

**T.C. KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ  
SOSYAL BİLİMLER ENSTİTÜSÜ  
ARKEOLOJİ ANABİLİM DALI  
ARKEOLOJİ BİLİM DALI**

**ANADOLU'DA BİOARKEOLOJİK ÖRNEKLER ÜZERİNDE  
YAPILAN BAZI ARKEOGENETİK ÇALIŞMALARIN ANADOLU  
ARKEOLOJİSİNE KATKISI**

**(YÜKSEK LİSANS TEZİ)**

**Mehin ZÜLFİGAROVA**

**KOCAELİ 2021**

**T.C. KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ  
SOSYAL BİLİMLER ENSTİTÜSÜ  
ARKEOLOJİ ANABİLİM DALI  
ARKEOLOJİ BİLİM DALI**

**ANADOLU'DA BİOARKEOLOJİK ÖRNEKLER ÜZERİNDE  
YAPILAN BAZI ARKEOGENETİK ÇALIŞMALARIN ANADOLU  
ARKEOLOJİSİNE KATKISI**

**(YÜKSEK LİSANS TEZİ)**

**Mehin ZÜLFİGAROVA**

**Prof. Dr. Ayşe ÇALIK ROSS**

**Tezin Kabul Edildiği Enstitü Yönetim Kurulu Karar ve No: 13.10.2021/21**

**KOCAELİ 2021**

## ÖNSÖZ

Yüksek lisans eğitim sürecimde bilimsel desteğini esirgemeyen tez çalışmamda benimle birebir ilgilenen, karşılaştığım sorunların çözümünde elinden gelen yardımı yapan değerli danışman hocam Prof. Dr. Ayşe ÇALIK ROSS'a çok minnettarım.

Tez çalışmamda konu hakkında bilgi edinmede büyük katkısı olan, bilgi ve deneyimlerinden yararlandığım çok değerli hocalarım Dr. Öğr. Üyesi Üftade MÜŞKARA'ya ve Prof. Dr. Ayşe Tuba ÖKSE'ye çok teşekkür etmeyi kendime bir borç bilirim.

Tez çalışmama sağladığı biçimsel katkılar için değerli bölüm arkadaşım Arkeolog Sercan ÖNGEN'e teşekkür ederim

Son olarak eğitim hayatım boyunca gösterdikleri insanüstü fedakârlık ve hoşgörü ile bugünlere gelmemi sağlayan, koşulsuz destekleri ile hep yanımda olan sevgili ailem, annem Gülgez ZÜLFİGAROVA ve babam Telman ZÜLFİGAROV'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

# İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ .....	I
İÇİNDEKİLER.....	II
ÖZET .....	IV
ABSTRACT .....	V
KISALTMALAR LİSTESİ .....	VI
TABLolar LİSTESİ .....	VII
ŞEKİLLER LİSTESİ .....	VIII
SİMGELER LİSTESİ .....	IX
GİRİŞ.....	1

## BİRİNCİ BÖLÜM

1. KAVRAMSAL ÇERÇEVE .....	2
1.1. GEOMETRİK MORFOMETRİ .....	2
1.2. MOLEKÜLER ANTROPOLOJİ .....	3
1.3. ARKEOGENETİĞİN TANIMI.....	4
1.3.1. Arkeogenetiğin Tarihsel Gelişimi .....	5

## İKİNCİ BÖLÜM

2. ANTİK DNA İLE ELDE EDİLEBİLECEK BİLGİLER.....	8
2.1 CİNSİYET BELİRLEME .....	8
2.2. KÖKENLERİN BELİRLENMESİ .....	10
2.3. HASTALIKLARIN BELİRLENMESİ .....	12
2.4. ARKEOGENETİĞİN DİĞER BİLİM DALLARI İLE OLAN İLİŞKİSİ .....	13
2.4.1. Arkeozooloji.....	13
2.4.2. Arkeobotanik .....	14
2.4.3. Antropoloji.....	16
2.4.4. Arkeometri.....	16
2.5. ANTİK DNA ANALİZİN'DE UYGULANAN METOTLAR.....	17
2.5.1. DNA İzolasyonu.....	18
2.5.2. Polimeraz Zincir Reaksiyon Yöntemi .....	19
2.5.3. Agoroz Jel.....	21
2.5.4. Yeni Nesil Dizileme (YND) .....	23

## ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

<b>3. ARKEOLOJİK KAZILARDAN ELDE EDİLEN BİYOARKEOLOJİK ÖRNEKLER</b>	<b>26</b>
<b>3.1. DNA ÇALIŞMALARI</b>	<b>26</b>
3.1.1. Kemik	27
3.1.2. Diş	28
3.1.3. Kurumuş Yumuşak Doku	29
3.1.4. Koprolit (Dışkı Fosili)	30
<b>3.2. DNA ANALİZİNİ KISITLAYAN SORUNLAR</b>	<b>30</b>
3.2.1. Kontaminasyon	30
3.2.2. Degredasyon	32
3.2.2.1. Isı	32
3.2.2.2. Nem	33
3.2.2.3. Fiziksel Hasarlar	33

## DÖRDÜNCÜ BÖLÜM

<b>4. ANADOLU'DA YAPILAN ARKEOGENETİK ÇALIŞMALAR</b>	<b>34</b>
<b>4.1. HAPLOGRUP, YAŞ VE CİNSİYET ÇALIŞMALARI</b>	<b>34</b>
4.1.1. Tepecik-Çiftlik ve Boncuklu Höyük	34
4.1.2. Batman Beşiri Çemialo Sırtı Kazısı	37
4.1.3. Çine-Tepecik Höyük	39
4.1.4. Nif Dağı Kazısı	40
4.1.5. Tiriş Höyük	42
4.1.6. Resuloğlu Kazısı	42
4.1.7. Çatalhöyük Kazısı	47
<b>4.2. ANADOLU'DA NEOLİTİK YAŞAMA GEÇİŞLE AKRABALIK İLİŞKİLERİNİN ANTİK GENOMLARLA BELİRLENMESİ</b>	<b>50</b>
<b>4.3. GENEL DEĞERLENDİRME</b>	<b>55</b>
<b>SONUÇ</b>	<b>58</b>
<b>KAYNAKÇA</b>	<b>60</b>

## ÖZET

Son zamanlarda bioarkeolojik buluntular ile yapılan Arkeogenetik çalışmalar Arkeoloji bilimine çok değerli katkılar sağlamaktadır. Buna rağmen, eski iskelet kalıntılarından elde edilen DNA'larda çevreye bağlı olarak kirlilik, kontaminasyon riski ve miktar azlığı gibi sorunlarla karşılaşılmasından dolayı arkeogenetik çalışmalardan sonuç elde edilmesi ise oldukça zor olmaktadır. Türkiye'de arkeogenetik bilim dalının yeni gelişmekte olmasına rağmen son on yılda konu ile ilgili yapılan çalışmalardan oldukça başarılı sonuçlar ortaya çıktığını görmekteyiz.

Bu tez çalışmasında Türkiye genelinde yapılan arkeogenetik çalışmaların bazıları: Tepeçik-Çiftlik, Boncuklu Höyük, Cemialo Sırtı Batman Kazısı, Çine-Tepeçik Höyük, Nif Dağı Kazısı, Tiriş Höyük, Resuloğlu Kazısı, Çatakhöyük, Aşıklı Höyük, Barcın Höyük seçilerek, bu kazıların arkeogenetik sonuçları tez konusunun temelini oluşturmuştur. Bahsedilen bu yerleşim yerlerinden çıkartılan bioarkeolojik kalıntılar üzerinde çeşitli teknikler kullanılarak mitokondriyal DNA'nın HVR gen bölgeleri çoğaltılarak modern türlerin soy ağaçları, anne baba akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi ve aynı zamanda da cinsiyet, yaş tayini yapılması gibi konular anlatılmıştır. Arkeogenetiğin, arkeoloji başta olmak üzere biyoloji ve antropoloji gibi bilimlerle olan iş birliği sonucunda insan toplumlarının yaşam biçimlerinin ve alışkanlıklarının yorumlanmasına olan katkısı sunulmaya çalışılmıştır.

**Anahtar Kelimeler:** Bioarkeoloji, Arkeogenetik, antik DNA, mitokondriyal DNA, HVR

## **ABSTRACT**

**In recent years, archaeogenetic studies using bioarchaeological finds have made an invaluable contribution to the science of archaeology. However, for a number of reasons it is very difficult to obtain results from archaeogenetic studies using DNA samples extracted from old skeletal remains; these reasons include pollution due to environmental factors, the risk of contamination, and the lack of sufficient DNA material. Although the field of archaeogenetics has developed only recently in Turkey, in the last ten years studies produced here have proved quite fruitful.**

**The current thesis is based on the findings of some of the archaeogenetic studies conducted in Turkey, drawing on samples from Tepecik-Çiftlik, Boncuklu Höyük, Çemialo Sırtı Batman Excavation, Çine-Tepecik Höyük, Nif Mountain Excavation, Titriş Höyük, Resuloğlu Excavation, Çatalhöyük, Aşıklı Höyük and Barcın Höyük. The study shows how, deploying a variety of techniques, the HVR gene regions of mitochondrial DNA deriving from the bioarchaeological remains unearthed in these settlements have been examined with the aim of exploring subjects such as the family trees of modern species and parental kinship relations, as well as the attributes of sex and age. As such, the thesis tries to demonstrate how cooperation between archeogenetics and other disciplines, such as archaeology, biology and anthropology, can enrich our interpretation of the lifestyles and habits of human societies.**

**Keywords: Bioarchaeology, Archaeogenetics, ancient DNA, mitochondrial DNA, HVR**

## KISALTMALAR LİSTESİ

<b>AMEL:</b>	Amelogen
<b>aDNA:</b>	Antik DNA
<b>ATS:</b>	Arkeometri Sonuçları Toplantısı
<b>CNV:</b>	Kopya Sayı Varyasyonu
<b>CT:</b>	Bilgisayar Tomografisi
<b>CAT:</b>	Bilgisayar Tomografisi
<b>D-Loop:</b>	Yer Değiştirme Döngüsü (Displacement Loop)
<b>DNA:</b>	Deoksiribonükleik Asit
<b>EB:</b>	Etidyum Bromür
<b>ETÇ:</b>	Erken Tunç Çağı
<b>GTC:</b>	Geç Tunç Çağı
<b>KTS:</b>	Kazı Sonuçları Toplantısı
<b>HVR:</b>	Yüksek Varyasyonlu Bölge (Hyper Variable Control Region)
<b>mtDNA:</b>	Mitokondriyal DNA
<b>MÖ:</b>	Milattan Önce
<b>PZR:</b>	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
<b>SRY:</b>	Cinsiyet Belirleyen Y Bölgesi (Sex-Determinin Region Y)
<b>SNP:</b>	Tek Nükleotid Farklılığı
<b>UV:</b>	Ultraviyole
<b>yy:</b>	Yüzyıl
<b>YND:</b>	Yeni Nesil Dizileme



## TABLULAR LİSTESİ

Tablo 1: Dokuz Bireyin İstatistik Dizi Verilerinin Özeti.....	36
Tablo 2: aDNA Analizi İçin Seçilen Bireylerin Arkeolojik ve Demografik Bilgileri .....	45
Tablo 3: Morfolojik Tekniklerle ve aDNA Analiziyle Elde Edilen Cinsiyet Bulgularının Karşılaştırılması .....	46
Tablo 4: Mitokondriyal Genomları Elde Edilen Bireyler .....	50



## ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 1: DNA'nın Yapısı .....	6
Şekil 2: MÖ 800 Yıllarına ait Meresamun'un Tabutuna CAT Tarama Yapılması. ....	18
Şekil 3: Polimeraz Zincir Reaksiyonu.....	21
Şekil 4: Agaroz Jel Üzerinde aDNA'dan Cinsiyetin Belirlenmesi.....	22
Şekil 5: Sanger Cihazı.....	23
Şekil 6: Yeni Nesil Dizileme.....	24
Şekil 7: İzole Edilen aDNA'larda Amel-X Gen Bölgesinin PZR Yöntemi ile Çoğaltılması .....	46
Şekil 8: Çatalhöyük Mimarisi .....	47
Şekil 9: Neolitik Anadolu'da Nüfus İlişkileri.....	53
Şekil 10: Genetik Verilere Sahip İlgili Kişi Sayısı ile Arkeolojik Alanların Coğrafi Konumu.....	54

## SİMGELER LİSTESİ

<b>A</b>	: Adenin
<b>G</b>	: Guanin
<b>C</b>	: Sitozin
<b>T</b>	: Timin
<b>Bç</b>	: baz çifti
<b>µl</b>	: mikro litre
<b>dk</b>	: dakika



## GİRİŞ

Bu tez çalışmamın amacı; farklı dönemlere tarihlendirilen ve Anadolu'da farklı bölgelerde bulunan yerleşim yerlerine ilişkin arkeolojik bulguların yorumlanmasında, özellikle Neolitik Dönem toplumlarının sosyal yapısı ve kültürel yaşamının anlaşılmasında ve farklı soy grupları arasındaki ilişkinin ortaya çıkarılmasında Arkeogenetik araştırmaların katkısı ve etkisini değerlendirmektir. Bu doğrultuda incelenen çalışmalar araştırma sorusu, örnekler, metot ve sonuçlar bağlamında analiz edilmiştir. Elde edilen arkeogenetik veriler hem yerleşim yeri bazında, hem de bölgesel olarak yaş ve cinsiyete göre sunulmuştur. Son bölümünde ise söz konusu olan arkeogenetik araştırmaların arkeolojik bulgulara katkısı değerlendirilmiştir.

2012-2021 yılları arasında yayınlanan Tepecik-Çiftlik, Boncuklu Höyük, Batan Beşiri Çemialo Sırtı Kazısı, Çine-Tepecik Yerleşim Yeri, Nif Dağı Kazısı, Titriş Höyük, Resuloğlu Kazısı, Çatakhöyük Aşıklı Höyük ve Barcın Höyük yerleşim yerleri ile ilgili çalışmalar incelenerek çok çeşitli soy ilişkileri bulunmuştur. Bunun nedenlerinden biri Anadolu'nun coğrafi konumunun göç yolları üzerinde bulunmasından kaynaklanmaktadır. Arkeolojik veriler ve tarihsel kaynaklar da hemen hemen her dönemde Anadolu'da yerleşik insanların farklı coğrafyalara göç ettiğini, farklı coğrafyalardan da Anadolu'ya göçler olduğunu göstermektedir.

# BİRİNCİ BÖLÜM

## 1. KAVRAMSAL ÇERÇEVE

### 1.1. GEOMETRİK MORFOMETRİ

Morfometri; Yunanca bir kelime olup “*morphe*” biçim “*metron*” ise ölçüm anlamına gelmektedir (Philipp ve Gunz, 2009: s. 235). Morfometri, örneğin şeklini ölçümler yardımı ile belirleyerek, şekil farklılığını istatistiksel metodlar ile gösteren bir yöntem olmaktadır (Slice, 2007: s. 261). Morfometri yöntemi, kullanıldığı dönemden itibaren birçok değişim geçirmiştir. Bu değişim geleneksel morfometride elde edilen verinin artırılmaya çalışılması sonucu yeni yöntem olarak “*Geometrik morfometri*” ortaya çıkmıştır. Geleneksel morfometri; yöntem ile anatomik noktaları, açıları, uzunluk, genişlik, derinlik ölçümlerini ve bu ölçümlerin istatistiksel yöntemlerle analizlerini oluşturmaktadır (Rohlf ve Marcus, 1993: s. 129). Bu yöntem ile doğrusal, bölgesel ve hacimsel değişkenler analiz edilmektedir. Geometrik morfometrik yöntemin geleneksel metotlardan farkı; ölçümler “şekil” ile ilgili tüm bilgiyi sağlamasıdır. Şekil, objenin çevreye uyumuna, konumuna ve ölçeğe göre değişmeyen geometrik özelliklerdir. Geometrik morfometri yöntemi gibi sayısal verileri ön plana çıkaran başka metotlara kıyasla küçük değişiklikleri farketmekte çok daha başarılı ve objektiftir (Slice, 2005).

Başka bir ifadeyle, geometrik morfometrinin amacı, konumlandırılmış bir biyolojik form veya görüntü üzerinde, belirli bir anatomik noktanın biçimlerinin tanımlanmasıdır. “*Landmark*” olarak adlandırılan bu anatomik noktalar, çalışmada kullanılan tüm malzemelerde aynı şekilde bulunan veya homolog olan noktalar olmaktadır (Rohlf ve Marcus, 1993: s. 130). Anatomik noktaların kartezyen koordinatlarından alınan tüm geometrik bilginin analizi olarak belirlenebilmektedir (Slice, 2007: s. 262). Geometrik morfometri çalışmalarında veri elde etmenin geleneksel morfometri çalışmalarına göre bazı zorlukları vardır. Çünkü geleneksel morfometri ölçümleri kumpaslarla yapılırken, geometrik morfometri çalışmaları özel yazılımlar veya üç boyutlu dijitalleştirme aletleri

ile yapılmaktadır. Geometri, morfometri, paleoantropolojik ve arkeolojik çalışmalarda son yıllarda yaygın olarak kullanılmaktadır (Aytek, 2016: s. 2).

## 1.2. MOLEKÜLER ANTROPOLOJİ

Antropoloji, insan türünün kökenini ve gelişimini incelemektedir. Moleküler Antropoloji aynı zamanda Genetik Antropoloji olarak da biliniyor. İnsanlık tarihi ile ilgili antropolojik soruları yanıtlamak için moleküler genetik teknikler aracılığı ile, özellikle de insanların kökenleri ve dünyaya yayılmasını araştırmaktadır. *Moleküler Antropoloji* terimini ilk kez Avusturya asıllı Amerikalı biyokimyacı *Emil Zuckerkandl* tarafından, 1962 yılında; “*Sınıflandırma ve İnsan Evrimi*” sempozyumunda, primat çalışmalarında proteinler ve polinüleotidler tarafından insan evrimi ve soy oluşumunu belirlemek için kullanılmıştır (Marks, 2002: s. 131).

Moleküler antropoloji, biyolojik antropolojinin (primatoloji, paleoantropoloji ve demografi) gelişmekte olan bir alt dalı olarak kabul edilmektedir. Moleküler antropoloji bilimi geliştikçe insanlık tarihiyle ilgili bilinmeyen birçok soruyu; fosil kayıtları, iskeletler ve arkeolojik verilerle birlikte cevap arayıp bulmamıza ve aydınlatmamıza yardımcı olmaktadır (Stoneking, 2017: s. 215). Moleküler antropoloji çalışmaları her ne kadar 1962’de kabul edilmiş olsa da bu alanla ilgili çalışmalar 1900’lü yıllardan bu yana antropoloji disiplini içinde yer alarak, antropolojinin sorularına moleküler biyoloji metotları ile cevap bulmayı hedeflemiştir (Griffiths vd, 2014). 1900’lerde kimya profesörü George Henry Nuttal ve biyolog Paul Ehrlich bağışıklığa dayalı türler arasındaki genetik ilişkilerin incelenmesi için bir yöntem geliştirdiler. Bu bilim insanlarının araştırmasında türlerin kanının bir dizi antiserum’a tepkisinin karşılaştırılması yapılmıştır. İnsanları kapsamak üzere yapılan araştırmada belirli primatlar da incelenmiştir. Araştırmada elde ettikleri sonuca göre birbiriyle yakın akraba olan türler aynı antiserum’a benzer biçimde tepki gösterdiler. Ardından 1901 yılında Londra Üniversitesi’nde verdikleri konferansta, “*Eğer kanın tepkime derecesini Anthropoidler (insanlarla insansı maymunlar) arasındaki akrabalık derecesinin bir göstergesi olarak sayarsak, eski dünya insansı maymunlarının insana, yeni dünya insansı*

*maymunlarından daha yakın olduğunu görürüz ve Darwin'in kuramına tıpatıp uyar"* şeklinde bildirimde bulunmuşlardır. Seneler sonra Goodman tarafından yapılan araştırmada "*İnsanın en yakın atası goril mi yoksa şempanze mi?*" antropologlar arasındaki bu tartışma sorusunu açıklığa kavuşturmuştur. Maymun ve insanların serum proteinleri karşılaştırılarak elde ettiği sonuca dayanarak, insanın atasının şempanze olmadığını, insanın yanı sıra şempanze ve gorillerinde ortak atasının, değişik bir tür kuyruksuz insansı maymun olduğunu söylemiştir. Goodman, insanın soyağacı ile ilgili yaptığı araştırmalar sonucu bilgiler vermiş olmasına rağmen, evrimsel olayların zamanı ile alakalı bir tarih söyleyememiştir. Zamanla, bu tarihin doğruluğunu sınınamaya yönelik yeni genetik yöntemler geliştirilerek moleküler saatin çalıştığını, insan ile insansı maymunların atalarının birbirinden ayrılma tarihinin 7,5 milyon yıl önce olduğunu açığa çıkarmıştır. Bu tarih fosil kayıtlarıyla da örtüşmektedir (Lewin, 2000).

Moleküler antropoloji yaklaşımı, her birimizin atalarımızdan miras aldığımız DNA'mızda geçmişimizin bir kaydını taşıdığı gerçeğine dayanmaktadır. 2000 yılından sonra moleküler antropolojide aDNA ile ilgili, özellikle de insanın evrimini konu alan çalışmalar oldukça artmış ve bilim dünyasının en popüler çalışmaları haline gelmiştir (Stoneking, 2017: s. 229).

### **1.3. ARKEOGENETİĞİN TANIMI**

Arkeogenetik; arkeolojide, moleküler genetik teknikler yardımı ile geçmişi aydınlatan bilim dalıdır. *Arkeogenetik* terimi 1990'lı yıllarda arkeolog *Colin Renfrew* tarafından Yunanca "*archaios + genetics = archaeogenetics*" kelimelerinden türetilmiştir. Renfrew, Arkeogenetiği moleküler genetik tekniklerini kullanarak insan geçmişinin incelenmesi olarak tanımlamıştır. Daha önceleri tarihi genetik adıyla bilinmesine rağmen, son yıllarda arkeogenetik daha fazla benimsenen bir terim olmuştur. İlk insan geçmişiyle ilgili en önemli bilgi kaynaklarından birinin kendi deoksiribonükleik asidimizde (DNA) olduğu fikrinden yola çıkarak, insan kökenleri ve ilk insan dağılımları hakkında daha fazla bilgi edinilmiştir (Renfrew, 2003). Ayrıca bu yolla bitki ve hayvan türlerini ne zaman evcilleştirildikleri, insanın ne zamandan beri bitki ve hayvanlardan yararlandığı gibi

konuları da inceleyerek insan geçmişinin araştırılmasına katkı sağlanmıştır (Renfrew ve Bahn, 2005: s. 22).

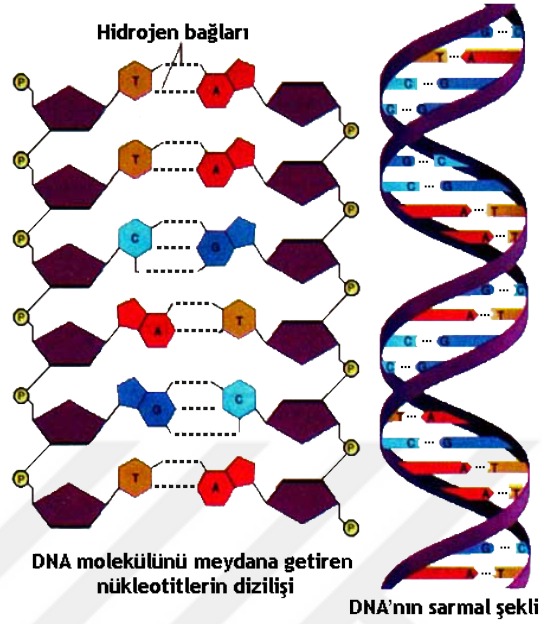
Arkeogenetikten farklı olarak arkeolojinin amacı, eski zamanlarda yaşamış insan topluluklarının toplumsal ve kültürel düzenlerini, maddi kültürlerini oluşturan materyal veya fiziksel kalıntılarını sistematik olarak toplayıp araştırmak, belgelemek ve gelişim sürecini inceleyerek yorumlamaktır (Renfrew ve Bahn, 2017: s. 12; Özdoğan, 2015: s. 19).

### **1.3.1. Arkeogenetiğin Tarihsel Gelişimi**

Arkeogenetiğin temel konular üzerindeki çalışmaları hala devam etse de, hızla gelişen bir bilim dalı haline gelmiştir. İlk çalışmalar 1919'da insana ait kan gruplarının incelemesi ile başlamıştır (Renfrew, 2001: s. 4830; Renfrew ve Bahn, 2005: s. 11). İnsan kan gruplarının Mendel'in kalıtım kanunlarına uygunluğundan dolayı genetik karaktere sahip olduğu ileri sürülmüştür. Araştırmanın daha sonraki yıllarda yapılan yayınlarda bazı hatalı tespitleri olduğu görülse de, genetiğin antropolojide ve insanın kökeni ile ilgili araştırmalarda öncü bir rolü olmuştur. 1950'lere kadar genetik bilimindeki gelişmeler arkeogenetik alanında da etkili olmuştur. Biyokimya çalışmaları ilerledikçe daha da fazla veri, özellikle de kan grupları ve enzimler gibi "klasik" genetik izlerden başka bilgiler edinilmesini mümkün kılmıştır (O'Rourke, 2003: s. 101; Cavalli-Sforza vd, 1994: s. 22).

