

T.C.
İstanbul Üniversitesi
Sosyal Bilimler Enstitüsü
Arkeoloji Anabilim Dalı/Prehistorya Bilim Dalı

Yüksek Lisans Tezi

ARKEOLOJİDE BİYOLOJİK YÖNTEMLER:
aDNA

Demet Gral

ğrenci No.:2501020658

Tez Danışmanı:

Doç. Dr. Mihriban zbaşaran

İstanbul 2007

ÖZ

Arkeolojide Biyolojik Yöntemler: aDNA, Demet Güral

Genetik arařtırmaların arkeolojiye katkıları gün getike artmaktadır. Arkeogenetik sözcüğü, artık yaygın olarak kullanılmakta, olup, insan, hayvan ve bitki DNA'sının incelenmesi ile insanın gemiřinin anlatılması olarak tanımlanmaktadır. Özellikle antik DNA (aDNA)'nın cansız organizmalardan alınabilmesi ve laboratuarda çoğaltılabilmesi ile insan ve hayvan topluluklarının hareketleri, genetik yapıları hakkında birçok Őey söylenebilmektedir. Ancak yöntem analizlerinde başarısız sonuçlara da rastlanmaktadır. aDNA analizlerinde esas olarak kullanılmakta olan mitokondrial DNA (mtDNA)'dır. Ancak bu genin kendine özgü zaafı nereden dolayı, son yıllarda, tüm arařtırmaların, Y-kromozom analizleri ile desteklenmesi gerektiđi Őeklindeki yayınlara sıka rastlanmaktadır. Başarısız sonuçlar eđer teoriler veya genellemeler yapacak düzeyde olursa ciddi hatalara yol aabilmektedir. Genetik arařtırmaların, arkeolojide kullanımında bir başka sorun da, incelemelere bařlamadan önce dođru sorunun sorulması, bu arařtırmaların hangi katkıda bulunabileceđinin bařtan düşünülmesidir. Bunun için arkeologlarla genetikilerin birlikte alıřması ve bulgularını birbirleriyle paylařarak, sonuçlara gitmeleri gerekmektedir. Türkiye'deki kazılarda bu arařtırmalar henüz ok az sayıda kullanılmaktadır. Arkeologlar arasında konunun bilinirliđi ise henüz genel bilgiler düzeyinde olduđunu düşündürmektedir. Konu ile ilgili yayınların, Türke süreli yayınlarda yer alması yararlı olacaktır. Türkiye'deki kazılardan alınacak DNA örneklerinin, uluslar arası nüfus hareketleri ve türleri arařtırmalarına deđerli katkıları olabilecektir.

ABSTRACT

Biological Methods in Archaeology:aDNA, Demet Güral

In the recent years, there has been a significant contribution of genetic analyses in archeology. Archaeogenetics, which is widely used now, defines the studies of human, animal and plant DNAs to understand the past of humans. Extraction of ancient DNA (aDNA), from the dead organisms and replicating it in the laboratories gave us a chance to tell more about the population dynamics and individuals' genetic structures. However, analyses sometimes produce poor results. In the analysis of aDNA, mitochondrial DNA (mtDNA) has been widely used. However, mtDNA has some weaknesses, and therefore, in recent publications, conducting Y-chromosome analysis along with mtDNA analysis, has been recommended. If the results of analyses claim some general theories, then there could be a problem. Another issue of using genetic analyses in archeology is asking the right question and assessing the contribution of this study from the beginning. Therefore, it would be essential for archeologists and geneticists to collaborate, share their findings with each other and come to conclusions, together. Use of genetic analyses in Turkey excavations is few. Among the archaeologists, who work in Turkey, the information about the analyses seem to be at the public knowledge level. It would be beneficial to make more publications in Turkish journals on this topic. DNA samples from Turkish studies could make significant contributions to international studies of population dynamics and speciation.

ÖNSÖZ

Lise yıllarımda üniversiteye hazırlanırken hep tıp ile arkeoloji arasında kararsız kaldım. Galiba fen derslerinde biraz daha başarılı olmamdan mı nedir, tıp fakültesine girdim, doktor oldum, sonra hayat beni üreme sağlığı/aile planlaması konularında uzmanlaşmaya itti, ama arkeoloji hep oralarda bir yerde duruyordu. Yaklaşık beş yıl önce Mihriban Özbaşaran ile tanıştım, kendisine bu ilgimden bahsedince, beni yüreklendirdi. Sonra, tesadüfen bir toplantıda tanıştığım Mehmet Özdoğan'a danıştım, "Biz farklı disiplinlerden gelenleri hep isteriz" dedi. Şu anda Klasik Arkeoloji'de tez aşamasında olan sevgili dostum Nuray Özgülnar ile birbirimizi teşvik ettik. Önce LES, sonra KPDS ve ardından İ.Ü.Arkeoloji Bölümü'nde yüksek lisans öğrencileri olarak bilimsel hazırlık derslerine başladık. Derslere ilk girdiğimde sınıf arkadaşlarım beni o dersin öğretim elemanı sanıp, konuşmalarına ara verdiler, sonra beni tanımaya çalıştılar. Çoğu da şaşkırdılar. Bu yaşta, orada ne yaptığımı anlamamışlardı. Çok keyifle geçen yeni öğrenme sürecinde, tez aşamasına geldiğimde gördüm ki beni yine esas eğitimini aldığım tıpla ilgili konular daha çekiyordu. Tez konumun ne olması gerektiğini tartışmak için Prof. Dr. Mehmet Özdoğan'la görüştüğümde bana ilginç bir yazı verdi. Önce bunu okuyarak, sonra yüksek lisans eğitimim sırasında bir miktar okuduğum DNA analizleri ve bağlı konuları okumamı geliştirerek bu çalışmayı hazırlamaya çalıştım. Şu anda sürdürmekte olduğum tam günlük görevimin yanı sıra, bu çalışmanın hazırlanması beni elbette zorladı. Ama bunun yanı sıra çok da keyif aldım, bu süreçte çok şey öğrendiğimi düşünüyorum.

Beni hep teşvik eden başta Prof. Dr. Mehmet Özdoğan ve tez danışmanım Doç. Dr. Mihriban Özbaşaran olmak üzere Prehistorya Bilim Dalı'nda derslerini aldığım tüm öğretim elemanlarına sonsuz teşekkürler.

İÇİNDEKİLER

	<i>Sayfa</i>
Öz/Abstract.....	iii
Önsöz.....	iv
İçindekiler.....	v
Tablolar.....	vii
Kısaltmalar.....	viii
Giriş.....	1
I. GENETİK -TERİMLER, ANALİZLER, aDNA	2
A. Terimler/Tanımlar.....	4
B. Genetik Analizlerde Kullanılan Gen Sistemleri.....	7
1. Mitokondrial DNA (mtDNA).....	7
2. Y-kromozomu.....	9
C. Antik DNA (aDNA).....	10
1. Örneklerin Önemi.....	10
2. Kaynak Maddeye Ulaşma	11
3. Antik DNA Araştırmalarının Sorunları.....	15
a. Örnekten Analize.....	15
b. Sonuçların Yorumlanması.....	17
c. DNAYA Özgü Sorunlar.....	17
II. GENETİK ARAŞTIRMALAR VE ARKEOLOJİ.....	19
A. Tarihçe.....	19
B. Genetik Araştırmaların Arkeoloji ve Antropolojide Kullanım Alanları.....	23

1. Evrim ve Türlerin Kökeni.....	23
2. Cinsiyet Tayinleri.....	27
3. Nüfus Hareketleri/Göç Sorunları.....	29
a. Orta Doğulular Avrupalıların Atası mı?.....	29
b. İlk Avrupalı Çiftçilerde Antik DNA Araştırması ve Tarımın Avrupa'da Yayılması.....	31
c. Neolitik Sibiryalılarda Nüfus Yakınlıkları Araştırması.....	35
4. Akrabalık ve Soy İlişkilerine Özgü Sorunlar.....	39
a. Aşıklı Höyük ve Çatalhöyük.....	39
b. Sagalassos Kazıları.....	41
c. Tell Kurdu Kazıları.....	45
III. GENETİK ARAŞTIRMALARIN BİLİNİRLİĞİ ANKETİ	47
A. Araştırmanın Amacı.....	47
B. Yöntem.....	47
C. Bulgular.....	48
D. Araştırmacı İzlenimleri.....	51
Sonuç.....	53
Kaynakça.....	57
Ek 1-Anket Soruları.....	62
Ek 2-Antik DNA Otantiklik Kriterleri.....	64

TABLÖLAR

	<i>Sayfa</i>
Tablo 1- Tell Kurdu Nüfusunun Değişik Nüfuslarla, HVR1 Parametrelerine Göre Karşılaştırılması	46
Tablo 2 – DNA Analizlerinin Kazılara Sağlayabileceği Katkılar	49

KISALTMALAR

aDNA:	Antik DNA
AVK:	Alföldi Vonaldiszes Keramia
DNA:	Deoksiribonükleik asit
GÖ:	Günümüzden önce
HV1/HVR1:	Hypervariable Region
LBK:	Linearbandkeramik
mtDNA:	Mitokondrial DNA
PCR:	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
yy:	Yüzyıl

Giriş

Arkeoloji, farklı bilim dallarının yöntem ve araçlarını kullanarak gelişmesini sürdürmektedir. Son yirmi yılda ise biyolojik yöntemlerden, özellikle genetik biliminin de hızla gelişmesine koşut olarak, daha fazla yararlanılarak "insan" ögesi geniş boyutları ile incelenebilmektedir. İnsanın fiziksel özellikleri (cinsiyet, yaş, gibi) yanı sıra hastalıkları, diyeti gibi karakteristikleri ve daha da çarpıcı olan nüfus hareketlerini ortaya koyan son derece önemli araştırmalar peş peşe yayınlanmaktadır. Genetik biliminin arkeolojide kullanımının getirdiği sayısız yararlar ile birlikte, yayınlanan araştırma sonuçlarının - özellikle DNA analiz tekniğinin son derece hassas olmasına bağlı olarak - kısa bir süre sonra bir başka araştırma ile doğru olmadığı veya yöntemin eksik kullanılmış olabileceği gerçeği ile de sık sık karşılaşılmaktadır. Bununla birlikte son derece zahmetli ve pahalı olan DNA araştırmalarının herhangi bir kazı araştırması çerçevesinde bakıldığında ne derece sonuçlara hizmet edeceği de baştan iyi düşünülmesi ve ona göre karar verilmesi gereken bir konudur.

Antik DNA çalışmaları ve Arkeogenetik görece yeni bir bilim dalı olduğundan, kullanılan terminoloji ağırlıklı olarak yabancı dildir. Çalışmamızda da türkçeleştirilmiş terimlerin kullanılmasına özen gösterilmiş olmakla birlikte kimi zaman zorunlu olarak yabancı dildeki terimler aynen korunarak kullanılmış, kimi zaman ise orijinal terimler dipnotlar halinde belirtilmiştir.

Bu çalışmada, esas olarak insanda genetik araştırmalar üzerinde durulmuş, odak noktası insan olduğu için hayvan ve bitki genetik araştırmalarına kısaca değinilmiştir. Doküman içinde, insanda genetik araştırmaların ve özellikle antik DNA analizlerinin insanlığın kökeni, nüfus hareketleri gibi arkeolojide başlıca hangi sorulara yanıtlar getirdiği tartışılacaktır. DNA araştırmalarının yararlarının yanı sıra, bu araştırmaların belli başlı dünya örnekleri ile Türkiye'deki bazı kazı yerlerindeki uygulamaları, soru ve sorunlar çerçevesinde gözden geçirilecektir.

Türkiye'de DNA analizlerinin bilinirliği üzerine yapılan bir anket ile birlikte, insan genetik araştırmaların sorunları tartışılacak ve konu hakkında bir tespit yapılmaya çalışılacaktır.

I. GENETİK- TERİMLER, ANALİZLER, aDNA

Arkeolojide biyolojik yöntemlerin kullanımı gerek bireyin gerekse insan toplulukların farklı özelliklerini ortaya çıkarması açısından gittikçe artan bir sıklıkla kullanılmaktadır. Kullanılan biyolojik yöntemler, esas olarak tüm canlılardaki biyomoleküllerin, yani, proteinlerin, lipidlerin, karbonhidratların ve nükleik asitlerin (esas olarak DNA) farklı tekniklerle incelenmesi esasına dayanır. Biyolojik yöntemler, prehistorik insan kalıntısında kemiklerin ve dişlerin veya kazı yerinde bulunan koprolitler* veya kan kalıntılarından alınan örneklerin incelenmesi ile mümkündür. Yakın tarihli insan kalıntılarında ise, eğer saç varsa, bu da örnek alınması için kullanılabilir.

Biyolojik yöntemler içinde proteinler başlıca incelenen moleküllerden biridir. Örneğin '**Amino acid racemization**'** adı verilen bir teknikle, hayvan ve insan kemik yaşları bulunabilir. Karbon tarihlenmesinden çok daha önceki zamanlara ait tarihleri verebilmeye yarayan bu tekniğin esası amino asitlerin bir özelliğidir. Amino asitler, ikili-ayna formu denen ve kimyasal yapıları farklı formlarda bulunur. Polarize bir ışık karşısında sağa ve sola dönerler. Sola dönenlere L-amino asitler, sağa dönenlere D-amino asitler adı verilir. Yaşayan organizmalarda sadece L-amino asitler bulur. Organizma öldükten sonra, **rasemize** olur ve D-amino asitler oluşur. Bu işlev ısıya bağımlıdır ve hız da buna göre değişir. Ancak kalıntıların bulunduğu yerde, daha sonraki yıllara ait buluntularda karbon tarihlenmesi yapılarak yerel hız tespit edilir (Renfrew and Bahn, 2001:156-57).

Proteinlerin kan hücrelerinde bulunan formu hemoglobin, 1983 yılında T.H. Loy tarafından Tabun mağarasındaki 90,000 yıllık taş aletlerin üzerinde ve daha sonra da Olduvan'da 2.8 milyon yıllık taş aletlerde **immunoassay** denen, protein

* Fosilleşmiş dışkı. Dışkılama sırasında barsaklardan hücreler dökülür.

** Racemization= Rasemik yapıya geçme (Sağa ve sola çevirici izomerlerin eşit yapıda olması)

gibi bir maddenin varlığını veya miktarını ölçen teknik yöntemlerle tespit edilmiştir. Ancak bu buluntu tartışmalıdır. Çünkü, proteinin kemiklerde veya kabuklarda minerallere bağlanarak kalabildiği tespit edilmesine rağmen, taşlarda hangi yapılara tutunabildiği tartışmaları getirmiştir. Ancak ilk araştırmayı yapan Loy, karşı görüşlere şu mekanizmaları kanıt göstermiştir: 1) serum proteinlerin kuruyunca kendilerine bir kılıf oluşturabilmesi, 2) taşlardaki kil minerallerin, güçlü yüzey aktörler olup, bir kılıf oluşturabilmesinin mümkün olması (Jones, 2001:179-80).

Radyoimmunoassay'le yapılan protein analizleri de, fosillerdeki protein moleküllerini tanımlama ve türler arasında taksonomik ilişkiler kurulmasına yardımcı olur.

Arkeolojide kullanılan bir başka biyomolekül lipidlerdir. **Infrared spektroskopi**, **gaz-sıvı kromatografisi** ve **gaz kromatografi mass spektrometri** ile lipid oranlarına bakarak farklı tahıl ve baklagil türleri ayrıştırmaları yapılabilir.

Fosfatlar, hayvan ve insan yağlarında birikir. Araştırma yapılan yerdeki toprak örneklerinde bolca fosfat bulunması, orada hayvancılığın yapıldığının ya da insanların yaşadığının bir kanıtı olabilir.

Koprolitler de yağları barındıran önemli kalıntılardır. Örneğin **kolesterol** ve **koprastorol** gibi yağlar insan koprolitlerinde tespit edilebilir. **Stanoller** ise, hayvan barsaklarına özgü yağ asitleri olup hayvan dışkılarında bulunur.

Karbonhidratların incelenmesi de arkeolojik araştırmalara önemli katkı sağlayan verileri toplamaya yardımcı olan bir başka biyomoleküldür. Örneğin, şekerlerin, insanda nişasta, hayvanda glikojen şeklinde bulunan formlarına **polisakkaridler** denir. **Polisakkaridler**, kan gruplarının oluşumundan sorumludur ve sadece kan hücrelerinde değil, kemik dahil her türlü dokuda bulunur ve hayli dayanıklıdır. Kan gruplarının tayin edilmesi için, **polisakkarid** analizleri yapılabilir.

Bu alıřmada esas olarak ele alınacak olan insan genetik arařtırmalarının gemiř birey ve topluluklarda veya gnmz topluluklarının arařtırmalarında kullanımıdır.

Genetik, bir dilim dalıdır ve kendine zg bir lisanı vardır. Ařađıda genetikte kullanılan terimlerden, analizlerde kullanılan gen sistemlerinden ve antik DNA (aDNA)'dan bahsedilmektedir.

A.Terimler/Tanımlar

Kalıtımla uđrařan bilim dalına “Genetik” adı verilir. İnsanlar, hayvanların evcilleřtirilmesini, bitkilerin kltre alınmasını binlerce yıl nce bařardıđına gre, kalıtım her zaman onlar iin hayatın bir parası olmuřtur. Genetik biliminin 18nci yzyılın ikinci yarısından itibaren zellikle Darwin'in Trlerin Kkeni ve George Mendel'in kalıtımsal faktrler olarak tanımladıđı ancak ok sonraları “gen” adı verilen kalıtım birimlerini tanımlaması ile bu bilim dalı hızla geliřmiřtir. Son 20 yılın en byk genetik projesi olan İnsan Genomu Projesi ile de artık insanların her trl kalıtımsal zelliklerini ortaya koyan tm genlerinin haritasının ıkartılabilmesi neredeyse tamamlanmak zeredir.

Gen adı verilen kalıtım birimleri canlıların kromozomlarında yer almaktadır. Bir insan genomunda 30,000 kadar gen vardır. İnsanda bir ifti cinsiyeti tayin eden olmak zere 23 ift kromozom bulunur. Kromozomlar hcrelerin ekirdeklerinde veya mitokondrialarda bulunur.

Genlerin esas yapısını DNA adı verilen nkleik asitler oluřturur. Yani her DNA moleklnn iinde genler vardır ve genler de kromozomların paralarıdır.

DNA (Deoksiribonükleik Asit) Yapısı ve İşlevi:

DNA yapısı, esas olarak nükleotid adı da verilen dört tane baz (**A**denine, **C**ytosine, **G**uanine, ve **T**hymine) şeker ve fosfattan oluşur. Şeker, fosfat ve yan zincir bir temel yapıyı, DNA bazını oluşturur. Dört baz eşit miktarlarda bulunur, ve A daima T ile G daima C ile eşleşir. Milyarlarca baz çifti bir polimere bağlıdır ve bunlar hepsi birlikte çift sarmal yapıdaki makro molekülü oluşturur. Bu molekülün biyolojik işlevi genetik bilgiyi tutmak ve kalıtmaktır. Genetik bilgi 4 farklı harfle şifrelenmiştir.

Yaşayan bir canlıda DNA, hücrelerin çekirdekleri içinde olup her bir hücrenin biyolojik işlevini kontrol eder. Çekirdek DNA'dan başka bir de mitokondriada DNA vardır. Hücre süreçleri için enerji üreten bu küçük yapılarda mtDNA bulunur. Somatik bir hücrede iki kopya DNA varken, mitokondriada 100-1000 arası mtDNA bulunur.

DNA'nın en önemli özelliği 4 bazının, sekans şeklinde sıralanmasıdır (baz sekansı veya nükleotid sekansı) ve bu da genetik bilgiyi temsil eder.

