Archive of SID

اهلی‌سازی کاپراهیرکس در زاگرس مرکزی ایران
مطالعهٔ ژنتیک- باستان‌شناختی ژنوم میتوکندری بقایای بزسانان محوطهٔ نوسنگی بدون سفال چیاسبز شرقی، استان لرستان

فربود حاجی مزدارانی*
دانش آموختهٔ کارشناسی ارشد باستان‌شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تهران مرکز
مرتضی حصاری
استادیار گروه باستان‌شناسی دانشگاه هنر اصفهان
محمدتقی اکبری
دانشیار گروه ژنتیک پزشکی دانشگاه تربیت مدرس

(از ص ۸۵ تا ۹۴)
تاریخ دریافت مقاله: ۹۳/۰۴/۰۳ ؛ تاریخ پذیرش قطعی:۹۳/۰۹/۱۵

چکیده
با توجه به شواهد جانور- باستان‌شناسی، زاگرس مرکزی ایران همواره یکی از مناطق ابتدایی و مهم اهلی‌سازی گونه‌های مختلف جانوری، به عنوان یک مرکز مستقل اهلی‌سازی بوده است. کاپرا هیرکس یکی از نخستین گونه‌هایی بوده که به نظر می‌رسد در حدود ۱۰ هزار و ۵۰۰ سال قبل، مراحل ابتدایی اهلی‌سازی را در زاگرس ایران گذرانده و از آن زمان نقش مهمی در اقتصاد معیشتی انسان ایفا کرده است. پیشرفت چشمگیر علم ژنتیک افق‌های جدیدی از پیدایش خاستگاه و فرآیند اهلی‌سازی این گونه در جنوب غرب آسیا نمایان کرده است. هدف از این مطالعه استخراج دقیق DNA باستانی از نمونهٔ استخوان‌های بز نوسنگی و بررسی ناحیهٔ فوق متغیر ژنوم میتوکندری (HVS) از طریق تکنیک PCR بوده است؛ بنابراین، هدف اصلی این پژوهش، شناخت هاپلوتیپ‌های نوسنگی و مقایسهٔ آن‌ها با هاپلوتیپ‌های استاندارد امروزی از طریق رسم درخت فیلوژنی است.

واژه‌های کلیدی: اهلی‌سازی، زاگرس مرکزی، کاپراهیرکس، ژنوم میتوکندری، هاپلوگروپ

---

* **نشانی پست الکترونیکی نویسندهٔ مسئول:** ***F.haji.mazdarani@gmail.com***

www.SID.ir

Archive of SID

۱- مقدمه

در چند دههٔ اخیر، شواهد باستان‌شناسی نشان داده است زاگرس مرکزی ایران یکی از ابتدایی‌ترین و مهم‌ترین مراکز اهلی‌سازی احشام بوده و در فرآیند نوسنگی شدن بخش شرقی هلال حاصلخیزی نقش مهمی ایفا کرده است. مطالعات باستان‌شناسی جانوری بر این گواه است که در میان نخستین سم‌سانان اهلی شده، گونهٔ بز (کاپراهیرکس) (Capra hircus) در حدود ۸۵۰۰ تا ۷۰۰۰ ق.م در زاگرس ایران و قسمت‌هایی از آناتولی شرقی اهلی شده است (Zeder and Hesse, 2000: 2254; Zeder 1999: 14). در سال‌های اخیر علاوه بر شواهد باستان‌شناسی و جانور باستان‌شناسی، علم ژنتیک (مولکولی) نیز به عنوان ابزاری قدرتمند توانسته است خاستگاه بز و انتشار آن را در دنیای قدیم روشن کند و افق‌های جدیدی از مبحث اهلی‌سازی این گونه نمایان سازد (Zeder, et al. 2006: 295). یکی از مهم‌ترین بخش‌های مورد مطالعهٔ باستان‌شناسان، ژنوم میتوکندری (mtDNA(Mitochondrial DNA)) است. ژنوم میتوکندری تنها از طریق مادر به ارث می‌رسد و به علت فقدان روش بازخوانی DNA ، مقدار جهش (Mutation) در آن ده برابر DNA هسته‌ای است. این ویژگی‌ها به شناسایی و تشخیص منشأ یک نسل بسیار کمک کرده و ژنوم میتوکندری را به نشانگر مناسبی برای پژوهش‌های تکامل نژادی مبدّل کرده است (Zeder et al., 2006: 296; Brown et al., 1979: 68).

