

تجزیه و تحلیل دی ان ای باستانی (aDNA) استخوان بزهای اهلی دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین*

جواد حسین‌زاده ساداتی**

دانشجوی دکتری گروه باستان‌شناسی دانشگاه تهران

حسن فاضلی نشلی

دانشیار گروه باستان‌شناسی دانشگاه تهران

مصطفی منتظرظهوری

استادیار گروه ژنتیک پزشکی دانشگاه علوم پزشکی زاهدان

شهره زارع

استادیار گروه ژنتیک پزشکی دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین

(از ص ۳۳ تا ۴۵)

تاریخ دریافت مقاله: ۹۳/۰۴/۲۰؛ تاریخ پذیرش قطعی: ۹۴/۱۲/۰۸

چکیده

ژنتیک‌باستان‌شناسی یکی از علوم میان‌رشته‌ایست که در چند سال اخیر نقش کلیدی در روشن شدن بسیاری از مسائل باستان‌شناسی، به‌ویژه مسائل مرتبط با فرآیند اهلی شدن داشته است. از آنجایی که بز نقش کلیدی در اقتصاد معیشتی جوامع انسانی داشته که در زیست‌بوم‌های مختلف زندگی می‌کرده است، یکی از گونه‌های اهلی است که بیشتر از سایر گونه‌ها، مطالعات ژنتیک‌باستان‌شناسی روی آن انجام شده است. از این رو وضعیت اهلی شدن و گسترش این حیوان در مناطق مختلف جهان روشن‌تر است. پژوهش حاضر با استفاده از روش‌ها و رویکردهای دانش ژنتیک‌باستان‌شناسی و دی ان ای باستانی، ده نمونه از بزهای مورد بهره‌برداری جوامع نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین را بررسی و رابطه نیایی آنها با یکدیگر و با جمعیت‌های بزهای اهلی و وحشی امروزی را معین کرده است. تحلیل‌ها نشان می‌دهد که این نمونه‌های باستانی رابطه فیلوژنتیکی نزدیکی با جمعیت وحشی A دارند که امروزه در جنوب شرق ترکیه زندگی می‌کنند؛ از این رو، شواهد ژنتیکی نشان می‌دهد که جوامع نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین در حدود ۷۵۰۰ سال پیش، از بزهای اهلی بهره‌برداری می‌کرده‌اند که به احتمال بسیار یک یا دو هزار سال پیش‌تر در جنوب شرق ترکیه اهلی شده بودند.

واژه‌های کلیدی: دی ان ای باستانی، ژنتیک‌باستان‌شناسی، نوسنگی، مرکز فلات ایران، اهلی شدن، بز

* این مقاله برگرفته از پایان‌نامه جواد حسین‌زاده ساداتی در مقطع دکتری، تحت عنوان «مطالعه و بررسی دی ان ای باستانی بزسانان دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین» به راهنمایی دکتر حسن فاضلی نشلی است که در تابستان ۱۳۹۳ در گروه باستان‌شناسی دانشکده ادبیات و علوم انسانی دانشگاه تهران دفاع شده است.

** رایانامه نویسنده مسئول: javadhoseinzadeh@ymail.com

۱. مقدمه

به راستی اگر سده بیستم، سده تخصص‌گرایی در همه ابعاد زندگی بشری، به‌ویژه تخصص‌گرایی در علم و مرزبندی دقیق بین علوم بوده است و پژوهشگران هر یک از رشته‌های علمی تلاش می‌کردند تا با تعریف دقیق، حوزه و قلمرو پژوهشی خود را مشخص و آن را از دیگر رشته‌ها جدا کنند، سده بیست و یکم، سده تلفیق و ترکیب و همکاری و مرز زدایی بین همان رشته‌ها و متخصصان آنها بود. در سایه این همکاری‌ها و پیشرفت‌های روش‌شناختی و فن‌شناختی دو دهه اخیر است که اکنون به همان اندازه که تخصص‌گرایی سده بیستم اهمیت دارد، آگاهی متخصصان از پیشرفت‌ها و چالش‌هایی که در علوم دیگر نیز وجود دارد، اهمیت یافته و در سایه این آگاهی، همکاری بین متخصصان رشته‌های علمی مختلف ضرورت یافته است. نگاهی گذرا به انتشارات علمی نیم سده گذشته به وضوح نشان می‌دهد که هر چه به زمان حال نزدیک می‌شویم، پژوهش‌هایی که حاصل همکاری متخصصان رشته‌های مختلف در کنار یکدیگر است، روز به روز افزایش یافته است؛ به‌گونه‌ای که اکنون در مراکز علمی و آموزشی سراسر جهان شاهد آن دسته از گرایش‌های علمی و دانشگاهی هستیم که به اصطلاح، میان‌رشته‌ای (Interdisciplinary) یا چندرشته‌ای (Multi-Disciplinary) خوانده می‌شوند. در این شاخه‌های علمی، متخصصان چند حوزه علمی مختلف گرد می‌آیند تا موضوع پیچیده یا ناشناخته‌ای را که شناخت دقیق آن از ظرفیت‌ها و دانش یک رشته یا تخصص خاص خارج است، به طور دقیق تحلیل و رمزگشایی کنند (خورسندی طاسکوه، ۱۳۸۸ و مهر محمدی ۱۳۸۸).

یکی از این علوم میان‌رشته‌ای که به تازگی پا به عرصه دانش گذاشته است و بیش از دو دهه از ظهور آن نمی‌گذرد، رشته ژنتیک باستان‌شناسی (Archaeogenetics) است. برای نخستین بار فردی به نام آنتونیو آموریم (Antonio Amorim) بود که در اواخر دهه ۹۰ میلادی برای پژوهش‌ها و بررسی‌هایی که به منظور فهم رویدادهای جمعیتی گذشته، از اطلاعات مربوط به تفاوت‌های ژنتیکی بین انسان‌ها استفاده می‌کردند از واژه «ژنتیک باستان‌شناسی» استفاده کرد (Amorim, 1999) و پس از وی کالین رنفرو این اصطلاح را برای ارجاع به دانش جدیدی به کار برد که از روش‌ها و فناوری‌های دانش ژنتیک مولکولی (Molecular Genetics) برای مطالعه گذشته انسان بهره می‌جوید (Renfrew, 2001). همان‌طور که از نام این عنوان پیداست، این رشته ترکیبی از دانش و مهارت‌های موجود در ژنتیک و باستان‌شناسی و همکاری بین متخصصان این دو حوزه است. پژوهش‌های علمی حاصل از همکاری‌های بین متخصصان این دو شاخه علمی، طیف گسترده‌ای از موضوعات و چالش‌های علمی را دربرمی‌گیرد که تا همین یکی دو دهه پیش، حتی تصور طرح آنها هم به ذهن تیزبین‌ترین دانشمندان خطور نمی‌کرد؛ از خاستگاه‌های انسان به معنای عام آن گرفته تا خاستگاه انسان‌وش‌ها (Hominids)، انسان‌های باستانی (Archaic Humans) و انسان مدرن، از رابطه بین گونه‌های مختلف انسانی گرفته تا رابطه بین انسان‌ها با سایر گونه‌های جانوری، از ویژگی‌های کالبدی و جسمی گرفته تا ویژگی‌های رفتاری و روانی آنها (Wade, 2006: 15). در این میان، یکی از مسائلی که از دیرباز ذهن دانشمندان علوم زیستی، علوم اجتماعی و انسانی را به خود مشغول داشته، موضوع یکجانشین شدن (Sedentism) انسان‌ها و سپس اهلی شدن گونه‌های زیستی، به‌ویژه سُم‌دارانی مانند بز، گوسفند، خوک و گاو بوده است. در ابتدا بیشتر پژوهشگران و نظریه‌پردازانی که درباره این موضوع کار می‌کردند، علت یا علل بروز