DNA Replikasyonu: Genetik bilginin bir sonraki kuşağa geçmesine neden olan, DNA'nın çoğalması işlemidir. Her iki kol birbirinden ayrılırken, nitrojen bazların birleşme esasına göre, esas kollar, yeni kollarla birleşirler.

Biyolojik Etkenler:

Bireyleri ve toplulukları biyolojik olarak birbirinden farklı kılan başlıca üç etken vardır: Bunlar, **mutasyon**, doğal seleksiyon ve genetik sürüklenme^{*}

Bir DNA sekansında rastgele meydana gelen değişikliklere **mutasyon** denir. Her bir kuşakta ortalama bir genomda 30 kadar mutasyon olduğu düşünülmektedir. Yani bir bireyi ebeveyninden ayıran ortalama 30 kadar mutasyon vardır.

^{*} Metin içinde genetik sürüklenme genetic drift karşılığı kullanılmıştır.

Mutasyon, genetik bilginin sadakatle depolanmasında bir hata olması şeklinde de açıklanabilir (Klug and Cummings, 1991; Jones, 1994).

Eğer mutasyon somatik hücrelerde oluşursa- bir sonraki kuşağa geçmez. Eğer çoğalmayı kontrol eden bir hücrede olursa- habisleşme olur (Kanser hücrelerinin oluşması gibi).

Mutasyon hızı ve örnekteki polimorfizm* sayıları bilindiğinde, bir örneğin kaç yıl öncesine ait olduğu bulunabilir (Wells, 2002).

Genetik sürüklenme, bir topluluktan alınan küçük örneklerin hatalı sonuç verme eğilimini tarif eder. Örneğin bir bozuk para, 1000 kez döndürüldüğünde, 500 kez yazı, 500 kez tura gelir. Ama 10 kez döndürüldüğünde, bu oranlar, 5-5, 4-6, 7-3 şeklinde olabilir (Wells, 2002). Çünkü örneklem grubundaki rastgele dalgalanma, örnekteki az sayıdaki bireysel olaylara bağlıdır. Nüfus büyüklüğü de böyledir. Küçük nüfuslu topluluklarda, sadece birkaç kuşakta çok önemli gen frekans değişikliklerine yol açabilir. Küçük veya izole topluluklarda, sürüklenme gen frekanslarını çok ciddi etkiler (Örn. Alplerde albinizm**, Aşkinazi Yahudilerinde görülen Tay-Sachs*** hastalığı). Eğer göç artarsa, genetik sürüklenmenin etkisi azalmaya başlar.

Haplotip ve Haplogrup:

Eğer mitokondrial Havva'nın (Bkz. Tarihçe bölümü) iki kızı olduğunu farz edersek ve eğer bunlardan birinde bir mutasyon olup diğerinde olmasaydı, mutasyon olan kızından doğan tüm kızlarında bu mutasyon görülecekti, Havva iki farklı anasoy üretmiş olacaktı. İşte bu farklı mitokondria sekanslarına haplotip, tek bir atasoy haplotipinden gelen haplotiplerin oluşturduğu gruba haplogrup adı verilir (Olson, 2003:35). Mitokondrial DNA haplogrupları, A'dan Z'ye kadar (bazı harfler atlanarak) harf isimleri verilerek gruplandırılmıştır. Ancak Sykes (2001),

* Farklı yapılar

** Göz, deri ve saçlı deride melanin pigmentinin azlığı veya hiç olmaması ile karakterli bir gen hastalığı

*** Lipidlerin aşırı birikimine bağlı santral sinir sistemi hastalığı

haplogrupları esas buldukları coğrafi bölgelere göre 7 ana grupta ele almış, ve bunların baş harflerinden oluşturulan kadın isimleri ile öykülerini anlatmaya çalışmıştır. Haplogruplar genetik popülasyonları tanımlamak için kullanılır (Klug-Cummings, 1991; Jones, 1994).

Arkeogenetik:

Arkeolojide, genetiğin ve biyolojik tekniklerin yardımı ile bulguların yorumlanmasına dayalı bilim dalına verilen addır. Daha önceleri tarihi genetik adıyla bilinmesine rağmen, son yıllarda arkeogenetik daha fazla benimsenen bir terim olmuştur. Renfrew (2003), arkeogenetiği, moleküler genetik tekniklerini kullanarak insan geçmişinin incelenmesi olarak tarif etmiştir.

B.Genetik Analizlerde Kullanılan Gen Sistemleri

Bugün genetik analizlerde esas olarak mitokondrial DNA (mtDNA) ve Y-kromozomu kullanılmaktadır. Bu gen sistemlerinin özellikleri ve analizler için seçilmelerinin nedenleri şöyle açıklanabilir:

1.Mitokondrial DNA (mtDNA)

DNA analizlerinde kullanılan mtDNA, mitokondriadan alınan DNA şeklinde tanımlanabilir. Mitokondria, insan hücresinde bulunan, hücrenin fonksiyonuna yardımcı olan enerjiyi üreten yapılardır. Hem erkekte hem de dişide bulunur ancak sadece dişilerden bir alt soya geçer. İnsan evrim sürecinde, milyonlarca yıl önce bir bakterinin canlı bir hücreye girmesi ve orada kendine bir yer edinmesi ile bu yapının sonraki kuşaklara da geçtiği düşünülmektedir (Sykes, 2001; Wenke, 1999). Normalde DNA, hücre çekirdeğinde bulunur. Ancak mitokondrianın da DNA'sı vardır. Bu DNA sadece 16,500 baz uzunluğundadır.

Hücre DNA'sında ise 3 milyar baz bulunur. mtDNA'nın genetik kodu da biraz farklıdır.

Mitochondrial DNA'nın diğer özellikleri şöyle sıralanabilir:

- Sadece anneden kalıtım yolu ile geçer, babadan geçmez.
- mtDNA'da çekirdek DNA'dan daha fazla mutasyon hızı görülür. Yani mitokondriadaki moleküler saat çekirdekten daha hızlı ilerlemektedir. Bir başka türlü ifade edecek olursak, izole gruplarda bile birbirine benzer mtDNA pek görülmez. mtDNA içinde minör genetik mutasyonlar zamanla biriktiği için, ortak ataları olan iki birey birbirlerinden ne kadar uzaksa, mtDNA'larındaki fark da o kadar fazla olacaktır.
- Kontrol bölgesi (HVR1) adı verilen, 500 baz uzunluğunda mutasyonların en sıklıkla görüldüğü bir bölgesi vardır. mtDNA'nın diğer kısımlarının aksine bu bölgede herhangi bir şeye özgü kodu bulunmaz, belli bir fonksiyonu yoktur, nötraldir.
- Sadece anneden geçtiği için yeniden birleşmeme * özelliği vardır

(Sykes, 2001; Wells, 2002; Wenke, 1999).

İşte tüm bu özellikleri, mtDNA'nın analizlerde kullanılmasına neden olmaktadır.

Bugün yapılan birçok aDNA analizinde mtDNA kullanılmasına rağmen, unutulmaması gereken bir şey vardır: Cavalli-Sforza, Sykes ve Hofreiter'in (Sykes, 2001; Hofreiter et al., 2001) uyardıkları gibi, mtDNA tek bir gen dir ve bu nedenle istatistiksel dalgalanmalara neden olup tüm insan genetiğinin bütünü temsil etmeyebilir. Sykes buna pek katılmadığını söylese de bir başka genin daha kullanılmasında yarar olduğunu da belirtmiştir (Sykes, 2001). Hofreiter ve arkadaşları (2001) makalelerinde, birbirine yakın olmayan türlerin incelenmesinde, mtDNA analizlerinin sorun olmadığını, çünkü türleşme vakalarının arasında yeterince zaman geçtiğinde genomun tüm kısımlarının aynı filogenetiği gösterebileceğini söylemektedirler. Ancak birbirine yakın türler veya

* Yeniden birleşmeme non-recombining, anlamında kullanılmıştır.

nüfusların genetik sorunları araştırıldığında genomun tüm tarihini vermeyebileceğini çünkü mtDNA'nın tek bir genetik lokusu temsil ettiğinin unutulmaması gerektiğini hatırlatmaktadırlar.

2.Y-kromozomu

Araştırmacıların genellikle kullandıkları mtDNA ile ilgili kuşkular ortaya çıkınca, Y-kromozom analizleri önem kazanmaya başlamıştır. Doğa, türleri farklılaştırırken, cinsiyetleri de farklılaştırmayı sürdürmüş ve bu özelliklerini kalıtımla geçirirken o cinsiyet özelliklerini aynı cinsten alınması gibi bir farklılık yaratmıştır. Nasıl mitokondria sadece anneden geliyorsa, Y-kromozomu da sadece babadan geçer. Ama Y-kromozomunun bir ileri özelliği daha vardır ki, herhangi bir anomali olmadığı takdirde sadece erkek çocuklarına geçer, kadınlarda Y-kromozomu bulunmaz. Böylece Y-kromozomunun incelenmesi de mitokondria gibi özgün sonuçlar doğurmaktadır.

Erkekteki Y-kromozomu, X-kromozomu ile sadece her iki uçtaki kısa bölgelerde birleşir (Wells, 2002:42). Böylece hücre bölünmesi sırasında cinsiyet kromozomlarının uygun bir şekilde bir araya gelmesi sağlanmış olur. Y-kromozomunun kalan kısmı, yani Y'nin yeniden birleşmeyen kısmının X-kromozomu ile bir ilgisi yoktur. Ve tekrar birleşebileceği çift kromozomu da yoktur ve birleşmez. Böylece hiç değişmeden bir kuşaktan diğerine geçer. Bu özelliği mitokondrial genoma benzemektedir.

Y-kromozomunun nüfus genetiğindeki önemi, 16,000 nükleotidli mtDNA'ya karşın 50 milyon nükleotidinin olmasıdır. Böylece mutasyonların oluşmuş olduğu birçok bölgesi vardır, yani üzerinde birçok polimorfizm izlenebilir. Yeniden birleşme yapamadığı için, mutasyonların sırasını izlememiz mümkün olur. Ve yine bununla birlikte yeniden birleşime uğramadığı için, Y üzerindeki fonksiyonel genlerin de sayısı azdır, sadece 21. Bu sayı, mitokondrion için 37'dir. Ortalama bir insan kromozomunda 1,500 aktif gen vardır.

Y-kromozomu üzerindeki aktif 21 genden, **SRY**^{*}, embriyodan erkek oluşmasındaki esas gendir. Diğer genler ise bir erkeğin erkeğe benzemesine veya erkek gibi davranmasına neden olan özelliklerinin fonksiyonunda rol oynar. Ancak çoğunlukla, Y'yi oluşturan DNA'nın hiçbir fonksiyonu yoktur. Buna rağmen "Çöp DNA" denebilecek bu DNA'nın nüfus genetiğinde çok önemli bir rolü vardır. Y-kromozomundaki **polimorfizmlere** bakarak da babadan, büyükbabaya ve onun babasına, giderek ilk erkek atasına kadar izi sürmek mümkün olur.

Roewer ve arkadaşları tarafından yapılan en büyük örnekli Y-kromozomu analizleri 2005 tarihinde yayınlanmıştır (Roewer et al., 2005). Bu çalışmada Avrupa'nın 91 farklı yerinden, 12,727 erkekten alınan DNA örneklerinde, **Y-STR**^{**}lerine bakılarak, yerel nüfus yapıları ile birlikte yakın geçmiş demografi tarihinin araştırmasında önemli marker'lar olarak kullanılabilirdiği gösterilmiştir.

C.Antik DNA (aDNA)

Antik DNA, müze örnekleri, arkeolojik buluntular, fosil kalıntıları ve diğer farklı kaynaklarda bulunan DNA'ya verilen addır. Kullanım alanları esas olarak, tek veya birey örneklerinin incelenmesi ve iskelet topluluklarından yapılan prehistorik nüfus çalışmalarıdır (O'Rourke et al., 2000).

1.Örneklerin Önemi

DNA'nın incelenecek düzeye gelmesine kadar geçirdiği bir serüven vardır. Öncelikle, DNA örneği alınacak olan dokunun örnek alınmasına izin verecek yapısı ve özellikleri olmalıdır. Bu DNA içeren doku herhangi bir biyolojik kalıntıdan alınabilir; iskeletler, vücutlar, tek parça kemikler, koprolitler , saç, diş, müze örnekleri ve hatta fosiller gibi. Ancak herhangi bir dokudan örnek

* SRY- Sex determining Region of Y: Y'nin cinsiyeti belirleyen bölgesi

** Y-STR: Y- chromosomal short tandem repeat loci- Y kromozomu içinde bir bölge

alındığında dokuya geri dönülemez zarar verildiği için alınan örneğin çok küçük olması yeterlidir.

Bu arada, alınan örnekteki DNA'nın kalitesi de önemlidir. DNA kalitesi esas olarak örneğin bireysel tarihinin kimyasal, jeolojik, ekolojik ve biyolojik şartlarına bağlıdır. İyi korunmuş DNA düşük ısıda bulunur. Kuruluk da korunma için önemlidir, çünkü DNA çürümesi rutubetli ortamlarda daha hızlı olur. Bu nedenle çöllerdeki veya benzeri şartlardaki buluntular daha başarılı DNA örneklerini sağlar. Anaerobik (havasız) olan nemli ortamlar da çok iyi bir korunma şartı sağlayabilir (Yang and Watt, 2005).

Dişler ve kemikler DNA örnekleri için en uygun kaynaklardır, çünkü katı maddelerden oluşurlar ve bu nedenle genetik bozulma (diyagenetik) süreçlerinden daha az etkilenirler. Bu dokular, doğal bulaşıcılardan da (mikroorganizmalar, mantar gibi) daha az etkilenir. Geçici kirlenmeler ise örnek alınmadan önce temizlenebilir. Kemikleri etkileyen başlıca etkenler toprağın asitli yapıda olması, mikroorganizmalar, su ve ısıdır (Mays, 2002).

2. Kaynak Maddeye Ulaşma

Kaynak maddeye ulaşırken atılan adımlar şöyle sıralanabilir:

Örnek Alma:

Örnek alırken çok dikkatli olunması gerekmektedir, çünkü bulaşma ciddi hatalı sonuçlara yol açabilir. Bu konu, özellikle antik DNA araştırmasında daha da önem kazanmaktadır. Örnek alma kazı sahasında gerçekleşmeli, eldiven, maske ve başlık kullanılmalıdır. Tüm aletler ve kaplar steril olmalı, modern DNA bulaşmamış olmalıdır. Örnek alındıktan sonra örnek kabı hemen sıkıca kapatılmalı ve laboratuara kadar açılmamalıdır.

DNA'nın Örnekten Alınması:

Birçok prosedür önerilmektedir. Genellikle kaynak madde toprak ve diğer bulaşıcı maddelerden temizlenir (optimal UV-radyasyonu ile), homojenize edilir ve **ekstraksiyon** tamponuna konulur (Klug and Cummings, 1991).

İzolasyon (ayırma) ve Purifikasyon (arındırma):

Farklı yöntemler kullanılır. Eski maddelerde humik asitler gibi DNA benzeri maddeler olabilir ve bunlar enzim reaksiyonlarını önler. Bu nedenle bu maddelerin temizlenmesi çok önemlidir.

Amplifikasyon* : Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR):

PCR, genetik bir el kitabının bir sayfasının istendiği kadar kopyasını çıkartan biyolojik fotokopi makinesi diye tanımlanabilir. Fotokopiyi yapan enzim kaplıcalarda yaşayan bir bakteriden (*Thermus Aquaticus*) alınır, yani aşırı ısıya dayanıklıdır. Reaksiyon naturel DNA'ya bağlanan bir çift kısa yapay DNA sekansı-(buna primerler adı verilir)'in amplifikasyonu ile başlatılır. Reaksiyon karışımını peş peşe ısıtma ve soğutma işlemlerinden geçirerek ve 4 bazı vererek, yarılması beklenen DNA kolları enzimin yardımı ile kendilerini kopyalamaya başlar ve yeniden oluşur. Bu dönüşümün her tekrarında, kopyalanan sayı bir kat daha artar ve kısa sürede orijinal DNA'nın kopyaları milyonlarca üretilmiş olur.¹

PCR'ın bilimsel önemi şudur: Her yaşayan organizmanın (bitki, hayvan, bakteri, virüs gibi) DNA sekansları kendi türlerine özgüdür. İnsanlar gibi daha kompleks organizmalarda ise DNA sekansları bireylere özgüdür. Böylece genetik madde kökenine kadar izlenebilir, hangi türden geldiği bulunabilir ve hatta türün hangi üyesine ait olduğu bulunabilir.

* Amplifikasyon: Geliştirme, çoğaltma, arttırma anlamına gelir. Teknik bir terim olduğu için metin içinde Türkçeleştirilmeden kullanılmıştır.

¹ PCR mucidi Karry Mullis 1993'te Kimya dalında Nobel Bilim Ödülünü almıştır.

Doğada, birçok organizma DNA'yı aynı şekilde kopyalar. PCR işte bu süreci taklit eder, ancak bunu bir test tüpünde gerçekleştirir. Herhangi bir hücre bölündüğünde, polimeraz adlı enzim her kromozomdaki tüm DNA'ların kopyasını yapar.

Bu süreçteki ilk adım çifte sarmaldaki iki DNA zincir fermuarının açılmasıdır. Kollar ayrılınca, DNA polimerazı her bir ayrı kolun kopyasını, ilk kolu esas alarak yapar. DNA'nın kopyalanması için, polimerazın iki bileşene daha gereksinimi vardır: dört nükleotid bazına (**A**denine, **C**ytosine, **G**uanine, ve **T**hymine) ve primer'e. DNA polimerazları, insanlardan, bakterilerden, virüslerden nereden alınırsa alınsın, bir DNA zincirini nükleotidlerin kısa sekansını "prime" etmeden yani başlatmadan kopyalayamazlar. Bunun için hücrenin primaz adındaki başka bir enzimi aslından ilk nükleotidlerin kopyalamasını yapar. Bu DNA uzantısına primer denir. Primer yapılıncaya, polimeraz geri kalan zincirin yapımını sürdürür. Primerler bir genetik maddenin herhangi bir kolunu yapan dört değişik kimyasal bileşenin kısa zincirleridir. Bu dört bileşen nükleotidlerdir (veya bazlardır) Primerler tek (single) kollardır.

Bir PCR tüpünde DNA çoğalması için gerekli her türlü bileşeni vardır: bir parça DNA, çok miktarda 4 nükleotid, çok miktarda primer sekansı ve DNA polimerazı. (Polimeraz, Taq polimerazıdır ve izole edildiği bakterinin adını almıştır) .

Polimeraz zincir reaksiyonunun üç kısmı da aynı tüp içinde olur ancak bunlar farklı ısılarda gerçekleşir. Sürecin ilk kısmı çifte sarmaldaki iki DNA zincirini birbirinden ayırır. Bu tüpü 75-90 derecede 30 saniye ısıtma ile gerçekleştirilir. Ancak bu yüksek ısıda primerler DNA kollarında bağlanamaz onun için tüp ısısı 55 dereceye indirilir. Bu ısıda, primerler DNA kollarının uçlarına bağlanır. Bu işlem 20 saniyede olur. Reaksiyonun son adımı esas kolun tam kopyasının yapılmasıdır. Taq polimerazı en iyi şekilde 75 derecede reaksiyona girdiği için (kaplıcaların ısısı) tüpün ısısı tekrar arttırılır. Taq polimerazı nükleotidleri primere eklemeye başlar ve sonuçta esas kolun aynısının kopyasını yapmış olur. Eğer kolda A nükleotidi varsa, enzim primere T nükleotidi ekler. Eğer kolda G varsa,

enzim C'yi ekler. Böylece DNA kolunun sonuna kadar böyle gider ve PCR döngüsü tamamlanmış olur.

