

دانش ژنتیک و نسب‌شناسی در تمدن اسلامی؛ فرصت‌ها و چالش‌ها

مهدی بیگدلی^۱، سیدابوالفضل رضوی^۲، رضا شعبانی صمغ‌آبادی^۳

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۳/۸

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۶/۲۵

چکیده

یکی از علومی که تأثیر عمیقی بر باستان‌شناسی، تاریخ، انسان‌شناسی و مردم‌شناسی، دارد و «نسب‌شناسی» را با فرصت‌ها، زمینه‌ها یا چالش‌های جدی مواجه می‌سازد، «ژنتیک» است. دانش ژنتیک و کشف دی‌ان‌ای^۴ آغاز تحولی بزرگ در زمینه‌های علوم زیستی و علوم مرتبط است. مقاله رویکردها و فرصت‌های پیش‌روی نسب‌شناسی در مواجهه با ژنتیک را مورد ارزیابی قرار می‌دهد، با طرح این مسأله که ژنتیک چه میزان می‌تواند در تحقیقات نسب‌شناسی راهگشا و سودمند باشد. آیا استفاده از روش‌های تجربی آزمایشگاهی تعیین هویت مانند دی‌ان‌ای کروموزوم Y و میتوکندری^۵ دی‌ان‌ای در تعیین اصل و نسب با شیوه‌های نوین در شناخت هویت‌های مبتنی بر نیاشناسی با تکمیل و تصحیح داده‌ها برای فهم بهتر تاریخ می‌تواند ما را یاری رساند؟ و یا جابجایی‌های جوامع را دقیق‌تر نشان دهد؟ دستاورد تحقیق حاکی از آن است در آینده ژنتیک می‌تواند در این زمینه به کار آید و مناسبات نوینی در فهم دقیق تاریخ با اتکا به دانش نسب‌شناسایی شکل می‌گیرد.

کلمات کلیدی: ژنتیک، نسب‌شناسی، کروموزوم Y، ام‌تی‌دی‌ان‌ای، تمدن اسلامی.

^۱ دانشجوی دکتری تاریخ، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران.

bigdelimehdi73@yahoo.com

^۲ دانشیار تاریخ، دانشگاه خوارزمی، تهران، ایران. (نویسنده مسئول). abolfazlrazavi@khu.ac.ir

^۳ استاد گروه تاریخ، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران. sinaforoozesh@gmail.com

4. DNA: Deoxyribonucleic acid

داکسی‌ریبونوکلئیک اسید: پلی‌نوکلئوتید دو رشته‌ای که از دو زنجیره جدا و از واحدهای داکسی‌ریبونوکلئوتید متصل به صورت کووالان تشکیل شده است، ایجاد می‌شود. به عنوان ذخیره سلولی اطلاعات ژنتیکی عمل می‌کند که از یک نسل به نسل دیگر انتقال می‌یابد (آلبرت، ۲۰۱۰: ۹۷۴).

5. Mitochondria

مقدمه

به راستی اگر سده بیستم، سده تخصص‌گرایی در همه ابعاد زندگی بشری، به‌ویژه تخصص‌گرایی در علم و مرزبندی دقیق بین علوم بوده است و پژوهشگران هر یک از رشته‌های علمی تلاش می‌کردند تا با تعاریف دقیق، حوزه و قلمرو پژوهشی خود را مشخص و آن را از دیگر رشته‌ها جدا کنند، سده بیست و یکم، سده تلفیق و ترکیب و همکاری و مرززدایی بین همان رشته‌ها و متخصصان آنها بود. در سایه این همکاری‌ها و پیشرفت‌های روش‌شناختی و فن‌شناختی دو دهه اخیر است که اکنون به همان اندازه که تخصص‌گرایی سده بیستم اهمیت دارد، آگاهی متخصصان از پیشرفت‌ها و چالش‌هایی که در علوم دیگر نیز وجود دارد، اهمیت یافته و در سایه این آگاهی، همکاری بین متخصصان رشته‌های مختلف ضرورت یافته است. نگاهی گذرا به انتشارات علمی نیم سده گذشته، به وضوح نشان می‌دهد که هر چه به زمان حال نزدیک می‌شود، پژوهش‌هایی که حاصل همکاری متخصصان رشته‌های مختلف در کنار یکدیگر است، روز به روز افزایش یافته است؛ به گونه‌ای که اکنون در مراکز علمی و آموزشی سراسر جهان شاهد آن دسته از گرایش‌های علمی و دانشگاهی هستیم که به اصطلاح، بین‌رشته‌ای^۱ چند رشته‌ای^۲ خوانده می‌شوند (حسین‌زاده‌ساداتی، ۱۳۹۴: ۳۴). در این شاخه‌های علمی، متخصصان چند حوزه علمی مختلف گرد می‌آیند تا موضوع پیچیده یا ناشناخته‌ای را که شناخت دقیق آن از ظرفیت‌ها و دانش یک رشته یا تخصص خاص خارج است، به طور دقیق تحلیل و رمزگشایی کنند (خورسندی طاسکوه، ۱۳۸۸: ۵۷؛ مهرمحمدی، ۱۳۸۸: ۱-۲).