یکجانشینی و اهلی شدن گونه‌ها (فرایند نوسنگی شدن (Neolithization)) را در مناطقی جستجو می‌کردند که کهن‌ترین شواهد باستان‌شناختی این فرآیند را به دست داده بودند (بنگرید به Braidwood and Howe, 1960) و در این میان مناطقی که شواهد مربوط به فرآیند اهلی شدن در آنها یک یا دو هزار سال جدیدتر بود، یا مورد بی‌توجهی قرار گرفتند و یا تمامی آنها به عنوان مناطقی حاشیه‌ای و فرعی در نظر گرفته شدند که فرآیند نوسنگی شدنشان حاصل انتشار و گسترش پیشرفت‌هایی بود که در مناطق هسته‌ای یا مرکزی به وجود آمده بود (Hole, 1999)، اما با پیدایش علوم میان‌رشته‌ای و پیشرفت‌های فن‌شناختی که اجازه می‌دادند مراحل و چگونگی رخ دادن این فرآیند با دقت بیشتری بررسی شود، مشخص شد که بروز و شیوع این فرآیند به صورت موجی نبوده است که یک نقطه کانونی داشته و دامنه آن به سایر مناطق سرایت کرده باشد، بلکه جوامع انسانی مختلف در گستره وسیعی از دنیا (از منطقه موسوم به هلال حاصلخیزی [Fertile Crescent] گرفته تا آمریکای مرکزی) در رویارویی با وضعیت جغرافیایی، اقلیمی و اجتماعی جدید، مسیری مستقل را در پیش گرفتند و بسته به شرایط زیستی، فرهنگی و تاریخی خود، واکنش‌ها و پاسخ‌های متفاوتی به آن نشان دادند (Zeder and Smith 2009). به این ترتیب در چند سال اخیر، دیگر آن نگاه تک‌مرکزی (unicentric) که پیش‌تر در مباحث فرآیند نوسنگی شدن، به‌ویژه در خاور نزدیک رایج بود، رنگ باخته و در عوض دیدگاهی جمع‌نگر و چند مرکزی (multicentric) رایج شده است.

منطقه مرکز فلات ایران و به‌ویژه دشت‌های قزوین و کاشان از مناطقی هستند که استقرارگاه‌های متعددی از دوره نوسنگی را در خود داشته‌اند و مدت زمان طولانی از آغاز فعالیت‌های باستان‌شناختی در آنها می‌گذرد. این مناطق با داشتن محوطه‌های دوره نوسنگی مانند سیلک، چهاربنه و ابراهیم‌آباد، زمینه فراوانی برای مطالعه فرآیند نوسنگی شدن داشته و بستر مناسبی برای سنجش برخی از فرضیات مرتبط با این فرایند هستند. از همان زمان شروع فعالیت‌های باستان‌شناختی در منطقه، یکی از پرسش‌های اساسی باستان‌شناسان، خاستگاه و کیفیت روابط بین جوامع انسانی یکجانشین بود که شواهد باستان‌شناختی آنها در محوطه‌هایی مانند سیلک و سنگ چخماق (Masuda, 1974) بر جای مانده است. پس از اینکه رومن گیرشمن نتایج فعالیت‌های باستان‌شناختی سیلک را منتشر کرد (Ghirshman: 1938)، پژوهشگرانی که به فعالیت باستان‌شناختی مرتبط با دوره نوسنگی در منطقه پرداختند، هر یک کم‌وبیش درباره خاستگاه جوامع نوسنگی اظهارنظر کردند که بیشتر آنها گمانه‌زنی‌های علمی بوده تا نتیجه‌گیری‌های قطعی (ملک شهمیرزادی، ۱۳۷۸:۱)، اما تاکنون خاستگاه و کیفیت روابط این جوامع به طور جدی و با روش‌های شایسته بررسی نشده است؛ از این رو، این پژوهش با استفاده از دانش ژنتیک باستان‌شناسی و بررسی دی ان ای میتوکندریایی (mtDNA) بزهای مورد بهره‌برداری مردمان دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین، کیفیت ارتباطات این دو جامعه را با یکدیگر و با جوامع پیرامونی ارزیابی کرده و در عین حال برخی از فرضیات مرتبط با خاستگاه اهلی شدن بز و نحوه پراکنش بزهای اهلی را نیز مورد سنجش قرار داده است که در ادامه و به ترتیب درباره آنها توضیح داده خواهد شد.

۲. پژوهش‌های ژنتیکی و ژنتیک باستان‌شناختی مرتبط با فرآیند اهلی شدن بز

پژوهش‌های باستان‌شناختی و به‌ویژه جانورباستان‌شناختی (Zooarchaeology) انجام گرفته در منطقه خاورمیانه و خاور نزدیک، از همان ابتدا نشان داده بودند که اهلی شدن بز و گوسفند بخشی جدایی‌ناپذیر از