Özetleyecek olursak, polimeraz zincir reaksiyonunda üç adım vardır- kolların ayrılması, primerin esas kolla birleşmesi ve yeni kolların sentezi- bunların hepsi iki dakikada tamamlanır. Ve hepsi de aynı deney tüpünde olur. Döngünün sonunda tüpteki her DNA parçasının bir kopyası oluşmuştur.

Döngü 30 kez veya daha fazla tekrarlanır. Her yeni sentez edilen DNA parçası yeni bir kol gibi hareket eder ve böylece 30 döngü sonunda bir tek parça DNA'dan 1 milyar kopya üretilmiş olur. Deney tüpündeki ısı değişikliklerini yapmak için harcanan zaman da hesaba katıldığında, 1 milyar kopya 3 saatte hazırlanmış olur.

PCR'da elbette teknik problemler de yaşanır. Bunların en önemlisi alınan örneğe bir dış genetik maddenin bulaşmasıdır ki bu da milyonlarca hatalı DNA kopyalanması demektir. Eğer analizin herhangi bir yerinde farkına varılırsa, malzeme bundan sonra kullanılamaz. Ama fark edilmezse, hatalı sonuçlar verir. Bunun için laboratuvarlar özel önlemler alarak bu hatalı örneklemeyle engellemeye çalışmaktadırlar. Özellikle tıp ve hukuk alanlarında insan hayatının söz konusu olduğu uygulamalarda bulaşmanın önlenmesi çok önemlidir (Klug-Cummings, 1991; Jones, 1994; Sykes , 2001).

Kontroller:

Örnek alınımından PCR reaksiyonunun sonuna kadar bulaşmadan koruma çok önemlidir. Bu nedenle, laboratuvarında negatif kontroller uygulanır. Negatif kontrol, içinde otantik antik DNA taşımayan PCR reaksiyonu demektir. Bu reaksiyonu yapmak için, **extraction blanks** denen örnek madde hiç konulmaz veya **PCR blanks** denilen örnek ekstraktı yerine su konulur (Paabo et .al, 2004, Spencer and Howe, 2004).

3. Antik DNA Arařtırmalarının Sorunları

Antik DNA analizlerinin zellikle insanlık tarihine katkıları olduėu ve olacaėı bir gerektir. Ancak bu ok zahmetli ve pahalı yntemin, bugne kadar yapılan eřitli arařtırmalar ve bunlarla ilgili yapılan yayınlarda, sonularının kesinliėi konusunda arařtırmacıların bir oėu hep dikkatli olunması gerektiėini belirtmektedir. Her arařtırmada rneėin alınması ile bařlayarak analizlere kadar ilerleyen srete ve de bu analizlerin yorumlanmasında ok dikkatli olunması gerektiėi, zellikle genellemeler yapılması konusunda ayrıca hassasiyet gsterilmesinin ok nemli olduėu hep vurgulanmaktadır.

Antik DNA analiz srecinde dikkat edilmesi gereken konular bařlıca řu řekilde incelenebilir:

a. rnekten Analize

nceki sayfalarda, rnekerin alınması ve laboratuvar ařamalarında nelere dikkat edilmesi konularına deėinildi. Bunların da tesinde bu ařamadaki bir bařka sorun da antik kemiklerdeki oėaltılabilecek DNA'ların frekansıdır. Bu frekans yeterli olmadıėı taktirde, alınan rnek herhangi bir iře yarayamayabilmektedir (Mays, 2002).

Alınan rnekerin, canlının hangi dokusundan geldiėi de bir bařka nemli konudur. rneėin koprolitler, DNA'ların tespiti iin nemli bir kaynaktır. Sedimentlerde de hayvan DNA'ları tespit edilebilmektedir. Ancak sedimentlerde ve koprolitlerdeki bařlıca problem, yeraltındaki suyun yukarı ve ařaėı dzlemlerde hareketiyle, molekl paracıklarını hareket ettirmesi ve bu sırada yeni DNA'ların da rneklere bulařmasıdır. Ayrıca sedimentlerdeki DNA sekanslarının koprolitlere ne kadar nfuz edeceėi de bilinmemektedir. İřte, DNA analizlerinde kemik ve diřlerin genellikle tercih edilmelerinin nedeni, sadece o canlıya ait mtDNA sekansını barındırmasıdır (Paabo et al., 2004).

Örneklerin alınmasından analiz sonuçlarına kadar yaşanan süreçte, DNA analizlerinin güvenilirliğinin uluslar arası kabul edilebilirliğini sağlamak üzere konu araştırmacıları “Antik DNA sekanslarını belirlemek için otantiklik kriterleri” üzerinde birleşmektedir. Hofreiter ve ark. 2001 yılında yayınladıkları makalelerinde, o yıla kadar yapılan birçok araştırmadaki sekansların bu kriterlere uymadığı için hiçbir güvenilirliği olmadığını iddia etmektedir. Konunun uzmanlarından Paabo ve ark. (2004) benzeri görüşleri savunmaktadır ve yayınladıkları kriterlerde (Bkz. Ek 2) özellikle ikinci bir laboratuarda analizlerin yapılmasının önemini vurgulamaktadırlar.

Ama bütün bu kriterlere uyulmasına rağmen, analiz sonuçları yine de geçersiz olabilir. Çünkü örneğin alımı sırasında herhangi bir modern DNA'nın bulaşması söz konusu olduysa, örnekler her iki laboratuarda birden geçersiz sonuçlar verecektir.

Agnar Helgason (2000) , Avrupa gen haritalarının çıkartılmasında ve demografik örüntülerin açıklandığı araştırmalardaki bir tehlikeden bahsetmektedir; bu da örnek sayılarının yetersizliğidir. Helgason şu soruları sormaktadır:

1) Eğer haplogrupların tanımlanmasına yardımcı olan mutasyonlar, modern Avrupa topluluklarının oluşumundan çok önce meydana geldiyse, ve bunlar bireysel soylar veya alt-küme soylarını oluşturduysa ve böylece sadece belli toplulukları veya belli coğrafyaları etkilediyse?

veya

2) Eğer yüksek sayıdaki kadın göçleri eski coğrafik örüntüleri sildiyse ve yenilerin oluşmasına engel olduysa?

Bu durumda örneklerin sayısının arttırılmasında böylece çeşitli Avrupa insan topluluklarında mtDNA varyasyonlarını gösteren daha ayrıntılı araştırmalara gereksinim olduğu ileri sürülmektedir (Helgason., et al., 2000).

b.Sonuçların Yorumlanması

Her şeyin iyi gittiği ve başarılı bir analiz yapıldıktan sonra, sonuçların yorumlanması aşamasında elbette bu sonuçların en başta sorulması gereken sorunun veya hipotezin doğrulanıp doğrulanmadığını yanıtlaması/açıklaması gerekmektedir. Eğer belirgin bir soru sorulmadan bu analize karar verilmişse, sonuçların neye yardım edeceği de pek belli olmayabilir. Antik DNA analizinin çok önemli, temeli olan arkeolojik sorulara bir katkısı olduğu takdirde yapılması gerekmektedir. Örneğin DNA analizlerinin kız çocuklarının ölümü (infantisit) ile ilgili bir mezar araştırılmasında kullanılmasının bir anlamı olabilir ama bir mezardaki erişkin olmayan iskeletlerin rutin cinsiyet tespitleri için kullanılması anlamlı olmaz (Mays, 2002:206).

Svante Paabo (2004) da benzeri bir yaklaşımla, her antik DNA araştırmasının sorulan biyolojik sorunun anlaşılması ve analizinin bu soruya hizmet etmesi anlayışıyla yaklaşılmasını gerektiğini öne sürmektedir.

Bandelt ve arkadaşları tarafından (2002) yazılan bir makalede de, tüm molekül araştırmalarının kolayca genelleştirmeler yapmalarının, genetikçilerin arkeolojik soruları bilmeden bazı hipotezleri öne sürmelerinin ve verilerin hatalı okunmasının getireceği tehlikelerden söz edilmektedir.

c.DNA'ya Özgü Sorunlar

Yukarıda bahsedilen konular bir süre sonra teknolojinin gelişmesi ve araştırmacıların deneyimlerinin artması ile birlikte çözümlenebilecek sorunlardır. Bunlara insana özgü sorunlar da denebilir. Ancak konunun bir de analizlerin esasını oluşturan DNA ile ilgili boyutu vardır.

Önceki bölümlerde de bahsedildiği gibi, mtDNA'nın kullanılmasının, DNA analizlerinin yapılmasında sağladığı kolaylıklar yerini şimdi, bir tek mtDNA tüm insanlık tarihini ortaya koymaya yeterli mi sorusuna bırakmış ve bu nedenle de Y-

kromozomunun, mtDNA ile birlikte kullanılmasının yararları savunulmaya başlanmıştır. Çünkü mtDNA tek bir gen olduğu veya tek bir genetik lokusu temsil ettiği ve istatistiksel dalgalanmalara açık olduğu için tüm insanlığın genetiğinin açıklanmasında temsil edici olmayabilir (Sykes, 2001; Hofreiter et al., 2001). Halbuki bugüne kadar yapılan DNA analizlerinin hemen hepsi mtDNA ile yapılmıştır. Zaman geçtikçe mtDNA ile yapılan bazı araştırmaların geçersiz olmuş olabileceğine dair yayınlar da artacak gibi görünmektedir.

DNA'ya özgü bir başka sorun da moleküler hasardır. Organizmanın ölümünden sonra enzimler veya çeşitli organizmalar (bakteriler, böcekler, mantarlar) nedeniyle DNA'nın yapısı hızla bozulur. Eğer DNA'nın bulunduğu yer kuru bir ortamsa veya DNA mineral matrikse yapışır, bozulmadan kurtulabilir. Ama bu arada kimyasal süreçlerin de bozulmaya etkisi bulunmaktadır. Yapısı bozulan DNA'da kol kırılmaları, oksidatif lezyonlar, hidrolitik lezyonlar gibi molekülün hasara uğradığını gösteren bulgular tespit edilir. Bu hasarlar DNA miktarının azalmasına, boyutun küçülmesine, baz ve şeker parçalanmalarına veya nükleotid modifikasyonu gibi farklı değişimlere yol açar. Bu hasarların alınan örneğin analizini etkilemesini önlemek için PCR tekniklerinin daha da geliştirilmesine çalışılmaktadır (Mays, 2002; O'Rourke et al., 2000).

II. GENETİK ARAŞTIRMALAR VE ARKEOLOJİ

DNA analizlerinin arkeolojide kullanılmaya başlaması ile birlikte, arkeolojik buluntularla birlikte yorumlandığında insanın tarihi ile ilgili bize çok önemli kanıtlar sunmağa başlamıştır.

DNA analizleri çeşitli konuları araştırmak için kullanılabilir. Bunlar; modern insanın evrimini anlamak için, bireylerin/toplulukların göçlerini izlemek için, soy bağlantılarını izlemek için, kişileri (bireyleri) belirlemek/tanımlamak için (cinsiyet, hastalıklar,aile bağları, vb), kültüre alınmış, evcilleşmiş hayvanların kökenini belirlemek için veya kalıtsal veya enfeksiyona bağlı hastalıkları tanımlamak gibi çok çeşitlidir.

A. Tarihçe

Genetik bilgi ve verilerinin antropoloji ve arkeoloji alanında kullanımları genetik ile ilgili araştırmaların ilerlemesine paralel olarak gelişmiştir.

Nüfus varyasyonlarının genetik verilere dayalı olarak incelendiği ilk araştırma, 1919'da Lancet dergisinde Hirszfild ve Hirszfild'in I. Dünya Savaşı'na katılan askerlerden aldıkları örneklerle ABO kan tipleri araştırmasıdır. Araştırmacılar bu incelemelerinde insan kan gruplarının Mendel'in kalıtım kanunlarına uygunluğunu ve kan gruplarının genetik karakterleri olduğunu ileri sürmüşlerdir. Araştırmanın, daha sonraki yıllarda yapılan yayınlarla bazı hatalı tespitleri olduğu görülse de genetiğin antropolojide ve insanın kökeni araştırmasında kullanılmasında öncü bir rolü olmuştur (O'Rourke, 2003; Renfrew and Bahn, 2001; Cavalli-Sforza et al. ,1994).

Yine bu alandaki araştırmaların öncülerinden sayılabilecek 1945'te Davenport'un popülasyonlarda genetik farklılıklardan kaynaklanan diyet farklılıkları ve hareket örüntüsüne baktığı araştırması ile 1949'da Haldene'in orak hücreli aneminin

sıtma ile ilişkisini coğrafi örüntüler çerçevesinde ilk kez açıkladığı araştırması ve 1953'te Singer'in Afrika'da orak hücreli anemin muhtemel lokus menşei çalışması sayılabilir (Cavalli-Sforza et al., 1994; O'Rourke, 2003).

Bir başka önemli kan grupları ile yapılan araştırma ise Mourant tarafından 1954'te yayınlanan "İnsan Kan Gruplarının Dağılımı" başlıklı, kan gruplarının dil ve genetik tarihiyle ilişkisine baktığı ve gen frekans verilerinin ilk kez prehistoryayı yazmakta kullanılan araştırmasıdır (Renfrew and Bahn, 2001; Richards et al., 1996).

1953 yılında Watson ile Crick'in DNA yapısını ortaya çıkarmalarıyla genetik araştırmaların farklı bir boyut kazanması söz konusu olmuştur. Önceki yıllarda esas olarak, hastalıklar temelindeki araştırmalar veya daha çok insan gruplarının geleneksel sınıflanması veya taksonomisi gibi incelemeler söz konusuyken 1960'larda antropolojik araştırmalar popülasyonların içinde ve arasında yerel örüntülerini belgelemek ve gözlemlenen örüntülere evrimsel mekanizmalara görelî etkilerini inceleyen araştırmalar ortaya çıkmaya başlamıştır. Örnek olarak insan polimorfizmlerinde doğal seleksiyonun incelendiği 1960'da Livingstone'un ve 1963'te yayınlanan Brues'in araştırmaları verilebilir (O'Rourke, 2003). Yine 1960'ların başında Pauling ve Zuckerdandl'in farklı türlerdeki eş proteinlerde amino asit sekanslarını karşılaştırarak evrimi açıkladıkları araştırmaları ilk moleküler araştırmalardan sayılabilir (Watson, 2004). Yaşayan nüfuslardan alınan örneklerle klasik genetik veriler sayesinde insan evriminin yeniden canlandırmaya dair ilk yayın 1963'te Cavalli-Sforza ve Edwards tarafından yapılmıştır (Cavalli-Sforza, et al. 1994).

1967'de ise Sarich ve Wilson tarafından genetik verilerin ve yöntemlerinin insanın kökeni araştırmasında ilk kez kullanıldığı araştırmaları yayınlanmıştır. Bu araştırmada bilim insanları, insanla primatlar arasında albümin çeşitlilik farklarına bakarak, homo ile pongid arası ayrışmanın 5-8 milyon yıl önce olduğunu öne sürmüşlerdir (Watson, 2004, O'Rourke, 2003).

1970'ler ve 1980'lerin başında, demografik yapı ve dinamiklerle popülasyonların içi ve arasındaki genetik varyasyon örüntülerinin ilişkilerine bakıldığı özellikle Avrupa ve Amerika'da yer alan bir dizi araştırma yayınlanmıştır.

Cavalli-Sforza ve arkadaşları 1970'lerde ilk kez genetik verilerin bir arkeolojik sorunda uygulanmasına dair, Avrupa'nın genetik tarihini açıklamaya çalıştıkları araştırmalarına başlamışlar ve yayınlamışlardır. Genetik bilimci Cavalli-Sforza'nın arkeolog Ammerman'la yaptığı işbirliği ve sonrasında nüfus yayılımı* ve ilerleme dalgası** adlarını da alacakları bu araştırma ilk kez 1973'te duyurulmuş ve daha sonra 1978'de Menozzi ve arkadaşları tarafından Avrupa için genetik marker'ların esas bileşke*** analizleri ile tarihsel süreçleri açıklamaya çalıştıkları yayınlarında ayrıntılı olarak açıklanmıştır (Cavalli-Sforza, et al., 1994; Richards, 2003).

Bu arada genetik biliminde analitik yöntemler de iyice gelişmeye başlamıştır.

1981'de mtDNA genomlarının insanlarda ve bazı omurgalılarda sekanslanması mümkün olmuş ve Anderson ve arkadaşları daha sonra Cambridge Reference Sequence (CRS) olarak da ifade edilecek, sekansların rakamsal olarak ifade edildiği bir sistem geliştirmişlerdir (Jones, 2001; Hagelberg, 1994 ; Cavalli-Sforza, et al., 1994).

Antik DNA'nın elde edilişi de yine 1980'lerin başında mümkün olmuştur. 1981 yılında Çinli bilim insanları Wang ve Lu 2000 yıllık Han hanedanına ait bir mumya karaciğerinden nükleik asitleri izole edebilmişlerdir. Bundan 3 yıl sonra, 1984'te Higuchi ve Wilson'un 140 yıllık, türü tükenmiş quagga derisinden aldıkları örnekten DNA izole edebilmeleri mümkün olmuştur. Ancak bu çalışmalar arasında en fazla ses getiren araştırma, insanlarda antik DNA'nın İsveçli Svante Paabo tarafından 1984 yılında 23 farklı mumyadan alınan örnek arasından birinde başarı ile klonlayarak elde ettiği antik DNA araştırması olmuştur. (Hagelberg, 1994; Paabo et al., 2004). Bu tarihten sonra insan örneklerinden aDNA elde edilmesi ile ilgili araştırmalar hızla yayınlanmaya başlamıştır.

* Nüfus yayılımı, demic diffusion karşılığı olarak tüm metinde kullanılmıştır.

** İlerleme dalgası, wave of advance karşılığı olarak tüm metinde kullanılmıştır.

*** Esas bileşke, principal component karşılığı olarak tüm metinde kullanılmıştır.

1980'lerin başında esas olarak klonlama ile yapıldığı için bulaşmaya çok açık olan bu tekniğin kullanımı bu yıllarda yapılan birçok araştırmanın daha sonraki yıllarda reddedilmesine neden olmuştur. Ancak 1987 yılında bulunan PCR tekniği bu sorunu önemli bir ölçüde çözebilmiştir. PCR tekniği ile aDNA'nın ilk elde edilişi de Wilson ve Paabo'nun içinde bulunduğu bir ekip tarafından 1988 yılında 7000 yıllık bir beyin örneğinden mümkün olmuştur. Yine aynı yıl eski kemiklerden ilk DNA 5000 yıllık bir insan kemiğinden Hagelberg ve arkadaşları tarafından amplifiye edilebilmiştir (Hagelberg, 1994).

Bu yıllarda Afrika'dan çıkış ve *Homo sapiens*'in kökenine ilişkin en büyük araştırma Cann, Stoneking ve Wilson tarafından dünyanın farklı bölgelerinden alınan insan plasenta örneklerinden mtDNA'nın bakılmasıyla dünyanın genetik varyasyonlarına bir tanımlama getirdikleri araştırmalarıdır. İlk kez mtDNA'nın kullanıldığı bu araştırma, 1987'de Nature dergisinde yayınlanmış ve ABD, Asya, Avrupa, Orta Doğu, Yeni Gine ve Avustralya'dan 147 kadının plasentalarının toplanarak incelenmesi sonucunda gerçekleştirilmiştir. Bu araştırma sonucunda mitokondrial Havva teorisi denilen ve bugün yaşayan herkesin günümüzden 140,000-290,000 yıl önce yaşamış olan bir Afrikalı kadından geldiği ileri sürülmüştür. Afrika'nın esas kaynak olduğunu gösteren bulgu ise, buradan alınan örneklerdeki mtDNA mutasyonlarının, diğer yerlere göre, en fazla olduğunun bulunmasıdır (Lewin, 1997; Wenke, 1999). Her ne kadar yöntem ve alınan örnekler çok eleştirilse de bu araştırma bulguları daha sonra 1991'de Y-kromozom analizleri ile de doğrulanmıştır (Renfrew and Bahn, 2001).

