

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

فرهود حاجی‌مزدارانی*

دانش‌آموخته کارشناسی ارشد باستان‌شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد تهران مرکز

مرتضی‌حصاری

استادیار گروه باستان‌شناسی دانشگاه هنر اصفهان

محمدتقی‌اکبری

دانشیار گروه ژنتیک پزشکی دانشگاه تربیت مدرس

(از ص ۸۵ تا ۹۴)

تاریخ دریافت مقاله: ۹۳/۰۴/۰۳؛ تاریخ پذیرش قطعی: ۹۳/۰۹/۱۵

چکیده

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

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

۱- مقدمه

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

یکی از قسمت‌های مهم این ژنوم، منطقه فوق متغیر ۱ (HVS I) است که در ناحیه D-loop قرار دارد و بخش غیر کدکننده DNA میتوکندری (mtDNA) است. بسیاری از تحقیقات انجام شده در زمینه خاستگاه احشام (به‌ویژه بز) بر روی این قسمت از ژنوم میتوکندری تمرکز داشته‌اند (Zeder, et al., 2006: 295). از آغاز قرن ۲۱ تاکنون، آنالیز منطقه فوق متغیر ۱ (HVS I) متعلق به نمونه‌های بز اهلی امروزی، به شناخت شش هاپلوگروپ اصلی بز در دنیای مدرن منجر شده است که از آن‌ها به نام‌های A, B, C, D, F و G یاد می‌شود (Naderi, et al., 2008: 17659). در این تعریف باید اضافه کرد هر هاپلوگروپ مجموعه‌ای از هاپلوتیپ‌هایی است که یک جد مشترک دارند، اما هاپلوتیپ‌ها گونه‌های مختلف یک توالی هستند که مجموعه‌ای منظم از نوکلئوتیدهای جایگزین در مناطق چندشکلی (Polymorphism) آن‌ها را نمایان می‌کند. (Baca and Molak, 2008: 39) از این رو هدف اصلی، ارزیابی و مقایسه هاپلوتیپ‌های ژنوم میتوکندری بزسانان نوسنگی و پیدایش خاستگاه ژنتیکی اهلی‌سازی آن در زاگرس مرکزی بوده است. هدف از این مطالعه استخراج دقیق DNA باستانی و سپس مقایسه فیلوژنی سکانس‌های فوق متغیر ۱ نوسنگی با نمونه‌های امروزی به منظور شناسایی هاپلوگروپ بزسانان نوسنگی است.

۲- معرفی محوطه چیا سبز

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

ق.م تا اواسط هزاره هشتم ق.م سکونت وجود داشته است (Darabi, et al. 2011: 260). این محوطه به خاطر موقعیت مکانی و زمانی خود، جزء مهم ترین محوطه هایی است که در پیدایش خاستگاه اهلی سازی بزسانان (به ویژه بز) نقش داشته است؛ چرا که ساختار توپوگرافی منطقه نشان دهنده یکی از غنی ترین مناطق بین کوهی برای تغذیه جانوران، به ویژه سم سانان است (نقشه ۱). شواهد جانورباستان شناسی این ناحیه حاکی از وجود درصد فراوانی از بزسانان، به ویژه کاپراهیرکس است که به نظر می رسد این محوطه در مراحل ابتدایی اهلی سازی و یا مرحله گذار از شکارورزی به اهلی سازی قرار داشته است. اگرچه نمونه های لایه های تحتانی هنوز به طور کامل تاریخ گذاری نشده، گزارش اولیه حفاری در این ناحیه نمایانگر چهارده مرحله استقرار نوسنگی بدون سفال است که نشان می دهد سکونت در این منطقه مستمر بوده و هیچ آثاری از فترت بین لایه های مختلف استقرار به دست نیامده است. نتایج آنالیز جانورباستان شناسی مجموعه استخوانی چیا سبز هنوز به طور کامل به چاپ نرسیده، اما مطالعات اولیه، این ناحیه را در میان ابتدایی ترین و مهم ترین مناطق اهلی سازی در زاگرس مرکزی و حتی قوس شرقی هلال حاصلخیزی قرار داده است (حصاری، ۱۳۸۹: ۱۰).