یکی از قسمت‌های مهم این ژنوم، منطقهٔ فوق متغیّر۱ (HVS I)[1] است که در ناحیهٔ D-loop قرار دارد و بخش غیر کدکنندهٔ DNA میتوکندری (mtDNA) است. بسیاری از تحقیقات انجام شده در زمینهٔ خاستگاه احشام (به‌ویژه بز) بر روی این قسمت از ژنوم میتوکندری تمرکز داشته‌اند (Zeder, et al., 2006: 295) . از آغاز قرن ۲۱ تاکنون، آنالیز منطقهٔ فوق متغیّر۱ (HVS I) متعلق به نمونه‌های بز اهلی امروزی، به شناخت شش هاپلوگروپ اصلی بز در دنیای مدرن منجر شده است که از آن‌ها به نام‌های A، B، C، D، F و G یاد می‌شود (Naderi, et al., 2008: 17659). در این تعریف باید اضافه کرد هر هاپلوگروپ مجموعه‌ای از هاپلوتیپ‌هایی است که یک جدّ مشترک دارند، اما هاپلوتیپ‌ها گونه‌های مختلف یک توالی هستند که مجموعه‌ای منظم از نوکلئوتیدهای جایگزین در مناطق چندشکلی (Polymorphism) آن‌ها را نمایان می‌کند. (Baca and Molak, 2008: 39)؛ از این رو هدف اصلی، ارزیابی و مقایسهٔ هاپلوتیپ‌های ژنوم میتوکندری بزسانان نوسنگی و پیدایش خاستگاه ژنتیکی اهلی‌سازی آن در زاگرس مرکزی بوده است. هدف از این مطالعه استخراج دقیق DNA باستانی و سپس مقایسهٔ فیلوژنی سکانس‌های فوق متغیر۱ نوسنگی با نمونه‌های امروزی به منظور شناسایی هاپلوگروپ بزسانان نوسنگی است.

۲- معرّفی محوطهٔ چیاسبز

با توجه به شواهد باستان‌شناسی، زاگرس مرکزی یکی از مناطق ابتدایی و مهم آغاز دورهٔ نوسنگی و اهلی‌سازی در جنوب غرب آسیا بوده است. رود سیمره و نواحی پیرامون آن در زاگرس مرکزی با دارا بودن محوطه‌های فراپارینه‌سنگی و نوسنگی، جایگاه و نقش مهم منطقه را در مطالعات باستان‌شناسی و اهلی‌سازی روشن می‌کند. یکی از مهم‌ترین محوطه‌های باستانی دورهٔ نوسنگی بدون سفال، محوطهٔ «چیاسبز شرقی» در درهٔ سیمره است که به هزارهٔ نهم و هشتم ق.م تعلق دارد. این محوطهٔ نوسنگی در کنار رودخانهٔ سیمره واقع در درهٔ سیمره در استان لرستان قرار دارد. گاهنگاری نسبی و مطلق نشان می‌دهد در این ناحیه از اواسط هزارهٔ نهم

www.SID.ir

Archive of SID

ق.م تا اواسط هزارهٔ هشتم ق.م سکونت وجود داشته است (Darabi, et al. 2011: 260). این محوطه به خاطر موقعیت مکانی و زمانی خود، جزء مهم‌ترین محوطه‌هایی است که در پیدایش خاستگاه اهلی‌سازی بزسانان (به‌ویژه بز) نقش داشته است؛ چرا که ساختار توپوگرافی منطقه نشان‌دهندهٔ یکی از غنی‌ترین مناطق بین‌کوهی برای تغذیهٔ جانوران، به‌ویژه سم‌سانان است (نقشهٔ ۱). شواهد جانورباستان‌شناسی این ناحیه حاکی از وجود درصد فراوانی از بزسانان، به‌ویژه کاپراهیرکس است که به نظر می‌رسد این محوطه در مراحل ابتدایی اهلی‌سازی و یا مرحلهٔ گذار از شکارورزی به اهلی‌سازی قرارداشته است. اگرچه نمونه‌های لایه‌های تحتانی هنوز به طور کامل تاریخ‌گذاری نشده، گزارش اولیهٔ حفاری در این ناحیه نمایانگر چهارده مرحلهٔ استقرار نوسنگی بدون سفال است که نشان می‌دهد سکونت در این منطقه مستمر بوده و هیچ آثاری از فترت بین لایه‌های مختلف استقراری به دست نیامده است. نتایج آنالیز جانورباستان‌شناسی مجموعهٔ استخوانی چیاسبز هنوز به طور کامل به چاپ نرسیده، اما مطالعات اولیه، این ناحیه را در میان ابتدایی‌ترین و مهم‌ترین مناطق اهلی‌سازی در زاگرس مرکزی و حتی قوس شرقی هلال حاصلخیزی قرار داده است (حصاری، ۱۳۸۹: ۱۰).