Y-kromozomların araştırmalarda ilk kullanılması 2000 yılında Peter Underhill ve Peter Oefner tarafından yayınlanmıştır (Olson, 2003; Wells, 2002). Underhill ve Oefner, Y varyantlarını saptamak için yeni bir yöntem bulmuşlardır. İki yıl içinde her erkeğin birbirinden farklı Y-kromozomu üzerinde 200'den fazla lokasyonunu tespit etmişler, bunun da ötesinde farklı varyantların farklı coğrafik bölgelerde kümeler halinde bulunduğunu ve böylece dünyanın her yerinde erkeklerin nüfus hareketlerini izlemenin mümkün olabileceğini göstermişlerdir (Olson, 2003). Y-kromozomu için, daha önce yapılan mtDNA diyagramlarına benzer bir diyagramla, erkeklerin atasının da Afrika'dan çıktığı gösterilmiş (Wells, 2002: 54), ve araştırmacılar ilk erkek atanın 59,000 önce yaşadığını iddia etmişlerdir.

1990'larda ve 2000'lerde, bireysel, yerel veya gruplarda yapılan incelemeler daha geniş boyutlara taşınmaya başlamış ve hatta dünya çapındaki örneklerin incelendiği ve genetik bilimin teknolojisinin her alanında kullanıldığı araştırmaların sayıları hızla artmaya başlamıştır. Klasik genetik marker'ların yerine farklı mtDNA haplogruplarını değişik popülasyonlarda filogenetik ağ yöntemi ile ilk inceleyen Richards ve arkadaşları olmuştur (Richards et al., 1996, 2002).

Günümüzde farklı genetik sistemlerin karşılaştırılarak kullanıldığı, genetik tekniklerin hatalarının minimuma indirilmeye çalışıldığı ve uluslar arası düzeyde birçok bilim insanının katkılarını sunduğu araştırmalar gittikçe artan sayıda yayınlanmaktadır.

B. Genetik Araştırmaların Arkeoloji ve Antropolojide Kullanım Alanları

1. Evrim ve Türlerin Kökeni

İnsanlığın kökenini araştıran bilim insanlarının artık anlaştıkları bir konu vardır: Türümüzün kökeninin Afrika olduğu ve *Homo erectus*'un uzun yürüyüşü. Günümüzden 1.5 milyon yıl önce *Homo erectus*'un Afrika'dan çıkarak uzun yollar kat ettiği, Beijing'e ve Java'ya kadar uzandığı bilim çevrelerince kabul edilmektedir. Çünkü *Homo erectus* kalıntıları, Beijing yakınlarında Zhoukoudian'de, Java'da ise Ngandong'da bulunmuştur. Ancak *Homo erectus*'tan evrilen *Homo sapiens*'in ortaya çıkışı konusunda iki teori bulunmaktadır: Bunlardan birincisi olan "Afrika'dan Çıkış Teorisi" ni savunanlar, her ne kadar *Homo erectus* bu uzun yolculuğunu yapmış olsa da bir süre sonra türünün bu uzak yerlerde ortadan kaybolduğunu ileri sürmektedir. Buna kanıt olarak da *Homo sapiens*'in tekrar Uzak Doğu'da ortaya çıkışına kadar geçen yaklaşık 1.2 milyon yıl boyunca buralarda hiçbir "homo" kalıntısına

rastlanmamasıdır. Bu teoriyi savunanlar, *Homo sapiens*'in daha sonra Afrika'dan tekrar bir göç dalgası ile çeşitli yerlere gittiğini ve bu türlerin yerini aldığını öne sürmektedir (Renfrew and Bahn, 2001; Relethford, 2001, Cavalli-Sforza and Cavalli-Sforza, 1995).

“Çok bölge” evrim teorisi ise her ne kadar “homo” kalıntıları bulunmasa da *Homo sapiens*'in farklı yerlerde *Homo erectus*'tan evrildiğini iddia etmektedir. Bu görüşü savunanlar, fiziksel yapılarıdaki değişikliklerin dünyanın farklı yerlerinde, yavaş ilerleyen bir uyum süreciyle birlikte, farklı hızlarda meydana geldiğini ileri sürmektedir. Teori, farklı coğrafyalarda olmalarına rağmen, *Homo sapiens*'in başarılı bir şekilde üremesine yeterli olabilecek temasları da olduğunu söylemektedir (Renfrew and Bahn; 2001, Relethford, 2001).

Wainscoat, dünyanın 8 ayrı topluluğunun insan kromozomlarının bir haritasını çıkarmıştır (Renfrew and Bahn, 2001). Bu haritada, coğrafi olarak birbirine yakın topluluklarda benzer örüntüler ortaya çıkmıştır. Fakat Afrika örneklerinin, Afrikalı olmayanlardan çok farklı olduğu izlenmektedir. Afrikalıların iki özgün örüntüsü vardır ve Afrika örneklerinin %5'i Avrasyalılara benzeşmektedir. Bu da Avrasyalıların Afrikalıların baskın örüntülerini kaybettiklerini veya hiç olmadığını gösteriyor olabilir. Yani Afrikalı gruplarla diğerleri arasında büyük bir genetik mesafe vardır.

Sahra-altı Afrikalıların arasında büyük farklılık vardır, çünkü mtDNA'ları aradan uzun yıllar geçtiği için mutasyona uğramıştır. Başka bir deyimle Afrikalıların ataları yaşayan topluluklar arasında en eskileridir. Afrika ve diğer toplulukların tarih ve genetik farklılıkları şu şekilde özetlenebilir (Cavalli-Sforza, 2000:62):

<u>Göç</u>	<u>İlk Yerl. Tarih</u>	<u>Genetik Farklılık</u>
Afrika-Asya	GÖ 100,000	20.6
Asya-Avustralya	GÖ 55,000	10.0
Asya-Avrupa	GÖ 43,000	9.7
Asya-Amerika	GÖ 15-50,000	8.9

İnsan evriminde genetik arařtırmaların bize sunduđu bulgulardan bir bařka örnek de Neandertaller ile modern insanların iliřkisine dair olmuřtur. Neandertallerin, Avrupa'da GÖ 300,000 ile 30,000 yılları arasında yařadığı ve o tarihten sonra herhangi bir kalıntısına rastlanmadığı bilinmektedir (Paabo, et al, 2004). Avrupa gen havuzuna katkılarının olup olmadığına dair çeřitli teoriler ileri sürölmüřtür.

1800'lerde Neander vadisinde bulunan ve müzede saklanan ilk Neandertalin, 1997 yılında yapılan DNA analizinde (Feldhofer örneđi) mtDNA genomun hypervariable region 1 (HVR1) 380 baz çiftli bölgesinin tanımlanması ile modern insanla Neandertal arasında 27 nükleotid farkı bulunmuřtur. Halbuki bu bölgedeki farklı modern insan topluluklarından alınan mtDNAlar arasındaki farklılařma en fazla 8 nükleotiddir (O'Rourke et al., 2000).

İnsanlarla řempanzeler arasındaki ayrıřmanın GÖ 4-5 milyon olduđunu ve sabit bir mutasyon hızı olduđunu farz edersek Neandertal mtDNA ile modern insan mtDNA ayrıřmasının GÖ 550,000- 690,000 arasında olduđu düşünölebilir (İnsanlar arasındaki ayrıřmanın GÖ 120-150,000 olması ile karşılařtırılarak).

Bu arařtırmaların sonucunda, Neandertallerin ayrı bir tür olduđu (Jones, 2002), Neandertal-insan ayrıřmasının çok daha eskiye gittiđi söylenebilir. Ancak tüm bu kesin gibi görönen bulgulara rađmen, ilk Neandertal analizlerini yapan Svante Paabo (2004) olaya daha dikkatli yaklařmakta ve Neandertallerin modern insan genine katkısının bir genetik süröklenmeye bađlı olarak da görölmeyebileceđini veya modern insan DNA'sının Neandertal gen havuzuna sürekli akıřının olmuř olabileceđinin de akılda tutulmasını önermektedir. Ancak Paabo ve ark. bahsi geöen makalede, bugüne kadar yapılan arařtırmaların bu katkının olmadığını gösterdiđini söylemektedir.

Neandertaller ile günümüz insanların karşılařtırılması her ne kadar önemli ise de, esas olarak Neandertaller ile anatomik olarak modern insan fosil karşılařtırmalarına çok daha fazla ihtiyaö vardır. Çünkü sürekli gen akıřının zamanla bir denge evresine gelerek tüm atalarda bir miktar Neandertal geni olması mümkündür (Relethford, 2001). Nitekim bu konuda Adlock tarafından Avustralya'da yapılan bir arařtırmada 10 tane anatomik modern insan fosili (GÖ

8000- 60,000 yıl) incelenmiş ve en eski örnekte günümüz insanında bulunmayan bir mtDNA soyu tespit edilmiştir (Relethford, 2001).

Türlerin kökenine dair genetik araştırmalar tüm canlıları kapsamakta, insan yanı sıra hayvan ve bitki köken araştırmaları da hızla gelişmektedir. Özellikle hayvanların evcilleştirilmesi ve bitkilerin kültüre alınması gibi olgular insana bağlı olduğu gibi, bunların muhtemelen nüfus hareketlerine ve yerleşim örüntülerine de etkileri vardır.

Evcilleşme üzerine yapılan araştırmalar, günümüz evcil hayvanlarının hangi türlerden evrildiğine veya hangi hayvanlarla akrabalıklarının olduğuna bakıldığı araştırmalardır ve DNA analizleri bu konuda önemli ipuçları vermektedir. Mitokondrial DNA analizleri, mevcut evcil hayvanların farklı yabani toplulukların katkısı ile mi yoksa evcilleşmenin sadece tek bir bölgeden mi ortaya çıktığı gibi sorulara önemli yanıtlar verebilmektedir (Paabo et al., 2004).

Bu konuda yapılan araştırmalardan birinde, modern ineklerin mtDNA'larına türü tükenmiş olan, Avrupa yaban sığırlarının (**auroch**) katkısının olmadığı ortaya çıkmıştır. Muhtemelen, inekler Orta Doğu'da evcilleştirilmiş ama Avrupa'ya getirildiklerinde Avrupalı ineklerle çiftleşmemişlerdir. Orta Doğu yaban sığırlarının DNA sekansları elde edilemediği için yabani ineklerin ataları henüz belirlenememiştir. Ama atlarda bu ilişki tespit edilmiştir. Asya ve Alaska yabani atlarının mtDNA sekansları modern atlarda bulunmuştur. Bununla birlikte farklı yabani at topluluklarının günümüz atlarının gen havuzuna katkıda bulunduğu da ortaya çıkmıştır (Hofreiter et al., 2001).

Bir başka örnek de mağara ayıları ile ilgili araştırmadan verilebilir (Hofreiter et al., 2001). Loreille ve arkadaşları tarafından 2001'de yayınlanan araştırmaya göre, Avrupa ve Batı Asya'da 10,000 yıl önce yaşayıp, soyu tükenmiş olan mağara ayıları farklı mağaralarda incelenmiştir. Bu ayıların mtDNA'ları halen yaşamakta olan ayıların mtDNA'ları ile karşılaştırıldığında, mağara ayılarının günümüz ayılarından, iki türün mtDNA sekans ayrımından çok daha önce ayrıştığını göstermiştir. Mağara ayılarının küçük bir alanda yaşamış oldukları da bu araştırma ile ortaya çıkmıştır.

Bu arařtırmalarla birlikte evcilleřme konusunda yapılan arařtırmalar da dikkat çekmektedir. Son yıllara kadar çeřitli türlerin evcilleřmesinde tek tek merkezler olduđu konusunda yaygın bir inanç varken řimdi bazı arařtırmacılar bunların çok merkezli olabileceđini iddia etmektedirler. Örneđin, sığır, koyun, su buffalosu ve domuzların evcilleřme kökenlerine dayalı bir arařtırmada, bu dört türün her birinin en az iki olmak üzere, muhtemelen daha fazla yerde evcilleřtirilmelerinin meydana geldiđini, örneđin domuzun hem Bereketli Hilal hem de Çin'de evcilleřtirilmiř olabileceđi öne sürölmektedir (Bradley, 2000).

Bitkilerin költüre alınmasına dair yayınlanan bir arařtırmada da, aynı hayvan evcilleřmesi gibi, bitki türlerinin de birden çok merkezde költüre alındıđına dair bir iddia öne sürölmüřtür (Allaby, 2000).

2.Cinsiyet Tayinleri

DNA analizlerinin paleodemografi, antropoloji ve arkeolojideki en önemli kullanım alanlarından biri cinsiyet tayinleridir. DNA analizlerinin yapılamadıđı durumlarda cinsiyet tayinleri esas olarak kemik morfolojisinde metrik ölçümler, tanımlamalar ve karşılařtırılmalı tanımlarla yapılabilir. Genellikle mezarlarda bulunan insan kalıntılarının eđer cinsiyetini tayin edecek bir kemik özelliđi yoksa, cinsiyet rollerini yükleyerek cinsiyet tayini yapılmaktadır (Grant, et al., 2002).

Cinsiyet tayinlerinde çeřitli kemikler kullanılabilirse de en belirgin özellikleri veren kafatası ve leđen kemikleridir. Ölçümlerde ve tanımlarda ayırt edici belirginlikler çeřitli arařtırmacılar tarafından yapılmıřtır. Ancak Richard S. Meindl ve ark. (1985), özellikle tek başına leđen kemiđine veya tek başına kafatasına bakıldıđında, yüzde yüz cinsiyet tayini yapılamadıđına iřaret etmektedirler. Bahsi geçen arařtırmada, özellikle erkeklerde sadece leđen kemiđi ölçümleri ve tanımlaması ile % 6.8, sadece kafatası ölçümleri ile % 10.2 cinsiyet hatalı tespit edilmiřtir (n=100). Bu arařtırmada hem kafatası hem de leđen kemiđinin bulunduđu iskelet örneklerinde bile cinsiyet tayini %97, sadece kafatası olan

örneklerde % 92 ve sadece leğen kemiği olan örneklerde % 96'sı kesin yapılabilmektedir.

Morfolojilerin yaşla ve popülasyon özelliklerine bağlı olarak da değişebildiği ve tüm iskeletin bulunmadığı örneklerde cinsiyet tayininin % 100 olamadığına işaret edilmektedir (Meindl et al., 1985; Mays, 2002).

Halbuki DNA analizlerinin gelişmesiyle, eski kemiklerden, DNA aracılığı ile cinsiyet tayini artık yapılabilmektedir. Her ne kadar kemiklerden alınan örneklerde bu incelemeler yapılabilsede bugün en fazla kullanılan genlerden bir tanesi dişlerden alınan ve diş minesinin oluşumunu kontrol etmekte rolü olan, **amelogenin**'dir (Mays, 2002). Bu gen hem erkekte hem de dişide bulunur; ancak X ve Y kromozomları üzerindeki nükleotid sekansları birbirinden farklıdır. Bu farklı alanları hedef alarak yapılan PCR sonucunda, bireyin cinsiyeti tespit edilebilir. Elektroforez jelinde incelendiğinde, erkeklerde çift bant (X ve Y kromozomlarından geldiği için), dişilerde ise tek bant şeklinde görülür (sadece X kromozomundan geldiği için) (Mays, 2002; Jones, 2001).

Cinsiyet tayinlerinin DNA analizleri ile yapılabilmesi, morfolojik yapılarından cinsiyet tayini yapılamayan iskeletlerin ve özellikle bebeklerin ayırıcı tanımlarının yapılmalarında çok önemli rol oynamaktadır. Erişkin iskeletlerinde bile tam bulunan iskelet olmadığı takdirde cinsiyet tespitlerinin zorluğu söz konusuysen, bebek ve çocuk iskeletlerinde durum daha da karmaşıktır. Çünkü birçok cinsiyet özelliği ancak ergenlikten sonra tam olarak bireyde belirginleşir. Çocuk iskeletlerinin önemi hem mezar tipinin anlaşılması hem de cinsiyetin bir infantisit veya çocuk kurban olayına bağlı bir rolü olup olmadığı sorusuna yanıtı açısından önemlidir (Faerman et al., 1998:862).

Çocuklarda cinsiyet tayinlerinin DNA analizleri ile nasıl farklı bir yorum getirdiğine dair bir örneği Ashkelon'da yapılan bir araştırma vermektedir (Faerman. et al, 1998). Bir hamam altındaki kanalizasyon kanalında bulunan 100 yeni doğan (1-2 günlük) iskeleti, arkeologlara bir infantisit olasılığını düşündürmüştür. Kemik örneklerinden alınarak yapılan DNA analizleri, alınabilen 43 örnekten 19'unda başarılı sonuç vermiştir. Analiz sonuçlarında, örneklerin 14'ünün erkek, 5'inin ise

kız olduđu ortaya çıkmıřtır. Roma döneminde diđer yerlerde yapılan kazılardaki buluntulara göre, infantisit olgusunun esas olarak kız bebeklere uygulandıđı göz önüne alındıđında ve arařtırmacıların hamamın yerleřim yerini de dikkate aldıđında vardıkları sonuđ, bu hamamın bir genelev olduđu ve bu bebeklerin genelevde çalıřan kadınların istenmeyen çocukları olduđu yönündedir. Bir bařka sonuđ da kadınların daha çok kız çocuklarını ileride genelevde çalıřmaları için sađ tuttıkları yönündedir (Faerman et al., 1998).

3. Nüfus Hareketleri/Göç Sorunları

Genetik arařtırmaların nüfus topluluklarının hareketini inceleyen sayısız arařtırma, özellikle son 15 yıldır peř peře yayınlanmakta, bu arařtırmalar hem mevcut nüfus topluluklarına hem de eski iskelet kalıntılarına bakarak, toplulukların kökeni, birbiri ile iliřkisi ve göçlerin toplulukların gen yapılarına etkileri gibi çeřitli sorulara yanıt vermeye çalıřmaktadır.

a. Orta Dođulular Avrupalıların Atası mı?

En önemli tartıřmalardan biri Bereketli Hilal üzerinde geliřen tarımın, Anadolu üzerinden Avrupa'ya yayılırken bunun sadece kültürlerin deđil, aynı zamanda genlerin ve dillerin de yayılımına yol açması teorisi ile ortaya çıkan tartıřmadır (Cavalli-Sforza et al., 1994, 1995; Richards et al., 1996, 2002; Richards, 2003).

1970'lerde bařlayan ve Ammerman ile Cavalli-Sforza'nın ileri sürdükları "nüfus yayılımı" adı verilen bir model ile yıllarca devam eden bir tartıřma bařlamıřtır: Bu modeli öne süren arařtırmacılar, Avrupa'nın birçok yerinden, esas olarak kan örnekleri alınarak yapılan genetik arařtırmalarının sonucunda, gen frekanslarına bakmıřlar ve gradyanları, esas bileřke (PC) denen vektörlere göre gruplamıřlardır. Birinci PC, diyagonal olarak Anadolu'dan bařlayıp, kuzeybatıya dođru İskandinavya ve Britanya'ya uzanmaktadır. Arařtırmacılar, bunu Orta Dođu'dan Avrupa'ya büyük bir göç dalgası olduđunun kanıtı olarak sunmuřlardır. O dönemdeki arkeolojik bulgulara da bakarak, bu göçle, ilk tarım

topluluklarının Avrupa'ya geldiğini iddia etmişlerdir. Orta Doğu'dan göçün nedeni olarak da ilk tarıma başlayan toplulukların, nüfuslarının artışına bağlı olarak kaynakların onları artık besleyemeyecek duruma gelmeleri nedeni ile yeni bölgelere göç etmelerini, göç eden toplulukların da yeni geldikleri yerlerdeki avcı-toplayıcılarla soy alışverişinde bulduklarını veya onları yerlerinden ettiklerini ileri sürmüşlerdir (Cavalli-Sforza, 2000; Cavalli-Sforza et al, 1994; Olson, 2003).

