42.
- KUPER, A., MARKS, J.: 2011 "Anthropologists unite!", *Nature*, 470, 166–168.
- KÄLLÉN, A., MULCARE, C., NYBLOM, A., & STRAND, D.: 2021 "Introduction: Transcending the aDNA revolution", *Journal of Social Archaeology*, 21(2), 149–156.
- KÄLLÉN, A.: 2025 "The trouble with ancient DNA: telling stories of the past with genomic science", *The Trouble with Ancient DNA*, University of Chicago Press.
- LALUEZA-FOX, C., ROMPLER, H., CARAMELLI, D., STAUBERT, C., CATALANO, G., HUGHES, D., ... & HOFREITER, M.: 2007 "A melanocortin 1 receptor allele suggests varying pigmentation among Neanderthals", *Science*, 318(5855), 1453–1455.
- LALUEZA-FOX, C., GIGLI, E., DE LA RASILLA, M., FORTEA, J., ROSAS, A., BERTRANPETIT, J., & KRAUSE, J.: 2008 "Genetic characterization of the ABO blood group in Neandertals", *BMC Evolutionary Biology*, 8(1), 342.
- LALUEZA-FOX, C., GIGLI, E., DE LA RASILLA, M., FORTEA, J., & ROSAS, A.: 2009 "Bitter taste perception in Neanderthals through the analysis of the TAS2R38 gene", *Biology Letters*, 5(6), 809–811.
- LALUEZA-FOX, C., ROSAS, A., & DE LA RASILLA, M.: 2012 "Palaeogenetic research at the El Sidrón Neanderthal site", *Annals of Anatomy- Anatomischer Anzeiger*, 194(1), 133–137.
- LARI, M., RIZZI, E., MILANI, L., CORTÌ, G., BALSAMO, C., VAI, S., ... & CARAMELLI, D.: 2010 "The microcephalin ancestral allele in a Neanderthal individual", *PLoS One*, 5(5), e10648.

- LARSON, G., ALBARELLA, U., DOBNEY, K., ROWLEY-CONWY, P., SCHIBLER, J., TRESSET, A., ... & COOPER, A.: 2007
 “Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(39), 15276-15281.
- LARSON, G., LIU, R., ZHAO, X., YUAN, J., FULLER, D., BARTON, L., ... & LI, N.: 2010
 “Patterns of East Asian pig domestication, migration, and turnover revealed by modern and ancient DNA”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(17), 7686-7691.
- LAZARIDIS, I., ALPASLAN-ROODENBERG, S., ACAR, A., AÇIKKOL, A., AGELARAKIS, A., AGHIKYAN, L., ... & RUKA, R.: 2022
 “The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe”, *Science*, 377(6609).
- LAZARIDIS, I., ALPASLAN-ROODENBERG, S., ACAR, A., AÇIKKOL, A., AGELARAKIS, A., AGHIKYAN, L., ... & RUKA, R.: 2022
 “Ancient DNA from Mesopotamia suggests distinct pre-pottery and pottery Neolithic migrations into Anatolia”, *Science*, 377(6609), 982-987.
- LECH, T.: 2016
 “Ancient DNA in historical parchments—identifying a procedure for extraction and amplification of genetic material”, *Genetics and Molecular Research*, 15(10.4238).
- LEONARD, J. A., WAYNE, R. K., & COOPER, A.: 2000
 "Population genetics of Ice Age brown bears", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(4), 1651-1654.
- LEONARD, J. A., WAYNE, R. K., WHEELER, J., VALADEZ, R., GUILLÉN, S., & VILA, C.: 2002
 “Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs”, *Science*, 298(5598), 1613-1616.
- LEWIS, I.: 2017
 “Social and cultural anthropology in perspective: Their relevance in the modern world”, *Routledge Books*.
- LEWONTIN, R. C.: 1972
 "The Apportionment of Human Diversity", *Evolutionary Biology*, Springer, 381-406.