1953 yılında DNA keşfedilmesi ile sayısız yöntemlerin yolu açılmıştır. Watson ve Crick genetik şifresini çözerek, DNA yapısının bir çift sarmaldan oluştuğunu açıklamışlardır. Helikal yapı bazlar arasındaki hidrojen bağıyla bir arada tutulan ve ters yönde ilerleyen iki polinükleotit zincirinden oluşarak sağa dönüşlü spiral bir merdivene benzemektedir. Bu zincirdeki adenin (A), diğerindeki timin (T) ile, guanin (G) ise diğerindeki sitozin (C) ile eşleşir. Sonuç olarak; bir zincirdeki nükleotid baz dizisine ait bilgi diğer zincirin baz dizisini otomatik olarak belirler. DNA molekülleri çift sarmal yapı sayesinde, iki zincirin ayrılmasını takriben orijinal kalıp zincirindeki diziyeye uygun olarak iki yeni komplementer dizinin sentezlenmesi ile tamamen replike olmaktadır (Watson, 2004: s. 446; Nussbaum vd, 2005: s. 17) (Şekil 1).





Şekil 1: DNA'nın Yapısı

(<http://www.biyolojisitesi.net/uniteler/genden-proteine/dnanin-yapisi.html>)

İlk başlarda hastalıkların temelindeki araştırmalar, daha çok insan gruplarının geleneksel sınıflanması veya taksonomisi gibi incelemeler olsa da daha sonra popülasyonların içinde ve arasındaki yerel örüntüleri belgeleyerek, evrimsel mekanizmaların etkilerini inceleyen araştırmalar ortaya çıkmıştır ve 1960'lardan başlayarak antropolojik araştırmalar arasında da yer bulmuştur. Örnek olarak insan polimorfizmlerinde doğal seleksiyonun incelendiği 1960'da Livingstone'nun ve 1963'te yayınlanan Brues'in araştırmaları verilebilir (O'Rourke, 2003: s. 102). Yine 1960'ların başında Pauling ve Zuckerman'ın farklı türlerdeki eş proteinlerde amino asit sekanslarını karşılaştırarak, evrimi açıkladıkları araştırmalar ilk moleküler araştırmalardan sayılabilir. Yaşayan nüfuslardan alınan örneklerle klasik genetik veriler sayesinde insan evriminin yeniden canlandırılmasına dair ilk yayın, 1963'te Cavalli-Sforza ve Edwards tarafından yapılmıştır. Sarich ve Wilson'ın insan kökeninin araştırılmasına dair genetik veriler ve yöntem bilgileri ilk kez 1967 senesinde yayınlanmıştır. Bu araştırmada bilim insanları, insanla primatlar arasında albümin çeşitlilik farklarına bakarak, homo ile pongid arası ayrışmanın 8-5 milyon yıl önceye ait olduğunu ileri sürmüşlerdir (Watson, 2004: s.446; O'Rourke, 2003: s. 104).

Antik DNA'nın (aDNA) elde edilmesi 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, aDNA çalışmaları, 1984 yılında Russell Higuchi ve meslektaşlarının *guagga* olarak bilinen soyu tükenmiş bir zebra türüne (*Equus quagga*) ait müze örneğinden aDNA izole etmeleri ile başlamıştır. Moleküler çalışmalarda yeni bir süreç başlatan bu gelişmeden yaklaşık bir yıl sonra Svante Pääbo bir insan mumyasından DNA izole ettiğini bilim dünyasına duyurmuştur. Bu gelişmelere polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) yönteminin de eklenmesi ile aDNA çalışmaları, arkeolog ve antropologların canlıların geçmişini aydınlatmak amacı ile yaptıkları çalışmalara yepyeni bir yöntem sağlayarak moleküler çalışmalar içerisinde kendine önemli bir alan yaratmıştır (Hagelberg, 1994: s. 199; Pääbo vd, 2004: s. 648).

## İKİNCİ BÖLÜM

### 2. ANTİK DNA İLE ELDE EDİLEBİLECEK BİLGİLER

Uzun süredir devam eden aDNA çalışmaları, tarih öncesi kültür ve nüfus dönüşümleri ile ilgili sorunların çözülmesinde önemli etkiye sahip olmuştur. aDNA çalışmaları günümüzde popülasyonlar arasındaki gen akışının izlenmesi, genetik farklılıkların belirlenmesi, filogenetik ağacın oluşturulması ve dünyada zamanla değişen diğer demografik süreçlerin belirlenmesinde kullanılmaktadır (Singh ve Garg, 2014: s. 43). aDNA çalışmalarının konuları çalışmanın amacına, seçilen örneğin türüne ve kullanılacak moleküler belirteçlere göre aşağıda belirtildiği üzere değişmektedir.

#### 2.1 CİNSİYET BELİRLEME

Antropolojik veya arkeolojik kazılardan elde edilen insan kalıntılarından morfolojik inceleme ile yapılan cinsiyet belirleme çalışmaları; cinsiyetler arasındaki hastalık dağılımlarının, ölüm oranlarının, beslenme tarzı, sosyo-ekonomik durumlarının ve defin şekillerinin belirlenmesi ile ilgili bilgi vermektedir. Böylece geçmiş toplumların sosyal yapısının anlaşılmasında bunların hepsinin önemli bir role sahip olduğu ortaya çıkmaktadır (Akbaba, 2017: s. 99).

X ve Y kromozomları cinsiyet belirleyicisidir. Doğacak olan bireyin cinsiyeti babadan aldığı Y kromozomu ile belirlenmektedir (Stone, 2008: s. 464). İskeletler üzerinde yapılan araştırmalarda cinsiyetin belirlenmesi için X ve Y kromozomlarına özgü DNA analizleri ideal bir çözüm sağlamaktadır. aDNA çalışmalarında cinsiyet tayinleri için uygun cinsiyet belirteçleri kullanılarak yapılmaktadır. Cinsiyet belirlemede kullanılan PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) temelli en yaygın yöntemlerden biri amelogenin (AMEL) gen amplifikasyonu yöntemidir. Bu gen diş minesinin gelişiminde rol oynamaktadır ve DNA'nın en iyi dişlerde sement tabakası içerisinde korunduğu bilinmektedir (Hansen vd 2017: s. 1; Roberts, 2015: s. 3). Diş minesinin gelişiminde rol oynayan önemli bir proteini kodlayan amelogen, insanlarda X kromozomunda AMELX

ve Y kromozomunda ise AMELY geni üzerinde yer almaktadır. Cinsiyet belirlemede kullanılan yüksek derecede polimorfik, amelogenin intron dizi homolojilerini içermektedir. Yöntemin temeli, özel olarak geliştirilen amelogenin PZR primer çiftleri kullanılarak X ve Y kromozomlarının (106 ve 112 baz çifti) uzunluk dimorfizimlerinin belirlenmesine dayanmaktadır (Sullivan vd 1993: s. 636). Uygulanan deney sonucunda tek bant dişi bir bireye, iki bant ise erkek bir bireye ait olduğunu göstermektedir. Ancak amelogenin gen bölgelerinde allel kaybına neden olabilecek mutasyonların varlığında, hücrede kromozom sayısının diploid sayıdan bir ya da birden fazla eksik olduğu anöploidi durumunda, hermafroditizm veya baskın kadın profillerinde bu yöntemin uygulanmasında sorunlar olduğu belirtilmektedir. Bu gibi durumlarda amelogenin ile birlikte Y kromozomu için SRY (sex-determining region Y), X kromozomu için DXZ4 hedef bölgelerinin genetik belirteçler olarak kullanılması önerilmektedir. SRY geni erkeklerde testislerin oluşumunu kodlar ve Y kromozomunun (Yp11.3) kısa kolu üzerinde bulunur. SRY geninden 93 baz çifti tek bir gen bölgesinin belirlenmesi erkeğe ait özgün bir DNA'yı dişi bir bireye ait DNA örneğinden ayırmaktadır. Genelde, Y kromozomuna dayalı bu güncel yöntemlere alternatif olarak, X kromozomu sayısının analizine dayalı kopya sayısı varyasyonunu (Copy Number Variation=CNV) belirleme yöntemi de mevcuttur (Nakanishi vd 2015: s. 28; Cemper-Kiesslich vd 2014: s. 9).

Cinsiyet analizleri, farklı cinsiyetteki bireylerin ölüm oranlarının test edilmesi bakımından da önemlidir. Böylece durumun “doğal olarak mı? yoksa insan faaliyetiyle mi?” gerçekleştiği belirlenmektedir.

Bebek iskeletlerinin önemi hem mezar tipinin anlaşılması, hem de cinsiyet farklılıklarının bir infantisit (kendi çocuğunu öldürme) veya çocuk kurbanı olayında rolünün olup olmadığı sorusunun cevaplanması açısından önemli olmaktadır. Ergenlik öncesi çocuklarda morfometrik cinsiyetlendirme yöntemleri kullanılmadığından cinsiyetin belirlenmesi mümkün olmamaktadır. Bu nedenle aDNA, ergenlik öncesi cinsiyetin belirlenmesinde önemli bir rol oynamaktadır (Boberova vd 2012: s. 961).

## 2.2. KÖKENLERİN BELİRLENMESİ

İnsanlar arasındaki soy ilişkileri hakkında doğrudan bilgi edinilmesi, göç yollarının açıklanması ve çeşitli gruplar arasında genetik katkıların belirlenmesi modern ya da eski insanlardan genomik verilerin ve dolayısıyla genetik analizlerin dahil edilmesi ile kolaylaşmaktadır (Nielsen vd 2017: s. 303).

İlk DNA bulgusu Neandertal insanın kemikleri üzerinde yapılan çalışmada (Neandertal bölgesindeki ilk buluntulardan biridir) elde edilmiştir. İnceleme sonucu *Homo sapiens neanderthalensis*'in kendi türümüz olan *Homo sapiens sapiens*'e beklenenden daha az yakın olduğunu, ortak atalarımızın 600.000 yıl önce yaşadığını ortaya koymuştur. Bu fosil kemiklerin antropolojik incelenmesiyle elde edilebilecek sonuçların çok ötesine geçen önemli bir sonuç olmaktadır (Renfrew ve Bahn, 2005). Daha sonra 1980'lerde tüm insanlarda bulunan mitokondriyal DNA'nın (mtDNA) hücre çekirdeğinde değil, mitokondria olarak adlandırılan küçük hücre parçacığında bulunan DNA ve özellikle anneden miras alındığı anlaşılmıştır. Erkek ya da kadın, her insanın mtDNA'sının DNA dizilişi normal olarak annesininki ile aynıdır. Aynı DNA dizilişi, anneannesinin, anneanesi ile aynı olup kuşaklar boyu izlenilmektedir. Zinciri oluşturan bazı maddelerden birinin değişmesine yol açacak bir mutasyon olmadığı sürece bu dizilişte herhangi bir fark görülmez. Yani anne tarafından yakın akraba olan insanların mtDNA'ları aynıdır. Uzak akrabalarda ise, örneğin farklı kıtalarda yaşayan topluluklarda, kuşaklar boyunca mtDNA'larda meydana gelen mutasyonlar önemli ölçüde fark gösterecektir. Dolayısıyla bu farklılık araştırılabilir ve insan toplulukları, farklılıklarına ve benzerliklerine göre sınıflandırılabilir. Sınıflandırma yaklaşımlarından biri, yıllar öncesine giden taksonomik (sınıflayıcı) bir şema, bir aile ağacı çizmektir. Bu çalışmalardan ilki Cann ve meslektaşları tarafından 1987 yılında yapılmıştır. Dört farklı kıtada (Afrika, Asya, Avrupa, Avustralya ve yanındaki bir ada olan Yeni Gine'de) yaşayan 147 modern kadına ait mtDNA alınarak analiz edilmiştir. Aralarında en fazla farkı Sahra altı Afrika soyunun olduğunu saptanmıştır. Bu da mtDNA'ların mutasyon geçirmek için en fazla zamana dolayısıyla en eski atalara sahip olduğunu ima etmektedir. Cann ve meslektaşları 200.000 yıl öncesine kadar giden ve Afrika'da yaşamış oldukları

sonucuna varılan, insanın kadın atalarını gösteren bir soy ağacı oluşturmuşlardır. Bu kadın ataya, günlük konuşma ya da halk dilinde “*mitokondriyal anne*”, ya da “*Afrikanlı Havva*” adı verilmiştir (Renfrew ve Bahn, 2017: s. 470). Daha sonra bu kez aynı çalışmalar dölleme sürecinde birleşime uğramadan, yani hiç değişmeden babadan gelen Y kromozomu kullanılarak erkek soyu için yapılmıştır. Bu genetik bilgi özellikle babadan oğula değişmeden geçmektedir. Böylece benzer şekilde Y kromozomlu DNA’ların tespit edilmesiyle, insan çeşitliliğinin (haplotip) tümünün yine Afrika’da yaşamış oldukları sonucuna varılan, ilk erkek atalarının sınıflandırılması ve soy ağacı çizimlerinin yapılması mümkün olmuştur (Renfrew ve Bahn, 2005: s. 12). Bu işlem, temel olarak mtDNA üzerinde Hyper Variable Control Region 1 (HVRI) ve Hyper Variable Control Region 2 (HVRII) genleri (440 bp) veya D-Loop (Displacement Loop/Yer Değiştirme Döngüsü) ve bunların değişiminin takibiyle yapılmaktadır. HVRI-II bölgesinde mtDNA tamir mekanizmaları yer almadığı için nesiller boyunca mutasyonları belirli oranda biriktirmektedir. Mutasyonlar, rastlantısal gerçekleştiğinden, mtDNA’nın kodlama yapan ve yapmayan herhangi bir bölgesinde baz değişimlerine neden olabilmektedir. Oluşan bu mutasyonlar, somatik doku hücrelerinde DNA mekanizmaları ile onarılırken dişi üreme hücrelerinde meydana gelen mutasyonlar yeni nesillere polimorfizm olarak aktarılmaktadır (Wallace, 1994: s. 8739; Stoneking, 2017: s. 293). Polimorfizm düzeylerinin yüksek olmasından dolayı HVR bölgeleri bireylerde ve popülasyonlarda kıyaslanabildiğinden aDNA çalışmalarında çok fazla kullanılmaktadır (Hummel, 2003: s. 19).

mtDNA’nın farklı bölgelerinde yer alan mutasyonlara göre sınıflandırılan her bir çeşitliliğe *haplogrup* adı verilmiştir. Haplogrup çalışmaları günümüzde modern türlerin soy ağaçlarını, akrabalık ilişkilerini ve göç yollarını belirlemede kullanılan etkili bir yöntemdir. Bunun yanı sıra son zamanlarda gelişen teknolojilerle arkeolojik veriler üzerinde yapılan çalışmaların artmasıyla da, eski topluluklarda haplogrup çalışmalarının yapıldığı görülmektedir. mtDNA’yı kimliklendirme çalışmaları için haplogruplara bakılmaktadır. HVRI ve HVRII bölgelerinin küçük boyutlu olması PZR amplifikasyonu için ideal olmaktadır. Bu iki bölgedeki yüksek mutasyon hızlarının olması ve tüm genomun monoklonal olması, kişileri kimliklendirmede kullanılmaktadır.

Genetik yapıdaki benzerlik veya farklılıklar, insan gruplarının coğrafik kökenleri hakkında bilgi vermektedir. Böylece göç ve yerleşme özelliklerinin zaman içinde gelişimi takip edilerek; toplumların yaşayış düzeni, beslenme alışkanlıkları ve ölü gömme gelenekleri ile ilgili veriler elde edilmektedir (Brown, 2006: s. 293).

### **2.3. HASTALIKLARIN BELİRLENMESİ**

Hastalıkların kökeni ve yayılımı insanlık tarihinde merak edilen konulardan biri olmuştur. Bir insanda herhangi bir genetik hastalığın varlığına dair morfolojik veya tarihe dayalı delillerin bulunduğu durumlarda, hastalığa neden olan gen bölgesi aDNA ile izole edilip çoğaltılarak ve bu hastalıkla ilgili mutasyonlar ortaya çıkartılabilmektedir. Belirli analiz yöntemleri kullanılarak iskeletler üzerinde morfolojik çalışmalar yapılmaktadır. aDNA çalışmaları ile geçmişte yaşamış insanlardaki doğumsal anomaliler, diş hastalıkları, eklem hastalıkları, metabolik problemler, enfeksiyon hastalıkları ve bunlara neden olan mikroorganizmaların tespiti yapılmaktadır (Roberts, 2015: s. 3). aDNA çalışmaları kalıtsal olarak genetik delesyonlar ile oluşan çiçek hastalığı ve veba gibi tarih öncesinde ölüm nedeni olan hastalıkların belirlenmesinde de önemlidir.

Enfeksiyon hastalıkları, her zaman insan topluluklarında büyük bir yaşam tehdidi oluşturmuştur. Enfeksiyon hastalıklarının paleoepidemiolojisi, yaşam koşullarının yeniden inşası için önemlidir. Çünkü bulaşıcı ajanların yayılması, beslenme durumu, nüfus yoğunluğu ve sağlığa uygun (hijyenik) koşullar gibi sosyoekonomik faktörlerle güçlü bir şekilde ilişkilidir. Paleoepidemiolojik veriler, insanları insan popülasyonlarındaki genetik çeşitlilikler hakkındaki bilgilerle ilişkilendirirken, bulaşıcı hastalıklara adaptasyon çalışmalarında da faydalı olmaktadır. Enfeksiyon hastalıklarının bazıları insan iskeletleri üzerinde benzer şekilde iz bırakır ve bu hastalıkların birbirinden ayırt edilmesi zordur. Bu aşamada DNA çalışmaları ile iskelet üzerinde iz bırakan hastalıklar, geçmişte yaşamış olan insanların ölümüne neden olan hastalıklar ve kalıtsal hastalıklar belirlenir. İskeletler üzerinde morfolojik olarak patojen izi gösteren *Mycobacterium tuberculae* (verem), *Mycobacterium leprae* (cüzzam), *Yersina pestiferis* bakterilerinin varlığı aDNA analizleri ile de desteklenmiştir (Salo vd, 1994: s. 2091).

İskeletlerde bulunan *Mycobacterium tuberculae* bakterisinin DNA'larının en eski kanıtları MÖ 1000 yıllarına dayanmaktadır. İnsanların hayvanlar ve mahsul yetiştirmeye, kalıcı yerleşim yerlerinde yaşamaya başlamasıyla bu hastalığın arttığı düşünülmektedir. Yaklaşık 5000 yıllık bir Mısır mumyasından tüberküloz ve difteri hastalığına neden olan *Mycobacterium tuberculosis* ve *Corynebacterium diphtheriae* bakterilerine ait DNA'lar yapılan başka bir çalışmada elde edilmiştir (Marchant, 2011: s. 405; Roberts, 2015: s. 5).

## **2.4. ARKEOGENETİĞİN DİĞER BİLİM DALLARI İLE OLAN İLİŞKİSİ**

Arkeogenetiğin kendi içinde birçok arkeolojik bilim dalı bulunmaktadır. Aşağıda belirtildiği gibi bunlar içinde Arkeozooloji, Arkeobotanik, Antropoloji ve Arkeometri bilimleri yer almaktadır.

### **2.4.1. Arkeozooloji**

Arkeozooloji; arkeolojik kazılardan ele geçen hayvan kemiklerinin irdelenmesiyle, hayvan topluluklarını saptayan bilim dalına verilen addır. Buna ek olarak; geçmiş dönemde yaşamış olan insanlarla hayvan kalıntıları arasındaki ilişkilerin değerlendirilmesi yapılabilmektedir.

aDNA çalışmaları ile quagga, keseli kurt, kılıç dişli kaplan, mamut, moa (bir tür uçamayan kuş), karasal tembel hayvan ve mağara ayısı gibi soyu tükenmiş birçok türün biyolojik özellikleri belirlenmiştir. aDNA çalışması, hayvan evcilleştirilmesini daha iyi anlamak için kullanılmıştır. Atın evcilleştirilmesinin birkaç farklı at türden yapıldığı (Jansen vd 2002: s. 10905) ve köpeğin evcilleştirilmesinin 15.000 yıl önce gerçekleştiği gösterilmiştir (Dayton, 2003: s. 555). Bununla birlikte; koyun, keçi, domuz, sığır ve deve gibi türlerin ne zaman, nerede ve hangi yabani türlerden evcilleştirildiği de aDNA çalışmaları ile ortaya konulmuştur. Örneğin; koyun ve keçinin günümüzden 11.000 yıl önce Bereketli Hilal'de evcilleştirildiği ve sonra da bu evcil türlerin Avrupa'ya yayıldığı görülmüştür. Ancak bu yayılımın hangi yollardan ve nerelere kadar olduğu halen cevaplanamamıştır (Demirci vd 2013: s. 952; Zeder ve Hesse, 2000: s. 2254). Neolitik Dönem'e ait domuz



iskeletlerinden çıkarılan DNA'nın araştırılması, Avrupa domuzlarının coğrafi kökeninin tespit edilmesine ve Avrupa'daki yaban domuzlarının evcilleştirilme zamanlarının tahmin edilmesine yardımcı olmuştur (Larson vd 2007: s. 15277). Güneybatı Amerika Birleşik Devletleri'ndeki arkeolojik bölgelerden (MÖ 200-MS 1800) elde edilen hindi (Meleagris gallopavo) kemiklerinin, koproлитlerinin aDNA ve Filocoğrafik analizleri, bölgenin dışından kaynaklanan benzersiz bir evcil ırk olduğunu ortaya çıkarmıştır (Spellera vd 2010: s. 2807).

#### **2.4.2. Arkeobotanik**

Arkeobotanik; bitki kalıntılarını inceleyerek insanların geçmişte bitkiler ile olan ilişkilerini aydınlatmayı hedefleyen bir bilim dalıdır (Cihangir, 2006: s. 1). Bu terim ilk olarak 1979 yılında Ford tarafından arkeolojik alanlardaki bitki kalıntılarını incelediği yayınında kullanılmıştır (Sobolik, 2003).

Antik bitki türlerinin incelenmesi; antik bitkilerin yeniden yapılanmasını, evcilleştirme zamanını ve yerini belirlemek için mevcut çeşitlerle karşılaştırılmasını mümkün kılmıştır (Kefi, 2011: s. 61). Son 30 yılda, birkaç bitki türünün antik kalıntılarında elde edilen DNA, küçük ölçekli çalışmalarda araştırılmış, adaptasyonun ve önemli bitkilerin göç kalıplarının anlaşılmasına katkıda bulunmuştur. Daha yakın zamanlarda, aDNA'ya uygulanan YND (yeni nesil dizileme) teknolojisi; evcilleştirme sürecinin tüm genom ölçeğinde araştırılmasına izin veren yeni araştırma yollarının önünü açmıştır. Genom çapında ve hedefli dizilemeye dayanan genomik yaklaşımların, mahsulün evrimi ve tarım tarihi hakkında önemli bilgiler sağladığı gösterilmiştir. Büyük miktarlarda YND verileri, bozulma, polinükleotidlerin parçalanması ve dış kirlenme gibi malzemenin kökeniyle ilgili sorunların üstesinden gelmek için çeşitli çözümler sunmaktadır. Bu araştırma alanına olan ilgi birkaç ürün evcilleştirme çalışmasında yapılan son gelişmelerle artmıştır. Herhangi bir nitelikteki kalıntılardan elde edilen aDNA'nın geri kazanımı için yeni DNA üzerinde yapılabilecek analizlerin hemen hepsi aDNA'da da yapılabilmektedir. aDNA üzerinde yapılan analizler, bitki türlerinin evrimi, evcilleştirilmesi ile ilgili birçok filogenetik soruya ışık tutabilmektedir. Mahsul

adaptasyonu ve göç kalıplarını yeniden yapılandırmak için güçlü bir araç olarak kullanılmaktadır (Donato vd 2018: s. 1).

Zamanla, *Poaceae*, *Solanaceae*, *Fabaceae* ve *Cucurbitaceae* gibi önemli bitki aileleri insan ihtiyaçları için evcilleştirilmiştir. Tarım çoğu durumda güvenilir bir gıda kaynağına erişim sağlayan, insan göçü ve yerleşimler üzerinde çarpıcı bir etkiye sahiptir. Bitki evcilleştirme konusundaki mevcut bilgiler büyük ölçüde arkeolojik ve bitki kalıntılarının morfolojik analizinden veya günümüzdeki numunelerin popülasyon genetik analizinden elde edilmektedir (Vinet ve Zhedanov, 2010: s. 700).