یکی از این علوم میان رشته‌ای که به تازگی پا به عرصه دانش گذاشته است و بیش از دو دهه از ظهور آن نمی‌گذارد، رشته ژنتیک باستان‌شناسی^۳ است.

سلول^۴: کوچکترین واحد حیاتی پیکره هر موجود زنده را سلول می‌گوییم. می‌توان گفت اگر بدن موجودات را به یک ساختمان تشبیه کنیم سلول‌ها به تعبیری آجرهای تشکیل‌دهنده بنا هستند. هر سلول از اجزاء مختلفی تشکیل شده است که به طور عمده سیتوپلاسم، غشای سیتوپلاسمی و هسته‌اند (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۳۷۳).

بیشتر دی‌ان‌ای یک سلول در درون هسته آن قرار دارد. نیمی از این دی‌ان‌ای هسته‌ای از پدر و نیم دیگر از مادر به ارث می‌رسد، اما در درون میتوکندری هم دی‌ان‌ای وجود دارد که این

-
1. Interdisciplinary
 2. Multi- Disciplinary
 3. Archaeogenetics
 4. Cell

دی‌ان‌ای منحصراً از مادر به ارث می‌رسد. علت این امر را باید در چگونگی لقاح سلول‌های جنسی جستجو کرد. در هنگام لقاح تنها هسته اسپرم وارد تخمک می‌شود. این سیتوپلاسم تخمک است که سیتوپلاسم تخم را می‌سازد. بر این اساس میتوکندری‌های سلول تخم، از تخمک مادر منشأ می‌گیرند و بنابراین تنها حاوی دی‌ان‌ای مادری خواهند بود. تمام بستگان مادری یک فرد دارای دی‌ان‌ای میتوکندریایی مشابهی با او هستند و از این طریق می‌توان از آن برای تعیین هویت و مطالعات فیلوژنتیک استفاده کرد (همان: ۴۶ و ۱۰۳).

ژن^۱ ما حاوی اسرار ماست. ژنوم انسان‌ها ۹۹/۹ درصد عیناً مثل هم است. ما انسان‌ها خیلی بیش از این که فرق داشته باشیم به هم شباهت داریم، اما همان مقدار کم (۱/۰ درصد) است که شواهدی از گذشته ما دارد. دی‌ان‌ای هر فرد مانند اثر انگشت یا اسکن شبکیه چشمش، منحصر به فرد است و خصوصیات فردی هر کس، مانند رنگ چشم و زمینه‌های بروز بیماری ژنتیکی در دی‌ان‌ای او نهفته است. برخی از قابل توجه‌ترین پیشرفت‌های دی‌ان‌ای در حوزه اجرای قانون است. نزدیک به دو دهه است که سازمان‌های آمریکایی برای حل مسائل جنایی از نمونه‌برداری از دی‌ان‌ای استفاده می‌کنند و با پژوهش در آن ممکن است فرد بی‌گناهی را که به اشتباه متهم شناخته شده است تبرئه کنند (همان، ۴۶). در دهه گذشته پیشرفت‌های جدید، بعضی سازمان‌های قضایی را بر آن داشت تا در سراسر کشور خود، پایگاه اطلاعاتی دی‌ان‌ای بر پا کنند و جهت ردیابی و دستگیری تبهکاران از طریق مراجعه به آن پایگاه‌ها به مراجع قانونی کمک کنند. امروزه این امکان حاصل شده است قبل از این که هر شخصی متولد شود تمام ساختار ژنی او روی یک فایل ذخیره شود و زمانی که به یک مشکل بیماری برخورد نماید یک پزشک بتواند از طریق مطالعه فایل وی، ژن‌های او را بررسی کند و اقدام مناسب را برای رفع مشکل او انجام دهد. شناخت ساختار دی‌ان‌ای فقط به این موارد که ذکر شد ختم نمی‌گردد، بلکه امروزه مطالعات نوین ژنتیک توانایی‌های فوق‌العاده‌ای را در اختیار دانشمندان قرار داده تا آن‌ها بتوانند با دستکاری‌هایی در دی‌ان‌ای گیاهان و جانوران، به خلق گونه‌های متفاوت‌تر از نیاکان آن‌ها دست یابند، موجود تغییر یافته ژنتیکی موجود زنده‌ای است که ساختار ژنتیکی آن با استفاده از فناوری مهندسی ژنتیک تغییر داده شده است. این موجود ممکن است یک گیاه، حیوان، انسان یا یک میکروارگانیسم باشد (همان: ۴۷).