LI C, LISTER DL, LI H, XU Y, CUI Y, BOWER MA, JONES MK, ZHOU H.: 2011	"Ancient DNA analysis of desiccated wheat grains excavated from a Bronze Age cemetery in Xinjiang", <i>Journal of Archaeological Science</i> , 38(1):115–119.
LIMA-DE-FARIA, A.: 2003	"One Hundred Years of Chromosome Research", 1. baskı, Springer.
LINDEE, S., & VENTURA SANTOS, R.: 2012	"The Biological Anthropology of Living Human Populations: World Histories, National Styles, and International Networks: An Introduction to Supplement 5", <i>Current Anthropology</i> , 53(S5), S3–S16.
LIPPHARDT, V.: 2016	"The Emancipatory Power of Heredity: Anthropological Discourse and Jewish Integration in Germany, 1892–1935", <i>Heredity explored: between public domain and experimental science, 1850–1930</i> , 111-139.
LITTLE, M. A., BUIKSTRA, J. E.: 2023	"Foundation and History of Biological Anthropology", <i>A Companion to Biological Anthropology</i> , 14-38.
LIU, Y.: 2020	"On the definition of a self-sustaining chemical reaction system and its role in heredity", <i>Biology Direct</i> , 15.
LIVINGSTONE, F. B.: 1958	"Anthropological implications of sickle cell gene distribution in West Africa 1", <i>American Anthropologist</i> , 60(3), 533-562.
LÓPEZ, S., VAN DORP, L., HELLENTHAL, G.: 2015	"Human dispersal out of Africa: a lasting debate", <i>Evolutionary Bioinformatics</i> , 11, EBO-S33489.
MACHUGH, D. E., LARSON, G., & ORLANDO, L.: 2017	"Taming the past: ancient DNA and the study of animal domestication", <i>Annual Review of Animal Biosciences</i> , 5(1), 329-351.
MAIXNER, F., GRESKY, J., & ZINK, A.: 2021	"Ancient DNA analysis of rare genetic bone disorders", <i>International journal of paleopathology</i> , 33, 182–187.

- MARKS, J.: 2003 "Sherwood Washburn, 1911–2000", *Evolutionary Anthropology*, 9, 225–226.
- MARKS, J.: 2003 "98% chimpanzee and 35% daffodil: the human genome in evolutionary and cultural context," *Genetic Nature/Culture*, 132-152.
- MARKS, J.: 2008 "Race across the physical-cultural divide in American anthropology", *A new history of anthropology*, 242-258.
- MARKS, J.: 2012 "The Origins of Anthropological Genetics", *Current Anthropology*, 53(S5), S161–S172.
- MATNEY, T., ALGAZE, G., DULIK, M. C., ERDAL, Ö. D., ERDAL, Y. S., GÖKÇÜMEN, O., ... & MERGEN, H.: 2012 "Understanding Early Bronze Age social structure through mortuary remains: A pilot aDNA study from Titriş Höyük, southeastern Turkey", *International Journal of Osteoarchaeology*, 22(3), 338-351.
- MCHUGO, G. P., DOVER, M. J., & MACHUGH, D. E.: 2019 "Unlocking the origins and biology of domestic animals using ancient DNA and paleogenomics", *BMC Biology*, 17(1), 98.
- M'CHAREK, A.: 2005 "The human genome diversity project: An ethnography of scientific practice", Cambridge University Press.
- MEJÍA FERNÁNDEZ, R. & ROMERO, J.: 2022 "Social Evolution in Jürgen Habermas: Towards a Weak Anthropological Naturalism between Kant and Darwin", *Theoria*, 88(3), 607–628.
- MELONI, M.: 2016 "Political biology: Science and social values in human heredity from eugenics to epigenetics", Palgrave Macmillan Journals.