Son 30 yılda, paleogenetik araştırmalarda en sık çalışılan birçok eski biyolojik kalıntı ve substrattan DNA elde edilmiştir. İlk başarılı çalışma 1980'lerde atlardan aDNA elde etmeye çalışıldığından beri (Higuchi vd 1984: s. 282), aDNA bitkisi farklı biyolojik materyal türlerinden ve eserlerinden elde edilmiştir. Tohumlar, özellikle kömürleşmiş, kurutulmuş, dondurulmuş veya anoksik koşullarda saklandığında en yüksek değere sahip aDNA kaynakları arasında olmaktadır (Green ve Speller, 2017: s. 5). Buğday (Bilgic vd 2016: s.11), arpa (Mascher vd 2016: s. 1089), pamuk (Palmer vd 2012: s. 2031), üzüm ve diğer bitki tohumlarının, asırlık bitkilerin kökenine, evrimine ve evcilleştirilmesine ışık tutabilecek DNA içerdiği ortaya çıkmıştır (Liepelt vd 2006: s. 1107).

Yapılan bir araştırmada; Neolitik Çağ'da önemli bir besin kaynağı haline gelen ve yabani türleri çok geniş bölgede bulunan arpanın aDNA zincirinin çözülmesiyle, bu bitkinin ilk olarak tarıma alındığı bölgenin Urfa-Karacadağ olduğu ve belirli bir genetik yapıya sahip olan bu alt türün (mutant) tarım bitkisi olarak dünyaya yayıldığı anlaşılmıştır (Özdoğan, 2015: s. 128). Diğer bir çalışma da 8400 yıllık Çatalhöyük buğdaylarında heksaploid buğday yetiştiriciliğinin yayılımı hakkındaki ilk kanıtlar keşfedilmiştir. Çatalhöyük kazılarının ilk başladığı 1961-1965 döneminde bulunan ilkel heksaploid buğday kalıntıları ile arkeobotanik dünyasının ilgisini çekmiştir. Bu kalıntılar çok iyi korunmuş olmasına rağmen, ayrıntılı bir arkeobotanik incelemesi eksik kalmıştır. Yeni araştırmalarda, Çatalhöyük ve Anadolu'daki diğer kazılardan kömürleşmiş buğday kalıntılarının aDNA dizisi çıkarılarak modern buğday türlerinin DNA'ları ile karşılaştırılmıştır. Karşılaştırılan buğday örneklerinin aDNA dizi analizine göre,

hekzaploid buğday yetiştiriciliğinin yayılımının ilk moleküler kanıtları olduğu bulunmuştur. Böylelikle hekzaploid buğdayın varlığı, MÖ 7.binyılda Orta Anadolu'da bulunan Çatalhöyük'te kanıtlanmış oldu. Sonuçlar, Çatalhöyük buğdayının, hem kabuklu (T.spelta) hem de kabuksuz (T.aestivum) modern hekzaploid buğday türüne yakın bir DNA dizisi olduğunu göstermiştir (Bilgic, 2016).

### **2.4.3. Antropoloji**

Antropoloji, insan bilimi olarak adlandırılmaktadır. Antropologlar, tüm toplumları, kültürleri, insan kalıntılarını fiziksel ve biyolojik olarak incelemektedir. İnsanın iskeletini morfolojik ve mikroskopik açıdan kafatasının incelenmesi, özellikle ölçümleri, son zamanlar yaygın olarak ırksal motivasyonların öncülük ettiği bir uygulama olarak kabul edilmektedir ve modern bilim adamları bundan uzak durma eğilimindedirler.

İnsan kalıntıları, arkeolojik kayıtların temel bir parçasıdır; geçmişte bireylerin ve toplumların yaşamlarına dair benzersiz görüşler sunmaktadır. Birçok arkeolojik materyal gibi, insan kalıntıları da kendine özgü, özel kurtarma, analiz ve yorumlama yöntemleri gerektirirken; teknolojik yenilikler, uzmanlık birikimleri, arkeologların iskeletler üzerinden insan toplumlarının hakkında daha fazla bilgi edinmelerini sağlamıştır. İnsanların kaybettiği kişilere ait mezarlarla güçlü bir şekilde duygusal, sosyal ve dini anlamda bağları göz önüne alındığında, insan kalıntılarının arkeologlar için farklı, etki yaratması şaşırtıcı değildir (Pearson, 2011: s. 5). İnsan kalıntılarının incelenmesi geçmişimizi anlamamıza önemli bir katkıda bulunmasının yanı sıra yeni tekniklerin keşfedilmesiyle yeni görüşler sağlamaya devam etmektedir. Arkeologlar da dahil olmak üzere bazı insanlar geçmişimizi anlamadaki artışın önemli ve faydalı olduğuna inanırken; diğer insanlar da insan mezarlarını kazmanın dini ruh hali yönden yanlış olduğuna inanmaktadır.

### **2.4.4. Arkeometri**

Arkeolojiye dair bilgi edinilmesinde yardımcı olan, geçmiş yaşamı anlamaya ve yeniden kurmaya çalışan, önemi giderek artan bir bilim dalı da, *Arkeometri*'dir.

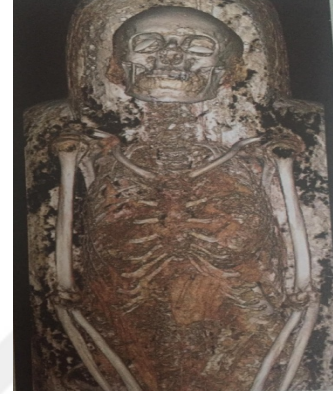
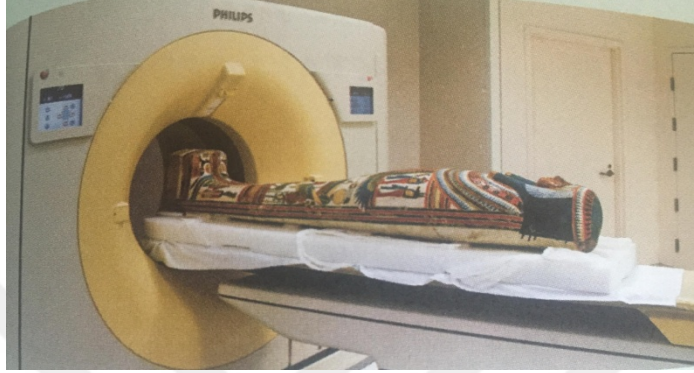
Arkeometri; arkeolojik materyallerin analizi için fenn bilimlerinin tekniklerin uygulandığı bir bilimdir. İnsanlığın kültür tarihini anlamada arkeologlara yardımcı olabilmek kültür varlıklarını, antik eserleri ve materyalleri inceleyerek insan topluluklarının beslenme biçimini, bulunduğu coğrafyanın ve doğal çevre özelliklerini araştırarak bilgi edinmemize yardımcı olmaktadır. Arkeometri çalışmalarında kullanım izi analizi, izotop analizi, lipit analizi ve DNA analiz yöntemleri de kullanılmaktadır (Watchman, 2018: s. 50).

## **2.5. ANTİK DNA ANALİZİ'NDE UYGULANAN METOTLAR**

Son 30 yıl içinde iskelet kalıntılarının analiz yöntemleri önemli derecede gelişmektedir. Çeşitli radyolojik (X-ışınları) ve histolojik (mikroskobik) yöntemler kullanılarak iskeletlerin yaşı ve hastalıkların belirlenmesi mümkün olmaktadır (Roberts, 2015: s. 3). En gelişmiş radyolojik yöntemlerden biri bilgisayarlı eksensel tomografi (CT veya CAT) yöntemi olmaktadır. Bu yöntem, sargılı mumyaları ve diğer vücutları hasarsız incelemektedir. Tüm vücut bir makineden geçirilerek kesitsel dilimlerinden bir görüntü elde edilmektedir. Takriben MÖ 800 yıllarına ait eski Mısır'da yaşamış, Karnak Tapınağı'nda şarkıcı-rahibe olarak bilinen, Meresamun'un mumyalanmış tabutu alınıp, açılmadan muhafaza edilerek CAT taraması (Şekil 2) yapılmıştır (Renfrew ve Bahn, 2017; s: 454-455). Diğer çalışmada ise, Güney Anadolu'da Pamphylia bölgesinin önemli kentlerinden biri olan Perge'deki mezarlıkta yapılmıştır. Bu mezarlıkta bulunan dişlerin anatomisini ve yapısını anlamak için mikro CAT analizi yapılmıştır. Bu çalışmada, elde edilen örneklerden sadece birinde maksiller azı dışında dens invaginatus vakası saptanmıştır. Arkeolojik bulgulara göre Perge'deki mezarların çoğu MS 2.yy ve 3.yy'a tarihlenmektedir. İnvajinasyona uğramış antik dişin, modern dişlerle aynı anatomik ve morfolojik özelliklere sahip olduğu gösterilmiştir (Keleş vd 2013: s. 45).

Histolojik yöntemlerde kullanılan analiz için mumyalanmış vücuttan alınan doku örneği, ilk önce dokuya su kazandırmak için sodyum bikarbonatlı bir solüsyonun içine koyulur. Doku, parafirin mumun içine yerleştirilerek ince kesitler halinde kesilir. Mikroskop altında daha net görülebilmesi için boyanır. Bu teknikle Mısır mumyaları üzerinde araştırmacılar tarafından yapılan bir araştırmada hem kırmızı, hem de beyaz kan

hücreleri bulunmuştur. Ve hatta damar hastalığının olduğunu da teşhis edebilmişlerdir (Renfrew ve Bahn, 2017: s. 454).



**Şekil 2:** MÖ 800 Yıllarına ait Meresamun'un Tabutuna CAT Tarama Yapılması ( Renfrew ve Bahn, 2017.s: 454)

Arkeolojik insan kalıntılarında çok uygulanan iki analitik yöntem daha bulunmaktadır. Bunlar biyomolekülleri hedef alan stabil karbon izotopu ve aDNA analizidir. Bu yöntemlerle arkeogenetikçiler geçmiş hakkında daha çok ayrıntılı veriler üreterek geçmiş nüfusların hareketliliğini, hastalık teşhisini, akrabalık ve göç yolları hakkında bilgi edinmektedirler. Biyolojik değerlendirmenin en önemli kısmı: bulunan verileri, arkeolojik alanda keşf edilen tarihsel kanıtlarla yorumlamaktır (Roberts, 2015: s. 3). Son yıllarda geliştirilen YND teknolojisi, genetik/epigenetik düzenleyici ağların, kromatin yapısı, nükleer yapılanma ve genom varyasyonları (çeşitliliği) hakkında bilgi üretimi sağlayan önemli bir araç olmuştur (Üstek, vd 2010: s. 11).

### **2.5.1. DNA İzolasyonu**

aDNA izolasyonu; özel tekniklerle organik olarak bozulmayan hücrelerde DNA molekülünün açığa çıkarılma işlemidir.

Ökaryotik hücrelerde DNA, mitokondri, kloroplast ve çekirdekte bulunmaktadır. DNA suda çözünse de alkolde çözünmez. Aynı zamanda negatif yüklüdür. DNA izolasyonu farklı alanlarda kullanılmaktadır. Bunlar arasında parmak izi, adli tıp, moleküler genetik çalışmaları, hastalıkların tanısı, taksonomi, kazılardan çıkartılan

arkeolojik kalıntıların kökenlerinin belirlenmesi, gen klonlaması en yaygın kullanılan alanlardandır (Nadin vd 2007: s. 1756-1762).

Kontaminasyon riski yüksek olduğu için aDNA izolasyonu yapılacak laboratuvarın ayrı ve steril oda olması çok önemlidir. Kullanılacak olan malzemelerin de tek kullanımlık ve steril olması gerekir. Kontaminasyon riskine karşı kullanılan çözeltilerin ayrı olarak hazırlanması, rutin olarak başka DNA örneklerinin çalışıldığı bir laboratuvarla aynı olmaması büyük önem arz etmektedir. Dekalsifikasyonu (kemik örneklerinden kalsiyum tuzlarının uzaklaştırılması) tamamlanan örneklere Fenol Kloroform, tuz ile çöktürme, silika metodu ve ticari kitler ile yapılan çeşitli DNA izolasyon yöntemleri uygulanmaktadır (Kotan, 2010: s. 9).

aDNA genel olarak az miktarda olduğu için çalışmalarda saf ve kaliteli DNA'ya ulaşmak modern DNA'ya göre daha zordur. Elde edilen aDNA ise kısmen ya da tamamen degrede olmuş olabilir. Bunun için farklı DNA izolasyonları aynı örnekten alınarak karşılaştırmalı çalışmalar yapılmaktadır. Yeterli miktar ve kalitede DNA elde edebilmek için kullanılan yöntemlere çeşitli manipülasyonlar yapılabilir. Kolon pürifikasyonu ile DNA saflığını artırmak için aDNA izolasyon yönteminin iyi seçilmesi ayrıca dikkatli uygulanarak DNA saflığının sağlanması gerekmektedir. Sonra spektrofotometre cihazı kullanarak elde edilen aDNA'nın saflığını ve kalitesini belirlemek mümkündür. Bunun için absorbans değeri A(260/280) ve A(260/230) değerlerine bakılarak 260 nm nükleik asitlerin, 280 nm proteinlerin ve 230 nm fenolün absorbasns değeri ölçülmektedir. Absorbans değeri yapılacak ölçüme göre, aDNA izolasyonunun başarısını, aDNA miktarının saflığı ve kalitesini belirlemektedir (Tekeli ve Elma, 2016: s. 37).

### **2.5.2. Polimeraz Zincir Reaksiyon Yöntemi**

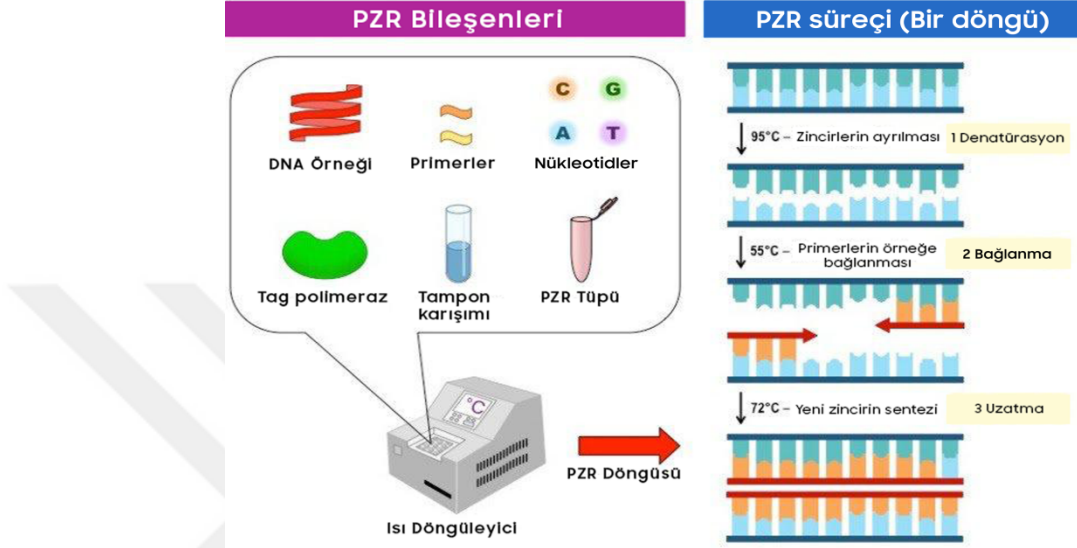
Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR), bir DNA zincirinin bilinen iki parçası arasında uzanan özel bir DNA bölümünün enzimatik olarak çoğaltıldığı *in vitro* (canlı dışında, tüpte) yöntemidir. İlk zamanlarda bu yöntem ile belirli bir genin sadece küçük bir parçası elde edilirken, günümüzde PZR kullanılarak birkaç saat içinde tek bir gen kopyasından milyonlarca kopya çoğaltılmaktadır (Şekil 3). Kary Mullis tarafından keşfedilen PZR

1993 yılında Nobel ödülüne layık görülmüştür (Najafov ve Hoxnaj, 2017: s. 1). Bu teknik temelde DNA fragment analizine dayanır. İlk başlarda antik insan örneklerinden elde edilen DNA'nın gerçekten de antik örneklerden gelip gelmediğini doğrulamanın, klasik PZR'a dayalı metotlarla belirlenmesi neredeyse imkânsız olduğu düşünülmekteydi. Araştırmalarda elde edilebilen az miktardaki aDNA ancak bozulmanın ve degradasyonun az olduğu durumlarda kaliteli sonuçlar verebilmektedir. Bu nedenle, aDNA'nın mümkün olduğu kadar kullanılabilir hale getirilmesi çok önemlidir (Rohland vd 2007: s. 1756).

DNA örneklerinin PZR yöntemi ile milyarlarca kopyası çıkartılarak sonuç elde edilebilmektedir. PZR yönteminin bu şekildeki avantajı kontaminasyona dikkat edilmezse dezavantaja dönüşebilir. Çünkü az miktardaki aDNA iyi durumdaki modern DNA ile kontamine olduğunda rekabet şansı azalır veya hiç olmaz (Yang ve Watt, 2005: s. 332).

Tüm genomun veya profilin sonuç vermesi aDNA analizlerinde genelde degradasyondan dolayı beklenmemektedir. PZR'ın inhibe olması ortamda bulunan kimyasalların yeterince uzaklaştırılmamasının bir sonucu olabilir. Bunun için örneklerin DNA izolasyonundan önce iyi temizlenmesi gerekmektedir. Dekalsifikasyonun kemikte yoğun olarak bulunmasından kalsiyum iyonlarının kemiklerden uzaklaştırılması çok önemlidir. En uygun şartlarda bile aDNA örneklerinde 200 bç'den daha uzun gen bölgelerinden sonuç alınması zordur. Genelde cinsiyet belirlemede kullanılan 106-112 bç'lik amelogenin bölgesi gibi kısa bölgeler aDNA çalışmalarında analiz edilir. Mitokondriyal DNA'nın daha küçük bir genoma sahip olması, yapısal avantajı ve hücrede binlerce kopyasının olmasıyla aDNA çalışmalarında sonuç alma oranı çekirdek DNA'ya göre çok daha yüksektir. PZR optimizasyonu DNA miktarının çok az olması nedeniyle yapılacak çalışmalarda önem arz etmektedir. aDNA örneklerinde PZR inhibitörlerinin bulunma riski yüksektir. Dekalsifikasyonun yeterli olmaması, örneğe bulaşan kimyasalların miktarının fazla olması veya iyi temizlenememeleri, gibi durumlarda risk fazladır. aDNA izolasyonundan sonra uygulanacak kolon pürifikasyon yöntemi ile kısmen uzaklaştırılsa da uygulanan her ek işlemin aDNA miktar kaybına neden olabileceği göz önünde bulundurulmalıdır. Pozitif ve negatif kontrol örneklerinin kullanılması PZR

çalışmalarının sonucunun değerlendirilmesi açısından önemli olmaktadır (Tekeli ve Elma, 2016: s. 37).



**Şekil 3:** Polimeraz Zincir Reaksiyonu

(<http://longroadtoinnovation.wordpress.com/2018.11.01/polymerase-chain-reaction-innovation-that-revolutionized-molecular-biology>)

### 2.5.3. Agoroz Jel

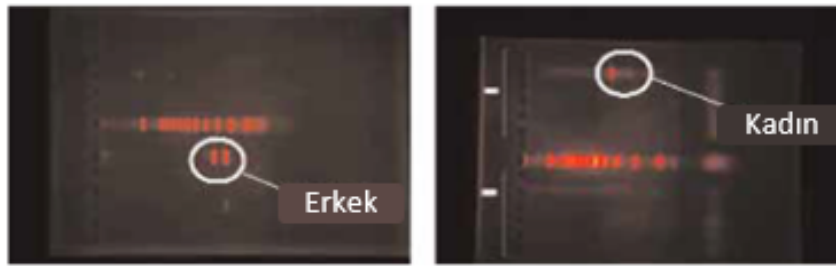
Elektroforez yöntemi ile PZR ürünleri görüntülenerek değerlendirilebilmektedir. Jel elektroforezi, saflaştırılmış nükleik asit ve proteinlerin molekül ağırlığı, miktarı ve alt tiplerinin saptanmasında yaygın olarak kullanılan moleküler bir inceleme yöntemidir. En çok kullanılan jel elektroforezi yöntemleri, agaroz jel elektroforezi ve poliakrilamid jel elektroforezidir. Nükleik asitler için genellikle agaroz jel, proteinler için ise poliakrilamid jel elektroforezi kullanılmaktadır. Elektroforetik analiz; elektriksel bir alanda ve ortamda çözülmüş moleküllerin elektrik yüklerine göre göç etmeleri prensibine dayanır. Büyük moleküller jel üzerinde yürümekte zorluk çekerken küçük moleküller daha hızlı ve rahat hareket edebilir. Molekülün anoda (+ kutup) ya da katoda (- kutup) doğru hareket etmesi, molekül üzerindeki net yük ile belirlenir. DNA ve RNA molekülleri, serbest fosfat gruplarından dolayı eksi yüklü moleküllerdir. Bu nedenle jel üzerinde katottan anoda doğru hareketlenirler. Elektroforez deneyleri tampon çözeltileri içinde yapılır. Bunun iki temel nedeni vardır. Birinci neden akımın geçişini sağlamak için ortamın elektrolit



miktarını artırmaktır. İkinci nedense ortamın pH'sinde meydana gelebilecek radikal değişimlere izin vermemektir.

Agaroz jel elektroforezi, DNA parçalarını ayırmak ve tanımlamak için kullanılan standart yöntemdir. Bir agaroz jel boyunca bir elektrik alanı uygulanarak, negatif yüklü DNA jelden pozitif anoda doğru geçmesi veya elenmesi için zorlanır. Aynı büyüklükteki DNA fragmanları aynı mesafeyi geçirir ve bir bant oluşturmak üzere bir araya toplanır. Bağlanan DNA fragmanlarının jel üzerindeki yerini belirlemek için ortamda UV ışığı altında flüoresan etki gösteren etidyum bromürün (EB) veya benzeri bir ışığıcı maddenin bulunması gerekmektedir. UV ışığına bakıldığında, etidyum bromürlü DNA bantları flüoresan olduğunda görülerek tanımlanabilmektedir (Tierney, 2008: s. 153).

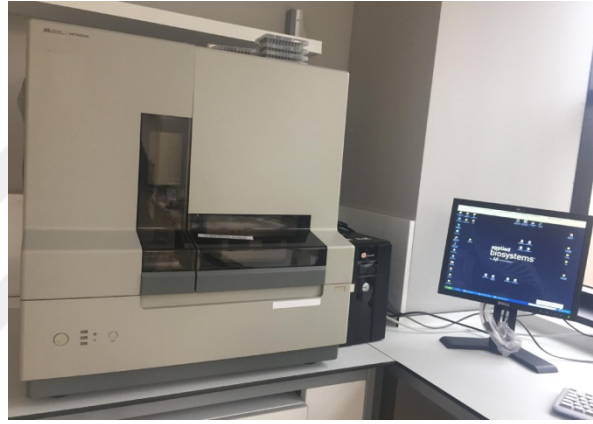
İnsanların cinsiyetini, bu biyolojik PZR ve agaroz jel elektroforezi tekniklerini kullanarak belirlemek için; DNA, hem X hem de Y kromozomlarında bulunan amelogenin geninden çoğaltılır. İlgili DNA fragmanı çoğaltıldıktan sonra, bir agaroz jel üzerinde ayrıştırılır. Ayrılan parçaların boyutları, bilinen boyuttaki parçalarla karşılaştırılarak tahmin edilir. Erkek DNA'sında bir agaroz jel üzerinde iki bant görülmektedir, X kromozomundan bir bant Y kromozomundan bir bant almaktadır. Dişi DNA'sı jelde bir bant gösterir, X kromozomundan (XX) aynı büyüklükte bir bant almaktadır (Şekil 4) (Mays ve Cox, 2000: s. 522).



**Şekil 4:** Agaroz Jel Üzerinde aDNA'dan Cinsiyetin Belirlenmesi (Tierney, 2008: s. 153)

#### 2.5.4. Yeni Nesil Dizileme (YND)

aDNA incelemesi, yeni teknolojilerin ortaya çıkmasıyla, yani PZR'dan geleneksel Sanger dizilişinden YND'ye geçişle gelişim yaratmıştır (Şekil 5). Bu gelişim büyük ölçüde, milyonlarca DNA parçasının eşzamanlı olarak sıralanmasına olanak sağlamaktadır. Aynı zamanda YND teknolojileri genetik veri üretmek için gereken zaman, maliyet ve ham biyolojik malzeme miktarını azaltmaktadır (Margulies vd 2005: s. 376).