۳- موادّ و روش‌ها

۳-۱- بقایای استخوان جانوری: بیشتر مجموعه بقایای استخوانی محوطهٔ چیاسبز به صورت پراکنده و خردشده به دست آمده است که این شکل غیرطبیعی می‌تواند حاکی از نوعی الگوی قصابی در این ناحیه باشد؛ به طوری که بعضی از بقایای استخوانی در حد شناسایی گونه و حتی عضو جانوری بوده‌اند (Darabi, et al. 2011: 258). برای آنالیز دقیق‌تر نمونه‌های ابتدایی بز در این محوطه و خاستگاه آن در زاگرس مرکزی، نمونه‌برداری از لایه‌های تحتانی انجام شد تا تصویر روشن‌تری از اهلی‌سازی بز در این ناحیه داشته باشیم؛ چرا که به نظر می‌رسد بز در لایه‌های فوقانی با قدمت میانهٔ هزارهٔ هشتم به طور کامل اهلی شده و یا مراحل ابتدایی اهلی‌سازی را گذرانده باشد (حصاری، ۱۳۸۹: ۱۱)؛ بنابراین، متخصصان آناتومی به منظور آزمایش‌های ژنتیک از مجموعهٔ استخوانی این محوطه، پنج نمونهٔ سالم و قابل شناسایی از لایه‌های تحتانی انتخاب کردند.

۳-۲- استخراج *DNA* باستانی، *PCR* و سکانس: نمونه‌برداری و استخراج DNA از بقایای باستانی چیاسبز طی مراحل خاصی انجام شده است (Cooper and Poinar, 2000: 1139) که به طور خلاصه به آن اشاره می‌شود: ۱- برای اجتناب از DNA مدرن و آلودگی‌های احتمالی حین حفاری و جابه‌جایی، نمونه‌ها ابتدا با آبِ دو بار تقطیر شسته و سپس به مدت ۵ دقیقه درون آب ژاول قرار داده شدند تا خاک، رسوبات و ناخالصی‌های آن جدا شود؛ ۲- سطح بیرونی استخوان‌ها با استفاده از ابزار پزشکی تا میزان ۵ میلی‌متر برداشته شد و سپس به مدت ۳۰ دقیقه در تمامی جهات در زیر اشعهٔ UV قرار گرفتند؛ ۳- نمونه‌ها با استفاده از یک هاون آزمایشگاهی استریل به پودر تبدیل شدند. استخراج DNA باستانی با یک کیت آزمایشگاهی[۲] انجام پذیرفت. برای تکثیر منطقهٔ فوق متغیّر۱(HVS I) پرایمر زیر استفاده شد:

F (5-CGTGTATGCAAGTACATTAC-3)

و

R (5-CTGATTAGTCATTAGTCCATC-3)

www.SID.ir

Archive of SID

شرایط آزمایشی PCR بعد از چند مرحلهٔ آزمون و خطا طبق جدول ۱ تنظیم شد.

جدول ۱

نام مرحله	نام لاتین	دمای مورد نظر	مدت زمان
۱- واسرشته سازی اولیه	Initial Denaturation	۹۵ درجه سانتیگراد	۵ دقیقه
۲- واسرشته سازی	Denaturation	۹۵ درجه سانتیگراد	۵۰ ثانیه
۳- اتصال آغازگر	Annealing	۶۰ درجه سانتیگراد	۵۰ ثانیه
۴- بسط آغازگر (۳۰سیکل مرحله۲ تا ۴)	Extension	۷۲ درجه سانتیگراد	۵۰ ثانیه
۵- بسط نهایی آغازگر	Final Extension	۷۲ درجه سانتیگراد	۱۰ دقیقه

شرایط دمایی آزمایش *PCR*

حجم کلی PCR ۳۰ میکرولیتر است که حجم DNA را نیز شامل می‌شود. آنچه در میزان DNA غیر عادی به نظر می‌رسد، مقدار ۵ میکرولیتر DNA است؛ چرا که به علت قدمت زیاد نمونه‌ها، غلظت DNA استخراج شده کم بوده و برای دستیابی به نتایج مطلوب از DNA بیشتری استفاده شده است. حجم کلی PCR طبق مقادیر جدول ۲ انجام گرفته است.