MIKO, I.: 2008	"Gregor Mendel and the principles of inheritance", <i>Nature Education</i> , 1(1):134.
MIRSKY, A. E.: 1968	"The Discovery of DNA", <i>Scientific American</i> , 218(6), 78.
MITCHELL, D., WILLERSLEV, E., & HANSEN, A.: 2005	"Damage and repair of ancient DNA. Mutation Research/Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis", 571(1-2), 265-276.
MITTNIK, A., MASSY, K., KNIPPER, C., WITTENBORN, F., FRIEDRICH, R., PFRENGLE, S., ... & KRAUSE, J.: 2019	"Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe", <i>Science</i> , 366(6466), 731-734.
MONAGHAN, F., & CORCOS, A.: 1984	"On the origins of the Mendelian laws", <i>The Journal of Heredity</i> , 75(1), 67-69.
MONTIEL, R., MALGOSA, A., & FRANCALACCI, P.: 2001	"Authenticating ancient human mitochondrial DNA", <i>Human Biology</i> , 73(5), 689-713.
MORELL, V.: 1993	"Dino DNA: the Hunt and the Hype: Several groups are racing to get the first DNA out of dinosaur bones, but other researchers say their efforts are taking attention away from the real scientific value of ancient DNA", <i>Science</i> , 261(5118), 160-162.
MORGAN, G. J.: 1998	"Emile Zuckerkandl, Linus Pauling, and the molecular evolutionary clock, 1959-1965," <i>Journal of the History of Biology</i> , 155-178.
MULLIGAN, C.J.: 2017	"Anthropological Applications of Ancient DNA: Problems and Prospects", <i>American Antiquity</i> , 71(2), 365-380.
MULLIS, K. B.: 1990	"The Unusual Origin of the Polymerase Chain Reaction", <i>Scientific American</i> , 262(4), 56-65.

MÜLLER-WILLE, S., RHEINBERGER, H. J.: 2012	“Heredity: Knowledge and Power in A Cultural History of Heredity”, (ed. Müller-Wille & Rheinberger), The University of Chicago Press.
MÜNÜSOĞLU, H.: 2010	Türkiyede Antropolojinin Kurulma Ve Kurumsallaşma Sorunlarına Tarihsel Bir Yaklaşım: DTCF Örneği”, Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi.
NELKIN, D. VE LINDEE, M.S.: 1999	“Good genes and bad genes: DNA in popular culture”, The Practices of Human Genetics, Springer Netherlands, 155-167.
NÍ LEATHLOBHAIR, M., PERRI, A. R., IRVING-PEASE, E. K., WITT, K. E., LINDERHOLM, A., HAILE, J., ... & FRANTZ, L. A.: 2018	“The evolutionary history of dogs in the Americas”, Science, 361(6397), 81-85.
NOONAN, J. P., HOFREITER, M., SMITH, D., PRIEST, J. R., ROHLAND, N., RABEDER, G., ... & RUBIN, E. M.: 2005	"Genomic sequencing of Pleistocene cave bears", Science, 309(5734), 597-599.
O'CONNOR, C.: 2008	"Isolating hereditary material: Frederick Griffith, Oswald Avery, Alfred Hershey, and Martha Chase", Nature Education, 1(1):105.
OLBY, R.: 1974	“The Path to the Double Helix: The Discovery of DNA”, Dover Publications.
OREL, V.: 2009	"The 'useful questions of heredity' before Mendel", The Journal of Heredity, 100(4), 421–423.
ORLANDO, L., GINOLHAC, A., ZHANG, G., FROESE, D., ALBRECHTSEN, A., STILLER, M., ... & WILLERSLEV, E.: 2013	“Recalibrating Equus evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse”, Nature, 499(7456), 74-78.
ORLANDO L: 2023	“A genetic window into the human social past”, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 120(37).

O'ROURKE, D. H., HAYES, M. G., & CARLYLE, S. W.: 2000

"Ancient DNA studies in physical anthropology", Annual Review of Anthropology, 29(1), 217-242.

OSBORN, F.: 1954

"The origin and evolution of man: Cold spring harbor symposium 1950", Eugenics Quarterly, 1(1), 67-70.

OSKAM, C. L., HAILE, J., MCLAY, E., RIGBY, P., ALLENTOLT, M. E., OLSEN, M. E., ... & BUNCE, M.: 2010

"Fossil avian eggshell preserves ancient DNA", Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 277(1690), 1991-2000.