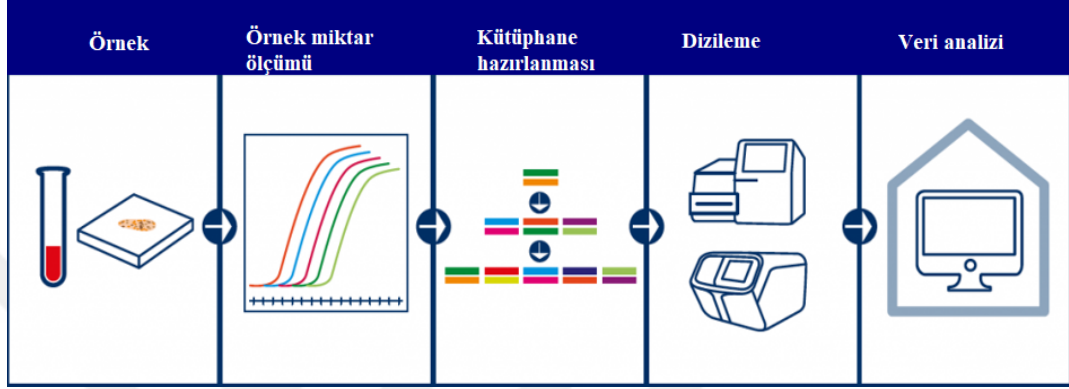


*Şekil 5: Sanger Cihazı*

Sanger dizileme bugün hala DNA dizi analizi için kullanılsa da sonuç verme süresinin uzun olması ve maliyetin pahalı olması gibi dezavantajlara sahiptir. Son yıllarda gelişen YND teknolojisi ile yüksek miktarda verinin hızlı bir şekilde ve düşük maliyette analizi yapılabilmektedir (Doğan vd, 2017: s. 28). Dr. Biesecker ve meslektaşlarının 2016 yılında gerçekleştirdikleri araştırma sonucu: DNA dizi varyantlarının doğruluğunu kontrol etmek amacıyla kullanılan Sanger dizilemenin YND'ye göre daha fazla hata yaptığı ortaya konmuştur. YND yöntemlerinin avantajı, aynı anda milyonlarca kısa DNA parçasının dizilenebilmesi ve sonrasında da bu dizilerin elektroforeze ihtiyaç duyulmaksızın direk olarak okunabilmesidir (Benowitz, 2016: s. 1).

YND yönteminin temeli, DNA'nın enzimatik reaksiyonları ile kesilmesi, çok sayıda DNA parçasıyla bir kütüphane oluşturulması ve DNA parçalarının çoğaltılmasına dayanmaktadır. Milyonlarca küçük DNA parçasının paralel sekanslama ile eş zamanlı

olarak dizilenmesi gerçekleştirilmektedir. Bu sayede genomdaki her bir bazın birden çok kez okunması mümkün olmakta ve varyasyonlar daha doğru bir şekilde tespit edilebilmektedir (Buermans ve Dunnen, 2013: s. 1932) (Şekil 6).



Şekil 6: Yeni Nesil Dizileme.

(<https://rvmais.iweventos.com.br/upload/craft/files/18h00%20-%20Ana%20Carolina%20-%20Interse%C3%A7%C3%A3o%20medicina%20de%20precis%C3%A3o.pdf>)

Tüm genom ve tüm ekzom dizileme yöntemleri özellikle nadir hastalıklara neden olan mutasyonların tanısında, yeni genlerin keşfinde, fenotipik ve genotipik olarak heterojenite gösteren hastalıkların tanısında yaygın olarak kullanılmaktadır (Petersen vd 2017: s. 1). Tüm ekzom dizileme ile sadece proteine çevrilen bölgelerin dizilenmesi amaçlanırken tüm genom dizileme ile insan genomunun tamamını oluşturan 3,2 milyar baz çifti, YND teknolojisi sayesinde günümüzde 1 gün gibi kısa bir sürede dizilenebilmektedir (Behjati ve Tarpey, 2013: s. 236).

Moleküler teknikler insanın tarih öncesi ve kökenleri hakkındaki temel anlayışımızı yeniden şekillendirmektedir. YND teknolojileri ve DNA dizileme işlemleri için maliyetin düşürülmesi milyonlarca dizilim reaksiyonunun paralel olarak gerçekleştirilmesi için benzeri görülmemiş bir fırsat sağlamaktadır (Leonardi vd 2016: s. 1). Bu teknolojik ve entelektüel gelişmeler aDNA'nın erişilebilirliğini büyük ölçüde artırmış ve yeni araştırma potansiyelini genişletmiştir. Mevcut tekniklerin birçoğu aDNA'nın özel ihtiyaçlarına uyacak şekilde uyarlanmış olmasına rağmen, laboratuvarında çalışmaların yapıldığı aşamada, tüm çalışma süresi boyunca protokoller karşılaştırılmalıdır. Yeni nesil dizileme sistemleri ile fosilden, eski insan kalıntılarından, saç, kemik gibi donmuş veya korunmuş

örneklerden elde edilen aDNA'ların geniş kapsamlı analizlerini yapmak mümkün olmaktadır (Hofreiter vd 2015: s. 285).

Arkeoloji alanında YND tekniği ilk olarak 2006 yılında mamut DNA'sına uygulanmıştır. Bu çalışmada tüm mitokondriyal genom analizi yapılmıştır. Birkaç yıl sonra, Arktik (kuzey kutbu ve çevresi)'de Qeqertasusuk bölgesinde bulunan bir paleo-Eskimo bireyinin iyi korunmuş saç örneğinden izole edilen aDNA'sından bu popülasyona dair önemli bilgiler elde edilmiştir. Bu çalışmada, yaklaşık 4000 yaşında bir erkekte yüksek oranda korunmuş 353,151 adet tek nükleotid polimorfizmi (SNP) tespit edilerek, bu bireyin Avrupa halklarıyla akraba olmadığı ortaya çıkarılmıştır. Bölgeye yaklaşık 5500 yıl önce Sibirya'dan göç edildiği anlaşılmış ve modern yerli Amerikalılar ile Inuit halkının buradan kökenlendiği tespit edilmiştir. Yapılan başka bir çalışmada YND ile 38.000 yaşında Neanderthal fosilinden elde edilen Y kromozomlu DNA dizilenerek günümüz insan ve şempanze DNA'ları ile karşılaştırılmış ve Neanderthal DNA dizisinin modern insan DNA dizilerinden 500.000 yıl kadar önce birbirinden ayrıldığı tespit edilmiştir (Rasmussen vd 2010: s. 757).

## ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

### 3. ARKEOLOJİK KAZILARDAN ELDE EDİLEN BİYOARKEOLOJİK ÖRNEKLER

#### 3.1. DNA ÇALIŞMALARI

Çeşitli biyoarkeolojik materyaller arkeolojik kazılardan elde edilerek aDNA çalışmaları için kullanılmaktadır. aDNA'yı her türlü örnek ve dokulardan izole etmek mümkündür. Genellikle kemik, diş, saç, kurumuş havyan ve bitki dokuları, yumuşak dokular, mumyalanmış dokular, koprolit, bitki kalıntıları aDNA çalışmalarında materyal olarak incelenmektedir (Rizzi vd 2012: s. 6). Genetik materyal olarak aDNA çalışmalarında, kemik ve diş gibi insan iskelet buluntularının değerleri giderek artmakta ve bundan dolayı en çok kullanılan biyoarkeolojik örnekler olmaktadır (Pääbo vd 2004: s. 649). Bunun nedeni sert dokularda su ve enzim olmamasından kaynaklanarak mekanik koruma sağlamasıdır. aDNA'lar genellikle çok bozulmuş ya da çevre etkisiyle çok fazla kirlenmiş ve karışmış olabilmektedir. Bu da araştırmalarda ilk başta umulduğundan daha yavaş bir gelişme sağlamaktadır. aDNA analizi için antik kalıntıları seçerken özgün DNA'nın korunması gerektiğinin farkında olunmalıdır. Genellikle, antik kalıntılar, on bin yıl öncesinden bugüne kadar aDNA analizi için dikkate alınmaktadır. Arktik ve Sub-kutup alanları gibi bazı soğuk bölgelerde, DNA analizi için gerekli olan numuneler çok daha eski olabilir. Bunun nedeni de bu ortamlardaki sıcaklığın düşük olmasından dolayı DNA'nın iyi korunmasıdır (Yang ve Watt, 2005: s. 334).

Canlı hücrelerde DNA'nın yapısı ve bütünlüğü, enzimatik onarım mekanizmalarıyla sürekli olarak korunmaktadır. Ölüm sonrasında DNA, lizozomal nükleazlar gibi enzimlerle seri olarak parçalanır. Ayrıca bakteri, mantar ve böceklerin makro molekülleri parçalaması ve beslemesi DNA parçalanmasına etki eder. Ancak bazı şartlar altında, örneğin ölüm sonrasında dokunun hızla kuruması ya da mineral matris içerisinde absorbe olmasıyla enzimatik ve mikrobiyal parçalanmaya uğramaktan kurtulabilir. Böyle durumlar, kimyasal süreçlere göre DNA'yı daha yavaş biçimde etkilemeye başlar. Bu

süreçlerin canlı hücrelerdeki DNA'ya etki eden süreçlerden farkı yoktur ancak ölüm sonrasında hücresel onarım mekanizmalarının çalışmaması nedeniyle bu hasarlar birikir ve geri dönüşü olmayan nükleotid dizi değişimlerini ortaya çıkarır (Pääbo vd 2004: s. 645-679).

### **3.1.1. Kemik**

Kemik genellikle en uygun bir aDNA kaynağı olarak kabul edilir. Çünkü DNA'nın hidroksiapatitlere bağlanması DNA bozulmasını yavaşlatır. Kemik sert yapılı olduğu için deneysel olarak DNA'nın kemikten elde ettiği verinin yumuşak dokudakilerden daha fazla olduğu fikrini desteklenmektedir (Sirak vd 2018: s. 283).

Kemik çalışmalarında DNA'nın iyi korunduğu femur, tibia, humerus ve kafatası kemiği gibi kalın ve sert olan kortikal kemiklerin seçilmesi çalışmanın başarısını artırmaktadır (O'Rourke vd 2000: s. 222; Daskalaki, 2004). Kemik dokusu kompakt ve süngerimsi kemiklerden oluşmaktadır. Süngerimsi kemik doku gözenekli ve hafif bir yapıya sahiptir. Büyüme sırasında kırmızı kemik iliğinin yerini, uzun kemiklerde sarı kemik iliği kademeli olarak almaktadır. Kemik dokusu vücut için bir kalsiyum rezervuarını temsil eder (White vd 2012: s. 16). Sert kemiklere göre süngerimsi kemikler, daha fazla DNA içermektedir, ancak gözenekli yapılarından dolayı kontaminasyon riski yüksektir. Kontaminasyon riskinden dolayı süngerimsi dokuların kullanılması aDNA çalışmalarında çok da uygun olmamaktadır (Campos vd 2011: s. 7).

En önemli kemik çalışmalarındaki buluşlardan biri, kafatasının küçük bir bölümünün pars petrosa ossis temporalis olarak bilinen iç kulak etrafındaki kemik kılıfının, kötü çevre şartlarına maruz kalan iskeletlerde bile zengin bir aDNA kaynağı olduğunun keşfedilmesidir. Bu yoğun kemik yüksek konsantrasyonlu endojen DNA içererek aDNA çalışmalarının hızı ve güvenilirliğinde muazzam bir artışa yol açmıştır (Prendergast ve Sawchuk, 2019: s. 2).

Kemik dokularından çalışma yapılırken lezyonsuz olan kemikler seçilmelidir; çünkü lezyonlar kontaminasyon için ciddi bir kaynak oluşturmaktadırlar. Küçük

kemiklerden parçacıklar ya da uzun kemiklerden sondaj veya kesitler alınarak elde edilen 100-200 mg'lık kemik tozu aDNA çalışması için genellikle yeterli olmaktadır (Pääbo vd 2004: s. 648; Rohland ve Hofrieter, 2007: s. 1756).

### 3.1.2. Diş

Dişler; birçok nedenlerden dolayı aDNA için tercih edilmektedir. Yapılan çalışmalar, diş örneklerinde kemiğe oranla daha fazla genomik DNA bulunduğunu göstermektedir (Bilge vd 2003: s. 141). Dişler, çeneler içerisindeki konumlarından dolayı büyük ölçüde ölüm sonrası parçalanma ve DNA bozulması süreçlerini hızlandıran çevresel ve fiziksel koşullardan korunurlar (Higgins ve Austin, 2013: s. 433).

Dişler, histolojik olarak 4 tabakadan oluşmaktadır:

**1. Mine;** dişin mine tabakası, insan vücudundaki en sert ve dayanıklı dokudur. Sıcaklık, UV, ışık, nem ve mikrop gibi çevresel şartlara karşı fiziksel bariyer oluşturarak diş hücrelerini korumaktadır. Ayrıca dişin mine tabakası kontaminatların içeri girmesine engel olduğu için, kontaminasyon riski daha az olmaktadır. Dişin sert ve dayanıklı mine tabakası DNA'yı diş etkilere karşı koruyarak degradasyon ve kontaminasyon riskini en aza indirmektedir, fakat DNA'dan yoksun olmaktadır. Bu yüzden diş örneği çalışılacağı zaman mine dokusu ile diğer diş dokuları karıştırılırsa minenin içerdiği kalsiyum (%97 kalsiyum tuzu) ve fazla miktarda mineralinin olması DNA ekstraksiyonu ve PZR amplifikasyonunu engelleyebilmektedir (Higgins ve Austin, 2013: s. 438).

**2. Dentin;** dişin hacmini veren ve neredeyse diş boyunca uzanan bağ dokusudur. Dentin mine tabakasından daha yumuşak ve buna karşı kemikten daha serttir. Dentin, taç kısmında mine, kök kısmında da sement ile örtülüdür. Dentin çok sayıda kanalcık içerir. Bu kanalcıkların içi diş özü sınırındaki dentin yapıcı hücrelerin uzantıları olan iplikçiklerle doludur. Dentin oluşumu dişin canlı kaldığı sürece devam eder bu nedenle dentinin tamir yeteneği vardır (Korlevic vd 2015: s. 87).

**3. Sement;** dentin ve sement dişin sert tabakalarını oluşturuyor. Sement diş kökünün üzerini kaplayan kalsifiye bağ dokusudur. Diş kökleri ve özellikle sement kaplama

tabakası köklerin aDNA analizi için optimal bir substrat olduğu da gösterilmiştir. Eski dişler iyi korunduğunda, sement tabakası genellikle petroz kemiği ile karşılaştırılabilir düzeyde endojen DNA içerebilmektedir (Hansen vd 2017: s. 2).

**4. Pulpa;** diş özü denilen yumuşak tabakayı oluşturur ve kan damarları ile sınırları içeren tabakadır. Bu tabakadan DNA izole edilir. DNA dişin pulpasındaki çekirdekli hücrelerde ve dişin dentin tabakasındaki mitokondrilerde bulunur. Dişteki en zengin DNA pulpada bulunmaktadır, fakat yaşa bağlı olarak veya hastalıklı dişlerde pulpa kalitesi farklı olabilir (Higgins ve Austin, 2013: s. 435).

aDNA çalışmalarında materyal olarak diş çalışılacak ise morfolojik olarak iyi korunmuş, patolojik bulgusu olmayan, aşırı derecede aşınmış ve çürük olmayan dişler tercih edilmelidir. Çünkü diş çürüğü aDNA'nın elde edildiği pulpaya kadar girdiği için DNA'nın kontaminasyona uğramasına izin vermektedir (Kemp ve Smith, 2005: s. 53).

### **3.1.3. Kurumuş Yumuşak Doku**

İnsan kaynaklı aDNA çalışmalarında yumuşak doku da kullanılmaktadır. aDNA izole etmek için kaynak olarak yumuşak dokuların kullanılması durumunda öncelikle yüzeyle teması olmayan ve kurumuş haldeki yumuşak doku örnekleri seçilmelidir. Kurumuş haldeki yumuşak dokuda sıvı oranının düşük olması dokuyu ve dolayısıyla da DNA'yı suyun ya da nemin neden olduğu hidrolitik zararlardan koruyabilmektedir (Cooper ve Hendrik, 2000: s. 1139). Yumuşak doku örnekleri ölüm sonrası mikroorganizmalar tarafından yok edilirler. Fakat kuru ve sıcak ortamlarda bulunan cesetlerde meydana gelen mumyalaşmadan dolayı oluşan kurumuş doku örneklerinde mikroorganizmaların yaşaması için uygun ısı ve nem olmadığından uzun yıllar bozulmadan kalabilmektedir. Bu nedenle de yumuşak doku örnekleri önemli bir DNA kaynağı olmaktadır. 1985 yılında Pääbo 200 yıllık, 23 Mısır mumyası üzerinde sol alt bacağına ait kurumuş yumuşak dokudan örnek alarak DNA analizi yapmıştır (Pääbo, 1985: s. 664).



### **3.1.4. Koprolit (Dışkı Fosili)**

DNA'nın en iyi bilinen kaynakları olarak; fosil, antik organizmaların yumuşak dokuları, dişleri ve kemikleri kullanılmaktadır, fakat dışkı gibi daha az belirgin kaynaklarda ise diğerleriyle eşit oranda önemli bir DNA kaynağı bulunmaktadır. Bu tür maddeler çeşitli yerlerde muhafaza edilebilmektedir.

## **3.2. DNA ANALİZİNİ KISITLAYAN SORUNLAR**

aDNA çalışmalarında karşımıza çıkan sorunlar degradasyon, kontaminasyon ve PZR inhibitörleri olmaktadır. Bu gibi sorunlarla karşılaşmamak için önlem alınması gerekmektedir. Aksi takdirde analizlerden sonuç alınamamasına ve/veya yanlış pozitif sonuç alınması gibi durumlarla karşılaşılabilir. Bunun için laboratuvar koşullarının aynı zamanda çalışan araştırmacının bilgi ve tecrübesinin yeterli olması gerekmektedir (Tekeli ve Elma, 2016: s. 30).

### **3.2.1. Kontaminasyon**

DNA çalışmalarında karşılaşılan sorunlardan biri kontaminasyon riskidir. aDNA çalışmalarında kullanılan örnekler çok eski olduğundan hem DNA degradasyona uğradığı için hem de örneklerde ki DNA miktarının çok az olmasından dolayı çalışmalar sırasında modern DNA'dan kontamine olma olasılığı oldukça yüksektir (Yang ve Watt, 2005: s. 331).

Kontaminasyon direk temas ya da dolaylı yoldan gerçekleşebilir. İnsan DNA'sı ile ilgili çalışmalarda bakteri ya da mantar DNA'sının bulaşması kontaminasyon olarak adlandırılmaz. Çünkü insana özgü primerler kullanıldığından bu örnekler amplifiye olmayacaktır. Ancak çalışmada kirlilik yaratabilmektedir. Kısacası aynı türe ait olmayan canlıların DNA'ları birbirini kontamine etmezler. Bunun nedeni DNA üzerinde insana özgü gen bölgelerinin PZR aşamasında kullanılmasıdır. İnsan kalıntıları ile yapılan çalışmalarda ortaya çıkabilecek kontaminasyonlar yine insan kaynaklı olmaktadır (Rizzi vd 2012: s. 9).

Kontaminasyon riski farklı aşamalarda gerçekleşebilir. Örneğin; laboratuvar ortamında DNA izolasyonu veya PZR aşamasında olabileceği gibi kazı alanında kazı ekibi tarafından da oluşabilmektedir (Akbaba, 2017: s. 100). Kontaminasyon kazıyı yapan ekip veya arkeologlar tarafından kazı sırasında el ile temastan dolayı olabilmektedir. Bu yüzden kontaminasyon riskini en aza indirmek için bazı önlemlerin uygulanması gereklidir. Kazı işlemleri sırasında, kazı ekibi mutlaka eldiven ve maske kullanmalıdır. Her bir örnek için kullanılan eldivenler ayrı olmalıdır. Kazı işlemleri olabildiğince hızlı bir şekilde yapılmalı ve örnekler güneş ışığına maruz bırakılmamalıdır. Toprak altından çıkartılan her bir örnek ayrı ayrı paketlenmelidir. Toprak altından çıkartılan iskeletler laboratuvar ortamına getirilinceye kadar kuru ve serin bir ortamda muhafaza edilmelidir (Bollongino vd 2008: s. 92). Ülkemizde aDNA'ların steril ortamda çalışılması için ilk aDNA laboratuvarı Antropoloji Anabilim Dalı Başkanı Prof. Dr. Yılmaz Selim ERDAL tarafından Hacettepe Üniversitesi, Antropoloji Bölümü bünyesinde 2019 senesinde kurulmuştur.

DNA analizi için seçilen örneklerin kazı alanından taşınırken veya toprak altında kontaminasyona maruz kalabileceği göz önünde bulundurulmalıdır. Laboratuvara çalışmak için getirilen örneklere fiziksel ve kimyasal temizlik yapılmalıdır. Kontaminasyonu önlemek için örneğin temizliği ile ilgili alınacak tedbirler araştırmacı tarafından çok iyi ayarlanmalıdır (Prendergast ve Sawchuk, 2019: s. 1). Fiziksel temizlik yapılırken örnekler kesinlikle su altında yıkanmamalıdır. Bunun nedeni su kemik dokusuna hidrolitik zarar verdiği için DNA'nın bozulmasına neden olacaktır. Süngerimsi doku gibi gözenekli yapılarda oluşacak nem mikroorganizmaların üremesine ortam sağlayacak bu da kontaminasyon riskini artıracaktır. Kemik yüzeyinde bulunan kontaminantların uzaklaştırılması için kimyasal temizlik aşamasında çeşitli dezenfektanlar (Sodyum dodesil sülfat, sodyum hipoklorit) kullanılabilir. Kullanılacak olan kimyasal madde sulandırılarak dişin veya kemiğin dış yüzeyi fırça yardımıyla temizlenir. Temizlemek için çok yıkıcı önlemler alınması bu defa örneğin kendisine ve içerdiği DNA molekülüne zarar verebilmektedir. Yeterli bir temizlik yapılmaması da kontaminasyonu engellemeyeceği için DNA analizinden sonuç alınmamasına sebep olur (Kirsanow ve Burger, 2012: s. 125; Yang ve Watt, 2005: s. 333). DNA izolasyonunun

yapılabilmesi için temizlik aşaması biten kemik örneğinden kesitler alınarak toz haline getirilmesi (pulverizasyon) gerekmektedir. aDNA çalışmasında materyal olarak diş kullanılacak ise yapılacak olan antropolojik çalışmalar dikkate alınarak dişin tamamını toz haline getirmemek gerekir. Dişin pulpa kısmına doğrudan ulaşmak için farklı yöntemler kullanılmaktadır. Bunlardan biri dişin ortadan iki yere parçalanmasıdır, fakat dişin ortadan parçalanması dişe morfolojik olarak zarar vereceği için bu yöntem tavsiye edilmemektedir. Uygulanacak diğer yöntem ise; dişin morfolojisine zarar vermeden kanal veya ters kanal yöntemi ile pulpa elde edilerek aDNA'nın çalışması mümkün olmaktadır (Ba Hoang Anh Mai vd, 2020: s. 4).

### **3.2.2. Degredasyon**

Ölüm sonrası dönemde DNA hasarı (degredasyon), endojen hücre içi enzimlerin (örneğin lipazlar, nükleazlar ve proteazlar) serbest bırakılmasıyla başlayarak, istilacı mikroorganizmalar ve çevresel omurgasızlar tarafından üretilen eksojen enzimler tarafından sürdürülmektedir.

aDNA çalışmalarında çevresel faktörlerin oluşturduğu degredasyon ve buna bağlı olarak uzun yıllar boyu meydana gelen DNA miktarının azalması karşılaşılan önemli bir sorundur. Zamana bağlı olarak farklı derecelerde oksidatif ve hidrolitik hasar sonucu DNA degrade olur. DNA hasarı çevresel olumsuzlukların şiddetine, süresine göre çoğalabilir ve analizlerde sonuç alınacak kalitede DNA elde edilemeyebilir. DNA'nın hasar görmesine neden olan sebepler arasında: pH, sıcaklık, oksijen varlığı, serbest suyun varlığı ve nem gibi unsurlar sayılabilir (Sirak ve Sedig, 2019: s. 565).

#### **3.2.2.1 Isı**

Ortam şartlarının aDNA üzerindeki etkisine bakıldığında nemin az olduğu, sıcaklığın düşük olduğu ve mikroorganizmaların olmadığı kuru ortamlarda DNA'nın daha iyi korunduğu gözlemlenmiştir. Her arkeolojik kazı alanının kendine özgü gömü ve iklim özellikleri olduğundan bu etkenler göz önüne alınmadan DNA degradasyon durumu ile

ilgili yorum yapılamaz. Kazı yapılan bölgeler arasında sağlam DNA miktarı açısından farklılıklar gözlenebilir. Burada çoğunlukla toprak yapısı etkilidir. Düşük sıcaklıklarda birçok kimyasal reaksiyon ve mikrobiyal faaliyetler yavaşlar. Sıcak iklime kıyasla soğuk bölgelerde yapılan kazılarda daha korunmuş DNA örneklerine rastlanılmaktadır (Bollongino vd 2008: s. 96).