جدول ۲

PCR buffer 1X
Forward Primer 10pM
Reverse Primer 10pM
$MgCl_2$ 50mM
dNTP 10mM
Taq 1U/µl
DNA 0/8 ng/µl
(H2O (Up to final volume 30 µl

غلظت مواد به کار رفته در آزمایش *PCR*

طول قطعات تکثیر شده ۶۲۰ باز است، برای مشاهدهٔ کارکرد تکنیک PCR، محصول PCR به روی ژل پلی آکریلامید ٪۱۲ برده شد و پس از مشاهدهٔ تک باند اختصاصی (شکل ۱)، نمونه‌های مذکور را شرکت ماکروژن[۳] با روش سانگر سکانس کرده است (شکل ۲).

تمامی مراحل آماده‌سازی پودر استخوان، استخراج و PCR با رعایت نکات ذیل انجام شده است:

۱- استخراج DNA باستانی و آنالیز PCR در مکان‌های جدا و عاری از هرگونه DNA بز مدرن و باستانی صورت گرفته است؛

۲- هیچ‌گونه آلودگی هنگام استخراج و PCR نمایان نشد؛ چرا که نمونهٔ PCR شامل کنترل NTC بود تا آلودگی‌های احتمالی زیر نظر گرفته شود؛

www.SID.ir

Archive of SID

۳- در تمامی مراحل از ماسک صورت و دستکش استریل و پوشش کامل بدن برای اجتناب از آلودگی DNA مدرن استفاده شده است؛

۴- تمامی ابزارآلات آزمایشگاهی به‌کار گرفته شده در این تحقیق، مختص آزمایش‌های نمونه‌های باستانی بوده است.

۳-۳- آنالیز سکانس (توالی): سکانس نمونه‌های باستانی چیاسبز با استفاده از نرم‌افزار سیکمن (Seqman II v5.00) آنالیز و ویرایش شده و با مقایسه با دیگر سکانس‌های فوق متغیر۱ (HVS I) بز مدرن در مرکز ملی اطلاعات زیست- فن‌آوری (NCBI) درخت فیلوژنی با نرم‌افزار مگا (Mega 4 v4.00) رسم شده است (شکل ۳).

۴- رسم و توصیف درخت فیلوژنی

بررسی سکانس‌های نوسنگی چیاسبز و مقایسهٔ آن‌ها با نمونه‌های بانک ژن نشان‌دهندهٔ حفظ DNA باستانی در شرایط اقلیمی درهٔ سیمره است؛ چرا که در هر پنج نمونه قرابت بسیار زیاد سکانس‌ها (۹۸٪) از طریق بلاست[۴] (Blast) نمایان شد. درخت فیلوژنی این تحقیق با روش اتصال همسایگی (Neighbourjoining) با در نظر گرفتن شاخص Bootstrap 1000 با استفاده از نرم‌افزار مگا (Mega 4 v4.00) رسم شد. برای رسم درخت فیلوژنی علاوه بر سکانس‌های نوسنگی، از ۲۲ سکانس مرجع استفاده شده است که متعلق به شش هاپلوگروپ اصلی و تعریف‌شدهٔ بز امروزی هستند. این سکانس‌های مرجع در مطالعات قبلی مورد تأیید و آنالیز قرار گرفته‌اند و مرجعی جهانی به حساب می‌آیند (Han, et al. 2010: 43, Naderi, et al. 2007: 8).

رسم درخت فیلوژنی با پنج سکانس نوسنگی چیاسبز و ۲۲ سکانس مرجع، نشان‌دهندهٔ شش هاپلوگروپ اصلی است که در آن نمونه‌های مدرن، درون شش خوشهٔ اصلی درخت (هاپلوگروپ) و سکانس‌های نوسنگی با نام اختصاری (PPN 1-5)[۵] درون هاپلوگروپ A قرار گرفته‌اند (شکل ۳). هاپلوگروپ A شامل پنج هاپلوتیپ نوسنگی و شش هاپلوتیپ بز مدرن است و دیگر خوشه‌های اصلی درخت به ترتیب، به هاپلوگروپ‌های D (۳ هاپلوتیپ)، G (۳ هاپلوتیپ)، B (۴ هاپلوتیپ)، C (۴ هاپلوتیپ)، F (۲ هاپلوتیپ) تعلق دارند. میزان اعتبار خوشه‌های اصلی (هاپلوگروپ‌ها) درخت فیلوژنی را Bootstrap > 90% تأیید کرده است.

۵- بحث و نتیجه

تحقیقات قبلی بر روی بخش فوق متغیر۱ ژنوم میتوکندری بز مدرن، به شناسایی شش گروه متفاوت میتوکندری (هاپلوگروپ) منجر شد. نخستین هاپلوگروپ‌های شناسایی شده به نام‌های A، B و C بوده‌اند؛ به طوری که هاپلوگروپ A با بیشترین پراکنش جغرافیایی و جامعهٔ آماری در دنیا، هاپلوگروپ B فقط در شبه قارهٔ هند و چین و هاپلوگروپ C نیز با تعداد بسیارکم، تنها در کشورهای اسلوونی، سوئیس و مغولستان نمایان شدند (Luikart, et al., 2001: 5929).