Nüfus yayılımı modelini, matematikçi Arthur Mourant'ın matematik modelinin üzerine istatistik genetikçi R.A. Fisher bir merkezden herhangi bir şeyin (insan, hayvan, genler, fikirler) yayılımını gösteren bir denklemle temellendirmiş, bu matematik modele "ilerleme dalgası" adı verilmiştir.

Çiftçiler Avrupa'da yayılırken, kendi genetik özelliklerini de taşımışlar ve bu özellikler Avrupalı mevcut genetik özelliklerin yerine geçmeye başlamıştır. Yeni özelliklerin en fazla güneydoğu Avrupa'da görüldüğü, çünkü Orta Doğu'luların kıtaya buradan girdikleri öne sürülmüştür. En az görüldükleri yerin ise kuzeybatı olup, bunun nedeninin de buradaki çiftçilerin DNA'larının evlilikler nedeni ile seyreltiği iddia edilmiştir. Pirenelere ise göç edenlerin fazla ilgisini çekmediği için buralardaki DNA'larda bir değişiklik olmadığı söylenmiştir (Olson, 2003).

Büyük bir göç dalgası şeklinde tanımlanan bu yayılımı daha sonraları Colin Renfrew, lisanların yayılımını açıklarken temel olarak kullanmıştır. Renfrew, bugün Avrupa'da en fazla kullanılan dillerin temelinde olan Hint- Avrupa dilinin esas olarak Anadolu'da konuşulduğunu ve ilk tarımcılarla bunun Avrupa'ya yayıldığını öne sürmüştür. Böylece bir grup genetikçi, dil bilimci ve arkeolog Neolitik çiftçilerin Avrupa'nın Mezolitik avcı-toplayıcı toplulukların yerine geçtiğini savunmuştur (Renfrew and Bahn, 2001).

Cavalli-Sforza'nın hipotezine karşı görüş İngiltere'den Martin Richards ve arkadaşlarından gelmiştir (Richards et al., 1996, Richards, 2003). Richards ve arkadaşları, kaynak grup olduğu ileri sürülen batı Asya (Orta Doğu dahil) ve Kuzey Afrika'daki topluluklarda mtDNA analizi yapmıştır. Daha sonra bu grupların mitokondrial haplotiplerini mevcut Avrupalı nüfuslarla karşılaştırmıştır. Richards, Avrupa ve Batı Asya'dan alınan 821 örneğin araştırıldığı ilk

çalışmasında, bugünün Avrupa mtDNA'sının birçok göç dalgasını yansıttığını ortaya çıkarmıştır. Birinci dalga, Avrupa'ya ilk gelen modern insanların göçü olup, gelenlerin mtDNA'sı mevcut Avrupalıların % 5 - % 18'inde görülmekte olduğunu ileri sürmüştür. İkinci büyük göçün ise, Buzul Devri sonunda, Orta Doğu'luların kuzeye göçleri sonucunda olup, çoğunluk mtDNA'nın bu dönemden gelenlerin izlerini taşıdığını iddia etmiştir. Richards ve arkadaşları 2003 yılında, geçen süre içinde yaptıkları başka araştırmaların da sonuçlarını göz önüne alarak, Orta Doğu'dan gelen çiftçilerin bugünkü Avrupalıların mtDNA'larının %20'sini teşkil ettiğini belirtmiştir. Bu oranın, yapılan Y- kromozomu analizleri ile de örtüştüğü görülmüştür (Richards, 2003: 135-162).

Bugün gelinen noktada, Cavalli-Sforza Orta Doğu'nun tüm Avrupa'nın genetik yapısını oluşturmadığını, iddialarında bu oranın %26-28 olduğunu söylemektedir. Karşı görüştekiler ise, Orta Doğu ve Avrupa'nın birbirinden kesinlikle ayrı olmadığını, ancak hem Orta Doğu'dan gelenlerin hem de Avrupalı avcı toplayıcıların genetik yapılarının ortak olarak bugünün Avrupa gen haritasına katkısı olduğunu belirtmektedirler.

b. İlk Avrupalı Çiftçilerde Antik DNA Araştırması ve Tarımın Avrupa'da Yayılması

Neolitik kadınların mevcut Avrupa topluluklarına katkısını bulmaya çalışmak için yapılan ilk araştırma, Wolfgang Haak ve ark. (2005) tarafından yazılan bir makalede yayınlanmıştır. Bu makaleye göre, Linearbandkeramik (LBK) ve Alföldi Vonaldiszes Keramia (AVK) kültürlerinin bulunduğu Almanya, Avusturya ve Macaristan'ın 16 bölgesinde bulunan GÖ 7500-7000'e tarihlenmiş 57 Neolitik iskeletten alınan aDNA örneklerine bakılmıştır. DNA örnekleri kemik ve dişlerden alınmış, incelenen 57 örnekten, 24 tanesi (%42) başarıyla amplifiye edilmiştir. Bu başarılı örneklerin 18 tanesinin sekanslarının tipik Batı Avrasyalı mtDNA kollarına ait olup, içlerinde 7 tanesinin H veya V sekanslarına, 5 tanesinin T sekansına, 4 tanesinin K sekansına, birinin J sekansına ve birinin de U3 sekansına ait olduğu görülmüştür. Bu 18 sekans Avrupalı, Orta Doğulu ve Orta Asyalılarda en sık

görülen sekanslar olmaktadır. Ancak bu örnekler zaman ve coğrafi olarak yeterli ve ayrıntılı kanıtlar sunmadığı için bu araştırmada ele alınmayarak kalan 6 örnek üzerinde yoğunlaşmıştır.

Bu 6 örneğin ayırıcı ve nadir görülen N1a koluna ait olduğu tespit edilmiştir. Doğrulamak için 6 bireyin farklı yerlerinden bağımsız olarak alınan örneklerden 517 tane klonlama yapılmış ve N1a tipleri doğrulanmıştır. Örneklerden iki tanesinin sekansları aynı, diğerleri farklı bulunmuştur. N1a soyu LBK bölgesinde çok görülmekte ve birbirinden bağımsız olarak Almanya ve Macaristan'dan alınan örneklerde bir veya daha fazla N1A tiplerine rastlanmaktadır. Tüm Neolitik LBK tipleri "Avrupalı" N1a alt koluna girmekte ve bu alt kol bugün nadir de olsa Avrupa'nın birçok yerinde ve komşu Asya ve Kuzey Afrika'da görülmektedir.

Araştırma, daha sonra modern Avrupalılarda 150 kez daha düşük frekanslarda görülen N1a'nın son 7500 yılda meydana gelen basit bir genetik sürüklenmeye mi bağlı olduğu sorusuna yanıt bulmaya çalışmıştır. Araştırmanın örneklerinde N1a'nın %25 olduğu ele alınacak olursa, Neolitik LBK topluluklarında, bu frekansın %8 ile %42 olduğu tahmin edilebilir ve bu en düşük oran olan %8 bile bugün Paris ile Macaristan arasındaki LBK bölgesindeki modern nüfus örneklerinde bulunan %0.2'den çok daha yüksektir. Bu da modern Avrupalıların ilk çiftçilerden gelmediklerinin bir kanıtı olarak sunulmuştur. Ama eğer geldilerse, araştırmacıların iddiasına göre bir genetik sürüklenme neticesinde bugünkü sonuçlar alınıyor olabilir. Bunu araştırmak için Haak ve ark. bir bilgisayar simülasyonu yapmışlardır. N1a'nın genetik bir sürüklenmeyle kaybolup kaybolmadığının araştırması için 2300 modern örnekte en az 74 N1a'ya rastlanması gerektiğini simülasyon göstermiştir. Halbuki modern örnekte 119-259 N1a'ya rastlanmıştır. Neolitik topluluklardan komşu topluluklara her kuşakta göç olduğu takdirde ne olduğuna bakmak için simülasyona devam edilmiştir ve bu da şunu göstermiştir ki, 7425 yıllık bir süre, N1a'nın bugünkü %0.2 seviyelerine inmesi için yeterli bir zaman değildir. Böylece simülasyonlar, modern Avrupalıların ilk çiftçilerin doğrudan alt kuşakları olduğu ve N1alarını da bir genetik sürüklenmeye bağlı olarak kaybettikleri hipotezini çürüttüğü ileri sürülmüştür. Simülasyonlar, Orta Avrupa'daki ilk çiftçilerin modern Avrupalıların dışlarına sınırlı bir genetik iz bıraktığını gösterdiği belirtilmiştir. Araştırmacılara

göre, Neolitik kültür izlerinin var olup genetik izlerin az olmasının nedenlerinden biri kültürün, insansız olarak Avrupa'da yayılmış olması olabilir. Bu da küçük grupların tarımı Avrupa'nın yeni alanlarına taşımış olduğunu ve teknik yerleşince çevredeki avcı toplayıcıların bu kültürü almış olduğu ve bu küçük grupların eridiği, dolayısı ile N1a frekanslarının modern seviyelerde görülen düşük değerlerine kadar indiğini açıklayan bir neden olabilir iddiasında bulunmuşlardır. Bu hipoteze göre Mezolitik Avrupalılarda N1a ya çok nadir ya da hiç yoktur sonucu, dünyada bu frekansın neden az olduğunu açıklıyor olabilir denmiştir. Aynı araştırmacılar, alternatif hipotez olarak erken Neolitik toplulukların Avrupa'ya yerleşmesinin birçok N1a tiplerini ortadan kaldırmış olabileceğini de öne sürmüşlerdir. Ancak bunun arkeolojik verilerinin hemen hiç olmadığı da belirtilmiştir. Sonuç olarak araştırmacılar, incelenen Neolitik toplulukların genetik olarak Paleolitik kökenli olduğunu öne sürmektedirler. Özellikle Orta Doğu'dan Neolitik göç olgusu dikkate alınmadığında, bu hipotez güçlenmektedir.

Antik DNA'nın kullanılarak nüfusların genetik yapılarını incelemeye çalışan bir ilk olması açısından bu araştırma önemlidir. Ancak Avrupalıların kökenine dair bu araştırma, gerek örneklerinin sadece belli bir bölgeden seçilmesi ve gerekse de örnek sayılarının hayli azlığı nedeni ile bazı bilim insanlarıncı eleştirilmiştir (Ammerman et al., 2006). Örneklerin azlığı özellikle tüm bir kıtayı ilgilendiren bir araştırma göz önüne alındığında ve sonuç olarak da bir genelleme yapması açısından yetersiz görünmektedir.

Avrupa'da nüfus hareketlerini ve toplulukların genetik yapılarını inceleyen araştırmacılar, bir yandan da Avrupa'da tarımın yayılması ile ilgili görüşlerini geliştirmektedirler. Bu konuda, arkeolojik bulgulara dayanarak verilerini sunmaya çalışmaktadırlar. Halen tartışmaların sürmekte olduğu bu konuda başlıca iki görüş vardır:

Bunlardan birincisi, Luigi Luca Cavalli-Sforza ve ark. tarafından savunulan ve yukarıda da değinilen nüfus yayılımı modelinin, tarımın Orta Doğu'dan Avrupa'ya gelmesine de katkısı olduğu biçimindedir. Cavalli-Sforza (2002), kültürel yayılımın da nüfus yayılımıyla birlikte olduğunu savunmakta, agro-pastoral ekonomi gibi bir tekniğin bulunmasının nüfus yayılımında önemli bir faktör

olduğunu söylemektedir Cavalli-Sforza, tarımın gelişmesinin buna bağlı tekniklerin ve hayvan evcilleşmesini de beraberinde getirdiğini ileri sürmektedir. (Cavalli-Sforza et al., 1994:107). Buğday tarımının yılda 1 km'lik bir hızla, yavaş yayılmış olabileceğini, ancak kıyılarda ve özellikle Batı Akdeniz ve Orta Avrupa'nın doğu ovalarında daha hızlı olabileceğini öne sürmüştür. Nüfus yayılımını açıklarken, erken tarımının insana bağlı olduğu için yavaş ve düzenli ilerlediğini, demografik bilgilerin nüfus yayılımıyla tarım yayılımının birbirine bağlı olduğunu gösterdiğini, etnografik gözlemlerin avcı-toplayıcıların tarımcılarla ilişkiye geçtiğinde çok az etkilendiğini; genlerin modern coğrafi dağılımının Orta Doğu kökenli bir yayılımı gösterdiğini ileri sürmektedir (Cavalli-Sforza et al., 1994). Cavalli-Sforza, tarımın Batı Asya'dan Avrupa'ya yayılımının neden 4000 yıl sürdüğü sorusuna nüfus yayılımı modelini şüpheyle karşılayanların yanıt veremediklerini iddia etmektedir. Avrupa'da erken çanak çömlek kültürlerinin, kültürel yayılıma güzel bir örnek teşkil ettiğini ve LBK konusunda karşı görüşte olanların açıklamalarının da yetersiz olduğunu savunmaktadır (Cavalli-Sforza, 2002).

Tarımın Avrupa'da yayılımını daha çok belli bölgelerde temaslar veya "birdirbir oyunu atlayışı" na benzeterek açıklayan başlıca araştırmacılar ise, Marek Zvelebil ve Martin Richards'dır. Bu görüşte olanlar, Avrupa Mezolitik toplulukları ile Neolitik çiftçilerin, öncü bölgelerde belli temaslarda bulduklarını, aralarında bir gen alışverişi olduğunu ve bunların sonucunda da LBK ve Trichterbecker-TRB (Kuzey Avrupa, Ilıman Kuşak) kültürlerinin ortaya çıktığını savunmaktadır.

Zvelebil (2000), tarımın esas olarak Macaristan'dan, bir yıldız patlaması gibi yayıldığını savunmaktadır. Martin Richards ve ark., nüfus yayılımı modelinin artık geçmişte kalması gerektiğini iddia etmişlerdir.

Tartışmalarda sıkça bahsedilen ve kültürlerin yayılmasına kanıt olarak verilen bulgulardan biri, Linear çanak çömlek kültürü ve Alföldi Vonaldiszkes Keramia gibi kültürlerin Avrupa'da 7500 yıl öncesi gibi erken bir tarihte başlamasıdır. Bu kültürlerin Macaristan ve Slovakya'dan kökenlerini aldıkları ve daha sonra LBK'nin hızla Paris havzasına ve Ukrayna'ya yayıldığı görülmüştür. LBK'nin yayılmasının 500 yıl gibi çok kısa zamanda olup yaklaşık bir milyon

kilometrekarelik bir alanda görülmesi, bu yayılmanın insanların göçüne bağlı olarak hızlandığının ispatı olarak gösterilmektedir.

Esas olarak genetik arařtırmalar temelinde yürütölen bu tartıřmaya, Ron Pinhasi ve Mark Pluciennik (2004) salt genetik arařtırmaların günümüzde nüfus hareket ve genetik karıřımlar örüntülerini tespit edemeyeceđi, bunun ancak genetik olmayan bilgilerin de katkısının olması gerektiđini savunarak katılmıřlardır. Pinhasi ve Pluciennik'in arařtırmalarında (2004), üç bölgeden topladıkları 231 örnekle üzerinden kranio-metrik verilerini sunmuřlar ve bu veriler ile birlikte nükleer DNA ve Y-kromozom genetik marker'ların mekansal otokorrelasyon istatistiklerinin Avrupa'da tarımın yayılımına dair daha anlamlı sonuçlar vereceđini ileri sürmüřlerdir. Ayrıca tarımın yayılımının, karmařık ve birden çok mekanizmayı içerdieđini söylemiřlerdir.

Pinhasi ve arkadaşlarının bir başka arařtırmasında (2005) ise, Avrupa, Orta Dođu ve Anadolu'da 735 erken Neolitik yerleřim yerinin belli merkezlere uzaklıđının ölçölerek yapılan radyokarbon analizleri ve matematiksel istatistik modelleri ile, Neolitik yayılımın Avrupa'da yılda 0.6-1.3 km olarak tespit edildiđi, bu hızın Cavalli-Sforza ve arkadaşları tarafından öne sürölen nüfus yayılım hızıyla örtüřtüđu gösterilmektedir.

Tarımın Avrupa'da yayılması konusunda, yukarıda bahsedilen arařtırmacıların yayınlarının dıřında da birçok yayın görölmektedir. Ancak tartıřmaların biraz daha netliđe kavuřması için yeni arkeolojik bulgulara ve genetik arařtırmalara ihtiyaç duyulmaktadır.

c. Neolitik Sibiryalılarda Nüfus Yakınlıkları Arařtırması

Pennsylvania Üniversitesi, ABD, Irkutsk Devlet Üniversitesi, Rusya ve Alberta Üniversitesi, Kanada'lı arařtırmacıların yürüttüđu ve sonuçlarını 2006 yılında yayınladıkları Prehistorik Sibirya'nın nüfus tarihine bakan arařtırma, arkeologlarla genetikçilerin birlikte çalıřmalarının iyi bir örneđi olduđu gerekçesiyle bu bölümde ele alınmıřtır (Mooder et al., 2006).

Araştırmanın amacı, Neolitik Kitoi ile Serovo-Glazkovo kültürleri, toplulukları arasındaki biyolojik mesafeyi mtDNA verilerini kullanarak, incelemektir. Ayrıca araştırma, bugün Sis-Baykal bölgesinde yaşayanların, Neolitik dönemde yaşayanlarla aynı soydan gelip gelmediklerine bakmayı amaçladı.

Bu çalışmada Baykal Gölü'ne akan, Angara Nehri'nin çevresinde bulunan iki Neolitik Sis-Baykal mezar toplulukları incelendi. Lokomotiv ve Ust'-Ida adlı bu iki mezarlığın arkeolojik kayıtlara göre kullanımları arasında 800 yıllık bir süre vardı. Maddesel kültürleri, ölü gömme gelenekleri, mezar alışkanlıkları ve geçim stratejilerine bakıldığında bu topluluklar birbirinden çok farklıydı. Ayrıca kafatası incelemeleri sonuçlarına göre biyolojik olarak da birbirlerinden farklıydılar.

Lokomotiv mezarlığı, Kitoi adı verilen topluluk tarafından kullanılıyordu. Bu topluluğun kültüründe görülen başlıca özellikleri, beslenmelerinin esas gıdasını balığın oluşturması, mezarlarında kırmızı aşı boyası kullanmaları ve ölülerinin başlarını kesmeleriydi. Bu topluluğun ortadan kalkmasının en önemli nedenlerinden birinin seçici beslenme ve sosyal olarak izole bir yaşam sürmeleri olarak iddia edildi. Kitoi kültürü yaklaşık 6000 yıl önce yok oldu. Ardından gelen 800 yıl boyunca Sis-Baykal yöresinde başkaca bir mezar yerine rastlanmadı.

Bu bölgede, günümüzden 5100 yıl önce Ust'-Ida adlı başka bir kültür görüldü. Bu kültürün mezar yerleri ise Lokomotiv'den yaklaşık 100 km kadar kuzeydeydi. Bu mezar yeri, Serovo ve Glazkovo adlı iki topluluğu temsil ediyordu. Bu iki topluluğun mezar alışkanlıkları birbirinden biraz farklı olsa da, hareket örüntüleri, geçim stratejileri gibi kültürel davranışlarının benzerliğinden dolayı çalışmada tek bir grup olarak ele alındılar.