### **3.2.2.2. Nem**

aDNA çalışmalarında sorun oluşturan DNA degradasyonu için temel problemlerden biri de nem olmaktadır. Uygun sıcaklık, nem ve pH ortamlarında mikroorganizmaların çoğalması hızlanarak kemik dokusuna daha fazla zarar vermektedir. Düşük sıcaklıklar ve nemli olmayan kuru ortamlar mikroorganizmaların faaliyetlerini yavaşlattığı için kazıdan çıkarılan örnekler düşük sıcaklık ve serin ortamda muhafaza edilmelidir (Kirsanow ve Burger, 2012: s. 125).

### **3.2.2.3. Fiziksel Hasarlar**

DNA analizi için kemikler morfolojik olarak incelenmelidir ve iyi korunmuş kortikal kemikler seçilmelidir. Oluşabilecek kontaminasyon riskinden dolayı lezyonlu kemikler tercih edilmemelidir. Gözle görülebilen kırık ve çatlak olan kemikler seçilmemelidir. Topraktan gelebilecek mikroorganizmalar bu çatlaklardan kemiğin korunaklı iç katmanlarına ulaşarak degradasyona ve kontaminasyona neden olabilir. Bu sebeplerden dolayı morfolojik olarak iyi durumda olmayan veya patolojik bulguları olan kemikler DNA analizi için seçilmemelidir (Tekeli ve Elma, 2016: s. 33).

## DÖRDÜNCÜ BÖLÜM

### 4. ANADOLU'DA YAPILAN ARKEOGENETİK ÇALIŞMALAR

#### 4.1. HAPLOGRUP, YAŞ VE CİNSİYET ÇALIŞMALARI

Haplogruplar A'dan Z'ye doğru tanımlanıp, sıralanarak mtDNA'nın filogenetik ağaçta haplotipe karşılık gelmektedir. Orta ve Doğu Asya popülasyonları A, B, C, D, F; Batı Avrasya popülasyonları H, HV, I, J, K, M, N, R, T, U ve Z haplogruplarında daha sık gözlemlenmektedirler (Forster, 2004: s. 256). Bu çalışmada Anadolu'da farklı eski yerleşimlerde yapılan araştırmalarda haplogrup incelemeleri ile farklı insan popülasyonlarının küresel göç yollarını izleyerek, tarihin farklı dönemlerinde farklı kültürlerle ev sahipliği yapmış bölgelerdeki nüfus devamlılığı, aynı zamanda da popülasyonların tahmini yaşını ve cinsiyetlerinin değerlendirilmesi yapılmıştır.

##### 4.1.1. Tepecik-Çiftlik ve Boncuklu Höyük

Tepecik-Çiftlik arkeolojik yerleşimi Niğde'nin Çiftlik ilçesi sınırları içerisinde yer almaktadır. Bölge ilçe merkezine 1 km uzaklıkta olup ve denizden yüksekliği 1500 m olan Melendiz Dağları ile çevrelenmiştir (Büyükkarakaya vd, 2009: s. 119). 1960'lı yıllarda ilk olarak Tepecik-Çiftlik Höyüğü, I. A. Todd tarafından yüzey araştırmaları sonucu keşfedilmiştir. Bölgedeki volkanik faaliyetlerin bir sonucu olarak ortaya çıkan zengin obsidiyen kaynaklarının bölgedeki Neolitikleşme sürecinde etkili olduğu düşünülmektedir (Bıçakçı vd, 2012: s. 90).

Boncuklu Höyük, Konya'nın güneybatı havzasında Çatalhöyük'ün 9 km kuzeyinde bulunan küçük bir arkeolojik yerleşim yeridir. Çatalhöyük'ten farklı olarak, Boncuklu Höyükteki evler birbirinden bağımsız olarak inşa edilmiştir. Günlük aktivitelerin gerçekleştirildiği ve yemeklerin pişirildiği ortak mutfak alanı da mevcut olmuştur. Bu da sosyal açıdan birbirleriyle etkileşimlerinin olduğunu göstermiştir (Özdoğan vd, 2012: s. 219).

Kılınç ve meslektaşlarının Tepecik-Çiftlik ve Boncuklu Höyük ile ilgili yaptıkları araştırmada, çiftçiliğin görüldüğü ilk yerleşik yerlerden biri olan Orta Anadolu'nun en eski çiftçilerinin antik genomları incelenmiştir. Bu araştırmada Orta Anadolu'daki iki farklı Neolitik yerleşim yeri olan Tepecik-Çiftlik ve Boncuklu Höyük MÖ 8300 ve MÖ 5800 yıllarına tarihlendirilmektedir (Kılınç vd, 2016: s. 2660). Boncuklu Höyükte yapılan kazılarda bir dizi bina ile yakından ilişkili olan küçük bir alanda gömülen 4 bireyden, Tepecik-Çiftlik'te yapılan arkeolojik kazılardan elde edilen 5 bireyden diş ve petroz kemik örnekleri alınarak aDNA analizi için ayrılmıştır. aDNA analizleri Orta Doğu Teknik Üniversitesi'nde aDNA laboratuvarında gerçekleştirilmiştir (Kılınç vd, 2016: s. 2661).

*Yöntem:* Laboratuvara getirilen örnekler ilk önce dekontaminasyon işleminden sonra toz haline getirilerek, iki farklı protokole göre DNA izolasyonu yapılmıştır. İlk protokolde, 300 mg kemik tozundan DNA ekstraksiyonu elde edilmiştir. Kemik tozu, 1608 µl lizis tamponu (0.5 M EDTA pH8, 20 mg/ml Proteinaz K) ile karıştırılmıştır. Önce 56°C'de 24 saat, ardından 37°C'de 24 saat çalkalayıcı inkübatörde inkübe edilmiştir. DNA ekstraksiyonu için 104 µl'lik son bir elüsyon ile silika döndürme kolonları kullanılmıştır. İkinci protokolde 80-150 mg kemik tozunu ekstraksiyon tamponu (0.45 M EDTA pH8, 0,25 mg/ml Proteinaz-K) ile karıştırılarak çalkalayıcı inkübatörde en az 18 saat 37°C'de inkübe edilmiştir ve daha sonra süpernatant elde etmek için santrifüjde döndürülmüştür. 13 µl bağlama tamponu (5 M Guanidin Hidroklorür, %40 İzopropanol, %0.05 Tween-20, 90 mM Sodyum Asetat) süpernatanta eklenmiştir. Bu karışım, 48 µl Qiagen Elüsyon Tamponu ile ayrıştırılan, DNA'yı bağlamak ve yıkamak için Qiagen PZR Minelute döndürme kolonlarından geçirilmiştir. aDNA dokuz bireyin petroz kemik ve diş örneklerinden izole edildikten sonra çift zincirli kütüphaneler hazırlanarak Illumina HiSeq2500 ve X platformlarında dizilemesi yapılmıştır. Bu bireylerden genom dizi verileri oluşturularak, kişi başına 0,03 kat ile 6 kat arasında bir ortalama kapsama alanı ile tüm genomu belirlemek için doğrudan shotgun dizileme metodu da kullanılmıştır. Mitokondriyal haplogrupları belirlemek için ise PhyloTree ve Haplofind metotları uygulanmıştır. Mitokondriyal genom kapsamı 66 ile 2.379 kat arası olarak, beş Tepecik-Çiftlik ve üç Boncuklu Höyük bireyinin tümü daha önce Avrupa'daki Neolitik çiftçilerde

bulunan haplogrupları (haplogruplar K ve N) taşımış olduğu görülmüştür. Boncuklu Höyük bireylerinden biri Kuzeybatı Anadolu (Çanak Çömlek) Neolitik yerleşimi olan Barcın'da ve Erken Neolitik Avrupalı çiftçilerde de gözlemlenen, ancak Avrasya avcı-toplayıcılar arasında görülmeyen haplogrup U3'ü ait olduğu belirlenmiştir. Ry yöntemi kullanılarak tüm bireylerin biyolojik cinsiyeti tayin edilmiştir. Bu yöntemle minimum 30 eşleşme kalitesine sahip okumalar yapılmıştır. Y kromozomuna yapılan okuma eşleşmelerinin hem X hem de Y kromozomlarına eşlenenlerine oranını hesaplayarak 5 kişinin erkek, 4 kişinin ise kadın olduğu belirlenmiştir (Tablo 1) (Kılınç vd, 2016: s. 2662).

Örnek	mtDNA Kapsamı	Genom Kapsamı	Genetik Cinsiyet	mtDNA Haplogrup
Bon001	654.604	0.166	XY	U3
Bon002	2,379.090	6.688	XX	K1a
Bon004	351.234	0.243	XY	N1a1a1
Bon005	68.615	0.039	XX	N1a1a1
Tep001	66.812	0.023	XY	K1a
Tep002	730.833	0.721	XX	K1a12a
Tep003	281.963	0.694	XY	N1b1a
Tep004	391.608	0.473	XX	N1a1a1
Tep006	259.879	0.267	XY	N1a1a1

**Tablo 1:** Dokuz Bireyin İstatistik Dizi Verilerinin Özeti (Kılınç vd, 2016: s. 2662)

Daha sonra Orta Anadolu'nun Neolitik döneme ait dokuz bireyinden elde edilen genom dizisi verileri kullanılarak, tarımın Bereketli Hilal'in batısına yayıldığı görülmüştür ve Erken Aseramik (Çanak Çömlek Öncesi) Dönemi ile Çanak Çömlekli Neolitik Dönem'ine geçişi incelenmiştir.

*Bulgular ve Yorum:* Yapılan araştırmada, ilk çiftçilerdeki genetik çeşitliliğin bariz şekilde az olduğunu Avrupa'daki yiyecek arayan gruplarla aynı düzeyde olduğu bulunmuştur. Ardından, çanak çömleğin ortaya çıkışıyla birlikte toplumlar içindeki genetik çeşitlilik erken Avrupalı çiftçilerde bulunan seviyelere ulaştığı görülmüştür. Avrupa'ya yayılan, en erken Neolitik dönem Orta Anadolu'lularının, ilk Neolitik göçmenlerle aynı gen havuzuna ait olduğu doğrulanmıştır. Ayrıca, Tepecik-Çiftlik ve Boncuklu Höyük bilimsel verileri sonucunda, MÖ 4-3.binli yıllarda yaşayan Anadolu

çiftçileriyle Kalkolitik dönem Güney Avrupalılar arasında genetik yakınlıklar olduğu ortaya çıkmıştır. Aynı araştırmacılar ilk Neolitik yayılmadan sonra Yamnaya kültürü ile ilgili göçlerden önce ek bir Anadolu göçmen dalgası olduğunu düşünmüşlerdir. En eski çiftçi toplumlarının demografik olarak toplayıcılara benzediği ve ancak bölgesel gen akışı ve artan heterojenlikten sonra çiftçi popülasyonunun Avrupa'ya yayılmasının gerçekleştiği öğrenilmiştir (Kılınç vd, 2016: s. 2666). Anadolu ve Avrupalı çiftçiler arasındaki benzerlikler, Anadolu'dan Avrupa'ya iki gen akışı olduğunu göstermektedir. Neolitik geliştikçe hareketliliğin artması ile de genetik çeşitliliğin de arttığı gözlemlenmiştir.

#### **4.1.2. Batman Beşiri Çemialo Sırtı Kazısı**

Batman Beşiri Çemialo Sırtı Kazısı; Türkiye'nin güneydoğusunda, Batman ilinin Beşiri ilçesine bağlı Gedikli mezrası olan Yazıhan köyü sınırları içerisinde yer almaktadır. Yerleşme, Garzan Çayı'nın batı taraçaları ve yamacına kurulmuştur. Kuzey Mezopotamya bölgesi Tunç çağından bu yana çeşitli dramatik sosyal değişime tanıklık etmesine rağmen, bu bölgenin demografik tarihi üzerindeki etkisi tam olarak bilinmemektedir.

Yapılan çalışmalar için örneklerin toplandığı mezar yerlerinin çoğu yaklaşık olarak MÖ 600-500 yıllarına tarihlenen yerleşim yerlerinden birine aittir. Bölgenin demografik tarihi ile ilgili sorulara cevap bulmak için kazı çalışmasından elde edilmiş arkeolojik malzemelerden rastgele üç iskelet seçilerek radyokarbon analiz yöntemi ile tarihlendirme yapılmıştır. Sonuçlara göre; Batman Beşiri Çemialo Sırtı MÖ 2 ve MÖ 1.binyıl olmak üzere, iki dönemde de yerleşim görmüştür. Batman Beşiri Çemialo Sırtı Kazısı'nda, Erken Demir Çağı göçebe eşyalarının yanı sıra, Geç Akhaimenid ve sonrasında Hellenistik Dönem'e ait buluntular da ortaya çıkarılmıştır (Yaka vd 2017: s. 192).

Yaka ve meslektaşları, Geç Demir Çağı yerleşimi olan Batman Beşiri Çemialo Sırtı kazısındaki insan iskelet örneklerinden arkeolojik ve genetik (aDNA ve mtDNA) analizler yapmışlardır (Yaka vd 2017: s. 191). Bu çalışmada, eski insan örneklerinin mtDNA'sının iki sekansı amplifiye edilerek dizilenmiştir. Batman Beşiri Çemialo Sırtı Kazısı mtDNA sekanslarının eski ve modern Batı Avrasya popülasyonları ile



karşılaştırılması yapılarak Kuzey Mezopotamya'nın demografik tarihine katkıları ve sürekliliği incelenmiştir.

aDNA çalışması için kontaminasyon riski az olan ve daha fazla DNA içeren sert, iyi korunmuş örnekler seçilmiştir. aDNA ekstraksiyonu için PZR amplifikasyonu ve sekanslama gibi prosedürleri takip etmek amacıyla Batman Beşiri Çemialo Sırtı kazı alanından çıkartılan 16 insan iskeletinden 22 kemik ve diş örneği kullanılmıştır. İskeletlerden 8'i kadın, 3'ü erkek olarak tespit edilmişken, 5 iskeletin cinsiyeti belirlenememiştir.

*Yöntem:* Laboratuvara getirilen diş ve falanks (parmak kemiği) örnekleri için Ottoni ve meslektaşlarının yaptığı deney protokolü kullanılmıştır. Örnekler dekontaminasyon işleminden sonra toz haline (0.2-0.3g) getirilerek üzerlerine protokole göre hazırlanmış proteinaz-K içeren liziz taponu eklenerek slika bazlı spin kolon sistemi ile DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. mtDNA'nın HVRI-HVRII bölgeleri amplifiye edilerek HVRI ile HVRII bölgeleri için sırası ile 357 bp (16009-16365) ve 217 bp (49-265) arasında 5 ve 2 olmak üzere üst-üste çakışan fragmanlar kullanılarak dizileme yapılmıştır (Ottoni vd 2011: s. 572). PZR amplifikasyonu için her örnekten üç bağımsız ekstrakt hazırlanarak her ekstrakt için üç bağımsız amplifikasyon yapılmıştır. Birbirinden bağımsız ekstrakt ve PZR tekrarından üst üste çakışan üçten az tutarlı diziler deney dışı bırakılmıştır. mtDNA'nın her iki iplikçisinde de okumalar yapılarak üst üste çakışan HVRI ve HVRII fragmanları belirlenmiştir. Popülasyonlar arasındaki popülasyon genetik farklılaşmasını ölçmek için  $F_{ST}$  (popülasyonlar arasında benzerlik derecesini oluşturan bir istatistik değer) kullanılmıştır. Haplotip çeşitliliği ve çift genetik mesafeleri incelenerek, Batman Beşiri Çemialo Sırtı popülasyonunun Batı Avrasya'daki eski ve modern nüfus ile karşılaştırması yapılmıştır. Spesifik popülasyon karşılaştırmalarını test etmek için birleşik simülasyonlar uygulanmıştır (Yaka vd 2018: s. 5).

*Bulgular ve Yorum:* Uygulanan genetik çalışmalar Orta Doğu Teknik Üniversitesi'nin aDNA laboratuvarında gerçekleştirilmiştir. Kontaminasyon riskini önlemek için araştırma ekip (arkeologlar, antropologlar) üyelerinin genetik profilleri eski bireylerin genetik profilleri ile karşılaştırılmıştır (Yaka vd 2018: s. 6; Ottoni vd 2011: s.

571). Batman Beşiri Çemialo Sırtı popülasyonu arasında uygulanan karşılaştırmalı analize göre çeşitli modern popülasyonların (modern Türk, Kıbrıslı ve İranlılar), bölgedeki eski popülasyonlarla (eski Sagalassos popülasyonu, Suriye'den Neolitik popülasyon, diğer Neolitik popülasyonlardan Orta Avrupa bölgeleri) Anadolu'daki insan popülasyonunun tarihinin anlaşılmasında genetik olarak katkı sağlamıştır. Genetik simülasyonlarına dayanarak Neolitik ve Demir Çağı arasındaki veya Demir Çağı ile bölgenin bugünkü nüfusu arasındaki sürekliliği reddedilmemiştir.

#### 4.1.3. Çine-Tepecik Höyük

Aydın ilinde, Büyük Menderes'in güney kollarından Çine Çayı'nın 1 km doğusunda bulunan Çine-Tepecik, bulunduğu coğrafyanın tarihi ve tarih öncesi kültürlerini aydınlatan bir merkez konumundadır. Bulduğu konum sebebiyle hem Batı Anadolu Bölgesi hem de Ege Bölgesi ile kültürel ilişkileri vardır (Günel, 2014: s. 111). Çine-Tepecik, Geç Neolitik/Kalkolitik dönemden itibaren Tunç Çağı sonuna kadar kesintisiz kültür tabakalarına sahiptir. Çine-Tepecik yerleşim alanında yapılan arkeolojik kazılarda elde edilen insan iskelet kalıntılarında arkeogenomik çalışma yapılmıştır. Burada aDNA elde edilmesi mümkün olan bireylere ait mtDNA haplogrup tayini yapılarak aynı yerleşimin genetik sürekliliği değerlendirilmiştir. Elde edilen genom düzeyindeki sonuçlar çağdaş topluluklar ile kıyaslanarak geçmiş dönem insan hareketliliğinin incelenmesi yapılmıştır.

Çine-Tepecik'te farklı dönemlerde yaşamış insan grupları arasındaki biyolojik sürekliliğin Arkeogenomik sonuçlarını anlamak amacı ile farklı dönemlere tarihlendirilen tabakalardan örnekler seçilmiştir. Seçilen 10 bireyin tamamından diş örnekleri ve aynı bireylerin 5'inden pars petrosa kemik örnekleri alınmıştır (Yorulmaz, 2019: s. 33).

*Yöntem:* Örneklerden DNA izole etmek için, Dabney ve meslektaşlarının çalışmasındaki izolasyon yöntemi kullanılmıştır (Dabney vd 2013: s. 15759). mtDNA'nın yaklaşık 900 bp uzunluğundaki HVRI-HVRII bölgelerinin uç kısımlarının birbiriyle çakışan farklı 7 fragmanı amplifiye edilerek dizilemesi yapılmıştır (Otoni vd 2011: s. 571). Amplifikasyon sonrası elde edilen PZR ürünler %2 agaroz jel elektroforezinde

yürütölüp, UV ışığı altında jelin fotoğrafı çekilerek örnekler değerdendirilmiştir. Jel elektroforez sonucunda başarılı olan örneklerin PZR ürünleri için Sanger dizileme yöntemi kullanılmıştır. Aynı zamanda popölasyonlar arasındaki genetik farklılaşma ( $F_{ST}$ ) değerdeleri de hesaplanmıştır. Bu genetik farklılaşma değerdeleri ile bir matris oluşturularak, matris de yer alan değerdeler diđer popölasyonların mtDNA verileri ile, Çine-Tepecik mtDNA verileri karşılaştırılmıştır (Yorulmaz, 2019: s. 42).

*Bulgular ve Yorum:* Yapılan analizlerin değerdendirmesinde, incelenen tüm bireylere ait DNA izolasyonlarının başarıyla yapılabilmesine rağmen mtDNA'nın haplogrupları belirlenememiştir. Bunun da sebebi olarak; verimli bir şekilde kullanılabilir amplifikasyonların tüm bireyler için yeterli düzeyde olmadığı, örneklerin biyolojik yaşı, aDNA'nın kötü korunma durumu, istenilen tüm fragmanların elde edilememesi gibi durumların etkili olduğu düşünölmüştür (Yorulmaz, 2019: s. 112).

#### **4.1.4. Nif Dağı Kazısı**

Batı Anadolu'da bulunan Nif Dağı (Olympos), İzmir (Smyrna) Körfezi'nin doğusunda, Kemalpaşa, Torbalı ve Buca ilçelerinin ortak sınırları içerisinde yer almaktadır. Nif Dağında verimli topraklar, madenler ve bol miktarda su kaynağının olması antik dönemdeki yerleşim yerleri için gerekli birçok unsuru bir arada toplamış gözökmektedir (Peker, 2013: s. 147; Tulunay, 2012: s. 81). Prof. Dr. Elif Töl TULUNAY başkanlığında yapılan yüzey araştırmaları sonucunda öncelikli kazı alanı olarak Nif Dağı'nın doğu kesiminde bulunan Karamattepe, Ballicaoluk, Dağkızılca ve Başpınar mevkileri seçilmiştir. Yapılan araştırmada kullanılmış örnekler Karamattepe, Ballicaoluk ve Başpınar alanlarında bulunmuştur. Karamattepe'de ortaya çıkarılan buluntular, bölgenin prehistorik dönemden itibaren yerleşim yeri olduğunu göstermektedir. Ballicaoluk kazı alanı, bu adı taşıyan kalenin duvar yapısının incelenmesi sonucu yapılan tarihlendirmeye göre MÖ 4.yy (Hellenistik Dönem) tarihlenmektedir. Başpınar mevkinde bulunan bir manastır ise MS 13. yy'a (Bizans Dönemi) tarihlendirilmiştir (Tulunay, 2012: s. 85).

aDNA ile ilgili yapılan çalışmada, Nif Dağı kazılarının üç farklı bölgesinden çıkarılan üç farklı bireye ait dış örneği elde edilmiştir. Bu çalışmada mtDNA'ların d-loop bölgeleri çoğaltılarak mitokondriyal haplogrupların birbirleriyle olan akrabalık ilişkileri, coğrafi yayılımları ve göç yollarının belirlenmesi hedeflenmiştir (Altınışık, 2015: s. 56).

*Yöntem:* Örnekleme, Avustralya'nın aDNA Merkezi'nin (ACAD) yayınladığı prosedüre göre yapılmıştır. Laboratuvara getirilen örneklere ilk önce yüzey sterilizasyonu gerçekleştirilmiş sonrasında da pulverizasyon işlemi uygulanmıştır (Altınışık, 2015: s. 31). Ardından her bir örnek için iki ayrı DNA izolasyonu yapılmıştır. aDNA izolasyonu için silika temelli klasik izolasyon metodu optimize edilerek kullanılmıştır (Rohland ve Hofrieter, 2007: s. 1756). Elde edilen aDNA'ların mtDNA'sının d-loop bölgesi için sekiz primer çift "touchdown PCR" yöntemi ile çoğaltılmış ve çoğaltılan bölgelerin Sanger yöntemiyle dizilenmesi yapılmıştır. Ve bu üç bireyin haplogrupları biyoinformatik yöntemlerle tespit edilmiştir (Altınışık, 2015: s. 19).

*Bulgular ve Yorum:* İzmir ili Nif Dağı kazılarının haplogrup verilerine bakıldığında; Ballıcaoluk (BOM2) bireyinin H3c, Karamattepe (KM17) bireyinin H7 ve Başpınar (BM37) bireyinin H1e haplogrubuna dahil olabileceği saptanmıştır. H1e ve H3c alt haplogruplarının ise günümüzde ki Bask toplumuyla ilişkili olduğu görülmüştür. H7 haplogrubu ise Yakın Doğu popülasyonlarıyla temsil edilmektedir (Achilli ve vd 2004: s. 914). Bireylerin birbirleriyle olan ilişkilerini göstermek amacıyla MEGA4 yazılımı kullanılarak filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Evrimsel akrabalık ağacında, BOM2 ile KM17 bireylerinin yaşadıkları coğrafi bölgelerin yakın konumlarda oldukları ve bu bireylerin tarihsel olarak da birbirlerine yakın dönemde yaşamış olabilecekleri arkeologlar tarafından rapor edilmiştir. BM37 kodlu bireyin ise; Bizans Döneminde yaşamış olduğu fakat diğer bireylerden evrimsel akrabalık açısından uzakta kaldığı saptanmıştır. Nif Dağı kazı alanındaki araştırma sonucuna göre; mtDNA'nın d-loop bölgesindeki varyasyonlarının H haplogrubuna dâhil olduğu, Karamattepe, Ballıcaoluk ve Başpınar bireylerinin, Batı Avrupa ve Yakın Doğu toplumlarıyla ilişkili olabileceği gösterilmiştir (Altınışık 2015: s. 58).