۳- مواد و روش ها

۳-۱- بقایای استخوان جانوری: بیشتر مجموعه بقایای استخوانی محوطه چیا سبز به صورت پراکنده و خرد شده به دست آمده است که این شکل غیرطبیعی می تواند حاکی از نوعی الگوی قصابی در این ناحیه باشد؛ به طوری که بعضی از بقایای استخوانی در حد شناسایی گونه و حتی عضو جانوری بوده اند (Darabi, et al. 2011: 258). برای آنالیز دقیق تر نمونه های ابتدایی بز در این محوطه و خاستگاه آن در زاگرس مرکزی، نمونه برداری از لایه های تحتانی انجام شد تا تصویر روشن تری از اهلی سازی بز در این ناحیه داشته باشیم؛ چرا که به نظر می رسد بز در لایه های فوقانی با قدمت میانه هزاره هشتم به طور کامل اهلی شده و یا مراحل ابتدایی اهلی سازی را گذرانده باشد (حصاری، ۱۳۸۹: ۱۱)؛ بنابراین، متخصصان آناتومی به منظور آزمایش های ژنتیک از مجموعه استخوانی این محوطه، پنج نمونه سالم و قابل شناسایی از لایه های تحتانی انتخاب کردند.

۳-۲- استخراج DNA باستانی، PCR و سکانس: نمونه برداری و استخراج DNA از بقایای باستانی چیا سبز طی مراحل خاصی انجام شده است (Cooper and Poinar, 2000: 1139) که به طور خلاصه به آن اشاره می شود: ۱- برای اجتناب از DNA مدرن و آلودگی های احتمالی حین حفاری و جابه جایی، نمونه ها ابتدا با آب دو بار تقطیر شسته و سپس به مدت ۵ دقیقه درون آب ژاول قرار داده شدند تا خاک، رسوبات و ناخالصی های آن جدا شود؛ ۲- سطح بیرونی استخوان ها با استفاده از ابزار پزشکی تا میزان ۵ میلی متر برداشته شد و سپس به مدت ۳۰ دقیقه در تمامی جهات در زیر اشعه UV قرار گرفتند؛ ۳- نمونه ها با استفاده از یک هاون آزمایشگاهی استریل به پودر تبدیل شدند. استخراج DNA باستانی با یک کیت آزمایشگاهی^۲ انجام پذیرفت. برای تکثیر منطقه فوق متغیر (HVS I) پرایمر زیر استفاده شد:

F (5-CGTGTATGCAAGTACATTAC-3)

و

R (5-CTGATTAGTCATTAGTCCATC-3)

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

جدول ۱

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

شرایط دمایی آزمایش PCR

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

جدول ۲

PCR buffer 1X
Forward Primer 10pM
Reverse Primer 10pM
MgCl ₂ 50mM
dNTP 10mM
Taq 1U/μl
DNA 0/8 ng/μl
(H ₂ O (Up to final volume 30 μl

غلظت مواد به کار رفته در آزمایش PCR

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

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

- ۱- استخراج DNA باستانی و آنالیز PCR در مکان‌های جدا و عاری از هرگونه DNA بز مدرن و باستانی صورت گرفته است؛
- ۲- هیچ‌گونه آلودگی هنگام استخراج و PCR نمایان نشد؛ چرا که نمونهٔ PCR شامل کنترل NTC بود تا آلودگی‌های احتمالی زیر نظر گرفته شود؛

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

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

۳-۳- آنالیز سکانس (توالی): سکانس نمونه‌های باستانی چیا سبز با استفاده از نرم‌افزار سیکمن (Seqman II v5.00) آنالیز و ویرایش شده و با مقایسه با دیگر سکانس‌های فوق متغیر ۱ (HVS I) بز مدرن در مرکز ملی اطلاعات زیست-فن‌آوری (NCBI) درخت فیلوژنی با نرم‌افزار مگا (Mega 4 v4.00) رسم شده است (شکل ۳).

۴- رسم و توصیف درخت فیلوژنی

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

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

۵- بحث و نتیجه

تحقیقات قبلی بر روی بخش فوق متغیر ۱ ژنوم میتوکندری بز مدرن، به شناسایی شش گروه متفاوت میتوکندری (هاپلوگروپ) منجر شد. نخستین هاپلوگروپ‌های شناسایی شده به نام‌های A، B و C بوده‌اند؛ به طوری که هاپلوگروپ A با بیشترین پراکنش جغرافیایی و جامعه آماری در دنیا، هاپلوگروپ B فقط در شبه قاره هند و چین و هاپلوگروپ C نیز با تعداد بسیار کم، تنها در کشورهای اسلوانی، سوئیس و مغولستان نمایان شدند (Luikart, et al., 2001: 5929).