1. Gene

ژن: ناحیه از دی‌ان‌ای که ویژگی ارثی مجزایی از یک جاندار را کنترل می‌کند و معمولاً مسول تعیین یک پروتین اختصاصی یا مولکول آر‌ان‌ای است (آلبرت، ۲۰۱۰: ۹۷۹).

مجموع دو یا بیشتر نشانگر چند شکلی بر روی یک کروموزوم، هاپلوتایپ نامیده می‌شود (Zhao H, 2003, 171-178) و گروهی از هاپلوتایپ‌های مشابه را که یک جد مشترک دارند هاپلوگروه می‌نامند (Ruzgar E, 2004, 164).

در اکثر مواقع پدر یک کپی دقیقاً مشابه از کروموزوم Y خود را به پسرش انتقال می‌دهد و به این معناست که نشانگرهای مربوط به کروموزوم Y پسر با آن چه در پدر وجود دارد یکسان است. هر چند که به ندرت ممکن است در آن جهش رخ دهد (Jobling, Tyler-Smith 2003, 598-612).

دودمان‌شناسی بر اساس مولکول دی‌ان‌ای یک رشته نسبتاً جدید از علوم با هدف بررسی تاریخ، زبان، انسان‌شناسی، بررسی‌های قومیتی و رشته‌های مرتبط با آن با استفاده از مولکول دی‌ان‌ای می‌باشد (Rozhanskii, Klyosov, 2011, 1:26).

ماهیت و چیستی نسب‌شناسی

بنا بر علل سیاسی، اجتماعی، اعتقادی و فرهنگی، اهتمام به نسب در میان بسیاری از ملل جایگاه و اعتبار ویژه‌ای داشت. مطالعه نسب‌شناسی با اهتمام به ارتباط آن با سایر علوم از جمله جامعه‌شناسی، مردم‌شناسی، روان‌شناسی، فقه و حقوق، کلام، رجال، حدیث، ژنتیک و تاریخ می‌تواند محمل پژوهش‌های مفیدی در حوزه فعالیت‌های میان‌رشته‌ای باشد؛ در جوامع سنتی که ساختار حیات اجتماعی و قشربندی آن بر پایه‌ی قومیت‌ها و خرده فرهنگ‌ها استوار می‌گشت، یکی از گونه‌های بنیادین شناخت، «نسب» بود. از همین روی تبیین و فهم هویت یک جامعه و گروه بر پایه نسب امکان بیشتری داشت. علم نسب‌شناسی یکی از علوم و فنونی است که به گروه و ملتی خاص یا مکان و زمانی معین اختصاص ندارد، بلکه زاینده نیاز همه انسان‌ها در تمامی ادوار تاریخ بوده که برای پشتیبانی و وابستگی کامل به قوم، قبیله، عشیره و خاندان به وجود آمده است. تکاپو و تلاش برای شناخت اجداد و پیشینیان هر قوم و ملتی را می‌توان بخشی از بازیابی «هویت» آن‌ها و عاملی در پیدایش "اعتماد به نفس ملی" به شمار آورد. روند این شناسایی، موضوع "علم الانساب" یا دانش نسب‌شناسی است.

عرب‌ها، چینی‌ها، سامی‌ها، یونانی‌ها، رومی‌ها، سومری‌ها، ایلامی‌ها، ایرانی‌ها، هندی‌ها و اروپایی‌ها نیز به نسب اهمیت می‌دادند. عرب‌ها به سبب عصبیت و انسجام درونی قبیله، به انساب، تاریخ و تبار خود توجه خاصی نشان می‌دادند و تبار خود را در قالب شعر، رجز و دیگر روایات شفاهی به فرزندان خود منتقل می‌کردند.

علم انساب که از آن در فارسی به «تبارشناسی» و در لاتین به «ژنولوژی»^۱ یاد می‌شود، از تعیین نسب مردم و روش پژوهش در آن سخن می‌گوید (ستوده، ۱۳۷۵: ۸۷). حاجی‌خلیفه آن را علمی می‌داند که به شناسایی نسبت‌های مردم می‌پردازد و هدف آن احتراز از خطا در نسب اشخاص است (حاجی‌خلیفه، ۱۹۹۲: ۱۷۸).