OTTONI, C., RICAUT, F. X., VANDERHEYDEN, N., BRUCATO, N., WAELEKENS, M., & DECORTE, R.: 2011

"Mitochondrial analysis of a Byzantine population reveals the differential impact of multiple historical events in South Anatolia", European Journal of Human Genetics, 19(5), 571-576.

OTTONI, C., & NEER, W. V.: 2020

"The dispersal of the domestic cat: Paleogenetic and zooarcheological evidence", Near Eastern Archaeology, 83(1), 38-45.

OVCHINNIKOV, I. V., GÖTHERSTRÖM, A., ROMANOVA, G. P., KHARITONOV, V. M., LIDÉN, K., & GOODWIN, W.: 2000

"Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus," Nature, 404(6777), 490-493.

ÖZBAL, R., GERRITSEN, F., DIEBOLD, B., HEALEY, E., AYDIN, N., LOYETTE, M., ... & LAHN, B.: 2004

"Tell Kurdu Excavations 2001," Anatolica, 30, 37-107.

ÖZBUDUN, S., ŞAFAK, B., & ALTUNTEK, N.: 2007

"Antropoloji: Kuramlar/Kuramcılar", 2. baskı, Dipnot Yayınları.

ÖZCAN, Ş. Ş.: 2010

"Arkeolojik Toplumlarda Akrabalık İlişkileri: Bir Moleküler Antropolojik Yaklaşım", Doktora Tezi, İstanbul Üniversitesi.

PAIJMANS, J. L., GILBERT, M. T. P., & HOFREITER, M.: 2013

"Mitogenomic analyses from ancient DNA", Molecular phylogenetics and evolution, 69(2), 404-416.

PAUL, D. B.: 1998	“The Politics of Heredity: Essays on Eugenics, Biomedicine, and the Nature-Nurture Debate”, SUNY Press.
POCZAI, P., SANTIAGO-BLAY, J.A.: 2021	"Principles and Biological Concepts of Heredity Before Mendel", <i>Biology Direct</i> , 16, 19.
POCZAI, P., SANTIAGO-BLAY, J.A.: 2022	"Chip Off the Old Block: Generation, Development, and Ancestral Concepts of Heredity", <i>Frontiers in Genetics</i> , 13.
POINAR, G. O., JR, HESS, R.: 1998	"Ultrastructure of 40-Million-Year-Old Insect Tissue", <i>Science</i> , 215(4537), 1241–1242.
POONAR, H. N., SCHWARZ, C., QI, J., SHAPIRO, B., MACPHEE, R. D., BUIGUES, B., ... & SCHUSTER, S. C.: 2006	"Metagenomics to Paleogenomics: Large-Scale Sequencing of Mammoth DNA", <i>Science</i> , 311(5759), 392–394.
POINAR, H. N., COOPER, A.: 2000	“Ancient DNA: do it right or not at all”, <i>Science</i> , 5482(1139), 416.
PONT, C., WAGNER, S., KREMER, A., ORLANDO, L., PLOMION, C., & SALSE, J.: 2019	“Paleogenomics: reconstruction of plant evolutionary trajectories from modern and ancient DNA”, <i>Genome Biology</i> , 20(1), 29.
POPLI, D.: 2024	“Estimating relatedness with ancient DNA”, Doctoral dissertation, Universität Leipzig.
PORTER, T. M.: 2014	"The Curious Case of Blending Inheritance", <i>Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences</i> , 46, 125–132.
PORTIN, P.: 1993	"The Concept of the Gene: Short History and Present Status", <i>The Quarterly Review of Biology</i> , 68(2), 173–223.