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

در این مطالعه مقایسهٔ هاپلوتیپ‌های نوسنگی چپاسبز با هاپلوتیپ‌های مدرن در درخت فیلوژنی، نشان می‌دهد که نمونه‌های نوسنگی درون هاپلوگروپ A قرار گرفته‌اند. مطالعات ژنتیکی نشان داده است انتشار این هاپلوگروپ در دنیای قدیم تقریباً از زمان نخستین اهلی‌سازی بز در خاور نزدیک (حدود ۱۰ هزار سال قبل) آغاز شده است (Luikart, et al., 2001: 5927). پیدایش هاپلوگروپ A در دورهٔ نوسنگی زاگرس ایران را می‌توان به پیدایش خاستگاه این هاپلوگروپ در قسمت شرقی هلال حاصلخیزی نسبت داد؛ چرا که پیش‌تر بر اساس مطالعات جانورباستان‌شناسی نیز شواهد اولیهٔ اهلی‌سازی بز در کوه‌های زاگرس ایران به دست آمده است (Zeder, 2005: 143; Zeder and Hesse, 2000: 2254). علاوه بر هاپلوتیپ‌های چپاسبز، در مطالعهٔ دیگری، دو سکانس بز باستانی از ناحیهٔ تپه قبرستان در دشت قزوین (دورهٔ مس و سنگ) متعلق به هاپلوگروپ A به دست آمده است (Fernandez, et al. 2005: 53). اگرچه دشت قزوین با فاصلهٔ چند صد کیلومتری از زاگرس مرکزی و آناتولی قرار دارد که دارای ابتدایی‌ترین شواهد اهلی‌سازی و رمه‌داری بز هستند، پیدایش هاپلوگروپ A بز در این منطقهٔ جغرافیایی حاکی از آن است که نسل A بز پس از طی فرآیند اهلی‌سازی ابتدایی در غرب ایران (به‌ویژه زاگرس مرکزی) درون فلات مرکزی ایران منتشر شده است (نقشهٔ ۱). این فرآیند ناشی از این است که گروه‌های انسانی بز را جابه‌جا کرده‌اند؛ چرا که بز از ابتدای دورهٔ نوسنگی تاکنون نقش بسیار مهمی در اقتصاد معیشتی آن‌ها ایفا کرده است (Porter, 1996: 124).

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

اگرچه هاپلوگروپ A در میان بزهای وحشی (به عنوان اجداد بز اهلی) مدرن فلات مرکزی و زاگرس ایران ناپدید شده‌اند و تنها در شرقی‌ترین بخش ایران به چشم می‌آیند و بر اساس پیدایش نسل A در میان بزهای وحشی شرق ترکیه، خاستگاه اهلی‌سازی این هاپلوگروپ به این منطقه نسبت داده شده است (Naderi, et al. 2008: 17661). بر اساس وجود هاپلوتیپ‌های نوسنگی چپاسبز در این تحقیق، این ایده بیان می‌شود که زاگرس مرکزی نیز به عنوان مرکز مستقل اهلی‌سازی، توانایی بالقوهٔ اهلی‌سازی و انتشار هاپلوگروپ A را در فلات مرکزی ایران و دنیای قدیم داشته است؛ چرا که شواهد باستان‌شناسی نیز زاگرس ایران را با فاصلهٔ بسیار طولانی از شرق ترکیه، به عنوان مرکز مستقل اهلی‌سازی معرفی کرده است (نقشهٔ ۱).