Serovo-Glazkovo ile Kitoi arasında, mezarlarında bulunan maddesel kültür ürünleri, hareket örüntüleri ve geçim stratejileri konularında belirgin farklar vardı: Örneğin Serovo-Glazkovo kültürü, gömme ritüellerinin bir parçası olarak ateş kullanmıştı ancak mezar yerlerinde çok küçük bir miktar da olsa aşı boyası da bulundu. Ayrıca esas gıdalarını av hayvanlarından aldıkları ortaya çıktı. Önceki

arařtırmalar Serovo-Glazkovo topluluklarının Kitoi'de yařayanlardan daha sađlıklı olduklarını ve daha büyük bir nüfusa sahip olduklarını gösterdi.

Bu arařtırmadan önce yapılan mtDNA arařtırmaları modern Sibiryalı toplulukların mtDNA kompozisyonlarının birbirinden çok farklı olduklarını ortaya çıkarmıřtı. Güney Sibiryalıların anasoy yapıları cođrafi yerleřimlerine bađlı olarak birbirinden çok farklıydı. Bu da bu toplulukların komřuları ile gen alıřveriřinde olduklarını gösteren bir bulguydu. Ancak Sis-Baykal bölgesinde yařayan grupların, diđer bölgelerde yařayanlara göre, birbirleriyle biyolojik olarak daha yakın bir iliřkide olması bekleniyordu. Önceden yapılan çeřitli aDNA alıřmaları, Kuzey Amerika mtDNA topluluk yapısının binlerce yıllık sürekliliđini ortaya koymuřtu. Bahsi geen bu arařtırma ile, Güney ve Orta Sibirya'daki nüfus ve yerleřim sürekliliđine analog olarak geliřtirilen veri yorumlarındaki kaygıların, Sis-Baykal bölgesinin farklılıđının aDNA analizleri ile açıklıđa kavuřmasını da amaladı.

Arařtırmada kullanılan iskelet örnekleri Lokomotiv ve Ust'-Ida mezarlıklarından Rus arkeologlar tarafından 20nci yüzyılın son 20 yılında ıkartılmıřtı. Lokomotiv'in kalibre edilmiř radyokarbon tarihi MÖ 6125-4885 olarak tespit edildi. Bu mezar yerinden 124 iskelet ıkartılmıřtı.

Ust'-Ida'daki mezarlar, kalibre edilmiř radyokarbon tarihlemesine göre MÖ 3710-2020'e tarihlenmiřti. Buradan 64 iskelet ıkartılmıřtı. Ust'-Ida'da iki mezar tipolojisi vardı. Serovo tipinde (n=37), iskeletler uzanmıř pozisyonda olup bařları güneye dođru bakıyordu. Glazkovo (n=12) tipinde ise iskeletler ya uzanmıř ya da bükülmüř pozisyonlarda olup bařları kuzeye bakıyordu. Ust'-Ida'da bulunan bu iki grup, kemik özelliklerinin ve maddesel kùltürlerinin benzerlikleri nedeniyle tek grup olarak ele alındı.

Sis-Baykal bölgesinin toprak yapısı ve iklim özellikleri DNA'nın kemiklerde iyi korunmasına neden olmuřtu. Analiz iin, Lokomotiv'den 40 örnek ve Ust'-Ida'dan 42 örnek, göđüs ve boyun omurga kemiklerinden alınarak Alberta Üniversitesi'nde incelendi.

mtDNA analizleri, Lokomotiv bölgesinden alınan örneklerin 31'inde (%78) ve Ust'-Ida bölgesinden alınan örneklerin 39'unda (%93) başarılı sonuçlar verdi. Üç grupta incelen örneklerin HV1 motiflerine bakıldığında, bir alt grubun örneklem sayısının yetersizliğinden, diğer alt grubun ise örnekleri alan osteolog'un örnekleri, modern DNA ile bulaştırması nedeni ile sonuç analizlerine alınmadı ve sadece 10 Lokomotiv ve 17 Ust'-Ida örneklerinin olduğu birinci alt-gruba dayalı olarak sonuçlara varıldı.

Analiz sonuçlarında, Lokomotiv ile Ust'-Ida'da 5 Doğu Avrasya haplogrupları da görülmesine rağmen frekansları hayli farklıydı. Lokomotiv grubunda ağırlıklı olarak D (%23) ve F (%48) , Ust'-Ida'da ise A (%26) ve C (%28) haplogrup frekanslarının daha fazla olduğu bulundu. Her iki bölge örneklerinde B veya X mtDNA haplogruplarına rastlanmadı.

Bu sonuçlar modern toplulukların haplogrupları ile karşılaştırıldığında, şu anda aynı bölgede yaşayan Ket'lerin en az %50 HV1 sekanslarının Kitoi'lerle aynı oldukları bulundu.

Serovo-Glazkovo'da %26 kadar görülen A haplogrubu, Baykal Gölü yakınlarında yaşayan toplulukların ancak %4'ünde bulundu. A haplogrubu en fazla kuzeydoğu Sibirya'da yaşayan, modern Chukchi ve Yupik'lerde, % 67 ve %80 olmak üzere, bulunuyordu.

İki grubun haplogrupları karşılaştırıldığında, Kitoi ile Ust'-Ida topluluklarının aralarında herhangi bir anasoy yakınlığının olmadığı görüldü. Arkeolojik kayıtlarla bu bulgular eşleştirildiğinde, GÖ 7nci bin yılda Sis-Baykal bölgesinde biyolojik kesintiden sonra bir nüfus değişikliği olmasının çok muhtemel olduğu düşünüldü.

Arkeolojik kayıtlar, Kitoi'lerin sosyal ilişkilerinin göç ve cinsiyet dengesizlikleri ile şekillendiğini gösteriyordu. Bu faktörler, nüfusa bağlı sorunlar veya iklim koşulları olmalıydı. Araştırmacılar tarafından, Kitoiler'in başka bir yere, muhtemelen Yenisey Nehri havzasına göç etmiş olabileceği iddia edildi. Serovo-Glazkovo toplulukları da daha sonra bu bölgeye gelmiş olmalıydı. Yine arkeolojik verilerle

eşleştirildiğinde, bu toplulukların Yukarı Moğolistan'da bulunan bir Hun mezarlığından çıkanlarla akrabalık ilişkileri bulundu.

Henüz tamamlanmamış analizlerin ilk sonuçlarına göre, araştırmacılar, Kitoilerin %90 ve Serovo-Glazkovo topluluklarının %85 mtDNA'larının Doğu Avrasya kökenli olduklarını tespit etti.

Araştırma, hipotezin test edilmesinin yanı sıra, aDNA verilerinin arkeolojik bulgularla birlikte yorumlanmasının önemini ve yararlarını gösterdi.

4. Akrabalık ve Soy İlişkilerine Özgü Sorunlar

Arkeolojinin DNA analizlerinin yardımı ile yanıt vermeye çalıştığı başlıca sorulardan biri, kültürlerin gelişmesinde ve yerleşimlerde aynı soy (akrabalık) ilişkilerinin ne kadar olduğuna bakılmasıdır.

a. Aşıklı Höyük ve Çatalhöyük

Günümüz arkeolojisinde önemle tartışılan köken sorunu, ata kültü, soya bağlı süreklilik, toplumsal bellek, kültür bölgeleri arasındaki ilişki biçimleri gibi konulara DNA analizlerinin getireceği somut veriler vardır. Bu tür tartışmaların farklı yaklaşımlarla ele alındığı iki örnek, ülkemizde, Orta Anadolu'daki iki Neolitik yerleşmedir.

Bunlardan Kapadokya Bölgesi'nin Çanak Çömleksiz Neolitik yerleşmesi Aşıklı Höyük'te akrabalık ve soy ilişkilerine bakmak için DNA araştırmaları yapılmamıştır. Ancak Aşıklı Höyük topluluğunda "Akdeniz Anemisi"ni araştırmak üzere insan iskeletlerinden DNA örnekleri alınmıştır. Bu örnekler, Anadolu'daki diğer tarihöncesi yerleşmelerden alınan örneklerde olduğu gibi bulaşmaya bağlı olarak sonuç vermeyince, çalışmalara bu sorun çözümleninceye kadar ara verilmiştir (M. Özbaşaran ile özel görüşme, Aralık 2006, İstanbul). Konya Ovası

Neolitik yerleşmesi Çatalhöyük'te ise soy ilişkilerini araştırmak için analizler yapılmış, ancak sonuç alınamamıştır.

Aşıklı Höyük'te yerleşme MÖ 9.bin yılda başlar (Esin ve Harmankaya, 1999). Aşıklı Höyük'ün bu eski tarihi, ortaya çıkarılanların Orta Anadolu'daki Neolitik yerleşmelerle karşılaştırılmaları, topluluğun nereden geldiği, kökeni, bölgeye yabancı olup olmadığı gibi soruların tartışılmasını başlatmıştır. Bir yandan Neolitik dönem gelişmelerinin kendine özgü özelliklerle izlendiği Güney ve Doğu Anadolu, Kuzey Suriye, Irak, Levant Bölgesi gibi bölgelerle, diğer yandan aradaki kronolojik farka karşılık kimi çarpıcı benzerliklerin ve/fakat aykırılıkların da görüldüğü Konya Ovası ile yapılan karşılaştırmalarla köken sorunu sorgulanmaktadır (Duru, 2003).

Aşıklı Höyük yerleşmesi özelinde sürmekte olan tartışmaların bir diğeri ise, kültürel sürekliliktir. Özellikle 2. tabakada aynı alanda yapıların üst üste, yerleri değiştirilmeden 10 yapı evresi boyunca kendilerini tekrarlamaları (Esin ve Harmankaya 1999: Fig. 9A), topluluğun atalarına bağlılıkları, soya bağlı süreklilik olgusu ile birlikte düşünülmektedir. Her yapı evresinde bulunmamış olmakla birlikte yapıların taban altlarında mezar çukurları yer almaktadır (Yılmaz, 2002). Bu bireylerden alınacak örneklerle uygulanacak DNA analiz sonuçlarının, o yapının on yıllarca değişmeksizin aynı yere tekrar tekrar yapıyor olmasının gerçekten ataya bağlılık ile açıklanıp açıklanamayacağı konusunda sağlam veriler sağlayacağı kesindir.

Çatalhöyük yerleşmesinde de aynı şekilde toplumsal ilişkiler, akrabalık ilişkileri, toplumsal bellek üzerinde çalışmalar, tartışmalar sürmektedir (Hodder and Cessford, 2004). 2004 yılında Güney Alan'da ortaya çıkarılan bir erişkin iskeleti ile kucağında tuttuğu sivalı kafatası arasında olduğu varsayılan akrabalık ilişkisinin belki de tek yanıtı DNA analizlerindedir.

Aynı şekilde yine güncel tartışma konularından toplumsal bellek, Çatalhöyük'te çok çeşitli açılardan ele alınan konulardan biridir (Hodder, 2006: 164-165). Mimari açıdan süreklilik gösteren, üst üste yapılmış iki yapı (Bina 1 ve 5) arasındaki ilişki, her iki yapıda bulunan iskeletlerin birbirleriyle ilişkileri (Hodder

and Cessford 2004:34-35), toplumsal belleği oluşturmak için kullanılmış olabilecek kafataslarının kimlere ait olduğu, kafatası gövdesinden ayrılmış bireylerin gövdelerinin nasıl bir işleme tabi tutulduğu gibi, önce Çatalhöyük'e, daha sonra bu bölgeye ve döneme özgü davranış ve uygulamaların anlaşılması için DNA analizleri kaçınılmazdır. Çatalhöyük'te anasoya bağlı ve anaerik bir toplum olduğunu ileri süren tartışmalarda ev yapılarının anneden kıza miras mı bırakıldığı gibi soruları da içine alan, toplum yapısı ile sosyal örgütlenmesini ortaya çıkarmak amacıyla farklı zamanlarda kemik ve diş örneklerinden antik DNA analizleri yapılmaya çalışılmıştır. Leuven ve Stanford Üniversitelerinde yapılan bu analizlerde, alınan örneklere modern DNA bulaşması nedeni ile başarılı bir şekilde amplifikasyon gerçekleştirilememiştir (Malhi et al., 2005: 307-311). Söz konusu çalışmalar, bu sorun çözümleninceye kadar bir süre için ertelenmiştir (Hodder ile özel görüşme, Temmuz 2006).

b. Sagalassos Kazıları

Sagalassos'ta 1994 ile 1997 yılları arasında yapılan kazılarda bulunan 24 iskeletten alınan kemik ve diş örneklerinin mtDNA analiz sonuçları, 1997 yılında yayınlandı (Jehaes et al., 2000). Bu araştırmada amaç, örnekler arasında herhangi bir soy ilişkisinin olup olmadığı ve bulunan bireylerin bilinen Avrupalı veya Avrupalı olmayan haplogruplar içinde filogenetik olarak yer alıp almadığına bakmaktır.

Dört kazı sezonu sırasında ortaya çıkarılan insan kalıntıları, aşağı agoranın batı tarafındaki yamaçta bulundu. Roma İmparatorluğu zamanında, bu bölgede bir portik olduğu ve bunun ilk önce 1nci yüzyılın ikinci yarısında inşa edilmiş, MS 518 depreminden sonra, tekrar inşa edilmiş olduğu anlaşıldı. 7nci yüzyıl ortalarındaki büyük depremde sonra ise tamamen yıkılmıştı. 1998 ve 1999 kazılarında bu deprem felaketinden önceye tarihlenen ve batı portik'in arka duvarında yer alan bir nekropol alanı tespit edildi. Depremden sonra, tüm yıkılan yapılar kaldırılmadığı gibi bu alan mezar alanı olarak kullanılmaya devam edildiği tespit edildi. Stratigrafi, insan kalıntılarının 7nci yy.ın ikinci yarısına ait olduğunu gösterdi.

Sagalassos'ta, 1994 ile 1997 yılları arasında yapılan kazılarda, iki tanesi ikili mezar olmak üzere 23 mezar tespit edildi. Yapılan antropolojik incelemelerde, iskelet kalıntılarının 11 tanesinin yetişkin olup, bunların çoğunun yirmili yaşlarda olduğu ispatlandı. Diğer mezarlar ise 2 yaş civarındaki çocuklara aitti. Sadece yetişkinlerde yapılabilen cinsiyet tespitlerinde ise, dördünün erkek, beşinin kadın, birinin ise soru işaretli olmak üzere yine bir kadın olduğu anlaşıldı. Bir tanesinin ise cinsiyet tespiti yapılamadı. Yaş ve cinsiyetlerine bakılarak ortalama bir kent nüfusunu temsil etmedikleri düşünüldüğünden bu bireylerin ölümünün bir afete bağlı olduğu ileri sürüldü. Ama bulunan insan kalıntılarında herhangi bir kırığa rastlanmadığı için bu ölümlerin sebebinin doğrudan depreme bağlı olduğu ileri sürülemedi.

Her iskeletten birbirinden bağımsız en az iki ve çoğunlukla üç tane olmak üzere kemik ve diş örnekleri alındı. Örneklerdeki mtDNA analiz sonuçları elde edilen sekansların otantikliği kriterlerine uygun şekilde dört grupta toplandı.

Grup A: İskeletlerden yeterli materyal alınamadığı için otantik sonuçlar elde edilemedi. Bu grupta çocuk iskelet örnekleri olup, incelenecek materyaller çok azdı. Bu grupta "en az iki örnek kriteri" ne uyulamadı

Grup B: Bulaşma olduğu için otantik sonuçlar elde edilemedi. Örnek alan diş hekiminin DNA'sını bulaştırdığı düşünüldü.

Grup C: Bu grupta bulunan beş iskeletten potansiyel otantik sonuçlar elde edildi. Bu grupta da bulaşma ve DNA yapısının bozulma problemleri olmasına rağmen, kısmi sekanslar elde edildi.

Grup D: Toplam sekiz iskeletten, tüm kriterlere uygun olarak otantik mtDNA sonuçları elde edildi.

Bunlara göre, Grup C ve Grup D'nin mtDNA sonuçlarına bakıldığında, bireylerde benzer sekanslar bulunmadı ve böylece aralarında herhangi bir anasoy ilişkisi olmadığı sonucu ortaya çıktı. Ancak ikili mezardan (bir yetişkin ve bir çocuğun

birlikte bulunduđu) alınan örneklerde mtDNA sekanslarının sadece birinde farklılık görüldü. Bu farklılık mutasyona bađlı olabileceđi için, iskeletlerin birbiriyle akraba olabileceđi ileri sürüldü. Diđer iskeletlerin de ileri mtDNA analizlerine ihtiyacı olduđu görüldü.

Cinsiyetlerine de bakılan iskeletlerin sadece üç tanesinin kesin cinsiyet tespiti yapılabildi. Diđer iskeletlerin analizleri ise sonuç vermedi.

Yapılan filogenetik analizlerde, ikisi hariç diđer örneklerin Richards ve arkadaşlarının 1996'da tanımladıkları Avrupa ve Orta Dođu popölasyonlarının 5 haplogrubundan birine uydukları görüldü (Richards et al., 1996).

Sagalassos arařtırmacıları, analize alınan 13 örnekten ikisinde mtDNA loop sekansı elde edemedi. Kalan örneklerden üçünün 1nci Grup içinde olduđunu saptadı. Bu örneklerden birinin sekansı Anderson sekansı ile uyum içinde olduđu bulundu ki bu sekans tüm Avrupa topluluklarının içinde en sık bulunan olup çağdař Orta Dođu topluluklarında görülmemektedir. Bu sekansın Sagalassos'ta bulunması, bu sekansın kökeninin Orta Dođu olduđu hipotezini desteklediđi arařtırmacılarca iddia edildi.

Bir diđer dört örnek Orta Dođu'da az sıklıkla görülen 2b grubuna uyum göstermekteydi. Ancak Grup 2'nin atalarının soyları sadece Orta Dođu'da bulunmaktadır.

Bir örnekteki aDNA sekansı Grup 3a'ya uymaktaydı. Bu da Orta Dođu'da sıkça bulunmakta olup, en eski Kafkaslara özgü soydur. Mevcut Asya ve Afrika mtDNA varyasyonlarının çođunun ait olduđu gruptur.

İki örneđin mtDNA sekansları 4ncü gruba uymakta olup Avrupa dışında hiç görülmemiřtir ve bu anasoyun yařının Grup 1'e uymakta olduđu görüldü.

Bir örneđin mtDNA sekansı da Grup 5'e uymakta olup bunun da Avrupa dışında hiç tanımlanmadıđı iddia edildi.

Arařtırmacılar, 4 ve 5nci grupların kökeninin Orta Doęu olduęu hipotezini ileri sürdüler. Ancak çağdař Orta Doęu nüfuslarında hiç görülmemekte olduęundan bu haplogrupların yok olduęu veya çok nadir olduęu ileri sürülebilir. Arařtırmacılar, bu soy gruplarının eski Sagalassos nüfus topluluklarında görülmemesinin, bu soy gruplarının Orta Doęu'dan kökenini almıř olduęunu ve Avrupa'nın Orta Doęu tarafından Türkiye aracılıęı ile kolonize edildięini gösterdięini iddia ettiler.

2b, 3a ve 5 gruplarının ise anatomik modern insan tarafından erken Üst Paleolitik sırasında Avrupa'ya getirildięini öne sürdüler.

Gruplamaya alınmayan iki örneęin mtDNA sekansları ise Avrupa ve Orta Doęu'nun 73ncü bölgede G taşıyan gen havuzunun dört grubuna da uymamakta olduęu arařtırmacılarca belirtildi.