پیدایش کشاورزی و اقتباس فعالیت‌های کشاورزی در این منطقه بوده است؛ از این رو، بررسی روند تطور و پراکنش این گونه‌ها می‌تواند درک ما را از خاستگاه و نحوه گسترش کشاورزی و پیدایش تمدن انسانی عمیق‌تر کند. این گونه‌های جانوری و به‌ویژه بز که دارای قابلیت سازگاری با شرایط محیطی بسیار سخت و در عین حال متنوع است، به اندازه‌ای برای جوامع انسانی مفید بوده‌اند که حتی امروزه نیز در بسیاری از کشورهای جهان (از کشورهای صنعتی و پیشرفته اروپایی مانند سوئیس و فرانسه تا کشورهای غیرصنعتی آفریقایی مانند سودان) به‌عنوان یکی از اصلی‌ترین منابع تأمین نیازهای معیشتی (پروتئین، پوست و پشم) شناخته می‌شود (Luikart et al. 2001). به واسطه همین نقش کلیدی بز در اقتصاد معیشتی جوامع انسانی گذشته و امروزی است که از یک دهه پیش تاکنون مطالعات زیادی، به‌ویژه مطالعات ژنتیکی و ژنتیک‌باستان‌شناختی، بر بررسی و شناسایی خاستگاه، زمان و روند اهلی شدن و همچنین نحوه پراکنش آن تمرکز کرده‌اند (Joshi et al. 2008; Naderi et al. 2007; Sardina et al. 2006; Luikart et al. 2006; Sultana et al. 2003; al. 2004). با وجود اینکه بررسی روند تطور و پراکنش بزها می‌تواند در افزایش درک ما از خاستگاه و نحوه گسترش کشاورزی مؤثر باشد، تا همین اواخر، خاستگاه‌ها، الگوهای پراکنش و دسته‌بندی بزهای وحشی کاملاً مشخص نشده بود و این موضوع به بروز برخی مشکلات پژوهشی منجر شده بود؛ برای مثال، با وجود اینکه بسیاری از پژوهشگران باور دارند تمامی بزهای اهلی از جمعیتی از بز وحشی به نام «کپرا ایگگروس» (*capra aegagrus*) ریشه گرفته‌اند که در فارسی «کل» خوانده می‌شوند (Zeder et al. 2005, Zeder and Hesse 2000)، برخی از پژوهشگران دیگر معتقدند که کپرا فالکونری (*Capra falconeri*) یا مارخور، نیای بزهای نژاد کشمیری آسیای شرقی هستند (Porter 1996, Meadow 1996, Hasnain 1985). خوشبختانه با به‌کارگیری روش‌های ژنتیک‌باستان‌شناسی و به کمک مطالعات دی‌ان‌ای باستانی، اکنون این ابهام‌ها تا اندازه زیادی مرتفع شده‌اند. همان‌طور که اشاره شد با توجه به نقش اقتصادی بز در اقتصاد جوامع گذشته، این گونه یکی از نخستین گونه‌های اهلی بود که پژوهش‌های ژنتیک‌باستان‌شناختی و دی‌ان‌ای باستانی به منظور روشن شدن خاستگاه‌ها، تنوع و در کل روند اهلی شدن این گونه، بر آن تمرکز کرد. به مانند پژوهش‌های مرتبط با خاستگاه و پراکنش جمعیت‌های انسانی، بیشتر پژوهش‌های ژنتیک‌باستان‌شناسی که درباره اهلی شدن و پراکنش بزها (اهلی و وحشی) کار کرده‌اند، از دی‌ان‌ای میتوکندریایی^۱ برای تعیین ارتباط ژنتیکی میان جمعیت‌های مختلف بزها استفاده کرده‌اند. از آنجایی که در سلول‌های جانوری، دی‌ان‌ای میتوکندریایی از دی‌ان‌ای هسته‌ای تغییرپذیری بیشتر دارد و در طی فرآیند آمیزش بازترکیب نمی‌شود، یعنی فقط میتوکندری‌های سلول مادری به فرزند منتقل می‌شود و نه میتوکندری‌های سلول پدری، از این رو گزینه مناسبی برای مطالعات مرتبط با تبار مادری هستند. از طرف دیگر، از آنجایی که بیشتر سلول‌های پستانداران دارای صدها نسخه از ژنوم دی‌ان‌ای میتوکندریایی هستند و این در حالی است که تنها دو نسخه از ژنوم هسته‌ای (یکی از مادر و یکی از پدر) در سلول‌ها وجود دارند، احتمال استخراج دی‌ان‌ای میتوکندریایی از نمونه‌های قدیمی و کهن بسیار بیشتر از دی‌ان‌ای هسته‌ای است.

۳. نیاکان بزهای اهلی و خاستگاه اهلی شدن آنها

همان‌طور که اشاره شد، یکی از پرسش‌های اساسی مرتبط با فرآیند اهلی شدن بزها، نیاکان وحشی بزهای اهلی امروزی بوده است. برای نخستین بار در سال ۱۹۹۷ بود که بررسی اهلی شدن بز با استفاده از دی‌ان‌ای

میتوکندریایی روی چندین بز اهلی و چند بز وحشی اسیر شده انجام شد (Takada et al. 1997). مطالعات انجام گرفته روی ژنوم میتوکندریایی نشان می‌دهد که در میان شاخه‌های مختلف بزهای وحشی، این کل‌ها/ کپرا ایگگروس‌ها هستند که کمترین فاصله ژنتیکی را با بزهای اهلی امروزی نشان می‌دهند (Luikart et al. 2006; Takada et al. 1997; Manceau et al. 1999, Pidancier et al. 2006). این یافته با مطالعات ریخت‌شناسی، داده‌های باستان‌شناختی و پراکنش جغرافیایی بزهای وحشی نیز هم‌خوانی دارد و نشان می‌دهد که کل‌ها/ کپرا ایگگروس‌ها محتمل‌ترین جمعیت موجود، به عنوان نیای بزهای اهلی امروزی هستند؛ البته این بدان معنا نیست که انواع دیگر بزهای وحشی مانند بزهای شرق قفقاز (*Capra cylindricornis*) اهلی نشده باشند، بلکه ممکن است که جمعیت‌های دیگر نیز اهلی شده باشند، اما نوادگان اهلی آنها طی چند هزار سال پس از اهلی شدن به دلایل مختلفی از بین رفته باشند و امروزه اثری از آنها باقی نمانده باشد.

در مجموع بر اساس مطالعات دی ان ای میتوکندریایی که تاکنون انجام گرفته است، شش جمعیت مجزا در میان بزهای اهلی امروزی وجود دارد که به نام‌های A, B, C, D, F, G شناخته می‌شوند (Joshi et al. 2004; Sultana et al. 2003; Sardina et al. 2006; Luikart et al. 2006; Naderi et al. 2007, 2008). همان‌طور که در نقشه‌های ۱ و ۲ دیده می‌شود امروزه جمعیت A بیشترین فراوانی را در میان بزهای اهلی دارد و از نظر جغرافیایی نیز گسترده‌ترین جمعیت به حساب می‌آید. جمعیت‌های دیگر که فراوانی بسیار اندکی دارند نیز به طور تقریباً نامنظم در مناطق وسیعی پراکنده شده‌اند. این پراکندگی جغرافیایی که ساختار یا الگوی منظم و خاصی را نشان نمی‌دهد، بیانگر جابه‌جایی زیاد بزهای اهلی توسط جوامع گذشته است؛ زیرا به طور معمول در میان سم‌داران چنین الگوی پراکندگی نامنظمی مشاهده نمی‌شود؛ برای مثال، پراکندگی گاوها الگوی منظم‌تری از بزها و تا اندازه‌ای از گوسفندها نشان می‌دهد (Mannen et al. 2004).