PORTIN, P., WILKINS, A.: 2017	"The Evolving Definition of the Term 'Gene'," <i>Genetics</i> , 205(4), 1353–1364.
POULAKAKIS, N., TSELIKAS, A., BITSAKIS, I., MYLONAS, M., & LYMBERAKIS, P.: 2007.	"Ancient DNA and the genetic signature of ancient Greek manuscripts", <i>Journal of Archaeological Science</i> , 34(5), 675-680.
PÄÄBO, S.: 1985	"Molecular Cloning of Ancient Egyptian Mummy DNA", <i>Nature</i> , 314, 644–645.
PÄÄBO, S., GIFFORD, J. A., WILSON, A. C.: 1988	"Mitochondrial DNA Sequences from a 7000-Year-Old Brain", <i>Nucleic Acids Research</i> , 16(20), 9775–9787.
PÄÄBO, S., WILSON, A. C.: 1988	"Polymerase Chain Reaction Reveals Cloning Artefacts", <i>Nature</i> , 334, 387–388.
PÄÄBO, S., HIGUCHI, R. G., WILSON, A. C.: 1989	"Ancient DNA and the Polymerase Chain Reaction: The Emerging Field of Molecular Archaeology", <i>The Journal of Biological Chemistry</i> , 264(17), 9709–9712.
PÄÄBO, S., WILSON, A. C.: 1991	"Miocene DNA Sequences—a Dream Come True?", <i>Current Biology</i> , 1(1), 45–46.
PÄÄBO, S.: 2014	"Amplifying the Past", <i>Neanderthal Man: In Search of Lost Genomes</i> , Basic Books.
PEDERSEN, M. W., RUTER, A., SCHWEGER, C., FRIEBE, H., STAFF, R. A., KJELDSSEN, K. K., MENDOZA, M. L., BEAUDOIN, A. B., ZUTTER, C., LARSEN, N. K., POTTER, B. A., NIELSEN, R., RAINVILLE, R. A., ORLANDO, L., MELTZER, D. J., KJÆR, K. H., & WILLERSLEV, E.: 2016	"Postglacial viability and colonization in North America's ice-free corridor", <i>Nature</i> , 537(7618), 45–49.
RAFF, J.: 2022	"Origin: A genetic history of the Americas". Hachette UK.

RAGHAVAN, M., SKOGLUND, P., GRAF, K. E., METSPALU, M., ALBRECHTSEN, A., MOLTKE, I., ... & WILLERSLEV, E.: 2014	"Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans", <i>Nature</i> , 505(7481), 87-91.
RAMIREZ, G. J., HULSTON, N. J., & KOVAC, A. L.: 2015	"Walter sutton: physician, scientist, inventor. <i>Journal of anesthesia history</i> ", 1(1), 25–29.
RASMUSSEN, M., ANZICK, S. L., WATERS, M. R., SKOGLUND, P., DEGIORGIO, M., STAFFORD, T. W., JR, RASMUSSEN, S., MOLTKE, I., ALBRECHTSEN, A., DOYLE, S. M., POZNIK, G. D., GUDMUNSDOTTIR, V., YADAV, R., MALASPINAS, A. S., WHITE, S. S., 5TH, ALLENTOF, M. E., CORNEJO, O. E., TAMBETS, K., ERIKSSON, A., HEINTZMAN, P. D., ... WILLERSLEV, E.: 2014	"The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana", <i>Nature</i> , 506(7487), 225–229.
RHIE, A., NURK, S., CECHOVA, M., HOYT, S. J., TAYLOR, D. J., ALTEMOSE, N., ... & PHILLIPPY, A. M.: 2023	"The complete sequence of a human Y chromosome", <i>Nature</i> , 621(7978), 344-354.
REICH, D.: 2018	"Encounters with Neanderthals", <i>Who We Are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past</i> , Oxford University Press.
REICH, E., LUCK, D.J.: 1966	"Replication and Inheritance of Mitochondrial DNA", <i>Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A.</i> , 55(6), s. 1600–1608.
RETSAS, S.: 2009	"Aristotle and Darwin: Parallel Lives", <i>Official Journal of the Balkan Union of Oncology</i> , 14(2), 333–337.
RHEINBERGER, H.J.: 2015	"Re-Discovering Mendel: The Case of Carl Correns", <i>Science & Education</i> , 24, 51–60.
RIEDER, L. E., LARSCHAN, E. N.: 2014	"Wisdom from the Fly", <i>Trends in Genetics</i> , 30(11), 479–481.
RIQUET, R.: 1978	"History of Anthropology in Europe", <i>Journal of Human Evolution</i> , 7(6), 455–464.