مطالعات جدیدتر باعث شد تا هاپلوگروپ‌های دیگری به نام‌های D، F و G یافت شوند؛ بدین‌ترتیب که D به طور محدود در پاکستان، چین و هند یافت شد، مادامی‌که F و G با تعداد کلّی بسیار کم در کشورهای پاکستان، هند، اسپانیا و ایتالیا وجود داشته است. (Han, et al. 2010: 42; Naderi, et al. 2007: 2; Sultana, et al. 2003: 420; Sardina, et al. 2006: 376; Joshi, et al. 2004: 456; Mannen, et al. 2001: 153)

www.SID.ir

Archive of SID

در این مطالعه مقایسهٔ هاپلوتیپ‌های نوسنگی چیاسبز با هاپلوتیپ‌های مدرن در درخت فیلوژنی، نشان می‌دهد که نمونه‌های نوسنگی درون هاپلوگروپ A قرار گرفته‌اند. مطالعات ژنتیکی نشان داده است انتشار این هاپلوگروپ در دنیای قدیم تقریباً از زمان نخستین اهلی‌سازی بز در خاور نزدیک (حدود ۱۰ هزار سال قبل) آغاز شده است (Luikart, et al., 2001: 5927). پیدایش هاپلوگروپ A در دورهٔ نوسنگی زاگرس ایران را می‌توان به پیدایش خاستگاه این هاپلوگروپ در قسمت شرقی هلال حاصلخیزی نسبت داد؛ چرا که پیش‌تر بر اساس مطالعات جانورباستان‌شناسی نیز شواهد اولیهٔ اهلی‌سازی بز در کوه‌های زاگرس ایران به دست آمده است (Zeder, 2005: 143; Zeder and Hesse, 2000: 2254). علاوه بر هاپلوتیپ‌های چیاسبز، در مطالعهٔ دیگری، دو سکانس بز باستانی از ناحیهٔ تپه قبرستان در دشت قزوین (دورهٔ مس و سنگ) متعلق به هاپلوگروپ A به دست آمده است (Fernandez, et al. 2005: 53). اگرچه دشت قزوین با فاصلهٔ چند صد کیلومتری از زاگرس مرکزی و آناتولی قرار دارد که دارای ابتدایی‌ترین شواهد اهلی‌سازی و رمه‌داری بز هستند، پیدایش هاپلوگروپ A بز در این منطقهٔ جغرافیایی حاکی از آن است که نسل A بز پس از طی فرآیند اهلی‌سازی ابتدایی در غرب ایران (به‌ویژه زاگرس مرکزی) درون فلات مرکزی ایران منتشر شده است (نقشهٔ۱). این فرآیند ناشی از این است که گروه‌های انسانی بز را جابه‌جا کرده‌اند؛ چرا که بز از ابتدای دورهٔ نوسنگی تاکنون نقش بسیار مهمی در اقتصاد معیشتی آن‌ها ایفا کرده است (Porter, 1996: 124).

از سوی دیگر، مطالعات ژنتیکی اثبات کرده است بز وحشی کاپرا ایگگروس (Capra aegagrus) نزدیک‌ترین و قوی‌ترین نمایندهٔ ژنتیکی، به عنوان اجداد بز اهلی امروزی است (Mannen, et al. 2001: 153). بررسی ژنوم میتوکندری نمونه‌های بز وحشی و اهلی مدرن نشان داده است که خاستگاه نسل A بز به احتمال زیاد در شرق ترکیه قراردارد (Naderi, et al. 2008: 17663). در این منطقه همچنین شواهد جانورباستان‌شناسی نیز نشان می‌دهد ابتدایی‌ترین اهلی‌سازی بز در مناطق نوالی‌چوری (Peters, et al. 2005: 120; Peters, et al. 1999: 40) و چای‌اونو رخ داده است (Hongo and Medow, 2000: 130).