از طرف دیگر، در سال ۲۰۰۸ نادری و همکاران پژوهشی فراگیر روی بزهای وحشی امروزی بر قدیم (Old World) انجام دادند که نشان داد تمامی جمعیت‌هایی که در بزهای اهلی امروزی وجود دارند (A, B, C, D, F, G)، در بزهای وحشی نیز دیده می‌شود (نقشه ۳) (Naderi et al. 2008). بررسی و تحلیل این پژوهشگران که روی بیش از ۴۵۰ بز وحشی امروزی انجام گرفت، نشان داد که درست مانند بزهای اهلی، پراکنش جغرافیایی بزهای وحشی نیز منظم کمتری از سم‌داران دیگر داشته است و بزهایی که رابطه ژنتیکی نزدیک به یکدیگر دارند، می‌توان در فاصله‌های جغرافیایی بسیار دور از هم مشاهده کرد. محتمل‌ترین توضیح برای این نوع الگوی پراکندگی در میان بزهای وحشی می‌تواند جابه‌جایی آنها توسط انسان‌ها در گذشته باشد. به نظر می‌رسد جوامع انسانی نقش زیادی در جابه‌جایی جمعیت‌های وحشی، به‌ویژه آنهایی که مورد بهره‌برداریشان بوده، داشته‌اند و به احتمال بسیار، این فرآیند در مراحل ابتدایی اهلی شدن و پیش از پیدایش تغییرات ریختاری روی داده است. همچنین ممکن است برخی از گله‌های بز که مراحل ابتدایی تغییرات ریختاری مرتبط با اهلی شدن را پشت‌سر گذاشته بودند، به نوعی به طبیعت بازگشته (از دست جوامع انسانی فرار کرده و یا به عمد در طبیعت رها شده باشند) و دوباره وحشی شده باشند (Feralized). بر اساس شواهد باستان‌شناختی چنین فرآیندی را می‌توان در برخی از نقاط دنیا مانند قبرس مشاهده کرد (Vigne et al. 2000).

پژوهش‌های نادری و همکاران نشان داده است که جمعیت‌های A اهلی (که بیش از ۹۱٪ از بزهای اهلی امروزی به این جمعیت تعلق دارد) بیشترین نزدیکی را با جمعیت A وحشی دارند (Naderi et al. 2008). از

طرف دیگر، امروزه جمعیت‌های A وحشی فقط در شرق و جنوب شرق ترکیه و بخش‌های شرقی ایران، به‌ویژه در سیستان و خراسان حضور دارند و در بخش مرکزی فلات ایران و همچنین زاگرس که شواهد باستان‌شناختی اهلی شدن بز در آنجا یافته شده (Zeder and Hesse 2000)، اثری از آنها دیده نمی‌شود (نقشه ۲). همان‌طور که اشاره شده چنین الگوی پراکندگی نامنظمی در میان سم‌داران وحشی رایج نیست و به احتمال قوی علت اصلی آن در جمعیت A بزهای وحشی، جابه‌جا شدن آنها توسط جوامع انسانی از جنوب و جنوب شرق ترکیه به منطقه شرق ایران در همان اوایل دوران اهلی شدن است. به احتمال زیاد برخی از اعضای این جمعیت‌های منتقل شده به نحوی به طبیعت بازگشتند و دوباره حالت وحشی به خود گرفتند (Feralized)؛ از این رو، امروزه جمعیت‌های A وحشی که در منطقه شرق ایران (سیستان و بلوچستان و خراسان) وجود دارند، احتمالاً از تبار همان جمعیت‌هایی هستند که جوامع انسانی در دوران نوسنگی از جنوب و جنوب شرق ترکیه به این منطقه منتقل کرده‌اند. به این ترتیب، اگر بخواهیم خاستگاه (اهلی شدن) جمعیت A بزهای اهلی را بیابیم، به نظر شرق ترکیه محتمل‌ترین منطقه است؛ جایی که جمعیت A در بزهای وحشی آن منطقه بسیار زیاد است. این فرضیه با شواهد باستان‌شناختی از اهلی شدن ابتدایی بز در محوطه‌های جنوب شرق ترکیه مانند نوالی چوری (Nevali cori) و چای اونو (Cayonu) در ۱۰۵۰۰ سال پیش نیز سازگاری دارد (Peters et al. 2005).

۴. دی ان ای باستانی بزهای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین

همان‌طور که در مقدمه اشاره شد، منطقه مرکز فلات ایران از جمله مناطقی است که میزبان جوامع یکجانشین دوره نوسنگی بوده و مدارک و شواهد باستان‌شناختی این مردمان در محوطه‌هایی مانند سنگ چخماق، سیلک، چهاربونه و ابراهیم‌آباد بر جای مانده است. با وجود اینکه نزدیک به هشتاد سال از آغاز نخستین فعالیت‌های باستان‌شناختی در منطقه می‌گذرد، همچنان پرسش‌های کلیدی در پژوهش‌های باستان‌شناختی این منطقه به چشم می‌خورد که پاسخ به آنها نیازمند استفاده از روش‌های تحلیلی و فناوری‌های علمی پیشرفته است؛ از جمله این پرسش‌ها، نحوه تعامل این جوامع با یکدیگر و با محیط پیرامونی برای بهره‌برداری از منابع است؛ اینکه دام‌های اهلی مورد استفاده جوامع انسانی دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین از یک نیای مشترک ریشه گرفته‌اند یا اینکه هر یک از این جوامع از دام‌هایی اهلی بهره‌برداری می‌کردند که از نظر نیایی از یکدیگر مستقل بوده‌اند.

پژوهش حاضر با استفاده از دانش ژنتیک باستان‌شناسی و با استخراج دی ان ای باستانی (دی ان ای میتوکندریایی) رابطه فیلوژنتیکی (Phylogenetic)^۲ یا نیایی بزهای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین را بررسی و خاستگاه بزهای مورد بهره‌برداری هر یک از آنها را تعیین کرده و همچنین به سنجش برخی از فرضیات مرتبط با اهلی شدن پرداخته است. بدین منظور از ده نمونه از استخوان‌های بزهای اهلی به دست آمده از محوطه‌های نوسنگی سیلک شمالی (۵ نمونه) در دشت کاشان و محوطه چهاربونه (۲ نمونه) و لایه‌های نوسنگی محوطه ابراهیم‌آباد (۳ نمونه) در دشت قزوین (جدول ۱)، دی ان ای باستانی استخراج و با استفاده از نرم‌افزارهای ژنتیکی (MEGA5) بخشی از ژنوم میتوکندریایی (HVR I^۱) آنها پس از تکثیر و توالی‌یابی (Sequencing) تجزیه و تحلیل شد که درباره نتایج آن در ادامه بحث خواهد شد.

پس از آنکه اطلاعات ژنتیکی بزهای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین با تمامی جمعیت‌های اهلی و وحشی امروزی مقایسه و میزان ارتباط آنها با یکدیگر سنجیده شد، تحلیل‌های نرم‌افزاری نشان داد که بزهای این دو منطقه از نظر ژنتیکی به یکدیگر بسیار نزدیک‌تر هستند تا به سایر جمعیت‌های اهلی و وحشی امروزی (تصویر ۱). این موضوع بیانگر ارتباط ژنتیکی عمیق بین این دو جمعیت است و نشان می‌دهد که جوامع انسانی دوره نوسنگی کاشان و قزوین از بزهایی بهره‌برداری می‌کردند که از یک جمعیت نیایی مشترک ریشه گرفته‌اند؛ یعنی این جوامع از بزهایی استفاده می‌کردند که خاستگاه اهلی شدن آنها یکی بوده است.