- RIVOLLAT, M., ROHRLACH, A. B., RINGBAUER, H., CHILDEBAYEVA, A., MENDISCO, F., BARQUERA, R., ... & HAAK, W.: 2023
 "Extensive pedigrees reveal the social organization of a Neolithic community", *Nature*, 620(7974), 600-606.
- ROBERTS, J., ARCHER L., DEWITT, J. & MIDDLETON, A.: 2019
 "Popular culture and genetics; friend, foe or something more complex?", *European journal of medical genetics*, 62(5), 368-375.
- ROHLAND, N., & HOFREITER, M.: 2007
 "Ancient DNA extraction from bones and teeth", *Nature protocols*, 2(7), 1756-1762.
- ROLL-HANSEN, N.: 2010
 "Eugenics and the Science of Genetics", *Oxford Handbook of the History of Eugenics*, Oxford University Press, 80–97.
- ROLLO, F., VENANZI, F. M., & AMICI, A.: 1991
 "Nucleic acids in mummified plant seeds: biochemistry and molecular genetics of pre-Columbian maize", *Genetics Research*, 58(3), 193-201.
- ROUZAUD, F., KADEKARO, A. L., ABDEL-MALEK, Z. A., & HEARING, V. J.: 2005
 "MC1R and the response of melanocytes to ultraviolet radiation", *Mutation Research/Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis*, 571(1-2), 133-152.
- RUBEL, P., ROSMAN, A.: 1994
 "The Past and the Future of Anthropology", *Journal of Anthropological Research*, 50(4), 335–343.
- RUBINI, M., ERDAL, Y. S., SPIGELMAN, M., ZAIQ, P., DONOGHUE, H. D.: 2012
 "Paleopathological and Molecular Study on Two Cases of Ancient Childhood Leprosy from the Roman and Byzantine Empires", *International Journal of Osteoarchaeology*, 24(5), 570–582.
- SOCIETY FOR AMERICAN ARCHAEOLOGY (SAA): 2019
 "Bones and chromosomes: The ancient DNA revolution in archaeology", *Special Section of the SAA Archaeological Record* 19(1): 15–42.

SANKARANARAYANAN, K., LOWENSTEIN, T. K., TIMOFEEFF, M. N., SCHUBERT, B. A., & LUM, J. K.: 2014	"Characterization of ancient DNA supports long-term survival of Haloarchaea", <i>Astrobiology</i> , 14(7), 553-560.
SATZINGER, H.: 2008	"Theodor and Marcella Boveri: Chromosomes and Cytoplasm in Heredity and Development", <i>Nature Reviews Genetics</i> , 9, 231-238.
SCHEFFLER, I. E.: 2001	"A Century of Mitochondrial Research: Achievements and Perspectives", <i>Mitochondrion</i> , 1(1), 3-31.
SCHIERMEIER, Q.: 2015	"Ancient DNA reveals how wheat came to prehistoric Britain", <i>Nature</i> .
SCHUH, R.T.: 2003	"The Linnaean System and Its 250-Year Persistence", <i>Botanical Review</i> , 69, 59-78.
SCHWARTZ, J. H.: 2021	"Evolution, Systematics, and the Unnatural History of Mitochondrial DNA", <i>Mitochondrial DNA Part A</i> , 32(4), 126-151.
SCHWARTZ, J. S.: 1990	"Darwin, Wallace, and Huxley, and Vestiges of the Natural History of Creation", <i>Journal of the History of Biology</i> , 23, 127-153.
SHAPIRO, B., DRUMMOND, A. J., RAMBAUT, A., WILSON, M. C., MATHEUS, P. E., SHER, A. V., ... & COOPER, A.: 2004	"Rise and Fall of the Beringian Steppe Bison", <i>Science</i> , 306(5701), 1561-1565.
SHIN, D. H., OH, C. S., HONG, J. H., KIM, Y., LEE, S. D., & LEE, E.: 2017	"Paleogenetic study on the 17th century Korean mummy with atherosclerotic cardiovascular disease", <i>PLoS One</i> , 12(8), e0183098.
SIDOW, A., WILSON, A. C., PÄÄBO, S.: 1991	"Bacterial DNA in <i>Clarkia</i> Fossils", <i>Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences</i> , 333(1268), 429-433.