#### 4.1.5. Titriş Höyük

Titriş Höyük, Şanlıurfa'nın Karaköprü ilçesi sınırları içinde kalan Bahçeli Mahallesi'nin hemen batısında ve kısmen altında yer almaktadır. Höyük 1990 yılında T. J. Wilkinson tarafından yapılan araştırmada raporlanmıştır. G. Algaze başkanlığında yapılan kazı 1992 yılında başlamıştır. Kazı 1998 yılına dek Şanlıurfa Müzesi ve California Üniversitesi'nin ortak çalışması olarak devam etmiştir. Höyükte yapılan kazılar sonucunda Erken Tunç Çağı (ETÇ), Geç Tunç Çağı (GTÇ), Demir Çağı ve Roma dönemine ait tabakalara rastlanılmıştır (Algaze vd 1993: s. 33). Titriş Höyük'teki ETÇ mezarları, evlerin içinde yer alan periyodik olarak yeniden kullanılan yeraltı aile mezarlarından oluşmaktadır. Fakat, ETÇ yerleşiminin en son evresine tarihlenen benzersiz bir kalıntı grubu bu mezar modelinden tamamen farklılık göstermektedir. Titriş Höyük'te, her yeni gömme işleminde bir önceki kişinin vücut kemiklerinin mezardan çıkarılıp, sadece kafatası ve mezar eşyalarının bir köşeye taşınmasının, yaygın bir gömü geleneği haline geldiği görülmektedir B98.87 numaralı mezar odasında bulunan 19 kişi bir evin tabanı altında gömülü olarak bulunmuştur. İskeletler üzerinde yapılan incelemelerde, yetişkin kişilerin kafatasında mızrak ya da baltayla oluşturulmuş kafatası travması olduğu bulgularına ulaşılmıştır. Titriş Höyük'te hem yerleşim içinde hem de dışında oda mezarlar bulunmuştur (Matney vd 2012: s. 338).

Matney ve meslektaşlarının raporladıkları pilot çalışmada, Türkiye'nin güneydoğusundaki Titriş Höyük'ün ETÇ sonlarına (yaklaşık MÖ 2300-2100) tarihlendirilmiştir. Burada 1990'lı yıllarda kazılardan çıkarılmış insan iskelet popülasyonlarından aDNA incelenmesi yapılmıştır. Araştırma için seçilen 13 bireyin DNA moleküllerinin başarılı bir şekilde ekstraksiyonu ve amplifikasyonu yapılmıştır. B98.87 numaralı mezar odasındaki bireylerin başka bir yere gömülmüş bireylerle karşılaştırması yapılarak o yerleşim içindeki genetik akrabalıkları olup olmadığına bakılmıştır (Matney vd 2012: s. 338).

*Yöntem:* Höyükten çıkarılan örneklerin laboratuvar çalışmaları Hacettepe Üniversitesi DNA laboratuvarında aynı zamanda da ABD'nin Coriel Tıbbi Araştırma Enstitüsü'nde devam etmiştir. 13 bireyin kafatası, Titriş Höyük'te ETÇ popülasyonlarına

ait olduğu düşünölen birkaç farklı mezar odasından çıkarılmıştır. Dekontaminasyon işleminden sonra örneklerin DNA'ları izole edilmiştir. Ardından örneklerin PZR amplifikasyon yöntemi ile HVRI gen bölgesi çoğaltılmıştır.

*Bulgular ve Yorum:* Elde olan bulgulara göre Titriş Höyük aDNA örneklerinin ETÇ yerleşim yeri sakinlerinin yakından ilişkili bir anne-akraba grubuna ait olduğu düşünölmüştür. Fakat bu çalışmada, beklentilerin aksine B98.87 popölasyonu ile ETÇ yerleşim yeri yaygın popölasyonu arasında belirgin bir genetik farklılık olmadığı sonucuna varılmıştır. Sadece arkeolojik kanıtlara dayanarak, daha önce B98.87'nin sakinlerinin belki de yabancılar olduğu, muhtemelen ETÇ'nin sonunda yerleşimin terk edilmesinden kısa bir süre önce meydana gelen savaşlarda mağlup olmuş askerler olduğu öne sürölmüştür (Matney vd 2012: s. 338).

#### **4.1.6. Resulođlu Kazısı**

Çorum ili Uđurludađ ilçesine bađlı Resulođlu yerleşimyeri mezarlığı, sistemli olarak araştırılmış nadir mezarlıklardan birisidir. Mezarlığın güneydođu, kuzey ve kuzeybatısında yer alan ve yüzey bulgularına göre Kalkolitik/Erken Tunç Çađı dönemlerine tarihlenen yerleşimler tespit edilmiştir. Yerleşimlerin en önemlisi yaklaşık 50x100 m ölçülerindeki güneydođu höyüğüdür. Mezarlık alanında günümüze kadar sürdürölen kazılarda açığa çıkarılan mezarların sayısı 240'a ulaşmıştır (Atamtürk ve Derya 2009: s. 311). Mezarların bir bölümü andezit veya kalker gibi yerel taşlardan yapılmış sandık tipindeki mezarlardır. Resulođlu mezarlarının çođunluđunu oluşturan taş sandık ve küp şeklindeki mezarların bir kısmı geçmiş yıllarda kaçak kazılarla tahrip edilmesine rağmen, önemli bir kısmı sağlam olarak ele geçirilmiştir. Çođu mezarın kapanmasına bakıldığında tek bir kapak taşıyla yetinilmediđi, mezarların kenarlarına ve üzerine daha küçük düzensiz taşların konulduđu gözlemlenmiştir (Kısa 2014: s. 79).

Resulođlu mezarlığı'nda zengin ölü hediyeleri bulunmuştur. Bulunan hediyeler ölümler sonrası yaşam inancı ve adetleriyle ilgili bilgiler sunmaktadır. Ölü hediyeleri mezarların içine ya da dışına bırakılmıştır. Bu hediyeler bireyin hayatta iken günlük işlerde kullandığı eşyaları ile şahsi eşyalardan oluşmaktadır. Resulođlu mezarlarında

bulunan metal kaplar, silahlar ve süs eşyaları üzerinde tespit edilen kumaş kalıntıları ölü gömme adetleriyle ilgili önemli bilgiler sunmaktadır (Tütüncüler 2006: s. 142; Yıldırım ve Ediz 2006: s. 213). Buluntular arasında en ilginçini akik boncuklar oluşturmaktadır. Kırmızı, koyu kırmızı ve kahvemsî kırmızı renkteki akik boncuklar üçgen, disk, yarım ay, eşkenar dörtgen, çift topuz, yıldız ve haç biçimlidir. Düğme biçimli, siyah renkli boncukların başları bazen ince altın levhalar ile kaplanmış şekildedirler. Metal boncuklar halka, silindir, düğme, kurs, kürek, ortası kanallı disk biçimindedir (Yıldırım ve Ediz 2005: s. 58).

Resuloğlu yerleşim bölgesinde yapılan kazılardan elde edilen ve Orta Anadolu'nun kuzeyinde MÖ 3.binin son çeyreğine (Erken Tunç Çağı III) tarihlendirilen iskelet materyalin bir bölümü incelenerek cinsiyetleri belirlenmiştir. İskeletlerin cinsiyetleri ve yaşları hem morfolojik gözlemler (antropometrik-insan vücudunun çeşitli kısımlarının ölçümüyle insan yapısının ilişkilerini saptama yöntemidir ve antroposkopik gözleme dayalı özelliklerin tanımlanmasıdır) hem de aDNA analizi ile incelenmiştir. Bu iki yöntem ile bulunan cinsiyet tespitinin ne ölçüde uygunluk gösterdiğinin karşılaştırılması amaçlanarak her iki tekniğin avantaj ve dezavantajlarını da ortaya çıkartmışlardır (Arıcan vd 2017: s. 41)

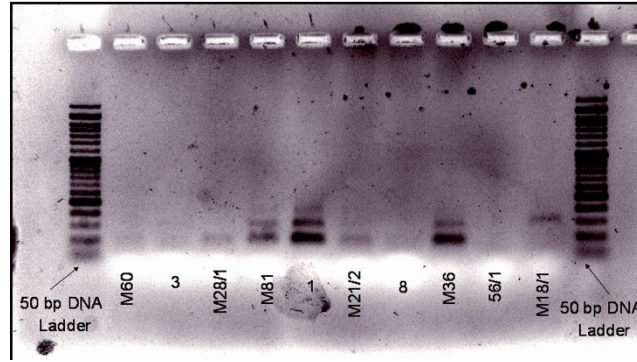
Resuloğlu mezarlığı'ndan ele geçen 10 bireye ait iskeletten dış örneği alınarak DNA izolasyonu yapılmıştır. Seçilen bireylerin, yaş ve cinsiyetinin morfolojik olarak değerlendirilmesinin sonucunda, 6'sının kadın, 3'ünün erkek olduğu ancak 1'nin ise ergenlik yaşlarında (15-20 yaş) olduğu için cinsiyetinin belirlenemediği rapor edilmiştir. Yaş dağılımına bakılırsa 3 bireyin genç erişkin yaşlarda (20-35 yaş), 3 bireyin orta erişkin yaşlarda (35-49 yaş), 3 bireyinde 50+ yaşlarda olduğu tespit edilmiştir (Arıcan vd 2017: s. 39) (Tablo 2).

Yıl	Mezar numarası	Yaş	Cinsiyet
2003	M8/1	20-35	K
2003	M21/2	20-35	K
2003	M28/1	50+	E
2004	III (EBTS II)	35-45	K
2004	M36/1	20-25	E
2004	M56	35-39	K
2004	M60	50+	K
2004	M81	40-50	E
2006	M119/1	15-20	?
2006	M149	50+	K

**Tablo 2:** aDNA Analizi İçin Seçilen Bireylerin Arkeolojik ve Demografik Bilgileri (Arıcan vd 2017: s. 43)

*Yöntem:* aDNA izolasyonu için seçilen dış örnekleri ayrı ayrı steril poşetlere koyularak 30 dk UV (ultraviyole) ışığına maruz bırakılmıştır. Ardından örnekler toz haline getirilerek eppendorf tüplere alınmıştır ve üzerlerine 490 µl EDTA ve 10 µl Proteinasek eklenip thermoshakerda bir gece (15-20 saat) 56°C’de bekletilmiştir. Ertesi gün santrifüj edilip süpernatanttan 200 µl alınarak izolasyonu ticari olarak temin edilen Invisorb Spin Forensic Kit (Cat. No. 1034110300) ile devam etmişlerdir. İzolasyon için her örnek birden fazla tüpe bölünmüştür. Nanodrop (ThermoScientificNanodrop 2000) ile ölçümler gerçekleştirilmiş ve DNA miktarı en fazla olan aynı zamanda en saf örnekler seçilip PZR aşamasına geçilmiştir. PZR aşamasına geçilerek amelogenin gen bölgesi çoğaltılmıştır. Son olarak çoğaltılan DNA örneği %2 agoroz jel elektroforezinde yürütülerek cinsiyet tespiti yapılmıştır (Arıcan vd 2017: s. 40) (Şekil 7).





**Şekil 7:** İzole Edilen aDNA'larda Amel-X Gen Bölgesinin PZR Yöntemi ile Çoğaltılması (Arıcan vd 2017: s. 41)

*Bulgular ve Yorum:* Morfolojik ve aDNA analizi sonucunda 7 bireyin bulguları birbiri ile aynı çıkmıştır. M119/1 numaralı bir bireyin cinsiyetinin ergenlik yaşlarda olduğu morfolojik yöntemle belirlenememiştir. DNA analizi ile bu bireyin cinsiyeti tespit edilmiştir. M56 numaralı bir birey ise morfolojik incelemelere göre kadın olmakla birlikte DNA analizi bu bireyin cinsiyetini tespit etmede başarılı olamamıştır. Analizler sonucunda M28/1 numaralı bir bireyin cinsiyeti morfolojik ve DNA analizinde farklı çıkmıştır (Tablo 3).

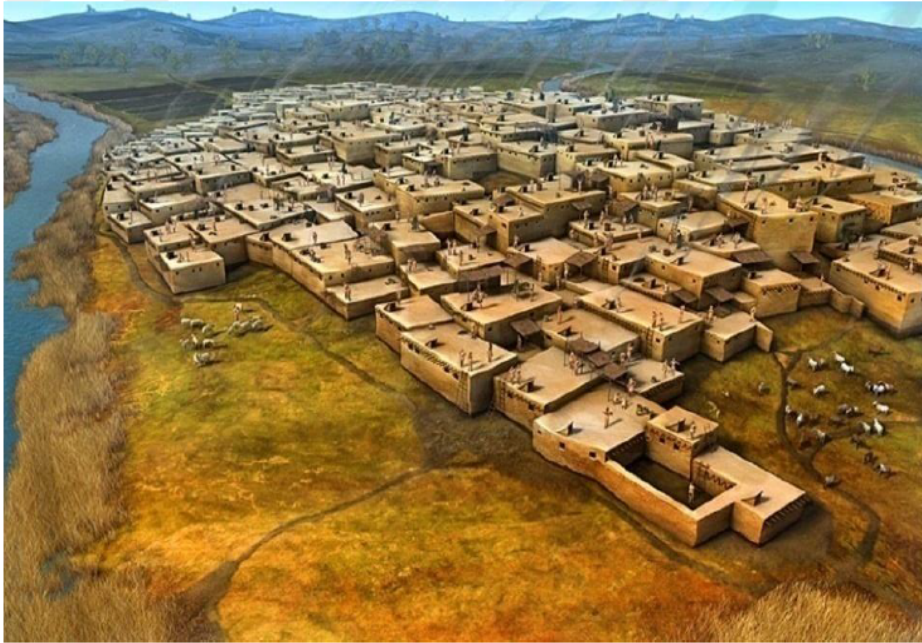
Yıl	Mezar numarası	Morfolojik bazlı cinsiyet	aDNA bazlı cinsiyet
2003	M8/1	K	K
2003	M21/2	K	K
2003	M28/1	E	K
2004	III (EBTS II)	K	K
2004	M36/1	E	E
2004	M56	K	?
2004	M60	K	K
2004	M81	E	E
2006	M119/1	?	E
2006	M149	K	K

**Tablo 3:** Morfolojik Tekniklerle ve aDNA Analiziyle Elde Edilen Cinsiyet Bulgularının Karşılaştırılması (Arıcan vd 2017: s. 41)

Uğurludağ ilçesi kazı çalışmasında bulunan iskeletler üzerinde yapılan cinsiyet belirleme çalışmasında her iki tekniğin (morfolojik ve aDNA) avantajlı ve dezavantajlı yönleri ortaya çıkarılmıştır. Cinsiyet tespitinde aDNA analizlerinin dezavantajlı yönünün zaman alıcı, pahalı ve kontaminasyon riskli olmasından dolayı aDNA'nın çoğaltımının mümkün olamamasından bahsedilmiştir. Bunun aksine morfolojik bazlı cinsiyet tayininin hızlı, masrafsız ve kontaminasyondan etkilenmemesi nedeniyle bu çalışmanın tercih sebebi olduğu belirtilmiştir (Arıcan vd 2017: s. 41).

#### 4.1.7. Çatalhöyük Kazısı

Çatalhöyük, Neolitik döneme ait (MÖ 7100-5950) en çok bilinen ve araştırılan ilk toplu yerleşim yeridir. İlk ev mimarisi ve ilk kutsal yapılara ait özgün buluntuları ile insanlık tarihine ışık tutmaktadır (Chylenski vd 2019: s. 1). Çatalhöyük mimarisinin en karakteristik özelliklerinden biri, dörtgen duvarlı evlerin duvarlarının birbirine bitişik olmasıdır. Bundan dolayı evlere ve tapınaklara girmek için sokaklar mevcut olmadığından ulaşımın düz damlar üzerinden yapıldığı tespit edilmiştir (Şekil 8).



*Şekil 8:* Çatalhöyük Mimarisi (Kolaric 2014: s. 9)

Çatalhöyük'te binaların genelde üst üste tekrar inşa edildiği görülmektedir. Evdeki yaşam süresi bittikten sonra ev toprakla doldurularak üstüne tekrar yenisi inşa edilmiştir. Bu şekilde yapı tabakaları birbirinin üzerinde 1400 yıllık bir dönem boyunca yükselmiştir. Höyük büyüyerek 20 m yüksekliğinde 16-18 adet Neolitik yapı tabakası haline gelmiştir. Aynı zamanda platformların altına ölümler de gömülmüştür (Sertkaya, 2019: s. 46). Mezarların çoğu binanın zeminlerinin altında, özellikle de oturma odalarının kuzey ve doğu kısımlarındaki yükseltilmiş platformların altında yer almaktadır. Yapılan araştırmalarda özellikle daha ayrıntılı sanat enstalasyonları olan binaların bazılarında daha fazla mezar (neredeyse 70 kişiye kadar) bulunmuştur. Bu binaların daha büyük bir akraba veya başka bir grubun soy ve ritüellerini sağlayan, kontrol eden “tarih evleri” olduğu düşünülmektedir (Hodder ve Pels 2010: s. 163). İlk önce aynı binada gömülü olan Çatalhöyük bireylerinin biyolojik olarak ilişkili oldukları ev ve mahalleleri oluşturan grupların biyolojik yakınlığın olduğu fikri öne sürülmüştür (Mellart, 1967: s. 1419). Daha sonra, farklı evler arasındaki mezarların eşit olmayan dağılımı, bazı ailelerin yaşadığı bir dizi evden oluşan daha büyük ev toplulukları için bir mezar yeri olduğuna dair kanıt olarak yorumlanmıştır (During, 2007: s. 170). Yakın tarihli bir araştırmada Çatalhöyük mezarlarında bulunan bireylerin dental fenotiplerine dayanan biyolojik yakınlığı olan bireylerin birkaç binaya yayıldığı görülmüştür (Pilloud ve Larsen, 2011: s. 519). Sonuç olarak, bölgede bulunan mezarlarda akrabalık paterninin bulunmadığının kanıtı olarak yorumlanmıştır. Morfolojik ve genetik veriler arasında doğrudan karşılaştırmanın mevcut olduğu az sayıdaki araştırma sonuçları tutarsız ve zayıf akrabalık ilişkisine işaret etmiştir (Ricaud vd 2010: s. 356).

Çatalhöyük'te aDNA'ya dayalı genetik akrabalık ilişkilerini belirlemek için çeşitli çalışmalar yapılmıştır. Chylenski ve meslektaşlarının yaptığı araştırmada hem Çatalhöyük'teki bireylerin anneye ait akrabalık ilişkileri hem de İç Anadolu halklarının genetik yakınlıkları ve Neolitik insan topluluklarının batıya doğru yayılmaları ile potansiyel ilişkilerini takip eden konular incelenmiştir. Araştırma için Çatalhöyük'ün güney bölgesinde MÖ 6450-6380 yıllarına tarihlenen dört bitişik bina seçilmiş ve buradan çıkarılan 37 iskelete ait 47 kemik örneği alınmıştır. aDNA laboratuvarında DNA ekstraksiyonu için diş ve petrous kemikleri incelenmiştir (Chylenski vd 2019: s. 3).

*Yöntem:* İlk olarak örnekler kontaminasyon ihtimalini elemek amacıyla %2 çamaşır suyu ile yıkanarak UV ışığı altında bekletilmiştir. Ardından ekstraksiyon için diş ve petrous kemiklerinin iç kısmı delinmiştir. DNA izolasyonu hem Ankara’da Orta Doğu Teknik Üniversitesi’nde (ODTÜ), hem de Polonya’da Adam Mickiewicz Üniversitesi’nin (AMU) Biyoloji laboratuvarında yapılmıştır. ODTÜ laboratuvarında yapılan DNA ekstraksiyonu için Allentoft ve meslektaşlarının anlattıkları gibi silika toz bazlı yöntem kullanılarak bağlanma solüsyonu ile DNA modifiye edilmiştir (Allentoft 2015: s.167). AMU laboratuvarında ise DNA ekstraksiyonu için silika bazlı yöntem kullanılarak modifiye edilmiştir (Chylenski vd 2019: s. 3).

Bu yöntem ile DNA özütleri (ekstrakt) silika tozları ile DNA moleküllerinin silika molekülleri üzerinde immobilize olmasına izin vermektedir. Daha sonra silika molekülleri santrifüj edilerek, elde edilen pellet kısmı yıkanarak silika partiküllerinden arındırılarak DNA elde edilmiştir. Bu yöntemin avantajı; DNA’nın daha spesifik daha az PZR inhibitörü içermesidir. Aynı zamanda DNA’yı konsantre eden ve saflaştıran silika bazlı spin kolonlarının kullanımını içermektedir. Kemik tozları proteinaz K ile sindirilerek organik çözücüler (fenol-kloroform) içeren tüm ekstraksiyon aşamalarını ortadan kaldırarak doğrudan QIAquick spin kolonlarına yüklenmektedir. Bu yöntemin eski insan kemiklerinden elde edilen DNA’nın PZR ile çoğaltılarak saflaştırılmasında oldukça etkili olduğu görülmüştür (Yang vd 1998: s. 540).

Karşılaştırmalı analizler için, tam antik mtDNA genomları literatürden ve eski insan mitokondriyal genomlar veri tabanından (AmtDB) elde edilmiştir (Ehler vd, 2018: s. 29). Daha sonra tüm örnekler, en az 10 kişiden oluşan gruplar halinde coğrafi konumlarına ve belirli arkeolojik kültürlerine göre gruplandırılmıştır. Yapılan araştırmada sadece bir örneğin akraba çift olduğu belirlenerek popülasyon analizi için seçilmiştir. Yalnızca bir örnek mitokondriyal genomu sadece shotgun diziliminin sonuçlarına dayanarak yeniden yapılandırmak için yeterli veri verdiği için, geri kalan vakalarda mtDNA’da hibridizasyon bazlı zenginleştirme gerçekleştirilmiştir. Sırasıyla DNA fragmanlarının 5’ ve 3’ uçlarında C-T ve G-A geçişleri dahil olmak üzere hem özgünlük testlerini geçen

hem de aDNA için tipik hasar paternleri gösteren numuneler için dokuz tam mitokondriyal genom elde edilmiştir.

*Bulgular ve Yorum:* Mitokondriyal genomlar, 96 no'lu binanın altına gömülmüş dört kişi, 97 no'lu binadan iki kişi, 89 ve 80 no'lu binalardan da iki kişi için elde edilmiştir. Mitokondriyal genomları yeniden yapılandırılan tüm bireylerin eski komşu Neolitik ve Kalkolitik popülasyonlarda bulunan ve günümüz Avrasya popülasyonları arasında yaygın olan farklı mtDNA soylarına ait olduğu belirlenmiştir (Tablo 4). Üç kişiye U soyuna (haplogrup U, U3b, U5b2), ikisine K soyuna (K ve K1a17), ikisine H soyuna (H ve H + 37), kalan üç kişi X, N ve W soylarına dahil edilmiştir. Mitokondriyal genomlar MK308698-MK308707 erişim numarası altında GenBank'a eklenmiştir (Chylenski vd 2019: s. 6).

Bina	Ölüm yaşı	Morfolojik cinsiyet	İnsan DNA oranı (%)	Moleküler cinsiyet	Mitokondriyal haplogrup
80	Çocuk (3-12)	Belirlenememiş	3.4	İhtimal XY	U3b
80	Ergen (12-20)	Belirlenememiş	4.5	İhtimal XX	N
89	Bebek (0-3)	Belirlenememiş	26.6	XX	K1a17
89	Bebek (0-3)	Belirlenememiş	1.0	İhtimal XY	U
96	Genç erişkin (20+)	Erkek?	0.5	Belirlenememiş	W1c
96	Çocuk (3-12)	Belirlenememiş	2.0	XY	K
96	Yaşlı (50+)	Kadın?	0.6	XX	H+73
96	Çocuk (3-12)	Belirlenememiş	0.5	XX	H
97	Orta erişkin (35-50)	Erkek?	1.3	Belirlenememiş	X2b4
97	Ergen (12-20)	Kadın?	0.6	Belirlenememiş	U5b2

**Tablo 4:** Mitokondriyal Genomları Elde Edilen Bireyler (Chylenski vd 2019: s. 6)

Elde edilen sonuçlarda 10 genomun hepsinin farklı mitokondriyal haplotiplere ait olduğu görülmüştür. Bina 96'da gömülen bireylerin durumu özellikle ilginçtir. Çünkü bu evden çıkarılan bireyler üzerinde yapılan araştırmada dört farklı mitokondriyal haplotip grubunda en az dört farklı maternal soyunun bulunduğu görülmüştür. Bir akraba grubunda, özellikle çocuklar ve kadınlar arasında böyle yüksek bir mitokondriyal haplogrup değişkenliği ataerkillik ile açıklanabilir. Bina 96'nın tamamı kazılmadığından

bugüne kadar kazılardan sadece 10 birey ortaya çıkarılmıştır. Burada çalışan araştırmacılar elde edilen biyolojik mesafeler ile binaların içinde ve etrafında mezarların mekansal dağılımı arasında belirgin bir korelasyonun olmadığını belirtmişlerdir. Çatalhöyük sakinlerinin genetik eğilimlerinin diğer İç Anadolu Neolitik bireyleri ile birlikte bir araya getirilerek bu grubun Yakın ve Orta Doğu Neolitik ve Kalkolitik nüfuslarının, özellikle kuzeybatıda Marmara bölgesindeki Neolitik nüfus ile yakından ilişkili olduğunu göstermektedir (Chylenski vd 2019: s. 10).