از سوی دیگر، مقایسه اطلاعات ژنتیکی بزهای دوره نوسنگی این دو منطقه با بزهای اهلی و وحشی امروزی نشان می‌دهد که این بزها در درجه نخست، بیشترین شباهت ژنتیکی را با بزهای وحشی جمعیت A جنوب شرق ترکیه و بزهای وحشی جمعیت A شمال شرق (خراسان) و جنوب شرق (سیستان) ایران دارند؛ از این رو، شباهت ژنتیکی نزدیک بین بزهای دوره نوسنگی کاشان و قزوین با بزهای وحشی جمعیت A امروزی جنوب شرق ترکیه و شرق ایران و رابطه ژنتیکی دورتر آنها با جمعیت A بزهای اهلی امروزی ایران، بیانگر این است که این جمعیت‌ها از نظر نیایی رابطه ژنتیکی نزدیکی با یکدیگر داشته و از این رو، بزهای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین یا در جنوب شرق ترکیه و یا در شرق ایران اهلی شده‌اند، اما از آنجایی که تاکنون هیچ‌گونه شواهد باستان‌شناختی مرتبط با فرآیند اهلی شدن در منطقه شرق ایران یافت نشده است و با توجه به اینکه احتمالاً بزهای وحشی جمعیت A شرق ایران حاصل وحشی شدن دوباره یا جابه‌جایی بزهای وحشی جنوب شرق ترکیه توسط جوامع انسانی در دوران نوسنگی باشد (بنگرید به بالا)، به احتمال زیاد خاستگاه بزهای اهلی دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین جنوب شرق ترکیه است. به این ترتیب، می‌توان گفت که بزهای مورد بهره‌برداری جوامع انسانی این دو دشت در حدود ۷۵۰۰ سال پیش (جدول ۱) از نسل بزهایی بوده‌اند که در حدود ده هزار سال پیش در جنوب شرق ترکیه اهلی شده بودند؛ بنابراین، به نظر می‌رسد ارتباطات سازمان یافته، اما نامرئی میان جوامع انسانی دوره نوسنگی در منطقه خاورمیانه و شاید هم مناطق فراتر از آن وجود داشته است؛ به نحوی که محصولات (بزهای اهلی) که در ده هزار سال پیش در جنوب شرق ترکیه به بهره‌برداری رسیده بودند، طی کمتر از ۲۵۰۰ سال به مناطق داخلی فلات ایران (فاصله‌ای بیش از ۷۰۰ کیلومتر) رسیدند و جوامع ساکن در این مناطق از آنها بهره‌برداری کردند.

۵. نتیجه

آنچه از تحلیل‌های انجام گرفته درباره رویدادهای ژنتیکی بزهای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین و بزهای اهلی و وحشی امروزی به دست می‌آید، این است که جوامع انسانی دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین از منابع حیوانی (در اینجا بز) استفاده می‌کردند که دارای رابطه فیلوژنتیکی یا نیایی بسیار نزدیکی با یکدیگر بوده‌اند. از طرف دیگر، تحلیل‌های ژنتیکی نشان می‌دهد که به احتمال زیاد خاستگاه اهلی شدن بزهای مورد استفاده مردم دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین، جنوب شرق ترکیه بوده است و بزهای دشت‌های کاشان و قزوین در حدود ۷۵۰۰ سال پیش از نسل بزهایی هستند که در حدود ده هزار سال پیش در جنوب شرق ترکیه اهلی شده‌اند. به این ترتیب، به نظر می‌رسد ارتباطات منسجمی بین جوامع انسانی دوره نوسنگی در منطقه خاورمیانه وجود داشته است؛ به نحوی که محصولات (بزهای اهلی) که در جنوب شرق

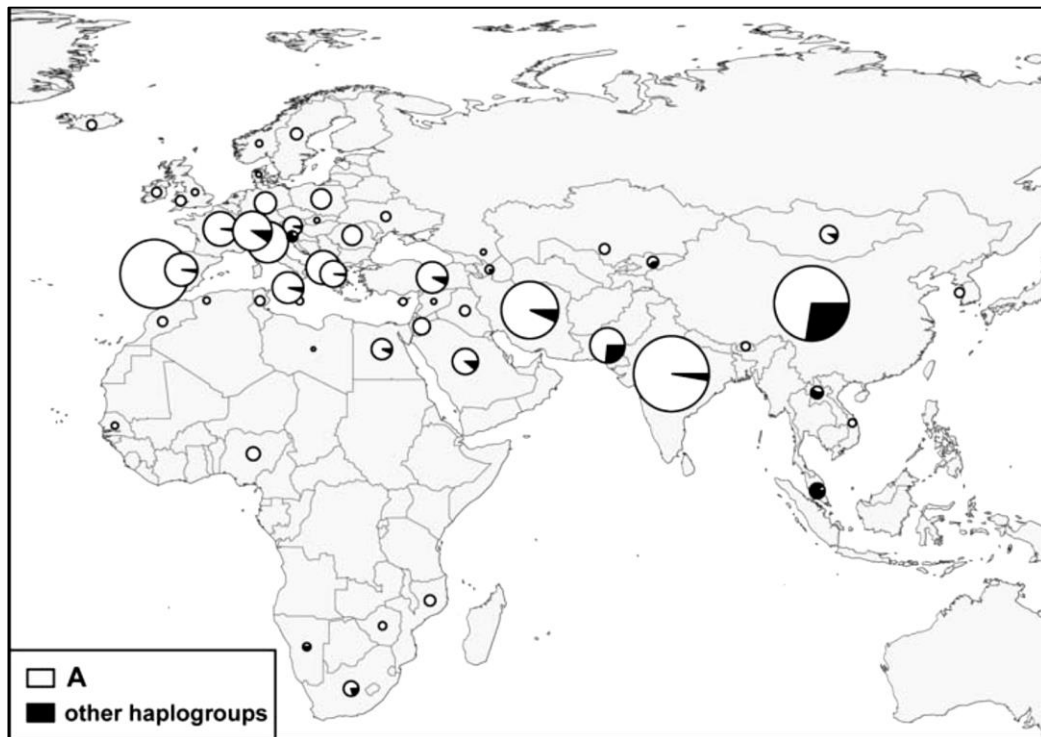
ترکیه به بهره‌برداری رسیده بودند، طی کمتر از ۲۵۰۰ سال به مناطق داخلی فلات ایران (فاصله‌ای بیش از ۷۰۰ کیلومتر) رسیدند و جوامع ساکن در این مناطق از آنها بهره‌برداری می‌کردند؛ بنابراین، با وجود اینکه بر اساس پژوهش‌های انجام گرفته روی سفال‌های این مناطق (حسین‌زاده، ۱۳۸۹) به نظر می‌رسد این جوامع تا دوره مس و سنگ انتقالی از نظر فرهنگی با یکدیگر ارتباطی نداشته‌اند، شواهد برآمده از تحلیل‌های ژنتیکی نشان می‌دهد که احتمالاً این جوامع چندان هم از یکدیگر بی‌خبر نبوده‌اند و یا دست‌کم به نحوی تحت‌تأثیر تحولاتی بودند که در مناطق پیرامونشان روی می‌داده است. ممکن است این تأثیرها بازتابی از وجود زنجیره ارتباطی منسجم، اما نامرئی بین جوامع انسانی مستقر در یک منطقه جغرافیایی وسیع باشد. به احتمال زیاد، از طریق همین ارتباطات است که دستاوردهای جوامعی که در مناطق بسیار دور زندگی می‌کنند، پس از ۲۵۰۰ سال به دست جوامع انسانی ساکن در مرکز فلات ایران و حتی پس از یکی-دو هزار سال به هند نیز می‌رسد (Naderi et al. 2008). اینکه سرشت این زنجیره ارتباطی چه بوده و سازوکار انتقال این دستاوردهای فرهنگی و فن‌شناختی چگونه بوده است، چندان مشخص نیست و نیاز به پژوهش‌های دقیق‌تر و جزئی‌تر دارد، اما به طور یقین می‌توان گفت که چنین ارتباطاتی از نظر باستان‌شناختی چندان بازتاب نیافته است و یا با استفاده از روش‌های معمول در باستان‌شناسی و کار روی مواد فرهنگی مرسوم در آن نمی‌توان به وجود این ارتباطات پی برد؛ از این رو، به نظر می‌رسد امروزه دیگر استفاده از علوم میان‌رشته‌ای برای درک دقیق‌تر و درست‌تر وقایع و رویدادهای گذشته کاری اجتناب‌ناپذیر و در عین حال بسیار آگاهی‌بخش است.