SKOGLUND, P., MALMSTRÖM, H., RAGHAVAN, M., STORÅ, J., HALL, P., WILLERSLEV, E., ... & JAKOBSSON, M.: 2012	"Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing", Journal of Archaeological Science, 40(12), 4477-4482.
SKOGLUND, P., STORÅ, J., GÖTHERSTRÖM, A., & JAKOBSSON, M.: 2013	"Origins and Genetic Legacy of Neolithic Farmers and Hunter-Gatherers in Europe", Science, 336(6080), 466–469.
SKOGLUND, P., ERSMARK, E., PALKOPOULOU, E., & DALÉN, L.: 2015	"Ancient wolf genome reveals an early divergence of domestic dog ancestors and admixture into high-latitude breeds", Current Biology, 25(11), 1515-1519.
SMITH, M. U., GERICKE, N. M.: 2013	"Mendel in the Modern Classroom", Science & Education, 24, 151–172.
SMOCOVITIS, V. B.: 2005	"It Ain't Over 'til It's Over: Rethinking the Darwinian Revolution", Journal of the History of Biology, 38, 33–49.
SMOCOVITIS, V. B.: 2012	"Humanizing Evolution: Anthropology, the Evolutionary Synthesis, and the Prehistory of Biological Anthropology, 1927–1962", Current Anthropology, 53(5), 108–125.
SPENCER, F.: 1997	"History of Physical Anthropology: An Encyclopedia", Garland Publishing.
STRAND, D., & KÄLLÉN, A.: 2024	"Critical perspectives on ancient DNA: an introduction", Critical Perspectives on Ancient DNA, The MIT Press.
STONE, A. C., MILNER, G. R., PÄÄBO, S., & STONEKING, M.: 1996	"Sex determination of ancient human skeletons using DNA", American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists, 99(2), 231-238.

STONE, A.C. VE OZGA, A. T.: 2019

"Ancient DNA in the Study of Ancient Disease, Ortner's Identification of Pathological Conditions", Human Skeletal Remains, Academic Press, 183-210.

TEKELİ, E., GÜLTEKİN, T., DOKSANALTI, M. E., ÖZTANER, S. H., ELMA, C.: 2020

"Accurate Sex Determination Using Ancient DNA Analysis for Human Skeletal Remains from Different Historical Archaeological Sites in Turkey", Mediterranean Archaeology and Archaeometry, 20(1), 93-93.

TEMPLETON, A. R.: 2005

"Haplotype trees and modern human origins", American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists, 128(S41), 33-59.

THORPE, J. P.: 1982

"The Molecular Clock Hypothesis: Biochemical Evolution, Genetic Differentiation and Systematics", Annual Review of Ecology and Systematics, 13, 139-168.

TOPRAK, Z.: 2012

"Fizik (Biyolojik) Antropolojiye Giriş", Cumhuriyet ve Antropoloji, İş Bankası Yayınları, 13.

URRY, L. A., CAIN, M. L., WASSERMAN, S. A., MINORSKY, P. V., REECE, J. B., CAMPBELL, N. A.: 2017

Campbell Biology, 11. baskı, Pearson Education.

VAN OVEN, M., TOSCANI, K., VAN DEN TEMPEL, N., RALF, A., & KAYSER, M.: 2013

"Multiplex genotyping assays for fine-resolution subtyping of the major human Y-chromosome haplogroups E, G, I, J, and R in anthropological, genealogical, and forensic investigations", Electrophoresis, 34(20-21), 3029-3038.