Pozisyon 73'ün Avrupa genetik kökeninde özel bir önemi olduęu için otantik sonuçların alınmadıęı örneklerde ileri analizler yapıldı ve sonuçta 15 iskeletten 5'inde 73ncü bölgede A, 10 iskelette G bulundu. Bu sonuçlar A73G Avrupalı ve Avrupalı olmayan nüfuslarla karşılaştırıldıęında Türklerin sonuçları ile Sagalassos nüfusunun A73G bölge daęılımlarına bakılarak yapılan çeřitli analizlere göre benzerlik gösterdięi ve bu nüfusun Avrupalı ile Avrupalı olmayan nüfuslar arasında bir yerde olduęunu gösterdięi ileri sürüldü.

Sagalassos arařtırmacıları bu sonuçların Calafell ve ark. çalıřmasının² sonuçlarına benzedięini ileri sürmekte ancak örnek sayılarının azlıęına da dikkat çekmektedirler. Bu arařtırmada alınan sonuçların daha ileri analizlere ihtiyacı olduęu özellikle Y-kromozom analizleri ile karşılaştırılması gerektięi vurgulanmıřtır.

Sagalassos arařtırmaları, DNA analizlerinin sayısal olarak az olduęu Türkiye için çok önemlidir ve deęerlidir. Ancak, arařtırmacıların da örnek sayısının azlıęını

² Calafell ve ark, Bulgarlar ve Türklerdeki mtDNA sekans farklılıklarına baktıkları arařtırmanın sonuç raporunda, Avrupa'ya yayılımın, Orta Doęu'dan ve Türkiye üzerinden olduęunu iddia etti (Calafell, et al 1996: 35-49).

vurguladıkları halde, sonuçların Avrupa'nın Orta Doğu tarafından Türkiye aracılığı ile kolonize edildiğine dair bir hipotezi öne sürmesi oldukça iddialı görülmektedir. Bunun yanı sıra, yine araştırmacılarca ifade edilen, bazı örneklerin tam da aDNA otantik kriterlerine uymaması ve bunun da ötesinde raporda uyulduğu belirtilen otantik kriterleri Ek-2'de belirtilen otantik kriterleri ile karşılaştırıldığında, bazı kriterlere uyulmadığının görülmesi analizlerin niteliğini de tartışmaya açmaktadır. Her ne kadar Sagalassos raporundakiler ile Ek-2'de belirtilen kriterler arasında 7 yıl fark varsa da, bu kriterlerin gittikçe artması, daha önceki yıllarda yapılan bazı araştırmaların sonraki yıllarda geçersizliğinin ortaya çıkması nedeni ile olmuştur.

c. Tell Kurdu Kazıları

Akrabalık bağlarını aydınlatmaya yönelik bir başka DNA uygulaması, Amuk Vadi Bölgesi Projesi kapsamında yürütülmüş; Tell Kurdu kazılarında 2001 yılında yapılan DNA analizleri, 2004 yılında yayınlanmıştır (Özbal et al, 2004). Analizlerde, kazı alanında bulunan 14 bireyin, mitokondrial genomlarındaki HVR1 bölgeleri ile, X ve Y kromozomlarındaki **amelogenin** genlerine bakıldı. Araştırmanın amacı, bireylerin cinsiyet tayinleri ile yine bu bireylerin genetik farklılığına bakarak aralarında akrabalık ilişkilerinin olup olmadığının bakılması olarak belirtildi. DNA'lar, 14 bireyin 3 uzun kemiğinden alındı ve örneklerle, gerekli kontrollerle birlikte, PCR amplifikasyonu uygulandı. Analiz sonuçlarında, 14 bireyin 9'unun cinsiyetleri tayin edilebildi. Yine 14 bireyin 11'inde HVR1 sekansları belirlendi. HVR1 sekansları belirlenen 11 bireyin, haplotipleri, bölgede yapılan diğer araştırma sonuçları ile karşılaştırıldığında, Tell Kurdu insan topluluklarında az sayıda, sadece 3 çeşit haplotip tespit edildi. (Tablo 1)

Tablo 1: Tell Kurdu Nüfusunun Değişik Nüfuslarla, HVR1 Parametrelerine Göre Karşılaştırılması				
Nüfus	Örnek sayısı	Haplotip sayısı	Sekans farklılığı	Nükleotid farklılığı
Tell Kurdu	11	3	0.582	0.00672
Türk ⁽¹⁾	45	40	0.994	0.0149
Cezayirli ⁽²⁾	47	27	0.957	0.0158
Fas-Arap ⁽²⁾	50	44	0.993	0.0195
Tunuslu ⁽²⁾	47	42	0.989	0.0171
Bask ⁽²⁾	173	71	0.942	0.0084
O. İspanya ⁽²⁾	50	38	0.953	0.0128
Galiçyalı ⁽²⁾	103	62	0.939	0.0092
⁽¹⁾ Comas ve ark. verileri, 1996, ⁽²⁾ Plaza ve ark. verileri, 2003				

Araştırmacılar, HVR1 sonuçlarının, Tablo 1’de gösterilen diğer bölge araştırma sonuçları ile karşılaştırıldığında, Tell Kurdu nüfusunda az sayıda haplotipin görülmesini, bireyler arası muhtemel akrabalık bağları nedeniyle olduğunu iddia ettiler. Nükleotid ve sekans farklılıklarının azlığının ise farklı soyların da birbiriyle akrabalığı olmasının kuvvetle muhtemel olduğunu gösterdiğini öne sürdüler.

Tell Kurdu araştırmaları da soy ilişkilerinin tespit edilmesine çalışan, Türkiye’de sayılı başarılı DNA analizlerinin yapılabildiği araştırmalardan biri olması açısından çok önemlidir. Ancak, örnek sayılarının azlığı ve Tablo 1’de karşılaştırma yaptığı iki araştırma örneklerinin en az 45 olduğu göz önüne alındığında, örnek sayılarını arttırmaya ihtiyacı olduğu görülmektedir. Tespit edilen haplotip sayılarının diğer araştırmalarla karşılaştırıldığında azlığı ve sekans ile nükleotid farklılığının düşük olmasının örnek sayılarının azlığına bağlı olması muhtemel görülmektedir.

III. GENETİK ARAŞTIRMALARIN BİLİNİRLİĞİ ANKETİ

Genetik arařtırmaların bilinirliđi, Trkiye’de yapılan kazılarda grevli arkeologların arasında yapılan bir anket alıřması ile arařtırıldı. Bu nedenle, 29 Mayıs-2 Haziran 2006 tarihlerinde, anakkale’de yapılan, 28nci Uluslar arası Kazı, Arařtırma ve Arkeometri Sempozyumu’na katılan 29 kazı bařkanı ve sorumlusuna Ek 1 deki anket uygulandı.

Bu arařtırmanın ama, yntem ve sonuları ařađıda sunulmaktadır:

A. Arařtırmanın Amacı

Bu alıřmanın amacı, Trkiye’de yapılan kazılarda genetik ve DNA arařtırmalarının yapılıp yapılmadıđının sorgulanması ve kazı sorumlularının bu konudaki grřlerinin alınmasıydı.

B. Yntem

Yz yze grřme řeklinde yapılan bu arařtırmada sorular bireylere birebir soruldu. Bu yntemin seilmesinin nedeni yorumların ve ayrıntılı grřlerin alınmasının karřılıklı grřmelerde daha kolay olabileceđinin ngrlmesiydi. Eđer bu sorular posta veya e-posta yolu ile gnderilmiş olsaydı, yanıtların gerek nitelik gerekse nicelik ynnden yetersiz olması ihtimali sz konusuydu.

Sorulan soruların sayısı on tane olup altı tanesi “Evet” ve “Hayır” řeklinde kapalı ulu, drt soru ise aık ulu yanıtlar istenecek řekilde dzenlendi. Kapalı ulu soruların iki tanesinde “Hayır” yanıtı verenlerden “Neden” sorusu ile grř alındı. Kazılarında DNA analizi yapılıp yapılmadıđına dair sorulan ilk soruya evet diye yanıt verenlere anketin ilk beř sorusu soruldu. Birinci soruya “Hayır” yanıtını verenlere ise, ilk 5 soru atlanarak, 6ncı sorudan itibaren sorular soruldu.

Görüşmenin başlangıcında, görüşmeci kendini tanıtarak, çalışmanın amacını aktardı. Sorulan kişilerden kimlik bilgisi istenmedi ancak anket için seçilen kişilerin mutlaka bir kazının başkanı veya başkan yardımcısı olması gözetildi. İngilizce ve Türkçe olarak düzenlene ankette, yerli yabancı toplam 29 kişi ile görüşüldü ve her görüşülen kişinin ayrı bir kazıdan olmasına özen gösterildi.

Görüşme için seçilen kişilerde uyruk, cinsiyet, yaş gibi özelliklere dikkat edilmediği gibi kazının süresi, bölgesi ve dönemi de not edilmesine rağmen bu araştırmanın sonuçları açısından bir önemi olmadığı için bulgularda bahsedilmemiştir.

C.Bulgular

Toplam 29 görüşmede, bahsi geçen kazıda en kısa süre kazı başkanlığı veya yardımcılığı yapan 2 yıl, en uzun süre ise 36 yıl olarak tespit edildi.

Ankete katılanların 25'i kazısında DNA analizlerinin yapılmadığını, sadece 4'ü yapıldığını belirtti. DNA analizleri yapılmayan kazıların 4 tanesinde bugüne kadar herhangi bir insan iskeletinde rastlanmadığı belirtildi. Herhangi bir insan iskeletine rastlanılmayan kazıların biri 2, ikisi 10, dördüncüsü ise 12 yıllık olarak belirtildi.

Analizlerin yapıldığı dört kazıda neden bunların yaptırıldığına dair sorulan sorunun yanıtlarında, üç kazıda amacın açılan katmanlardaki insan topluluklarının birbiri ile aile bağı olup olmadığının araştırılması veya açılan katmandaki aile bağlarının araştırılması olduğu belirtildi. Dördüncü kazıda ise amacın, çevre ile ilişkileri ve çevredeki hastalıklarla ilişkileri, demografik özellikler ve beslenme alışkanlıklarının araştırılması olduğu belirtildi.

Yapılan analizlerin sonuçlarının başarılı olup olmadığı sorgulandığında bunların ikisinin başarılı olduğu söylendi. Başarısız olduğu belirtilen analizlerde neden

sorulduğunda birinin modern DNA'ya bulaşmaya bağlı olduğu söylendi. Diğerleri ise nedenini bilmediğini belirtti.

Bu analizlerin kazılarına katkıları olup olmadığı sorgulandığında ise, iki başarılı analiz sonucu olan kazılar konusunda görüş verenlerden “Evet” yanıtı alındı.

Analizlerin maliyeti konusunda yanıt verenlerin bu konuda herhangi bir bilgisi olmadığı ortaya çıktı.

Kazılarında bu analizlerin yapılmadığını söyleyen 25 kişinin 23 tanesi, DNA analizlerinin kazılarında yapılmasını arzuladıklarını, 1 tanesi istemediğini, 1 kişi ise bilgisi olmadığını belirtti. Kazısında DNA analizi istemediğini belirten kişi nedenini “yasalara aykırı” olarak açıkladı¹. DNA analizlerini istediğini belirten 23 kişiden biri “hem de çok isterim” diye ayrıca vurgu yaptı.

Eğer bu analizlerin kazılarında yapılması söz konusu olsaydı kazılarına ne gibi katkıları olacağı sorgulandığında, görüşmeye katılan 24 kişinin (4 analiz yaptıran ve 1 yaptırmak istemeyen kişi hariç) yanıtları Tablo 2’de gösterilmiştir.

Tablo 2- DNA Analizlerinin Kazılara Sağlayabileceği Katkılar	
Katkılar	Sayı
Akrabalık/aile bağları	5
Nüfus hareketleri/göç	4
Çevrede yaşayan topluluklarla soy araştırması	5
Bireylerde genetik yapı/patoloji	3
Tür kökeni hakkında bilgilenme	1
Kazıya özgü yanıtlar	2
Veri tabanı oluşturma	1
Yanıt yok	3
Toplam	24

¹ Görüşmecinin 6ncı sorunun yanıtını “Hayır” olarak aldıktan sonra, görüşülen kişinin diğer soruların sorulmasını istemediği izlenimini aldı ve daha sonraki soruları sormadı.

Yanıt verenlerin içinde 5 kişi, kazılarında bulunan iskeletlerin birbirleriyle akrabalık ve aile bağlarının olup olmadığının bakılmasını isteyeceğini belirtti. Yanıt verenlerden 4 kişi ise kazı yapılan yöre ile farklı yöreler arasında karşılaştırma yapılmasını, göç/nüfus hareketlerinin ortaya çıkartılmasına yardımcı olacağını belirtti. Bu kişilerde Avrupa- Anadolu veya Balkan-Anadolu arasındaki ilişkilerin ortaya çıkartılabilmesinin bu analizlerle ortaya çıkartılabileceği görüşleri öne sürüldü. Yanıt verenlerden 5 kişi kazıda ortaya çıkartılan iskeletlerle o yörede halen yaşamakta olan kişilerin arasındaki akrabalık bağlarının olup olamayacağı ilişkisine bakılabileceği görüşünü öne sürdü. Dönem insanların genetik yapılarının veya patolojilerinin olup olmadığının bakılabileceği görüşü 3 kişiden geldi. Türlerin kökeni hakkında bilgilenme isteyebileceğini (Neandertaller ile *Homo sapiens* ilişkisini kurmak için) söyleyen bir kişi oldu. Kazı yerinde bulunan iskeletlerin o yöreyi bir sağlık merkezi olarak kullanıp kullanılmadığına bakılması için DNA analizlerinin yapılmasının iyi olabileceğini söyleyen bir kişi ve kurşunun, üzerinde çalıştıkları kültürün sonunu hazırlayıp hazırlamadığı sorusuna yanıt alınabileceğini öne süren bir kişi oldu. (Bu iki kişinin yanıtı tabloda, kazıya özgü sorular başlığı altında gruplandı). Görüşmeye katılanlardan bir kişi veri tabanı oluşturulabileceğini öne sürdü ancak bu veri tabanının hangi amaçla kullanılabileceğine dair irdeme sorusu sorulmadı. Üç kişi ise bu soruya herhangi bir yanıt vermedi.

Kazılarında DNA analizleri yapılmadığını belirtenlerin yayınları izleyip izlemediklerine dair sorulan soruya 4 kişi “Evet”, 7 kişi “Biraz”², 13 kişi ise “Hayır” yanıtını verdi.

Bu analizlerin nasıl yapıldığı konusunda bilgi sahibi olup olmadıkları sorgulandığında ise, sorulan kişilerin 3’ü “Evet”, 7’si “Biraz”, 14’ü ise “Hayır” yanıtını verdi.

Bu konuda daha fazla bilgi sahibi olmayı isteyip istemediklerine dair sorulan soruya ise, tüm katılanlar “Evet” yanıtını verdi.

² Anket yanıtlarda “biraz” şıkkı olmamasına rağmen, sayının çokluğu nedeni ile araştırma bulgularına dahil edildi.

D.Arařtırmacı İzlenimleri

Bu arařtırmanın sonularına bakıldıđında elbette Trkiye’de kazı yapan arkeologların DNA analizleri konusundaki bilgileri ve grřlerine dair bir genelleme yapmak mmkn deđil. Ancak bana ok arpıcı gelen birkaç soruna deđinmek isterim. Grřme yapılanların hemen tm DNA analizleri hakkında bir Őeyler duymuř. nk “kazınıza ne katkısı olabilir “sorusuna hemen herkes genel aktel bilgiler ışığında denebilecek yanıtlarını verdi. Ancak, yanıt verenlerin 13 tanesi hibir yayın takip etmediđine ve sadece 4 tanesi yayın takip ettiđine dair kesin “Evet” yanıtını verdiđine gre bu konunun ieriđinin tam olarak bilinip bilinmediđi kuřkulu grnmektedir. Bu nedenle kazılarına ne tr yararlar getireceđi konusunda da ok zgn yanıtlar gelmedi. Elbette bu analizlerin yapılmasının zorlukları da bu soru sorulan kiřilerce pek bilinen bir Őey olmaması beklenir, nk analizlerin nasıl yapıldıđını bilenlerin sayısı 3 olarak tespit edildi.

Bu arada bir izlenimimi de paylařmak isterim. Grřmeyi yapacađım kiřilere kendimi tanıtıp hangi konuda grřme yapacađımı aıkladıktan sonra, bazılarında gerginlik hissettim. Kendilerine bu konuda “bilgi” sorulacađını sandıklarını, grřme bittikten sonra da “bu kadar mıydı?” deyip, daha rahatlamıř olarak izlediđim beden dilleri ile grřlerini aıklamaya devam etmelerinden anladım. Bazı kiřilerin “kazıya katkı” sorusuna yanıtlarının ben soruyu sorduktan sonra geliřtirdikleri izlenimini aldım. Bunu da verilen yanıtların ođunluđun kendi kazılarına zg bir “sorunu” dile getirmemelerinden, ok genel bir sorun dile getirmelerinden ve tereddtl verilen yanıtlardan anladım.

Bu konuda yayın takip etmeyen ama “daha fazla bilgi sahibi olmak isterim” diye yanıt veren herkesin yabancı yayın takip oranları sorgulanmadı. Ancak bu konuda yayınlanan olduka az Trke yayın olduđuna gre, arkeoloji, antropoloji ve benzer konularda yapılan Trke yayınlarda konuya iliřkin makalelere yer verilmesi ok nemli.

Bu grřmeler sırasında duyulan ve mutlaka arařtırılması gereken bir konu da “DNA analizlerinin Trkiye’de yapılması yasaktır, bu konuda Bakanlık genelgesi

var” diyen iki kişinin öne sürdüğü görüşler oldu. Bu kişilerin DNA analizlerini yapmak isteyen yabancılar olabileceği ve bu taktirde Bakanlıđı hemen uyardmaları gerektiđi konusunda verdikleri bilgiler de çarpıcıydı. Bu görüşmelerden sonra, bahsedilen genelge veya yönetmelik Kültür ve Turizm Bakanlıđı web sitesinde araştırıldı³. Bu konuda taranan, 2863 sayılı Kültür ve Tabiat Varlıkları Kanunu’nun taşınır varlıklar bentlerinde veya 3/5/1988 tarihli, Etnografik Nitelikteki Taşınır Kültür Varlıkları Hakkında Yönetmelik’te, sözü edilen konuyla ilgili herhangi bir maddeye rastlanmadı.

³ Kültür ve Turizm Bakanlıđı web sitesi, (çevrimçi) <http://www.kultur.gov.tr>, 1 Eylül 2006

Sonuç

Arkeolojide biyolojik yöntemlerin kullanımı, birçok bulgunun yorumlanmasında önemli roller oynamaktadır. Bu yöntemlerin içinde gen sistemlerinin incelenmesine dayanan genetik araştırmalar ise, nüfus hareketleri, türlerin incelenmesi, tarımın yayılması gibi köken ve ilişki odaklı çeşitli konularda çok önemli ipuçları vermektedir.

1980'lerin ikinci yarısından itibaren hızla ilerleyen ve araştırmacıların heyecanla yayınladıkları birçok yayından sonra, aDNA analizlerinin en başta modern DNA ile bulaşma olmak üzere, özellikle tekniğe bağlı problemlerinden dolayı biraz daha kuşkucu yayınlara yerini bıraktığı görülmektedir. Bundan dolayı, aDNA'nın otantikliği üzerine kriterler gittikçe geliştirilmektedir. Yayımlanan araştırmaların, bu kriterlere uyup uymadığına bakılarak değerlendirilmesinde ve bunların ışığında araştırma sonuçlarının dikkate alınmasında yarar vardır.

Bununla birlikte, mtDNA'nın özellikle tek bir gen olması ve benzer türlerde çok etkili sonuçlar vermeyebileceğine dair çıkan yayınlar da bir başka özgün gen, Y-kromozom analizlerine dikkatleri çekmiş durumdadır.