تشکر و قدردانی

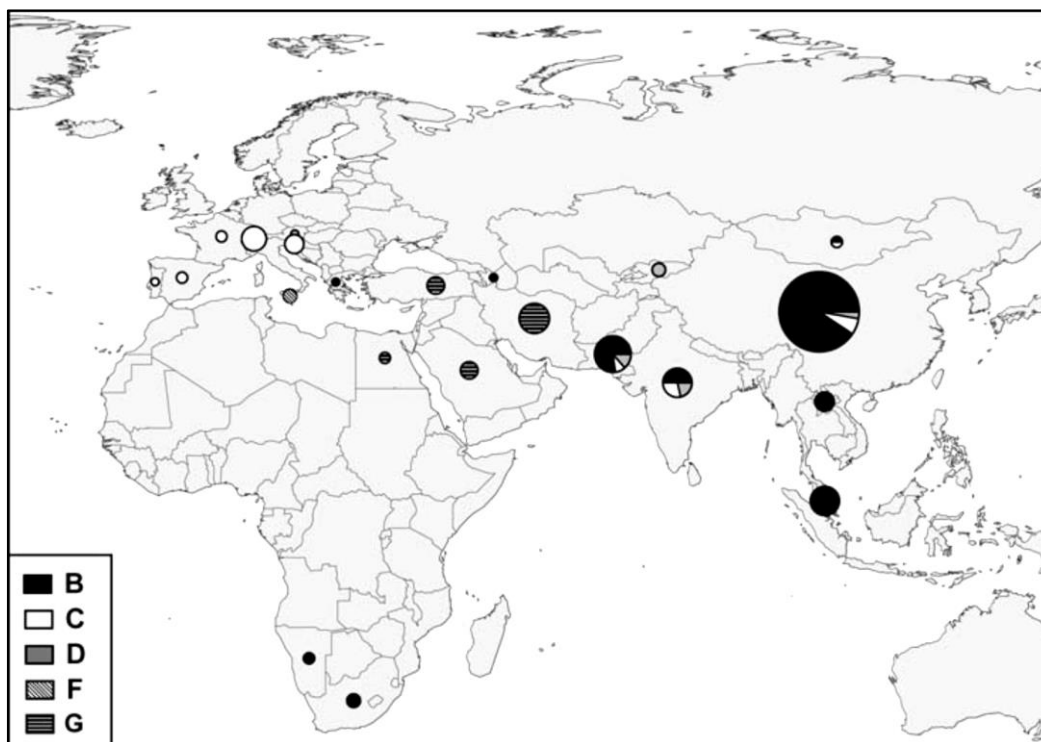
در اینجا لازم می‌دانیم از جناب آقای دکتر محمدتقی اکبری و جناب آقای دکتر بهمن فیروزمندی که مشاوران این پایان‌نامه بوده‌اند و به علت مقررات انتشاراتی مجله، امکان حضور نام این دو استاد بزرگوار که مشاوره‌هایشان نقش مهمی در نتایج این پژوهش داشته، وجود نداشته تشکر کنیم. همچنین لازم به اشاره است که تمامی مراحل و کارهای آزمایشگاهی این پژوهش در آزمایشگاه ژنتیک پزشکی تهران، به مدیریت دکتر محمدتقی اکبری و با پشتیبانی مادی و معنوی ایشان انجام پذیرفت و نگارندگان بر خود لازم می‌دانند که از زحمات ایشان قدردانی نمایند. بی‌شک این پژوهش بدون همکاری و کمک صمیمانه و بی‌دریغ کارشناسان محترم آزمایشگاه ژنتیک-پزشکی تهران انجام نمی‌پذیرفت.