#### **4.2. ANADOLU'DA NEOLİTİK YAŞAMA GEÇİŞLE AKRABALIK İLİŞKİLERİNİN ANTİK GENOMLARLA BELİRLENMESİ**

Eski insan topluluklarındaki en büyük değişimlerden biri, yerleşik hayata geçiş ve tarımın başlangıcı yani Neolitikleşme süreci olmaktadır. Birbirinden bağımsız olarak dünyanın farklı bölgelerinde yaşanmış olan bu süreçlerin ilki Zagroslar, Levant ve Mezopotamya'yı kapsayan “Bereketli Hilal” adı verilen bölge, günümüzden yaklaşık 12 binyıl öncesine dayanmaktadır. Tarıma geçiş uzun zamana yayılan bir süreç olmuştur (Hillman, 1996: s. 159; Baird, 2012: s. 432.). Tarımın, Batı Anadolu ve Avrupa'ya yayılması ise MÖ 7000'lerden sonra başlamıştır (Özdoğan, 2011: s. 415).

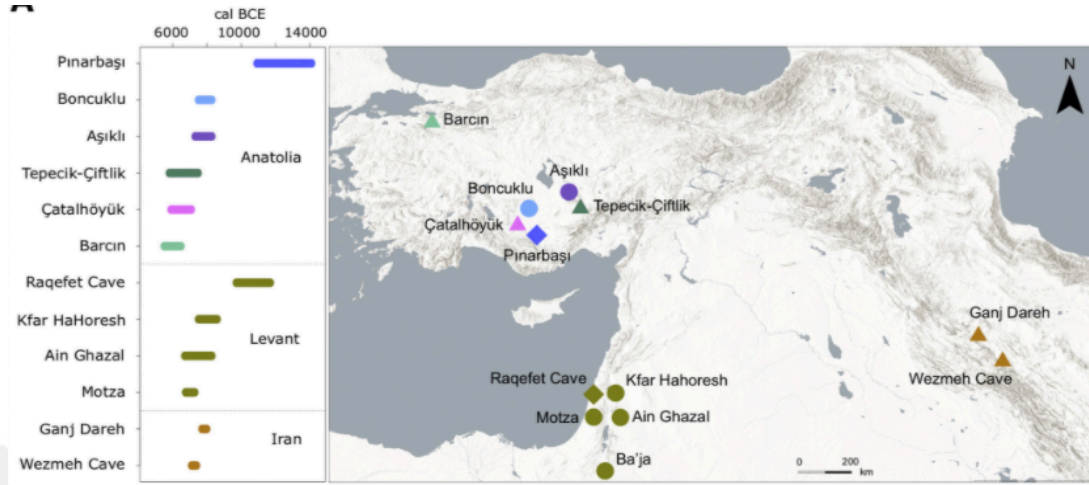
1994 yılında Kumtepe'de elde edilen kemiklerde DNA örneklerinin çoğunun kaybolmuş olmasına rağmen Kumtepe'nin Neolitik dönem kemik kalıntılarının antik genomları incelenmiştir. Arkeogenetik araştırmalar sonucunda, Avrupa'nın ilk tarımcıları ile Çanakkale'deki Kumtepe sakinleri arasındaki genetik yakınlığın ve Avrupa'nın ilk tarımcılarının Anadolu kökenli olduğu sonucuna varılmıştır (Hofmanova vd 2016: s. 6889; Omrak vd 2016: s. 270).

Son on yılda aDNA alanındaki gelişmeler Neolitikleşme süreciyle ilgili birçok soruların cevap bulmasına yardımcı olmuştur. Neolitik dönemde, Güneybatı Asya'da ortaya çıkan ilk yerleşik toplumlar ve toplumsal ilişkiler gizemini hala korumaktadır. Bunun temel nedeni, maddi kültür araştırmalarına dayalı arkeolojinin bu konuyla ilgili sınırlı bilgi sağlamasıdır (Kuijt, 2000: s. 75). Neolitik dönem Anadolu toplulukları genellikle ölülerini evlerin altına gömdükleri için gömülü olarak korunmuş insan

kalıntıları üzerinden ev ve sosyal yapıları incelenmiştir (Boz ve Lori 2013: s. 413). Bu konu ile ilgili en güncel en kapsamlı yayınlardan olan Reyhan Yaka ve Eirini Skourtanioti çalışmalarında bahsedilmiştir.

Orta Anadolu'nun en eski yerleşik toplulukları arasında Aşıklı Höyük (MÖ 8350-7300) ve Boncuklu Höyük'te (MÖ 8300-7600) yaşayanlar yer almaktadır. MÖ 9.binyıl boyunca bu alanlar küçük eğrisel binalarla karakterize edilmiştir. Aynı zamanda her iki yerleşim alanında da esas olarak toplayıcı yaşam sürdürülmüştür. Yaka ve meslektaşlarının yaptığı çalışmada Aşıklı Höyük ve Çatalhöyük'ten 22 yeni genom dahil olmak üzere 59 antik genom kullanılarak, Neolitik Anadolu'da birbiri ile ilişkili evlerin ortak mezarlarındaki bireylerin arasındaki genetik akrabalık tanımlanmıştır. Otozomal ve X kromozomu akrabalık katsayıları, maternal belirteçler ve radyokarbon tarihlenmesi dahil olmak üzere birden fazla bilgi türünü aynı anda analiz ederek soyağacı ilişkilerine bakılmıştır. MÖ 9-8.binyıllara tarihlenen iki Erken Neolitik yerleşim yeri olan Aşıklı Höyük ve Boncuklu Höyükte, kardeşler ve ebeveyn-bebek eşleşmelerinin ev içi yapılarda sık olduğu görülmüştür. Bu da ortak mezarlardaki bireylerin arasındaki doğrudan yakın genetik ilişkilerin varlığını göstermiştir. Bunun aksine, MÖ 7.bine tarihlenen Çatalhöyük ve Barcın Höyük yerleşimlerinde evlerin içine ve çevresine defnedilen bireyler arasında yakın genetik akrabalıkların nadir olduğu görülmüştür (Yaka vd 2021: s. 2455).

AMIXTURE analizinin (Alexander vd 2009: s. 1655) yanı sıra  $F_{ST}$ ,  $f_3$  ve D-istatistik analizlerinin (Patterson vd 2012: s. 1065) değerlendirilmesine göre, Aşıklı Höyük ve Çatalhöyük insanların Boncuklu Höyük, Tepecik-Çiftlik ve Barcın Höyük bireyleri tarafından temsil edilen Orta ve Batı Anadolu erken Holosen gen havuzuna ait olduğu görülmüştür (Şekil 9).



**Şekil 9:** Neolitik Anadolu'da Nüfus İlişkileri (Yaka vd 2021: s. 2457)

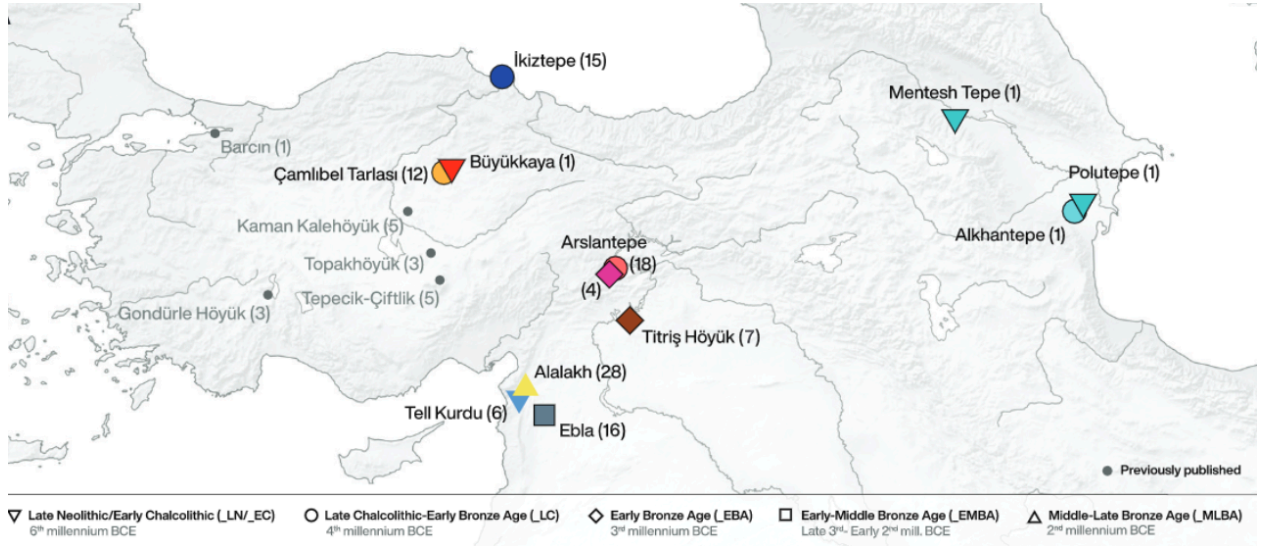
Sonuç olarak, sosyokültürel gelişimin bu önemli aşamasında Neolitik topluluklardaki akraba yapılarının çeşitliliği vurgulanmıştır (Yaka vd 2021: s. 2455). Ayrıca Erken Holosen popülasyonlarının aksine Neolitik/Kalkolitik ve Tunç Çağı popülasyonlarının Batı/Orta Anadolu, Güney Levant, İran (Zagros) ve Kafkaslarda birbirinden daha az genetik farklılaşma gösterdiği belirtilmiştir. Sonraki dönemlerin de geniş bir alanı kapsayan, kapsamlı gen akış süreci ile karakterize edildiği öne sürülmüştür. Bu uzak bölgeler arasında köprü oluşturan ve daha yoğun örnekleme gerektiren alanlardan gelen eski genomların eksikliği nedeniyle, bu gen akış sürecinin uzay-zamansal kapsamı tam olarak anlaşılammaktadır. Bu yüzden, Anadolu'da bu bölgelerin oluşumunda nüfus hareketinin önemli bir rol oynayıp oynamadığı bir soru işareti olarak kalmaktadır (Özdoğan 2014: s. 33).

Genom düzeyinde yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçlara dayanarak; Anadolu'daki diğer arkeolojik dönemler için yapılan bazı arkeolojik toplumlarla ilgili çalışmalar ile Ege bölgesi Tunç çağına tarihlendirilen, Miken ve Minos kültürlerinin görüldüğü topluluklarda genetik incelemeler yapılmıştır. Batı Anadolu, Yunanistan ve Girit örneklerinden elde edilen bu verilerde, Miken ve Minos örneklerinin genetik benzerliklerinin olduğu, atasal soy olarak da Batı Anadolu ve Ege Neolitik çiftçileriyle büyük oranda benzerlik gösterdikleri, aynı zamanda da İran ve Kafkas etkisinin de olduğu görülmüştür (Lazaridis vd 2017: s. 214).



Skourtanioti ve meslektaşlarının çalışmasında ise tarih öncesi Anadolu, Kuzey Levant ve Güney Kafkasya ovalarının kilit bölgelerinde kapsamlı genom incelemesi yapılmıştır. Neolitik dönemden, Orta Tunç Çağı ve Geç Tunç Çağları'nın birbirine bağlı topluluklarının sistematik olarak örneklenmesi yapılarak Yakın Doğu'nun genomik tarihi yeniden değerlendirilmiştir (Skourtanioti vd 2020: s. 1158).

Skourtanioti ve diğerlerinin çalışmasında; 4.000 yıllık tarih öncesini kapsayan Anadolu, Kuzey Levant ve Güney Kafkasya ovalarından 110 birey seçilerek, bu bireylerin 1.24 milyon soy bilgileri SNP'den genom verileri olarak rapor edilmiştir. Bu bireylerin dokuzu Geç Neolitik, Erken Kalkolitik Çağa tarihlenmiştir ve üç farklı coğrafik bölgeye; Orta/Kuzey Anadolu Boğazköy-Büyükkaya, Güney Anadolu/Kuzey Levant'ta (Tell Kurdu) ve Güney Kafkasya ovalarına (Menteş Tepe ve Polutepe) ait olduğu görülmüştür. Kalan 101 birey; Alalakh, Alkhantepe, Arslantepe, Ebla, Çamlıbel Tarlası, İkiztepe ve Tiriş Höyük arkeolojik alanlarından toplanmıştır ve Geç Kalkolitik Çağ'dan Geç Tunç Çağ'na tarihlendirilmiştir (Şekil 10).



**Şekil 10:** Genetik Verilere Sahip İlgili Kişi Sayısı ile Arkeolojik Alanların Coğrafi Konumu (Skourtanioti vd 2020: s. 1161)

Analiz için yeterli özelliklere sahip olmayan (örn SNP kapsamı, hasar modellerinin olması, kontaminasyon) örnekler çalışmadan çıkarıldıktan sonra 94 bireyin genom kapsamında genetik analizi yapılmıştır. Bu bilgilere dayanarak bireyler bölgeye ve

arkeolojik döneme göre gruplandırılmıştır. Ayrıca 1'nci veya 2'nci dereceden yedi akraba çift vakası belirlenmiştir. Geriye kalan 89 bireyin ise birbirleri ile ilişkisi bulunamamıştır (Skourtanioti vd 2020: s. 1160).

Sonuç olarak, Kuzey/Orta Anadolu ile Güney Kafkasya ovalarından gelen MÖ 6.binyılın ortalarındaki popülasyonların birbirleriyle yakından bağlantılı oldukları bulunmuştur. Batı Anadolu'dan Güney Kafkasya'ya ve bugünkü Kuzey İran'dan Zagros'a uzanan genetik bir yatkınlık oluşmuştur. Anadolu'daki Kalkolitik ve Tunç Çağları popülasyonları da büyük ölçüde bu genetik değişimden türemiştir. Buna karşılık Kuzey Levant'ta Kalkolitik ve Tunç Çağları arasında büyük bir genetik değişiklik tespit edilmiştir. Bu geçiş sırasında Kuzey Levant popülasyonları hem Zagros/Kafkasya hem de Güney Levant ile ilgili soyları barındıran yeni gruplardan gen akışını göstermiştir. Bu belki de bu güne kadar genetik olarak örneklenmemiş olan Mezopotomya'daki kentsel merkezlerin yükselişine yanıt olarak, sosyal yönelimde bir değişiklik olduğuna işaret etmektedir (Skourtanioti vd 2020: s. 1160).

#### **4.3. GENEL DEĞERLENDİRME**

Geçmiş dönemlerde yaşamış bireyin cinsiyetinin kesin olarak belirlenmesi kimlik tespitinin önemli adımlarından olmaktadır. Arkeolojik incelemelerde topluluğun demografik yapısı belirlenirken bireylerin yaşı kadar cinsiyetin belirlenmesi de önemli olmaktadır. Dolayısıyla doğru sonuçlar ve yorumlar elde etmek için çoğu zaman antropolojik incelemelerle elde edilen bilginin genetik analizlerle karşılaştırması yapılarak değerlendirilmesi gerekmektedir.

Arkeogenetik bilimi geçmişten günümüze kadar meydana gelen biyolojik, morfolojik değişimleri, hastalıkları ve yok olmuş türleri inceleyerek insanoğlu için önemli bilgiler sağlamaktadır. Uygun ortam ve koşullar mevcut olduğunda kemikler binlerce, milyonlarca yıl bozulmadan kalabilmekte ve onlardan elde edilen DNA larla günümüzde birçok hastalıkla ilgili soru canlıların yararına cevap bulmaktadır.

Neolitik döneme tarihlenen Boncuklu ve Tepecik-Çiftlik Höyük popülasyonlarının ilk genetik profillerini çıkarmak için yapılan araştırmada, Avrupa'ya göç eden tarımcıların Orta Anadolu'da yaşamış ilk Neolitik tarımcılara benzediğini aynı zamanda Avrupa'ya Neolitik kültürü yayan grupların Anadolu kökenli ya da Anadolu'ya yakın akrabalık ilişkilerinin olduğu sonucuna varılmıştır.

Batman ili Beşiri Çemialo Sırtı kazı çalışmasında; Beşiri Çemialo Sırtı popülasyonunun yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu, Erken Holosen Batı Avrasya'da artan popülasyonlardan, örneğin Mezolitik ve Erken Neolitik gruplardan daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu gösterilmiştir. Aynı zamanda hem eski nüfuslar ile günümüzün Güneybatı Asya nüfusu arasında genetik yakınlık olabileceği hem de Neolitik Kuzey Suriye ile Neolitik Anadolu arasında en fazla genetik yakınlık olabileceği sonucu ortaya çıkarılmıştır.

Çine-Tepecik kazılarında, Güneybatı Anadolu'da yer alan, Geç Neolitik dönemden Roma dönemine kadar iskelet buluntuları elde edilmiştir. Erken Tunç Çağı'na tarihlenmiş üç bireye ait mtDNA analizlerinde J1d, H2a2a1 ve R haplogrupları saptanarak heterojen bir annesel soyun olduğu ve bu soyun eski Anadolu popülasyonları ile genetik benzerliği olduğu anlaşılmıştır.

İzmir ili Nif Dağı kazılarının üç farklı araştırma alanından çıkarılan bireylerin yaşadıkları bölgelerin coğrafik olarak yakın konumlarda buldukları, bu bireylerin tarihsel olarak da birbirlerine yakın dönemde yaşamış olabilecekleri aynı zamanda da evrimsel akrabalık açısından daha uzakta konumlandıkları tespit edilmiştir.

Titriş Höyük'teki genetik araştırmalarda, aynı mezar odasına gömülen bireylerin yakın akraba ilişkilerinin olduğu ve ETÇ popülasyonlarının güçlü anne-akrabalık bağlarının olduğu görülmüştür.

Resuloğlu Mezarlığı'ndan elde edilen bireylerin cinsiyetlerinin belirlenmesi ile ilgili çalışmada hem klasik antropolojinin hem de yeni geliştirilen aDNA analiz tekniklerinin

avantajları ve dezavantajları göz önünde bulundurularak her iki tekniğin birbirlerini tamamlayıcı olarak kullanılmasının daha doğru bir yaklaşım olduğu sonucuna varılmıştır.

Çatalhöyük'te yapılan arkeogenetik araştırmaları sonucunda; bireyler arasında maternal akrabalık ilişkisinin eksikliği görülmüştür. Bu da bireylerin ya çoklu maternal soylu büyük akraba grubunu ya da genetik afinite dışındaki temellere dayanarak mezar için seçilen bir grup kişiyi temsil ettiği yorumlanmıştır.



## SONUÇ

Anadolu`da yapılan Arkeogenetik çalışmaların özellikle Neolitik dönem üzerinde yoğunlaştığı görülmektedir. Anadolu`nun farklı coğrafi konumlarında yapılan kazılardan elde edilen bioarkeolojik örnekler üzerinde uygulanan mitokondriyal haplogrup çalışmalarında Neolitik toplulukların çeşitli akraba yapılarının olduğu sonucuna varılmıştır.

Aynı zamanda da haplogrup çalışmalarında elde edilen haplogrupların Batı Avrasya popülasyonlarına ait olduğu görülmüştür. Anadolu coğrafik konumu nedeniyle tarih öncesi dönemlerden itibaren önemli bir göç yolu olarak verimli toprakları sayesinde tarım sonrası dönemlerde birçok insan topluluklarına ev sahipliği yapmıştır.

Her ne kadar iskeletler üzerindeki morfolojik incelemeler yoluyla biyolojik ilişkiler tespit edilmeye çalışılsa da eski Anadolu coğrafyasında gözlenen biyolojik çeşitliliğin anlaşılması için kullanılan morfolojik veya osteolojik (kemik bilimi) analiz yöntemleri ile kesin sonuçlar elde edilemeyeceği söylenebilir. Bu yüzden moleküler-antropolojik bir teknik olarak aDNA`nın kullanılmasıyla kültürel ilişkilerin yanı sıra biyolojik ilişkilerin de incelenmesi, konunun daha iyi anlaşılmasını sağlamıştır.

Arkeolojik kazılardan çıkarılan ve laboratuvara getirilen iskelet kalıntılarında önemli ve doğru bilgiler elde edebilmek için kazıya başlamadan önce kemiklerin kontaminasyona uğramasını önlemek amacı ile arkeologların alacakları önlemler konusunda bilgilendirilmeleri gerekmektedir. Dünyada ve ülkemizde hızlıca gelişen DNA teknolojilerinin, insan ve diğer canlıların geçmişi hakkında detaylı sorulara cevap bulması için daha fazla karşılaştırmalı veriye ihtiyaç olduğu ve disiplinlerarası çalışmaların şart olduğu kaçınılmazdır.

Anadolu`da Bioarkeolojik Örnekler Üzerinde Yapılan Bazı Arkeogenetik Çalışmaların Anadolu Arkeolojisine Katkısı`nın daha fazla olması için son zamanlarda

bilim dünyasında artan ilgiyle alıřılmaya bařlanan Bioarkeoloji ve Arkeogenetik bilimlerinin ele aldıđı konuların desteklenmesi ve teřvik edilmesi gereklidir.



## KAYNAKÇA

### Kitaplar

- Brown, Terence (2006). Gene Cloning and DNA Analysis. An Introduction. Sixth edition. Oxford: Blackwell Publishing.
- Cavalli-Sforza, Luigi Luca, Paolo Menozzi, Alberto Piazza (1994). The History and Geography of Human Genes. New Jersey: Princeton University Press.
- Daskalaki, Evangelia (2004). Archaeological Genetic-Approaching Human History through DNA Analysis. Digital Comprehensive Summaries of Uppsala Dissertations from the Faculty of Science and Technology. Sweden: Uppsala University.
- Griffiths, Anthony, Susan Wessler, Richard Lewontin vd (2005). An Introduction to Aenetic Analysis. First edition. New York: W. H. Freeman and Company.
- Hummel, Susanne (2003). Ancient DNA Typing: Methods, Strategies and Applications. Berlin: Springer Science.
- Lewin, Roger (2000). Modern İnsanın Kökeni (Çev. Nazım Özüaydın). Onuncu Baskı. Ankara: Tübitak Yayınları.
- Najafov, Ayaz, Gerta Hoxhaj (2017). PCR Guru: An Ultimate Benchtop Reference for Molecular Biologists. Amsterdam: Academic Press, Elsevier.
- Nussbaum, Robert, McInnes R. Roderick, Willard F. Huntington vd (2005). Thompson and Thompson Genetics in Medicine. Altıncı Baskı. İstanbul: Güneş Kitabevi Ltd. Şti.
- Olivier, Georges (1969). Practical Anthropology/Charles C. Springfield. Illionis: Thomas Publisher.
- Özdoğan, Mehmet (2015). 50 Soruda Arkeoloji. Beşinci Baskı. İstanbul: 7 Renk Basım Yayın ve Filimcilik Ltd.Şti.
- Renfrew, Colin (2003). Arhaeogenetics: Towards a Population Prehistory of Europe Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research.
- Renfrew, Colin, Paul Bahn (2005). Archaeology: The Key Concepts. London: Taylor & Francis Ltd.
- Renfrew, Colin, Paul Bahn (2017). Arkeoloji-Kuramlar Yöntemler ve Uygulama. İstanbul: Homer Kitabevi ve Yayıncılık Ltd.
- Roberts, Charlotte (2015). The Archaeology of Disease Documented in Skeletons. Museum of London: Gresham collage.
- Slice, Dennis (2005). Modern Morphometrics in Physical Anthropology. Vienna, Austria: Spring US.

- Stoneking, Mark (2017). *An Introduction to Molecular Anthropology*. First Edition. USA: John Wiley and Sons Inc.
- Sobolik, Kristin (2003). *Archaeobiology*. USA: Altamira Press.
- Watson, James (2004). *DNA, The Secret of Life*. London: Arrow Books.
- White, Tim, Michael T. Black, Pieter Arend Folkens vd (2012). *Human Osteology*. Third Edition. Amsterdam: Elsevier Academic Press.