اگرچه هاپلوگروپ A در میان بزهای وحشی (به عنوان اجداد بز اهلی) مدرن فلات مرکزی و زاگرس ایران ناپدید شده‌اند و تنها در شرقی‌ترین بخش ایران به چشم می‌آیند و بر اساس پیدایش نسل A در میان بزهای وحشی شرق ترکیه، خاستگاه اهلی‌سازی این هاپلوگروپ به این منطقه نسبت داده شده است (Naderi, et al. 2008: 17661)، بر اساس وجود هاپلوتیپ‌های نوسنگی چیاسبز در این تحقیق، این ایده بیان می‌شود که زاگرس مرکزی نیز به عنوان مرکز مستقل اهلی‌سازی، توانایی بالقوهٔ اهلی‌سازی و انتشار هاپلوگروپ A را در فلات مرکزی ایران و دنیای قدیم داشته است؛ چرا که شواهد باستان‌شناسی نیز زاگرس ایران را با فاصلهٔ بسیار طولانی از شرق ترکیه، به عنوان مرکز مستقل اهلی‌سازی معرفی کرده است (نقشهٔ۱).

درخت فیلوژنی این مطالعه نشان می‌دهد پیدایش هاپلوگروپ A در درهٔ سیمره (زاگرس مرکزی) نشان‌دهندهٔ اهلی‌سازی ابتدایی این نسل بز و انتشار آن از این خطهٔ جغرافیایی است. بدین‌ترتیب، با قطعیت و اطمینان بیشتری می‌توان از آغاز پراکنش نسل A بز در دنیای قدیم سخن گفت؛ چرا که پژوهشگران آغاز انتشار هاپلوگروپ بسیار گستردهٔ A را هم‌زمان با شروع اهلی‌سازی اولیه (حدود ۱۰ هزار سال قبل) می‌دانند. پیدایش نسل A بز در محوطهٔ نوسنگیِ بدون سفالِ چیاسبزِ شرقی بر نتایج تحقیقات قبل صحه می‌گذارد. امروزه بیش از ۹۰٪ بزهای اهلی دنیا متعلق به هاپلوگروپ A هستند و این نسل دارای بیشترین پراکنش

www.SID.ir

Archive of SID

جغرافیایی در نقاط مختلف دنیاست. این پژوهش، نخستین بررسی ژنوم میتوکندری بزسانان زاگرس مرکزی است و تحقیقات مولکولی بیشتر بر روی بقایای استخوان جانوری مناطق نوسنگی در زاگرس مرکزی و جنوبی و همچنین نواحی مس و سنگ فلات مرکزی می‌تواند درک بهتر خاستگاه اهلی‌سازی احشام را سبب شود.

تشکّر و قدردانی

از آقای مهندس کاظم چاووشی‌پور، تکنیسین بخش آناتومی دانشکدهٔ دامپزشکی دانشگاه تهران و نیز کارکنان گرامی آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران به خاطر همکاری صمیمانه‌شان بسیار سپاسگزاریم.

پی‌نوشت

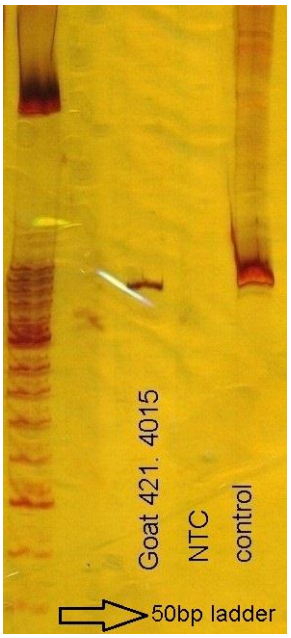
1. Hypervariable Segment I
2. GeneClean kit for ancient DNA (MP Biomedicals, USA)
3. Macrogene Company, South Korea
4. Basic Local Alignment Search Tool
5. Pre-Pottery Neolithic

ضمائم

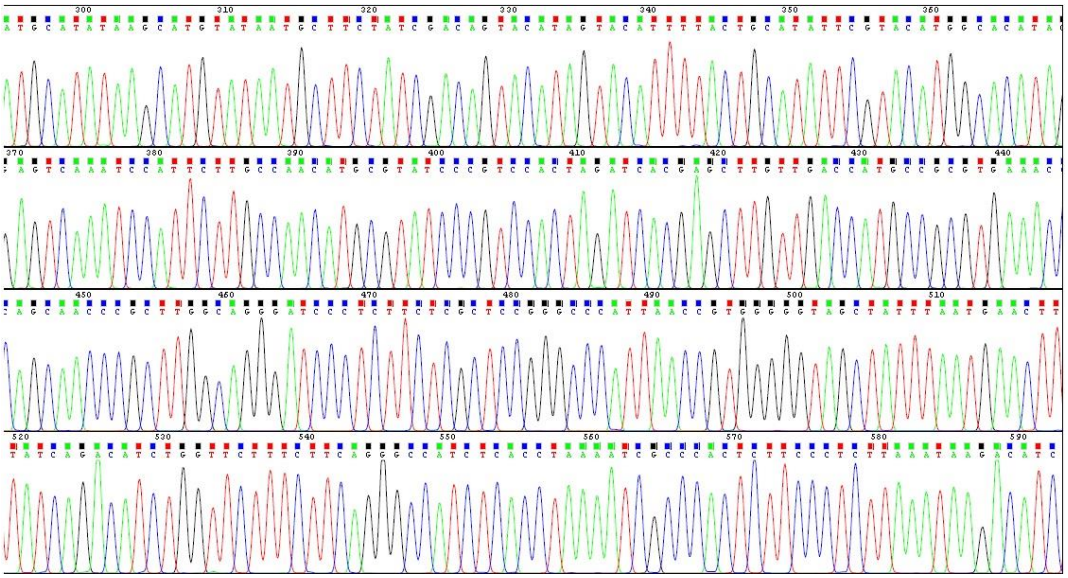
نقشهٔ ۱. پیدایش هاپلوگروپ *A* باستانی در زاگرس مرکزی و دشت قزوین. حضور هاپلوگروپ *A* بز وحشی امروزی (به عنوان اجداد بز اهلی) در آناتولی شرقی و شرق ایران