پی‌نوشت

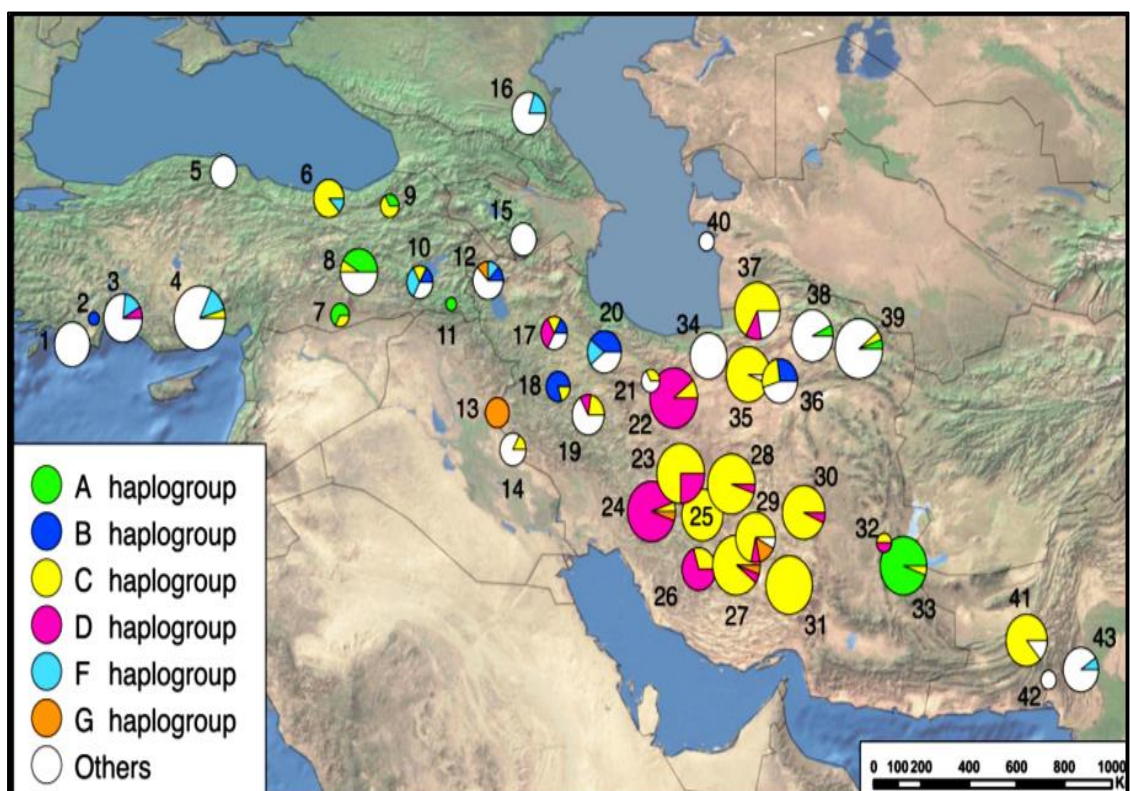
۱. Mitochondrial دی ان ای: میتوکندری اندامکی درون سلولی است که یکی از وظایف اصلی آن تنفس سلولی است. دی ان ای میتوکندریایی که در درون میتوکندری قرار دارد، دی ان ای حلقوی است که کاملاً مستقل از دی ان ای هسته‌ای است و سازوکار رونویسی و توارث مختص به خود را دارد.
۲. تاریخ تکامل نژادی.
۳. Hyper Variable Region I: منطقه فرمتغیر بخشی از ژنوم میتوکندری است که در کار رمزگذاری پروتئین دخالتی ندارد؛ از همین رو، توالی بازهای آن با سرعت بیشتری از دی‌ان‌ای هسته‌ای تغییر می‌کند؛ به همین علت این منطقه در تحلیل‌های فیلوژنتیکی یکی از بخش‌های مطلوب است و به وفور استفاده می‌شود.



نقشه ۱. پراکنش جغرافیایی جمعیت A بزهای اهلی و سایر جمعیت‌ها (Naderi et al. 2007).



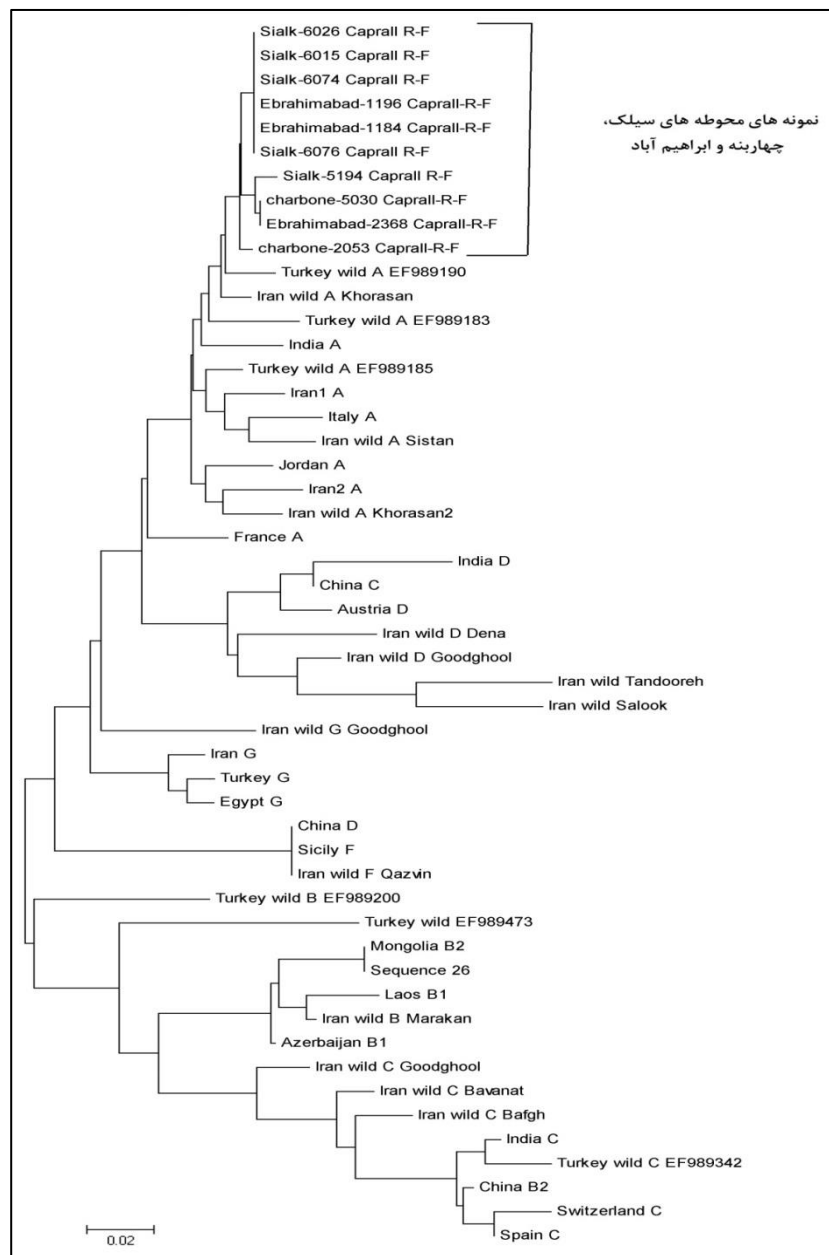
نقشه ۲. پراکنش جغرافیایی جمعیت‌های بزهای اهلی به جز جمعیت A (Naderi et al. 2007).



نقشه ۳. پراکندگی جمعیت‌های بزهای وحشی امروزی (Naderi et al. 2008)

جدول ۱-۵. مشخصات نمونه‌های مورد بررسی در پژوهش

شماره	محوطه	ترانسه	کانتکست	شماره ثبت	تاریخ B.P
۱	سیلک	VI	۵۱۲۵	۵۱۹۴	۷۲۰۰-۷۳۵۰
۲	سیلک	VI	۶۰۰۸	۶۰۱۵	۷۴۰۰-۷۵۰۰
۳	سیلک	VI	۶۰۱۵	۶۰۲۶	۷۴۰۰-۷۵۰۰
۴	سیلک	VI	۶۰۲۱	۶۰۷۴	۷۴۰۰-۷۵۰۰
۵	سیلک	VI	۶۰۱۲	۶۰۷۶	۷۳۰۰-۷۴۰۰
۶	چهاربند	II	۲۰۹	۲۰۵۳	-----
۷	چهاربند	V	۵۰۷	۵۰۳۰	۷۲۰۰-۷۳۰۰
۸	ابراهیم‌آباد	I	۱۳۲	۱۱۸۴	۷۴۰۰-۷۶۰۰
۹	ابراهیم‌آباد	I	۱۳۴	۱۱۹۴	۷۴۰۰-۷۶۰۰
۱۰	ابراهیم‌آباد	II	۲۶۶	۲۳۶۸	۷۳۰۰-۷۵۰۰