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

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

تشکر و قدردانی

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

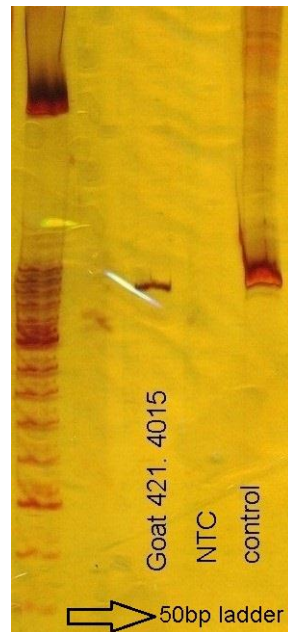
پی‌نوشت

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

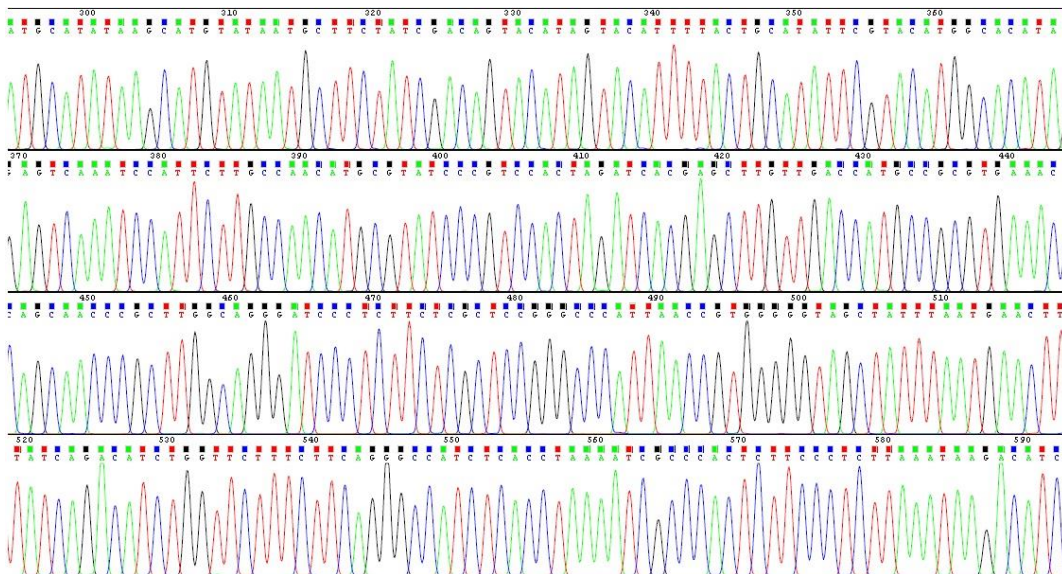
ضمائم



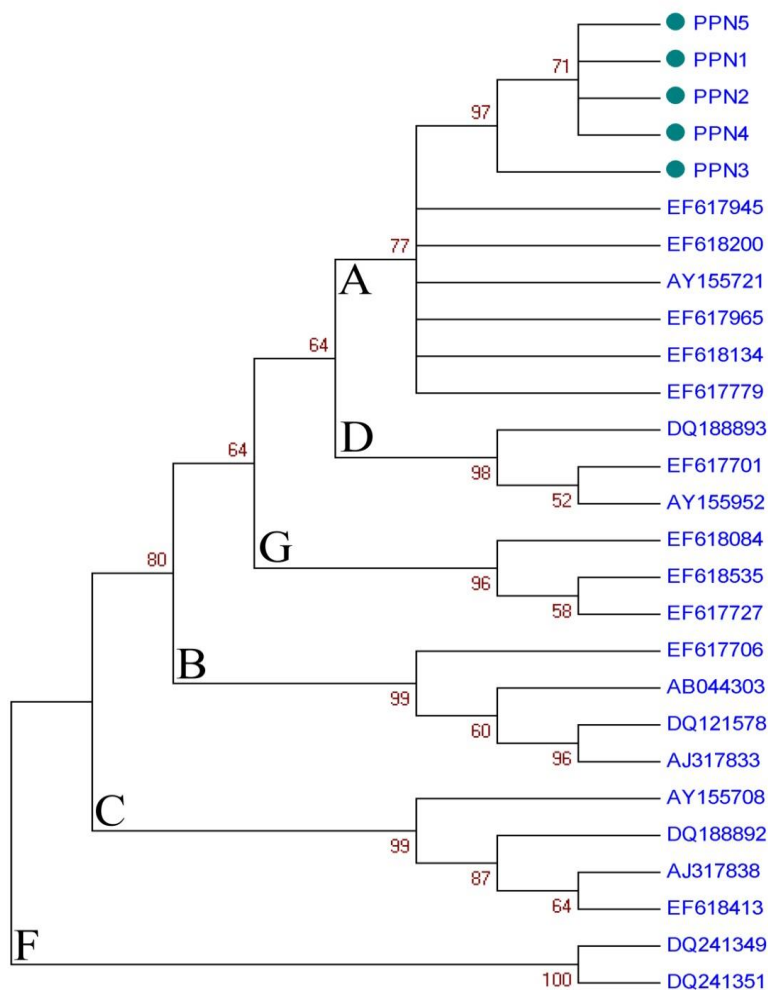
نقشه ۱. پیدایش هابلوگروپ A باستانی در زاگرس مرکزی و دشت قزوین. حضور هابلوگروپ A بز وحشی امروزی (به عنوان اجداد بز اهلی) در آناتولی شرقی و شرق ایران



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



شکل ۲. بخشی از تعیین توالی یکی از نمونه‌های نوسنگی



شکل ۳. درخت فیلوژنی (تکامل نژادی)

منابع

حصاری، مرتضی، (۱۳۸۹)، «گزارش مقدماتی کاوش محوطه چیا سبز شرقی» (منتشر نشده)، سازمان میراث فرهنگی کشور، پژوهشکده باستان‌شناسی.