VEERAMAH, K. R.: 2018

"Primate paleogenomics", Paleogenomics: Genome-Scale Analysis of Ancient DNA, 353-373.

WALLER, J. C.: 2003	"Parents and Children: Ideas of Heredity in the 19th Century", <i>Endeavour</i> , 27(2), 51–56.
WANG, G. H., LU, C. L.: 1981	"Isolation and Identification of Nucleic Acids of the Liver from a Corpse from the Changssha Han Tomb", <i>Shen Wu Hua Hsueh Yu Sheng Wu Li Chin Chan</i> , 17, 70–75.
WEISS, E.: 2024	"No Bones About It: Sex Is Binary", <i>Archives of Sexual Behavior</i> , 53, 1595–1608.
WILLERSLEV, E., HANSEN, A. J., CHRISTENSEN, B., STEFFENSEN, J. P., ARCTANDER, P.: 1999	"Diversity of Holocene Life Forms in Fossil Glacier Ice", <i>Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.</i> , 96(14), 8017–8021.
WILLERSLEV, E., MELTZER, D. J.: 2021	"Peopling of the Americas as inferred from ancient genomics", <i>Nature</i> , 594(7863), 356–364.
WOLFNER, M. F., MILLER, D. E.: 2016	"Alfred Sturtevant Walks into a Bar: Gene Dosage, Gene Position, and Unequal Crossing Over in <i>Drosophila</i> ", <i>Genetics</i> , 204(3), 833–835.
WOODS, R., TURVEY, S. T., BRACE, S., MACPHEE, R. D., & BARNES, I.: 2018	"Ancient DNA of the extinct Jamaican monkey <i>Xenothrix</i> reveals extreme insular change within a morphologically conservative radiation", <i>Proceedings of the National Academy of Sciences</i> , 115(50), 12769–12774.
WOODWARD, S. R., WEYAND, N. J., & BUNNELL, M.: 1994	"DNA sequence from Cretaceous period bone fragments", <i>Science</i> , 266(5188), 1229–1232.
WRIGLEY, E. A., SMÍTH, R.: 2020	"Malthus and the Poor Law", <i>The Historical Journal</i> , 63(1), 33–62.
VAN DICJK, J.: 1998	"Popular images of genetics", <i>Image nation</i> , 5–32.

- VAN WYHE, J.: 2007
"Mind the Gap: Did Darwin Avoid Publishing His Theory for Many Years?", Notes and Records of the Royal Society, 61, 177–205.
- VURAL, H. Ç.: 2009
"Quantification and Presence of Human Ancient DNA in Burial Place Remains of Turkey Using Real-Time Polymerase Chain Reaction", African Journal of Biotechnology, 8(20).
- VURAL, H. Ç., TIRPAN, A. A.: 2010
"Species Determination of Ancient Bone DNA from Fossil Skeletal Remains of Turkey Using Molecular Techniques", Scientific Research and Essays, 5(16), 2250–2256.
- YAKA, R.: 2015
"Ancient DNA Isolation and Mitochondrial DNA Analysis of Human Samples from Çemialo Sırtı, Batman in Southeast Anatolia", Yüksek Lisans Tezi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi.
- YAKA, R., MAPELLI, I., KAPTAN, D., DOĞU, A., CHYLEŃSKI, M., ERDAL, Ö. D., ... & SOMEL, M.: 2021
"Variable kinship patterns in Neolithic Anatolia revealed by ancient genomes", Current Biology, 31(11), 2455-2468.
- ZHAO, X., FU, X., YIN, C., & LU, F.: 2021
"Wheat speciation and adaptation: perspectives from reticulate evolution", Abiotech, 2(4), 386-402.
- ZEDER, M. A.: 2012
"Pathways to animal domestication. Biodiversity in agriculture: domestication, evolution, and sustainability", 10, 227-259.
- ZUCKERKANDL, E., PAULING, L.: 1965
"Evolutionary Divergence and Convergence in Proteins", Evolving Genes and Proteins, Academic Press, 97–166.