تصویر ۳-۷. درخت فیلوژنی (Neighbor Joint Tree) بزهای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین و سایر جمعیت‌های وحشی و اهلی دنیا

منابع

حسین‌زاده ساداتی، جواد (۱۳۸۹)، «گاه‌نگاری مقایسه‌ای دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین در دوره نوسنگی بر اساس داده‌های سفالی»، پایان‌نامه کارشناسی ارشد، گروه باستان‌شناسی دانشگاه تهران.
 خورسندی طاسکوه، علی (۱۳۸۸)، «تنوع گونه‌شناختی در آموزش و پژوهش میان‌رشته‌ای»، فصلنامه مطالعات میان‌رشته‌ای در علوم انسانی، شماره ۴، ۵۷-۸۳.

ملک شه‌میرزادی، صادق (۱۳۷۸)، *ایران در پیش از تاریخ، باستان‌شناسی ایران از سپیده‌دم شهرنشینی، تهران، پژوهشکده باستان‌شناسی سازمان میراث فرهنگی کشور.*

مهرمحمدی، محمود (۱۳۸۸)، «ملاحظات اساسی در باب سیاست‌گذاری توسعه علوم میان‌رشته‌ای در آموزش عالی از منظر فرایند تکوین»، *فصلنامه مطالعات میان‌رشته‌ای در علوم انسانی*، شماره ۳، ۱-۱۸.

Amorim, A. (1999. Archaeogenetics", *Journal of Iberian Archaeology* 1: 15–25.

Braidwood, R. J., and Howe, B., 1960. *Prehistoric investigations in Iraqi Kurdistan*, The Oriental Institute of the University of Chicago Studies in Ancient Oriental Civilization, No. 31.

Ghirshman, R., 1938. *Fouilles de Sialk Pres de Kashan 1933, 1934, 1937*, Vol. I.

Hasnain, H. U., 1985. Sheep and goats in Pakistan, *food and agricultural organization. animal health and production paper*, 56. Rome, FAO.

Hole, F., 1999, Revisiting the Neolithic, in: A. Alizadeh, Y. Majidzadeh & S. Malek Shahmirzadi (eds.), *The Iranian world: essays on Iranian art and archaeology presented to Ezat O. Negahban*: 13-27. Tehran: Iran University Press.

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 (3): 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, *Proc Natl Acad Sci USA*, 98: 5927–5932.

—————, Fernandez, H., Mashkour, M., England, P. R., Taberlet, P., 2006. Origins and diffusion of domestic goats inferred from DNA markers: example analyses of mtDNA, Y-chromosome and microsatellites, in: M.A. Zeder, D.G. Bradley, E. Emshwiller, B.D. Smith (eds.), *documenting domestication: new genetic and archaeological paradigms*, University of California Press, Berkeley, pp. 294-305.

Manceau, V., Despres, L., Bouvet, J., Taberlet, P., 1999. Systematics of the genus *Capra* inferred from mitochondrial DNA sequence data, *Mol Phylogenet Evol.* 13(3): 504–510.

Mannen, H., Kohno, M., Nagata, Y., Tsuji, S., Bradley, D.G., 2004. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle *Mol Phylogenet Evol.* 32: 539–544.

Masuda, S., 1974. Excavation at Tepe Sange Caxmaq, in: F. Bagherzadeh (ed.), *Proceedings of the II Annual Symposium on Archaeological Research in Iran, Tehran 1973*, Iranian Center for Archaeological Research, Tehran, PP. 23-33.

Meadow, R. H., 1996. The origins and spread of agriculture and pastoralism in northwestern South Asia, in: D. R. Harris (ed.), *The origins and spread of agriculture and pastoralism in Eurasia*, pp. 390–412. Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press.

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

—————, Pompanon, F., Blum, M.G., Negrini, R., Naghash, H.R., Balkiz, O., Mashkour, M., Gaggiotti, O.E., Ajmone-Marsan, P., 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*, 105, 17659-17664.

Peters, J., Von Den Driesch, A., Helmer, D., 2005. The upper Euphrates-Tigris Basin, cradle of agro-pastoralism in: J.-D.Vigne, J. Peters, and D. Helmer (eds.), *the first steps of animal domestication*, Oxford: Oxbow Books, pp. 96-124.

Pidancier, N., Jordan, S., Luikart, G., Taberlet, P., 2006. Evolutionary history of the genus *Capra* (Mammalia, Artiodactyla): discordance between mitochondrial DNA and Y-chromosome phylogenies, *Mol Phylogenet Evol.* 40: 739–749.

Porter, V., 1996. *Goats of the world*", Ipswich, UK: Farming Press.

Renfrew, A. C., 2001. From molecular genetics to archaeogenetics, *PNAS*; 98(9): 4830-4832.

Sardina, M.T., Ballester, M., Marmi, J., Finocchiaro, R., van Kaam, J.B., Portolano, B., Folch, J.M., 2006. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage, *Anim Genet* 37 (4): 376–378.

Sultana, S., Mannen, H., Tsuji, S., 2003. Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats, *Anim. Genet.* 34 (6): 417–421.

Takada, T., Kikkawa, Y., Yonekawa, H., Kawakami, S., Amano, T., 1997. Bezoar (*Capra aegagrus*) is a matriarchal candidate for ancestor of domestic goat (*Capra hircus*): evidence from the mitochondrial diversity, *Biochemical Genetics* 35: 315–326.

Vigne, J.D., Isabelle, C., Saliege, J.F., Person, A., Bocherens, H., Guilaine, J., Briois, F., 2000. Predomestic cattle, sheep, goat and pig during the late 9th and the 8th millennium cal. BC on Cyprus: preliminary results of Shillourokambos (Perkklisha, Limassol) in: Marjan Mashkour, Alice M. Choyke, Hijlke Buitenhuis, and Francois Poplin, (eds.), *Archaeozoology of the Near East IV: proceedings of the 4th International Symposium on the Archaeozoology of Southwestern Asia and Adjacent Areas*, Publicaties 32. Groningen: Centre for Archaeological Research and Consultancy, pp. Pp. 52–75.

Wade, N., 2006. *Before the dawn: recovering the lost history of our ancestors*, First published in The Penguin Press.

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

Zeder, M., Vigne, J.D., Helmer, D., 2005. A view from the Zagros: new perspectives on livestock domestication in the Fertile Crescent, in: Vigne J.D., Peters, J., Helmer, D., (eds.), *the first steps of animal domestication*: Oxbow Books, Pp 125–146.

Zeder, M. and Smith, B., 2009. A conversation on agricultural origins: talking past each other in a crowded room", *Current Anthropology* 50:681-691.