www.SID.ir

Archive of SID



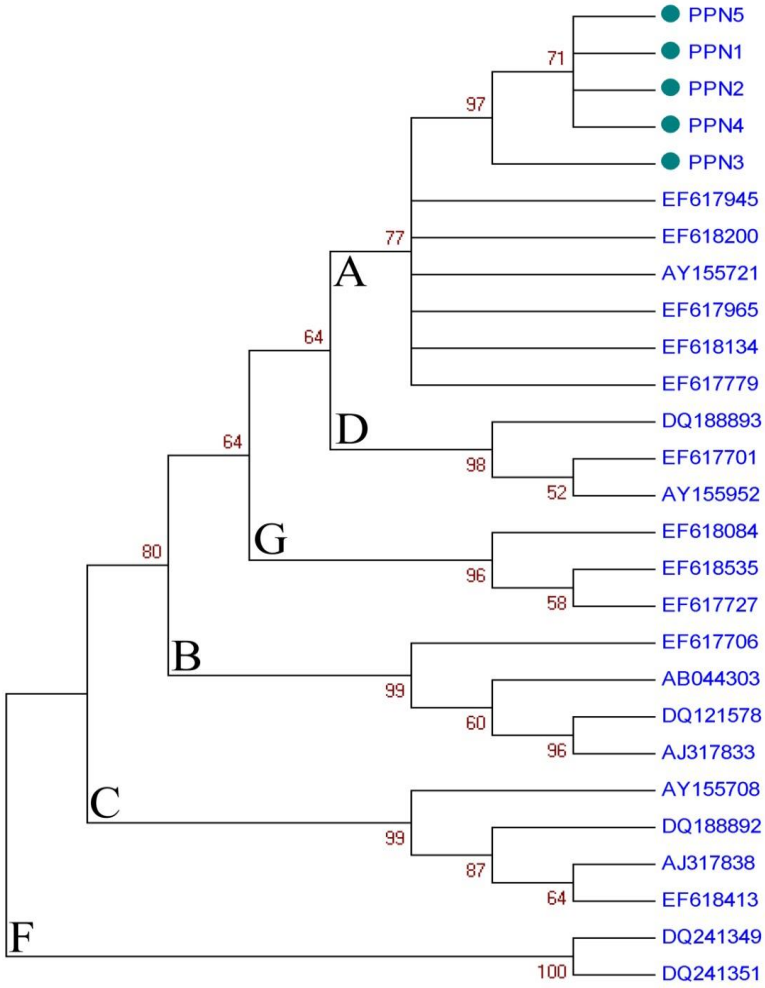
شکل ۱. محصولات *PCR* به همراه سایز مارکر *50bp* بر روی ژل آکریلامید.
(ستون *Goat* نمونهٔ بز نوسنگی، ستون *NTC* برای کنترل آلودگی و
ستون *control* نمونه بز امروزی به عنوان کنترل مثبت)



شکل ۲. بخشی از تعیین توالی یکی از نمونه‌های نوسنگی

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۳. درخت فیلوژنی (تکامل نژادی)

منابع

حصاری، مرتضی، (۱۳۸۹)، «گزارش مقدماتی کاوش محوطهٔ چیاسبز شرقی» (منتشر نشده)، سازمان میراث فرهنگی کشور، پژوهشکدهٔ باستان‌شناسی.

Baca, M. and Molak, Martyna, 2008, Research on ancient DNA in the Near East. *Bioarchaeology of the Near East* 2, 39-61.