### **Makaleler, Bildiriler, Diğer Basılı Yayınlar**

- Akbaba, Ali (2017). “Antik DNA (aDNA) Çalışmalarından Elde Edilen Bilgiler”. *Türkiye Klinikleri J Foren Med-Special Topics*, 3(1): 99-107.
- Altınışik, Ezgi (2015). *İnsan İskeletlerinde Mitokondriyal Genom Analizi ve Haplogrup Tayini*. Yüksek Lisans Tezi, İstanbul Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Allentoft, Erik Morten, Sikora Martin, Sjogren Göran Kral vd (2015). “Population Genomics of Bronze Age Eurasia”. *Nature*, 522 (7555): 167–172.
- Algaze, Guillermo, Adnan Mısır, Tony Willkinson (1992). “Şanlıurfa Museum/University of California Excavations And Surveys at Titriş Höyük, 1991: A Preliminary Report”. *Anatolica*, 18: 33-60.
- Achilli, Alessandro, Chiara Rengo, Chiara Magri vd (2004). “The Molecular Dissection of mtDNA Haplogroup H Confirms that the Franco-Cantabrian Glacial Refuge Was a Major Source for the European Gene Pool”. *American Journal of Human Genetics*, 75(5): 910-918.
- Alexander, David, John Novembre, Kenneth Lange (2009). “Fast Model-Based Estimation of Ancestry in Unrelated Individuals”. *Genome Res*, 19(9): 1655-1664.
- Atamtürk, Derya, İzzet Duyar (2009). “Resuloğlu (Uğurludağ, Çorum) İskeletlerinin Antropolojik Analizi.” 25. *AST*,1: 311-328.
- Arıcan, Ercan, İzzet Duyar, Derya Atamtürk vd (2017). “Resuloğlu (Çorum) Kazısından Çıkarılan İnsan İskeletlerinin Cinsiyetlerinin Moleküler Teknikler Kullanılarak Belirlenmesi”. 33. *AST*, 2: 37-44.
- Aytek, Ahmet İhsan (2016). “Antik Anadolu Toplumlarının Geometrik Morfometrik Karşılaştırmaları”. *Doktora Tezi*, Ankara Üniversitesi, Sosyal Bilimler Enstitüsü, Ankara.
- Ba Hoang, Anh Mai, Michel Drancourt, Gérard Aboudharam (2020). “Ancient Dental Pulp: Masterpiece Tissue for Paleomicrobiology”. *Molecular Genetics and Genomic Medicine*, 8(6):1-15.
- Baird, Douglas (2012). “The Late Epipaleolithic, Neolithic, and Chalcolithic of the Anatolian Plateau, 13,000–4000 BC”. *A Companion to the Archaeology of the Ancient Near East*, 1: 431-465.



- Behjati, Sam, Patrcik Tarpey (2013). "What is Next Generation Sequencing?". Arch Dis Child Educ Pract Ed, 98(6): 236-238.
- Benowitz, Steven (2016). New Study Challenges Gold Standard for Validating DNA Sequencing Results: Findings Suggest Newer Next Generation DNA Sequencing Results are More Accurate. National Human Genome, 1
- Bilge, Yaşar, Kedici Sema, Yeşim Doğan vd (2003). "The Identification of a Dismembered Human Body: A Multidisciplinary Approach". Forensic Science International, 137(2-3):141-146.
- Bilgic, Hatice, Erdoğan Eşref Hakki, Anamika Pandey vd (2016). "Ancient DNA from 8400 Year old Çatalhöyük Wheat: Implications for the Origin of Neolithic Agriculture". Plos One, 3(11): 1-18.
- Bıçakçı Erhan, Martin Godon, Yasin Gökhan Çakan (2012). "The Neolithic in Turkey". Archaeology and Art Publications, 10(3): 89-134.
- Büyükkarayaka, Ali Metin, Yılmaz Selim Erdal, Metin Özbek (2009). "Tepecik/Çiftlik İnsanlarının Antropolojik Açidan Değerlendirilmesi". 24. ATS, 1: 119-138.
- Boberova, Katerina, Eva Drozdova, Kristyna Pizova (2012). "Application of Molecular Genetic Methods in Anthropological and Paleodemographic Studies of Fragmentary and Damaged Skeletal Material from Rescue Excavations". Journal of Life Sciences, 6(9): 961.
- Boz, Başak, Lori Hager (2013). "Living above the Dead: Intramural Burial Practices at Çatalhöyük". Institute of Archaeology, 8: 413-440.
- Bollongino, Ruth, Anne Tresset ve Jean D. Vigne (2008). "Environment and Excavation: Pre-lab Impacts on Ancient DNA Analyses". Comptes Rendus Palevol, 7(2): 91-98.
- Buermans, HPJ, den Dunnen JT (2014). "Next Generation Sequencing Technology: Advances and Applications". Biochimica et Biophysica Acta, 1842(10): 1932-41.
- Campos, Paula, Oliver Craig, Gordon Tuner Walker vd (2011). "DNA in Ancient Bone- Where is it Located and How should We Extract it?". Annals of Anatomy, 194(1): 7-16.
- Cemper-Kiesslich, Jan, Mark Coy, Fabian Kanz (2014). "Ancient DNA and Forensics Mutual Benefits a Practical Sampling and Laboratory Guide Through a Virtual Ancient DNA Study". The Bulletin of Legal Medicine, 19(1): 1-14.
- Cooper, Alan, Hendrik Poinar (2000). "Ancient DNA: do it right or not at all". Science, 289(5482): 1139.
- Cihangir, Elif (2006). Salat Tepe'de Arkeobotanik Çalışmalar, Yüksek Lisans Tezi, Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Chylenski, Maciej, Edvard Ehler, Mehmet Somel vd (2019). "Ancient Mitochondrial Genomes Reveal the Absence of Maternal Kinship in the Burials of Çatalhöyük People and Their Genetic Affinities". Genes, 10(2): 1-17.
- Dayton, Leigh (2003). "On the trail of first Dingo". Science, 302(5): 555-556.

- Dabney, Jesse, Micheal Knapp, Isabella Glocke vd (2013). “Complete Mitochondrial Genome Sequence of a Middle Pleistocene Cave Bear Reconstructed from Ultrashort DNA Fragments”. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(39): 15758–15763.
- Demirci, Sevgin, Evren Koban Baştanlar, Nihan Dilşad Dağtaş vd (2013). “Mitochondrial DNA Diversity of Modern, Ancient and Wild Sheep (*Ovis gmelinii anatolica*) from Turkey: New Insights on the Evolutionary History of Sheep”. *Plos One*, 8(12): 942-956.
- Higgins, Denice, Jeremy Austinm (2013). “Teeth as a Source of DNA for Forensic Identification of Human Remains”. *A Review Science and Justice*, 53: 433–441.
- Donato, Di Antimo, Edgardo Filippone, Maria Raffaella Ercolano vd (2018). “Genome Sequencing of Ancient Plant Remains: Findings, Uses and Potential Applications for the Study and Improvement of Modern Crops”. *Front. Plant Sci*, 9(441): 1-8.
- Doğan, Mustafa, Recep Eröz, Hüseyin Yüce vd (2017). “Yeni Nesil Dizileme (YND) Hakkında Bilinenler (Literatür Taraması)”. *Düzce Tıp Fakültesi Dergisi*, 19(1): 27-30.
- During, Bleda (2007). “Reconsidering the Çatalhöyük community: From households to settlement systems”. *Journal of Mediterranean Archaeology*, 20(2): 155–182.
- Ehler, Edvard, Jiri Novotny, Anna Juras vd (2018). “AmtDB: A Database of Ancient Human Mitochondrial Genomes”. *Nucleic Acids Res*, 47(1): 29-32
- Forster, Peter (2004). “Ice Ages and The Mitochondrial DNA Chronology of Human Dispersals: a Review”. *The Royal Society*, 359(1442): 255-264.
- Green, Eleanor, Joan Speller, Camilla Filomena (2017). “Novel Substrates as Sources of Ancient DNA”. *Prospects and Hurdles Genes*, 8(180): 1-26.
- Günel, Sevinç (2014). “Çine-Tepecik 2012 Yılı Kazıları”. *35. KST*, 1: 111-123.
- Hagelberg, Erika (1994). “Ancient DNA Studies”. *Evolutionary Anthropology*, 199-206.
- Hansen, Henrik, Peter de Barros Damgaard, Ashot Margaryan vd (2017). “Comparing Ancient DNA Preservation in Petrous Bone and Tooth Cementum”. *Plos One*, 12(1):1-18.
- Higuchi, Russel, Barbara Bowman, Merry Freiberger vd (1984). “DNA Sequences from The Quagga, an Extinct Member of The Horse Family”. *Nature*, 312: 282–284.
- Hillman, Gordon (1996). “Late Pleistocene Changes in Wild Plant-Foods Available to Hunter-Gatherers of the Northern Fertile Crescent: Possible Preludes to Cereal Cultivation”. *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*, 159-203.
- Hofreiter, Michael, Paijmans Johanna, Goodchild Helen vd (2015). “The Future of Ancient DNA: Technical Advances and Conceptual Shifts”. *BioEssays*, 37(3): 284-293.

- Hodder, Ian, Peter Pels (2010). "History houses: A New Interpretation of Architectural Elaboration at Çatalhöyük". *Religion in the Emergence of Civilization*, 10(3) : 163–186.
- Hofmanova, Zuzana, Susanne Kreutzer, Garrett Hellenthal vd (2016). "Early Farmers from Across Europe Directly Descended from Neolithic Aegeans". *PNAS*, 113(25): 6886-68891.
- Kaestle, Frederika, Ann Horsburgh (2002). "Ancient DNA in Anthropology: Methods, Applications, and Ethics". *American Journal of Physical Anthropology*, 119(45): 92-130.
- Kefi, Rym (2011). "Ancient DNA investigations: A review on Their Significance in Different Research Fields". *International Journal of Modern Anthropology Int. J. Mod. Anthropol*, 1(4): 61–76.
- Kuijt, Ian (2000). "People and Space in Early Agricultural Villages: Exploring Daily Lives, Community Size, and Architecture in the Late Pre-Pottery Neolithic". *Journal of Anthropological Archaeology*, 19(1): 75-102.
- Keleş, Ali, Yılmaz Selim Erdal, Mustafa Ersöz vd (2013). "A Micro Computed Tomography Examination of Dens Invaginatus Type 2 in an Approximately 2000 Year-Old Maxillary Molar Tooth-a Case Report". *Eurasian Journal of Anthropology*, 4(2): 45–50.
- Kemp, Brain, David Glenn Smith (2005). "Use of Bleach to Eliminate Contaminating DNA from the Surface of Bones and Teeth". *Forensic Science International*, 154(1): 53-61.
- Korlevic, Petra, Tobias Gerber, Marie-Theres Gansauge vd (2015). "Reducing Microbial and Human Contamination in DNA Extractions from Ancient Bones and Teeth". *Biotechniques*, 59(2): 87–93.
- Kotan, Damla Leman (2010). "Silika Metodu ile Kemikten DNA Ekstraksiyonu". Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Adli Tıp Anabilim Dalı, Adana.
- Kirsanow, Karola, Burger Joachim (2012). "Ancient human DNA". *Annals of Anatomy*, 194(1): 121-132.
- Kılınc, Gülşah Merve, Ayça Omrak, Füsün Özer vd (2016). "The Demographic Development of the First Farmers in Anatolia". *Current Biology*, 26: 2659-2666.
- Kısa, Aslı (2014). "Resuloğlu Mezarlığı Eski Tunç Çağı Seramiği". Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Sosyal Bilimler Enstitüsü, Ankara.
- Kolaric, Maja (2014). "Çatalhöyük". Tarih Çalışması Seminer, Zagreb Üniversitesi, Hırdavistan, Zagreb.
- Jansen, Thomas, Peter Forster, Marsha Levine vd (2002). "Mitochondrial DNA and the Origins of the Domestic Horse". *PNAS*, 99(16): 10905-10910.

- Larson, Greger, Albarella Umberto, Dobney Keith vd (2007). “Ancient DNA, Pig Domestication, and the Spread of the Neolithic into Europe”. *PNAS*, 104(39):15276-81.
- Lazaridis, Iosif, Alissa Mittnik, Nick Patterson, vd (2014). “Genetic Origins of the Minoans and Mycenaean”. *Nature*, 548(7666): 214-218.
- Leonardi, Michela, Librado Pablo, Sarkissian Cileo vd (2016). “Evolutionary Patterns and Processes: Lessons from Ancient DNA.” *Systematic Biology*, 66(1): 1–29.
- Liepelt, Sascha, Cristoph Sperisen, Marie Deguilloux vd (2006). “Authenticated DNA from ancient wood remains”. *Annals of Botany*, 98(5): 1107–1111.
- Marks, Jonathan (2002). “What is Molecular Anthropology? What Can it Be”. *Evolutionary Anthropology*, 11(4): 131-135.
- Mascher, Mona, Verena Schuenemann, Uri Davidovich vd (2016). “Genomic Analysis of 6,000 Year-Old Cultivated Grain Illuminates the Domestication History of Barley”. *Nature Genetic*, 48(9): 1089–1093.
- Marchant, Jo (2011). “Curse of The Pharaoh’s DNA”. *Nature*, 472(7344): 404-406.
- Margaret, Cox, Simon Mays (2000). “Human Osteology in Archaeology and Forensic Science”. *Greenwich Medical Media Ltd*, 11(6): 463- 522.
- Margulies, Marcel, Michael Egholm, William Altman (2005). “Genome Sequencing in Microfabricated High-Density Picolitre Reactors”. *Nature*, 437(7057): 376–380.
- Matney, Timothy, Guillermo Algaze, Matthew Dulik vd (2012). “Understanding Early Bronze Age Social Structure Through Mortuary Remains: A Pilot aDNA Study from Titriş Höyük, Southeastern Turkey”. *International Journal of Osteoarchaeology*, 22(3): 328-351.
- Mellart, James (1967). “Çatal Hüyük: A Neolithic Town in Anatolia; McGraw-Hill”. *Science*, 157(3795): 1419-1420.
- Nakanishi, Hiroaki, Hideki Shojo, Takada Ohmori vd (2015). “A Novel Method for Sex Determination by Detecting the Number of X Chromosomes”. *Int J Legal Med*, 129(1): 23-29.
- Nielsen, Rasmus, Joshua Akey, Mattias Jakobsson vd (2017). “Tracing the Peopling of the World Through Genomics”. *Nature*, 541(7637): 302–310.
- O’Rourke, Dennis, Geoffrey Hayes, Shawn Carlyle (2000). “Ancient DNA Studies in Physical Anthropology”. *Annual Review Anthropological*, 29(1): 217–242.
- O’Rourke, Dennis (2003). “Anthropological Genetics in the Genomic Era: A Look Back and Ahead”. *American Anthropologist*, 105(1): 101-109.
- Otoni, Claudio, Francois Ricaut, Nancy Vanderheyden vd (2011). “Mitochondrial Analysis of a Byzantine Population Reveals the Differential Impact of Multiple Historical Events in South Anatolia”. *European Journal of Human Genetics*, 19(5): 571–576.

- Omrak, Ayça, Torsten Günther, Cristina Valdiosera vd (2016). “Genomic Evidence Establishes Anatolia as the Source of the European Neolithic Gene Pool”. *Current Biology*, 26(7): 270-275.
- Özdoğan, Mehmet (2011). “Archaeological Evidence on the Westward Expansion of Farming Communities from Eastern Anatolia to the Aegean and the Balkans”. *Current Anthropology*, 52(4): 415-430.
- Özdoğan, Mehmet, Nezhil Başgelen, Peter Kuniholm (2012). “The Neolithic in Turkey: New Excavations and New Research”. *Central Turkey, Archaeology and Art Publications*, 3(9): 219-244.
- Özdoğan, Mehmet (2014). “A New Look at the Introduction of the Neolithic Way of Life in Southeastern Europe. Changing Paradigms of the Expansion of the Neolithic Way of Life”. *Documenta Praehistorica*, 41(2): 33–49.
- Palmer, Sarah, Alan Clapham, Rose Pamela vd (2012). “Archaeogenomic Evidence of Punctuated Genome Evolution in *Gossypium*”. *Molecular Biology and Evolution*, 29(8): 2031–2038.
- Pääbo, Svante, Hendrik Poinar, David Serre vd (2004). “Genetic Analyses from Ancient DNA”. *Annual Review of Genetics*, 38(7): 645-679.
- Pääbo, Svante (1985). “Molecular Cloning of Ancient Egyptian Mummy DNA”, *Nature*, 314(6012): 644-645.
- Pearson, Mike Parker, Tim Schadla Hall, Gabe Moshenska vd (2011). “Resolving the Human Remains Crisis in British Archaeology”. *PIA*, 21: 5-9.
- Patterson, Nick, Priya Moorjani, Yontao Luo vd (2012). “Ancient Admixture in Human History”. *Genetics*, 192(3): 1065-1093.
- Petersen, Britt Sabina, Broder Fredrich, Marc Hoepfner (2017). “Opportunities and Challenges of Whole Genome and Exome Sequencing”. *BMC Genetics*, 18(14): 1-13.
- Peker, Müjde (2013). “A Double Bone Comb from Karamattepe, the Nif Mountain Excavation”. *Oxford Journal of Archeology*, 32(2): 147-161.
- Philipp, Mitteroecker, Gunz Philipp (2009). “Advances in Geometric Morphometrics”. *Evolutionary Biology*, 36(2): 235–247.
- Pilloud, Marin, Clark Spencer Larsen (2011). “Official” and “practical” Kin: Inferring Social and Community Structure from Dental Phenotype at Neolithic Çatalhöyük”. *American Journal of Physical Anthropology*, 145(4): 519–530.
- Prendergast, Mary, Elizabeth Sawchuk (2019). “Ancient DNA is a Powerful Tool for Studying the Past When Archaeologists and Geneticists Work Together”, *The Conversation*, 1-6.
- Rasmussen, Morten, Yingrui Li, Stinus Lindgreen vd (2010). “Ancient Human Genome Sequence of an Extinct Palaeo-Eskimo”. *Articles*, 463(7282): 757-762.

- Renfrew, Colin (2001). "From Molecular Genetics to Archaeogenetics". *PNAS USA*, 98(9): 4830–4832.
- Rizzi, Ermanno, Elena Gigli, Gianluca De Bellis vd (2012). "Ancient DNA Studies: New Perspectives on Old Samples". *Genetics Selection Evolution*, 44(1): 1-19.
- Ricaut, Francois, Vincent Auriol, Norin Cramon-Taubadel vd (2010). "Comparison Between Morphological and Genetic Data to Estimate Biological Relationship: The Case of the Egyin Gol necropolis (Mongolia)". *American Journal of Physical Anthropology*, 143(3): 355–364.
- Rohland, Nadin, Hofreiter Michael (2007). "Ancient DNA Extraction From Bones and Teeth". *Nature Protocols*, 2(7): 1756-1762.
- Rohlf, James, Leslie Marcus (1993). "A Revolution in Morphometrics". *Trends in Ecology and Evolution*, 8(4): 129-132.
- Salo, Wilmar, Aufderheide Arthur, Jane Buikstra vd (1994). "Identification of Mycobacterium Tuberculosis in a Pre Columbian Mummy". *PNAS*, 91(6): 2091-2094.
- Sertkaya, Cihat Ferit (2019). *Anadolu Neolitikünde Görülen Mimari Öğelerin Seramik Form ve Yüzeylerindeki İzdüşümleri, Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü, Konya.*
- Singh, Jagdev, Garg AP. (2014) "Ancient DNA Analysis and Its Probable Applications In Forensic Anthropology". *Journal of Punjab Academy of Forensic Medicine and Toxicology*, 14(1): 43-50.
- Sirak, Kendra, Daniel Fernandes, Olivia Cheronet vd (2018). "A Minimally-Invasive Method for Sampling Human Petrous Bones from the Cranial Base for Ancient DNA Analysis". *BioTechniques*, 62(6): 283-289.
- Sirak, Kendra, Sedig Jakob (2019). "Balancing Analytical Goals and Anthropological Stewardship in the Midst of the Paleogenomics Revolution". *World Archaeology*. 8(4): 560-573.
- Slice, Dennis (2007). "Geometric Morphometrics". *Annual Review of Anthropology*, 36: 261–281.
- Spellera, Camilla, Brain Kemp, Scott Wyatt vd (2010). "Ancient Mitochondrial DNA Analysis Reveals Complexity of Indigenous North American Turkey Domestication". *PNAS*, 107(7): 2807-2812.
- Skourtanioti, Eirini, Yılmaz Selim Erdal, Marcella Frangipane vd (2020). "Genomic History of Neolithic to Bronze Age Anatolia, Northern Levant, and Southern Caucasus". *Cell*, 181(5): 1158-1175.
- Stone, Anne (2008). "DNA Analysis of Archaeological Remains", *Biological Anthropology of the Human Skeleton*, M.A. Katzenberg ve S.R. Saunders (Eds.). Chapter. 15: 461-482.

- Sullivan, Kevin, Armando Mannucci, Gill Peter vd (1993). "A Rapid and Quantitative DNA Sex Test: Fluorescencebased PCR Analysis of XY Homologous Gene Amelogenin". *Biotechniques*, 15(4): 636-8, 640-1.
- Tierney, Sheila (2008). "Amplification of Ancient DNA and Determination of Sex in Medieval Human Skeletal Material from Ballyhanna". *Co. Donegal*, 149-154.
- Tekeli, Evrim, Cüneyt Elma (2016). "Antropolojik Kemik Örneklerinden Antik DNA Çalışmaları". *Antropoloji*, 32: 23-41.
- Tulunay, Tül Elif (2012). "Smyrna (İzmir) Yakınlarında Birçok Kültürü Barındıran Dağ: Nif (Olympos)". *Colloquium Anatolicum*, 9: 81-99.
- Tütüncüler, Özlem (2006). "Çorum-Resuloğlu Eski Tunç Çağı Mezarlığı'nda Kumaş Kullanımına İlişkin Yeni Bulgular" *Anadolu / Anatolia*, 30: 137-148.
- Üstek, Duran, Neslihan Abacı, Sema Sırma vd (2011). "Yeni Nesil DNA Dizileme: New Generation DNA Sequencing". *Deneysel Tıp Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 1(1): 11-18.
- Vinet, Luc, Alexei Zhedanov (2010). "A Missing Family of Classical Orthogonal Polynomials". *Nature*, 418: 700-707.
- Watchman, Alan (2015). "Archaeometry". *International Encyclopedia of the Social and Behavioral Sciences*, 50-67.
- Wallace, Duane (1994). "Mitochondrial DNA Sequence Variation in Human Evolution and Disease". *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91(19): 8739-8746.
- Yaka, Reyhan, Ayşegül Birand, Yasemin Yılmaz vd (2017). "Güneydoğu Anadoludaki Batman, Çemialo Sırtı Kazı Yerinden Çıkarılmış İnsan Örneklerinden aDNA İzolasyonu ve mtDNA Analizi". 33. *AST*, 2: 191-192.
- Yaka, Reyhan, Ayşegül Birand, Yasemin Yılmaz vd (2018). "Archaeogenetics of Late Iron Age Çemialo Sırtı, Batman: Investigating Maternal Genetic Continuity in North Mesopotamia Since the Neolithic". *American Journal of Physical Anthropology*, 1-12.
- Yaka, Reyhan, Igor Mapelli, Damla Kaptan vd (2021). "Variable Kinship Patterns in Neolithic Anatolia Revealed by Ancient Genomes". *Current Biology*, 31: 2455-2468.
- Yıldırım, Tayfun, İsmet Ediz (2005). "2004 Yılı Resuloğlu Mezarlık Kazısı". 27. *KST*, 2: 57-64.
- Yıldırım, Tayfun, İsmet Ediz (2006). "2005 Yılı Resuloğlu Eski Tunç Çağı Mezarlık Kazısı". 28. *KST*, 2: 211-222.
- Yorulmaz, Sevgi (2019). *Çine-Tepecik İnsan İskelet Kalıntılarının Arkeogenomik Analizi, Yüksek Lisans Tezi, Hacettepe Üniversitesi, Sosyal Bilimleri Enstitüsü, Ankara.*

Yang, Dongya, Watt Kathy (2005). “Contamination Controls When Preparing Archaeological Remains for Ancient DNA Analysis”. *Journal of Archaeological Science*, 32(3): 331–336.

Zeder, Melinda, Brain Hesse (2000). “The Initial Domestication of Goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 Years Ago”. *Science*, 287(5461): 2254-2257.

### **Elektronik Kaynaklar**

<http://www.biyolojisi.net/uniteler/genden-proteine/dnanin-yapisi.html>  
15.06.2020

<https://rvmais.iweventos.com.br/upload/cartas/files/18h00%20%20Ana%20Carolina%20%20Interse%C3%A7%C3%A3o%20entre%20medicina%20de%20precis%C3%A3o.pdf>  
16.06.2020

<https://longroadtoinnovation.wordpress.com/polymerase-chain-reaction-innovation-that-revolutionized-molecular-biology>. 18.07.2020