- Baca, M. and Molak, Martyna, 2008, Research on ancient DNA in the Near East. *Bioarchaeology of the Near East* 2, 39-61.
- Brown W.M., George M. Jr., Wilson A.C., 1979, Rapid evolution of animal mitochondrial DNA, *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 76 (4):1967-1971.
- Cooper, A. and Poinar, H., 2000, Ancient DNA: do it right or not at all. *Science* 289: 1139.
- Darabi, H., Naseri, Reza., Young, R., Fazeli. 2011, The absolute chronology of East Chia Sabz, a pre-pottery Neolithic site in Western Iran, *Documenta Praehistorica XXXVIII*: 255-265.
- Fernandez, H., P. Taberlet, M. Mashkour, J.-D. Vigne, and G. Luikart, 2005, Assessing the origin and diffusion of domestic goats using ancient DNA, In: J.D. Vigne, J. Peters, and D. Helmer (eds.), *The first steps of animal domestication, 9th ICAZ Conference*, Durham 2002, Oxford, Oxbow Books: 50-54.

- Han, L., Yu, H., Cai, D., Shi, H., Zhu, H., Zhou, H., 2010, Mitochondrial DNA analysis provides new insights into the origin of The Chinese domestic goat, *Small Ruminant Research* 90: 41-46.
- Hongo, H. and Meadow, R. H., 2000, Faunal remains from Prepottery Neolithic levels at Çayönü, southeastern Turkey: A Preliminary Report Focusing on Pigs (*Sus* sp.), In M. Mashkour, A.M. Choyke and H. Buitenhuis (eds.), *Proc. 4th Int. Symp. on Archaeozoology of Southwestern Asia and adjacent areas* (Archaeological Research and Consultancy, Publication 32, Groningen, The Netherlands): 121- 140.
- Joshi, M.B., Rout, P.K., Mandal, A.K., Tyler-Smith, C., Singh, L., Thangaraj, K., 2004, Phylogeography and origin of Indian domestic goats, *Mol. Biol. Evol* 21, 454-462.
- Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.D., Bouvet, J., Taberlet, P. 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 1998, 5927-5932.
- Mannen, H., Nagata, Y., Tjusi, S., 2001, Mitochondrial DNA reveal that domestic goat (*Capra hircus*) are genetically affected by two subspecies of Bezoar (*Capra aegagurus*). *Biochemical Genetics*, 39 (5-6), 145-154.
- Naderi, S., Rezaei, H.R., Taberlet, P., Zudel, S., Rafat, S.A., Naghash, H.R., El-Barody, M.A., Ertugrul, O., Pompanon, F., 2007, Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity, *PLoS ONE* 2 (issue 10): 1-12.
- Naderi, S., Rezaei H.R., Pompanon, F., Blum, M.G.B., Negrini, R., Naghash, H.R., Balkiz, O., Mashkour, M., Gaggiotti, O.E., Marsan, P.A., Kence, A., Vigne, J.D., Taberlet, P., 2008, The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals, *Pnas* vol 105 (no 4b):17659-17664.
- Peters J., Helmer D., von den Driesch A., San a-Segui M, 1999, Early animal husbandry in the Northern Levant, *Paleorient* 25(2), 27- 48.
- Peters J., von den Driesch A., Helmer D., 2005, The Upper Euphrate-Tigris basin, cradle of agro-pastoralism?. In: J.D. Vigne, D. Helmer and J. Peters, (eds.), *The first steps of animal domestication: new archaeozoological approaches*, Oxbow Books, Oxford, 96-124.
- Porter, V., 1996, *Goats of the World*, Farming Press, Ipswich, UK.
- Sardina, M.T., Ballester, M., Marmi, J., Finocchiaro, R., van Kaam, J.B.C.H.M., Portolano, B., Folch, J.M., 2006, Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Geneicst*, 37, 376-378.
- Sultana, S., Mannen, H., Tsuji, S, 2003, Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats, *Animal Genetics* 34, 417-421.
- Zeder, M.A, 1999, Animal domestication in the Zagros: a review of past and current research. *Paleorient* 25, 11-25.
- Zeder, M.A., Hesse, B., 2000, The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 years ago, *Science* 287: 2254-2257.
- Zeder, M.A., 2005, A view from the Zagros: new perspectives on livestock domestication in the Fertile Crescent, In: J.D. Vigne, J. Peters and D. Helmer, (eds.), *New methods and the first steps of animal domestications*, Oxbow Press: 125-147.
- Zeder, M.A., Bradley, D.G., Emshwiller, E., Smith, B.D, 2006, *Documenting domestication, new genetic and archaeological paradigms*, University of California Press, Ltd. London, England, Chapter 20: 294-305.