Brown W.M., George M. Jr., Wilson A.C., 1979, Rapid evolution of animal mitochondrial DNA, *Proceedings of the National Academy of Sciences* USA 76 (4):1967-1971.

Cooper, A. and Poinar, H., 2000, Ancient DNA: do it right or not at all. *Science* 289: 1139.

Darabi, H., Naseri, Reza., Young, R., Fazeli. 2011, The absolute chronology of East Chia Sabz, a pre-pottery Neolithic site in Western Iran, Documenta Praehistorica XXXVIII: 255-265.

Ferndndez, H., P. Taberlet, M. Mashkour, J.-D. Vigne, and G. Luikart, 2005, Assessing the origin and diffusion of domestic goats using ancient DNA, In: J.D. Vigne, J. Peters, and D. Helmer (eds.), *The first steps of animal domestication, 9th ICAZ Conference*, Durham 2002, Oxford, Oxbow Books: 50-54.

www.SID.ir

Archive of SID

Han. L., Yu, H., Cai, D., Shi, H., Zhu, H., Zhou, H, 2010, Mitochondrial DNA analysis provides new insights into the origin of The Chinese domestic goat, *Small Ruminant Research* 90: 41-46.

Hongo, H. and Meadow, R. H., 2000, Faunal remains from Prepottery Neolithic levels at Çayönü, southeastern Turkey: A Preliminary Report Focusing on Pigs (*Sus* sp.), In M. Mashkour, A.M. Choyke and H. Buitenhuis (eds.), *Proc. 4th Int. Symp. on Archaeozoology of Southwestern Asia and adjacent areas* (Archaeological Research and Consultancy, Publication 32, Groningen, The Netherlands): 121- 140.

Joshi, M.B., Rout, P.K., Mandal, A.K., Tyler-Smith, C., Singh, L., Thangaraj, K., 2004, Phylogeography and origin of Indian domestic goats, *Mol. Biol. Evol* 21, 454-462.

Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.D., Bouvet, J., Taberlet, P. 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, USA 1998, 5927-5932.

Mannen, H., Nagata, Y., Tjusi, S., 2001, Mitochondrial DNA reveal that domestic goat (Capra hircus) are genetically affected by two subspecies of Bezoar (Capra aegagurus). *Biochemical Genetics*, 39 (5-6), 145-154.

Naderi, S., Rezaei, H.R., Taberlet, P., Zudel, S., Rafat, S.A., Naghash, H.R., El-Barody, M.A., Ertugrul, O., Pompanon, F, 2007, Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity, *PLoS ONE* 2 (issue 10): 1-12.

Naderi, S., Rezaei H.R., Pompanon, F., Blum, M.G.B., Negrini, R., Naghash, H.R., Balkiz, O., Mashkour, M., Gaggiotti, O.E., Marsan, P.A., Kence, A., Vigne, J.D., Taberlet, P, 2008, The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals, *Pnas* vol 105 (no 4b):17659-17664.

Peters J., Helmer D., von den Driesch A., San a-Segui M, 1999, Early animal husbandry in the Northern Levant, *Paleorient* 25(2), 27- 48.

Peters J., von den Driesch A., Helmer D., 2005, The Upper Euphrate-Tigris basin, cradle of agro-pastoralism?. In: J.D. Vigne, D. Helmer and J. Peters, (eds.), *The first steps of animal domestication: new archaeozoological approaches*, Oxbow Books, Oxford, 96-124.

Porter, V., 1996, *Goats of the World*, Farming Press, Ipswich, UK.

Sardina, M.T., Ballester, M., Marmi, J., Finocchiaro, R., van Kaam, J.B.C.H.M., Portolano, B., Folch, J.M., 2006, Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Geneicst*, 37, 376-378.

Sultana, S., Mannen, H., Tsuji, S, 2003, Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats, *Animal Genetics* 34, 417-421.

Zeder, M.A, 1999, Animal domestication in the Zagros: a review of past and current research. *Paleorient* 25, 11-25.

Zeder, M.A., Hesse, B., 2000, The initial domestication of goats (Capra hircus) in the Zagros Mountains 10,000 years ago, *Science* 287: 2254-2257.

Zeder, M.A., 2005, A view from the Zagros: new perspectives on livestock domestication in the Fertile Crescent, In: J.D. Vigne, J. Peters and D. Helmer, (eds.), *New methods and the first steps of animal domestications*, Oxbow Press: 125-147.

Zeder, M.A., Bradley, D.G., Emshwiller, E., Smith, B.D, 2006, *Documenting domestication, new genetic and archaeological paradigms*, University of California Press, Ltd. London, England, Chapter 20: 294-305.

www.SID.ir