İnsan genetik araştırmalarının bugün arkeoloji, antropoloji ve paleodemografi gibi bilim dallarına verdiği en önemli katkılarından biri evrim ve türlerin kökenine dair yapılan araştırmalardadır. Afrika'dan Çıkış ve Çok Bölge Evrim Teorileri'nin hala tartışıldığı günümüzde, Neandertal mtDNA örneklerinden alınarak yapılan sekanslar, ilk başlarda günümüz insanı ile Neandertallerin farklı türler olduğu iddialarını öne çıkarmıştır. Ancak özellikle son iki yıldır yapılan yayınlarda, genetik sürüklenme ve gen akışlarının Neandertallerin genetik yapısını etkileyebilmiş olduğu tartışılmaktadır. Bu nedenle şu anki görüşler, *Homo sapiens* ile Neandertallerin ayrı türler olduğuna dair kanının tekrar sınanması ve bu yargıya kesin sonuç olarak bakılmaması yönündedir.

Hayvanların evcilleşmesi ve bitkilerin kültüre alınması konularında yapılan genetik analizlerin, insan genetik analizleri ve arkeolojik buluntularla birlikte

değerlendirilerek, nüfus hareketlerinin nasıl etkilendiğine bakan araştırmalara ihtiyaç vardır.

İskeletlerde morfolojik araştırmalarla % 100 sonuç vermeyen cinsiyet tayin edici araştırmalar, genetik analizlerle kesin sonuçlar vermektedir. Bu analizlerde amelogenin kullanımı ön plana çıkmaya başlamıştır. Ancak bu analizlerin, zahmetli oluşu ve yüksek maliyeti göz önüne alındığında tek bir soruya yanıt vermesi için veya rutin cinsiyet tespitinde kullanılması çok da uygun görülmemektedir.

Nüfus topluluklarının hareketini ve göçler sonunda gittikleri yerlerdeki gen havuzlarına etkileri bugün en fazla sorulan sorulardan biridir. Cavalli-Sforza ve arkadaşları tarafından ileri sürülen nüfus yayılımı teorisi ile Orta Doğu'dan Avrupa'ya genetik etkilerin % 25'ten fazla olduğu ileri sürülmektedir. Richards başta olmak üzere bazı bilim insanlarıncı yapılan çeşitli mtDNA ve Y-kromozom analizleri ile bu teori çürütülmeye çalışılmaktadır. Günümüz Avrupalısının Avrupa'da var olan Paleolitik ve Mezolitik toplulukların soylarının devamı olduğunu ileri süren bu araştırmalarda, dış göç etkilerinin var olduğu ancak gen havuzuna katkılarının öne sürüldüğü kadar yüksek olmadığı yönündedir. Bu tartışmalarla birlikte günümüzde bu mekanizmaların herhangi birinin tek başına doğru olamayacağı, daha kompleks mekanizmaların söz konusu olabileceğine dair araştırmalara da sıkça rastlanmaktadır.

Nüfus yakınlıklarını araştıran başarılı bir DNA araştırmasına örnek olarak bu çalışmada söz edilen Mooder ve arkadaşlarının Neolitik Sibiry'a'da yaptıkları araştırma, özellikle genetik bilimcilerin arkeologlarla birlikte çalıştığı zaman daha etkili sonuçlar aldığını göstermektedir.

Kültürler, soy ilişkileri ve yerleşimlere özgü sorunlara genetik araştırmaların önemli bir yanıt vereceği açıktır. Örneğin tarımın Avrupa'da yayılmasına dair araştırmaların sadece genetik araştırmalar temelinde yapıldığı taktirde bazı sakıncaları olduğu, bu nedenle genetik olmayan verilerin de sorulara yanıt verirken birlikte yorumlanması gerektiği bazı araştırmacılar tarafından savunulmaktadır.

Türkiye’de yapılan DNA arařtırmalarının arasında bu alıřmada daha ayrıntılı bahsedilen Sagalassos ve Tell Kurdu DNA arařtırmaları, soy yakınlıklarını tespit etmeye alıřmaları aısından nemlidir. Bu konuyu arařtırmak iin yapılan DNA analizleri henüz bařarılı bir sonu vermemiř olan atalhöyük ve yine bu konuyu arařtırmak iin henüz DNA analizleri yapılmamıř olan Ařıklı Höyük’te zellikle köken sorunlarını ve aynı tabakanın farklı evrelerindeki bireylerin birbirleri ile soy iliřkilerini ortaya ıkaracak arařtırmaların yürütölmesi beklenmektedir.

Bu zahmetli ve sonucunda her zaman da yüz güldürmeyen alıřmalar yapılırken, bu arařtırmanın neden istendiėi ve bu zahmete (ve de maliyete) deėip deėmediėine iyi bakılması gerekmektedir. Öncelikle bu arařtırmaya giderken sorulacak sorunun iyi sorulması ok nemlidir. İyi sorulan bir sorunun sonuları da olumlu gelen bir analizle birleřtiėinde sadece oradaki kazıyla ilgili deėil, bölgenin ve hatta dñyanın nüfus hareketleri ile ilgili ok nemli bulgular sunup, prehistoryadaki insan hakkında bize deėerli ipuları saėlayacaėı açıktır. Ancak yapılan arařtırmaların zellikle örnekleri ok az olan arařtırmaların (bu alıřmada ayrıntılı olarak bahsedilen Avrupalı ıftiler ve Sagalassos aDNA arařtırmaları gibi), genellemeler yaparak insan tarihi hakkında yorum yapmaya alıřması ok uygun görünmemektedir.

Tüm zorluklara raėmen, teknik olanakların, arařtırma sayılarının artması ve arařtırmalardan alınan derslerle, konunun uzmanlarının daha duyarlı sonulara ulařabileceėi kuřkusuz görünmektedir.

Dñyanın farklı yerlerinde genetik arařtırmalar sürüp giderken, Türkiye’de bu arařtırmaların azlıėı ve bu konuda sadece birkaç yayının olması dikkat ekicidir. Bununla birlikte bu alıřmada bahsedilen genetik analizlerin bilinirliėine dair yapılan küük anket alıřması da, Türkiye’de arařtırma yapan arkeologların bu analizlerin genellikle kazılarında yapılmasını istedikleri ancak bölgelerinin hangi sorununa yanıt verebileceėi konusunda ok net bir görüře sahip olmadıkları yönündedir.

Bu arařtırmaların teknik olarak yapılması ve maliyeti elbette Trkiye'de zellikle ciddi anlamda mali destek almadan yapılan kazılar aısından nemli bir handikaptır. Ancak bu konuda yeterince ilginin olmaması da sz konusu olabilir. zellikle Avrupa insan topluluklarının kkeni veya evcilleřen trlerin yabani trlerle olan soy baėlarının bulunmasını amalayan arařtırmalar iin Trkiye'nin iinde bulunduėu coėrafyada nemli ipuları var gibi grnmektedir.

KAYNAKÇA

- ALLABY, R.:2000 "Wheat Domestication" **Archeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe**, Ed. by C. Renfrew&K. Boyle, Cambridge: Mc Donald Institute for Archaeological Research.
- AMMERMAN, A.J., R. PINHASI, E. BANFFY, 2006 "Comment on Ancient DNA from the First European Farmers in 7500-Year-Old Neolithic Sites", **Science**, Vol. 312, pp. 1875a
- BANDELT H-J.,V. MACAULAY, M.RICHARDS, 2002 "What Molecules Can't Tell Us about the Spread of Languages and the Neolithic", **Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis**, Ed. by Peter Bellwood&Colin Renfrew, Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research.
- BRADLEY, D. G.,2000 "Mitochondrial DNA Diversity and Origins of Domestic Livestock" **Archeogenetics:DNA and the Population Prehistory of Europe** Ed. by C.Renfrew&K.Boyle, Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research.
- CALAFELL, F., P. UNDERHILL, A. TOLUN, D. ANGELICHEVA, L. KALAYDJIEVA.: 1996 "From Asia to Europe:mitochondrial DNA Sequence Variability in Bulgarians and Turks", **Annals of Human Genetics**, 60, pp 35-49.
- CAVALLI-SFORZA, L, 2002 "Demic Diffusion as the Basic Process of Human Expansions" **Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis**, Ed. by Peter Bellwood&Colin Renfrew, Cambridge:McDonald Institute for Archeological Research.
- CAVALLI-SFORZA, L., 2000 **Genes, Peoples and Languages**, Berkeley and Los Angeles:University of California Press
- CAVALLI-SFORZA, L.L., F. CAVALLI-SFORZA, 1995 **The Great Human Diasporas**, New York:Perseus Book Publishing.
- CAVALLI-SFORZA L.L., P. MENOZZI, A. PIAZZA, 1994 **The History and Geography of Human Genes**, New Jersey:Princeton University Press

- DURU, G, 2003 Some Architectural Indications for the Origins of the Central Anatolian Neolithic, **The Neolithic of Central Anatolia**, Ed. by F. Gerard, L. Thissen, İstanbul: Ege Yayınları.
- ESİN, U., S. HARMANKAYA, 1999 “Aşıklı”, **Neolithic in Turkey, The Cradle of Civilization**, Ed. by M. Özdoğan and N.Başgelen, İstanbul: Arkeoloji ve Sanat Yayınları.
- FAERMAN M., G.K. BAR-GAL, 1998 “Determining the Sex of Infanticide Victims from the Late Roman Era through Ancient DNA Analysis”, **Journal of Archaeological Science**, 25, pp. 861-865.
- GRANT J., S. CORIN., N. FLEMING , 2002 **The Archaeology Coursebook, an Introduction to Study Skills, Topics and Methods**, London:Routledge.
- HAAK, W., P. FORSTER, B. BRAMANTI, S. MATSUMURA, G. BRANDT,M. TANZER, R. VILLEMS, C. RENFREW, D. GRONENBORN, K.W. ALT, J. BURGER.: 2005 “Ancient DNA from the First European Farmers in 7500-Year-Old Neolithic Sites”, **Science**, Vol 310, pp 1016-1018.
- HAGELBERG, E.: 1994 “Ancient DNA Studies”, **Evolutionary Anthropology**, pp 199-206.
- HELGASON A., S. SIGUROARDOTTIR, J.R., GULCHER, K. STEFANSSON, R. WARD: 2000. “Sampling Saturation and the European mtDNA Pool:Implications for Detecting Genetic Relationships among Populations”, **Archaeogenetics:DNA and the Population Prehistory of Europe**, Ed.by Colin Renfrew&Katie Boyle, Cambridge:McDonald Institute for Archeological Research.
- HODDER, I., 2006 **Çatalhöyük, Leoparın Öyküsü**, Çev. Dilek Şendil, İstanbul: YKY.
- HODDER, I., C., CESSFORD: 2004 “Daily Practice and Social Memory at Çatalhöyük”, **American Antiquity**, 69(1), pp 17-40
- HOFREITER, M., D. SERRE. H.N. POINAR, M. KUCH, S. PAABO: 2001 “Ancient DNA”, **Nature Reviews: Genetics**, pp 353-359.
- JEHAES, E., M. “DNA Analysis of Archeological Human Remains

- WAELEKENS, A.
MUYLDERMANS, J-J,
CASSIMAN, E. SMITS, J.
POBLOME, P.
LAMBRECHTS, R.
DECORTE: 2000
- JONES, M., 2002
- JONES, S., 1994:
- KLUG, W.S., M.R.
CUMMINGS, 1991
- LEWIN, R, 1997
- MALHI, R.S., M. VAN
TUINEN, J. MOUNTAIN, I.
HODDER , E. HADLY, 2005
- MAYS, S., 2002
- MEINDL, R.S., C.O.
LOVEJOY, R.P.
MENSFORTH, L. DON
CARLOS : 1985
- MOODER, K.P., T.G.
SCHURR, F.J. BAMFORTH
V.I. BAZALIISKI, N.A.
SAVEL'EV, 2006
- OLSON, S., 2003:
- O'ROURKE, D., 2003
- O'ROURKE, D.H., M.G.
- from Sagalassos”, Sagalassos V, Report on the Survey and Excavation Campaign of 1996 and 1997, Ed. by M.Waelkens and L. Loots, **Acta Archaeologica Lovaniensia Monographie II/B**, Leuven University Press.
- The Molecule Hunt: Archaeology and the Search for Ancient DNA**, New York:Arcade Publishing Inc. (First North American Edition),
- The Language of the Genes**, London:Harper Collins Publishers.
- Concept of Genetics**, New York:Mac Millan Pub. Co..
- Modern insanın Kökeni**, Çev.N.Özüaydın, TÜBİTAK Yayınları.
- “Pilot Project: Çatalhöyük Ancient DNA Study”, **Inhabiting Çatalhöyük Reports from the 1995-1999 Seasons**, Ed by I. Hodder, McDonald Institute for Archaeological Research and British Institute of Archaeology at Ankara.
- The Archaeology of Human Bones**, London: Routledge
- “Accuracy and Direction of Error in Sexing of the Skeleton:Implications of Paleodemography”, **American Journal of Physical Anthropology**, (68) pp. 79-85.
- “Population Affinities of Neolithic Siberians: A Snapshot from Prehistoric Lake Baikal”, **American Journal of Physical Anthropology**, 129, pp 349-361.
- Mapping Human History, Genes, Races and Common Origins**, New York: First Mariner Books Edition.
- “Anthropological Genetics in the Genomic Era: A Look Back and Ahead”, **American Anthropologist**, 105(1), pp. 101-109
- “Ancient DNA Studies in Physical Anthropology”,

- HAYES, S.W. CARLYLE: 2000 **Annual Review of Anthropology**, 29, pp.217-42.
- ÖZBAL, R., F. GERRITSEN, B. DIEBOLD, B., E. HEALY, N. AYDIN, M. LOYET, F. NARDULLI, D. REESE, H. EKSTROM, S. SHOLTS, N. MEKEL-BOBROV, B. LAHN: 2004 “Tell Kurdu Excavations 2001”, **Anatolica**, XXX, pp 37-108.
- PAABO, S., H. POINAR, D. SERRE, V. JAENICKE-DESPRES, M. KUCH, J. KRAUSE, L. VIGILANT, M. HOFREITER, :2004 “Genetic Analyses from Ancient DNA”, **Annual Review of Genetics**, 38, pp 645-679.
- PINHASI, R., J. FORT, A.J. AMMERMAN : 2005 “Tracing the Origin and Spread of Agriculture in Europe”, (Çevrimiçi) **PLoS Biology**, www.plosbiology.org, Vol.3, Issue, 12, pp.2220-2228, 3 Ocak 2007.
- PINHASI R., M. PLUCIENNIK: 2004 “A Regional Biological Approach to the Spread of Farming in Europe”, **Current Anthropology**, Vol.45, Supplement August-October, pp. S59-S82
- RELETHFORD, J. H.: 2001 “Ancient DNA and the Origin of Modern Humans”, **PNAS**, 98, pp. 390-391.
- RENFREW, C.:2003 “Arhaeogenetics: Towards a Population Prehistory of Europe”, **Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe**, Ed. by Colin Renfrew&Katie Boyle, Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research.
- RENFREW C., P. BAHN, 2001 **Archaeology:Theories, Methods and Practice** London: Thames and Hudson
- RICHARDS, M., H. CORTE-REAL H., P. FORSTER., V.MACAULAY , H. WILKINSON-HERBOTS, A. DEMAINE, S. PAPIHA, R. , HEDGES, H-J BANDEL, B., SYKES, 1996 “Paleolithic and Neolithic Lineages in the European Mitochondrial Gene Pool”, **American Journal of Human Genetics**, 59: pp 185-203.
- RICHARDS, M., V. MACAULAY, H-J BANDEL, “Analyzing Genetic Data in a Model-based Framework: Inferences about European

- 2002 Prehistory” **Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis**, Ed. by Peter Bellwood&Colin Renfrew, Cambridge:McDonald Institute for Archeological Research.
- RICHARDS, M., 2003.: “The Neolithic Invasion of Europe”, **Annual Review of Anthropology**, 32, pp 135-162.
- ROEWER, L., P.J.P
CROUCHER, S.,
WILLUWEIT, T.T. LU, M.
KAYSER, R. LESSIG,P.
KNIJFF, M.A. JOBLING, C.
TYLER-SMITH, M.
KRAWCZAK, 2005 “Signature of Recent Historical Events in the European Y-chromosomal STR Haplotype Distribution”, **Human Genetics**, 116, pp.279-291.
- SPENCER, M., C.J. HOWE, 2004 “Authenticity of Ancient-DNA Results: A Statistical Approach”, **American Journal of Human Genetics**, 75, pp 240-250.
- SYKES, B., 2001: **The Seven Daughters of Eve**, New York:W.W.Norton & Company, Inc.
- WATSON, J, 2004 **DNA, The Secret of Life**, London:Arrow Books.
- WELLS, S., 2002 **The Journey of Man, A Genetic Odyssey**, New Jersey: Princeton University Press.
- WENKE, R.J., 1999 **Patterns in Prehistory**, New York: Oxford University Press Inc.
- YANG, D.Y., K. WATT, 2005 “Contamination Controls When Preparing Archaeological Remains for Ancient DNA Analysis”, **Journal of Archaeological Science**, 32, pp. 331-336.
- YILMAZ, Y., 2002 “Aşıklı Höyük İskeletlerinin Morfolojik Olarak Karşılaştırmalı İncelenmesi”, İ.Ü. Sosyal Bilimler Enstitüsü, Edebiyat Fakültesi Prehistorya Anabilim Dalı, yayınlanmamış YL tezi, İstanbul.
- ZVELEBİL, M., 2000.: “The Social Context of Agricultural Transition in Europe”, **Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe**, Ed. by Colin Renfrew&Katie Boyle , Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research.

EK 1-

ANKET SORULARI

1) Kazınızda DNA analizleri yapılıyor mu?

Evet

Hayır

(Lütfen soru 6'ya geçin)

2) Neden DNA analizi yapılmasını istediniz? (Hangi soru veya sorunlar için?)

3) Analizler sonuçlandı mı (veya) başarılı bir analiz yapıldı mı?

Evet

Hayır.....

Neden?

4) Analizler kazının genel sonuçlarına katkısı oldu mu veya oluyor mu?

5) Bu analizlerin maliyeti ne kadar oldu?

Yanıtlarınız için teşekkür ederim

6) DNA analizlerinin kazınızda yapılmasını ister miydiniz?

Evet

Hayır

Neden istemezsiniz?

(Lütfen soru 8'e geçin)

7) Bu analizlerin kazınıza ne gibi katkılar sağlayacağını düşünürsünüz?

8) DNA analizleri ve arkeolojide DNA'nın rolü ile ilgili yayınları takip ediyor musunuz?

Evet

Hayır

9) Analizlerin nasıl yapıldığı konusunda bilgili misiniz?

Evet

Hayır

10) Bu konuda daha fazla bilgi sahibi olmak ister miydiniz?

Evet

Hayır

Yanıtlarınız için teşekkür ederim

EK-2

ANTİK DNA OTANTİKLİK KRİTERLERİ (Paabo S, 2004)

- 1) Amplifikasyon ürünlerinin klonlanması ve birden fazla klonun sekanslanması
- 2) Örnek alımın kontrolleri ile PCR kontrollerinin yapılması
- 3) Aynı veya farklı örneklerden tekrarlanan amplifikasyonlar yapılması
- 4) Amplifiye edilen DNA molekül sayı miktarlarının ölçülmesi
- 5) Amplifikasyon etkililiği ile amplifikasyon uzunluğunun tersine ilişkisi
- 6) Makromoleküler korunma konusunda dikkatli olunması
- 7) mtDNA'ya nukleer girdilerden arındırılması
- 8) İkinci bir laboratuarda örneklerin analizi