فرانسوا دوس نویسنده کتاب تاریخ تکه تکه اشاره ظریفی به اهمیت تاریخ و شجره‌شناسی دارد. پس از اقداماتی که به مناسبت سال میراث تاریخی (۱۹۸۰ م.) انجام شد، بسیاری به دنبال شجره‌نامه خود رفتند و دریافتند هر فرد سالخورده‌ای که می‌میرد به مثابه آن است که کتابخانه‌ای آتش می‌گیرد. بدین سبب دست به کار شدند تا روایت نسل‌های پیشین و ابعادی از زندگی را که از خاطر می‌گریزد حفظ کنند؛ تاریخی که تا پیش از این تنها جنبه مصرفی داشت، اکنون به درمانی تبدیل شده بود که نقصانی را بر طرف می‌کند و تنها گوشه‌هایی از گذشته را که در خاطر نمانده‌اند در هم می‌شکند (دوس، ۱۳۹۶: ۲۶).

مطالعات فیلوژنتیک

فیلوژنتیک، درخت تکامل نژادی، شجره تکامل و یا تبارزایی، شاخه‌ای در علم زیست‌شناسی است که با آن به بررسی ارتباط تکاملی گروه‌های مختلف جانداران نظیر گونه‌ها یا جمعیت‌ها می‌پردازند و آن را از طریق داده‌های توالی‌یابی مولکولی و ماتریس‌های داده‌های ریخت‌شناسی به دست می‌آورند. خود واژه فیلوژنتیک از ریشه یونانی فیل به معنی «تبار»، و ژنتیکوس به معنی «مربوط به زایش» یا زایشی گرفته شده است. در علم رده‌بندی موجودات و نام‌گذاری موجودات از علم فیلوژنتیک کمک گرفته می‌شود. درخت تکاملی یک نمودار انشعابی است و روابط تکاملی در میان گونه‌های مختلف زیستی و یا حتی اشخاص را بر اساس شباهت‌ها، تفاوت‌های فیزیکی، ژنتیکی و یا خصوصیات نشان می‌دهد. واحدهایی که در تکامل درختی به همدیگر متصل هستند از یک نیای مشترک جدا شده‌اند... (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۰۴-۱۰۳).

شباهت‌های ویژه موجود در یک ساختار ژنتیکی، این قابلیت را فراهم می‌کند تا مشخص شود گروه‌های مختلف مردم در درخت تکاملی متعلق به کدام هاپلوگروپ‌اند و یا خاستگاه آنان از نظر جغرافیایی کجاست، همچنین برآوردی در خصوص نیاکان مشترک و زمان ورودن‌ها به جمعیت ارائه می‌کند. از نظر ژنتیک پدری^۲ یا ژنتیک مادری^۳ این نوآوری اهمیت به‌سزایی در ردیابی

¹ . Genealogy

² . Y-Chromosome

³ . Mitochondrial DNA

الگوهای مهاجرتی، سکونتگاه‌های انسان، چگونگی روند شکل‌گیری جمعیت‌های معاصر و پیشرفت آن‌ها در طول زمان دارد (همان، ۱۰۵).

کروموزوم Y: پلی‌مورفیسم Y کروموزومی جهت مطالعه مهاجرت انسانی به منظور ارائه اطلاعاتی درباره منشأ انسانی با تأکید بر نقش پدر به کار گرفته می‌شود (Underhill, 2010, 479-484, Wells, 2001, 10244-10249, Semino, 2004, 1023-1034).

هابلوگروپ‌های Y کروموزومی نسبت به میتوکندری، الگوهای محلی و جغرافیایی قوی‌تری را از خود نشان می‌دهد که احتمالاً به این دلیل است که پدر بومی - مردها در همان مکان‌هایی که پدرانشان بوده‌اند به زندگی ادامه می‌دهند - یک ویژگی در میان بسیاری از فرهنگ‌های انسانی است (Jobling, 2003, 598, 612, Burton 1996, 49-87).

دی‌ان‌ای میتوکندریایی: میتوکندری تنها توارث مادری دارد (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۱۳). از میتوکندری‌های چند ریختی (پلی‌مورفیسم) به صورت گسترده‌ای برای تشخیص گونه‌ها، هویت افراد تست‌های مادری استفاده می‌شود؛ چرا که میتوکندری دارای خصوصیات منحصر به فردی است و همان طور که قبلاً نیز گفته شده دارای وراثت مادری است (لسانی، ۱۳۹۱: ۱۶) برای استفاده از ژنوم میتوکندری در تعیین هویت، لازم است هابلوتایپ‌ها و فراوانی آن‌ها، در اقوام مختلف تشکیل دهنده جمعیت مطالعه شوند.

نوکلئوتیدهای جهش یافته در ژنوم میتوکندری به صورت پلی‌مورفیسم‌ها از طریق مادر به فرزندان دختر و پسر منتقل می‌شود. مجموع پلی‌مورفیسم‌ها در ژنوم میتوکندری یک فرد را هابلوتایپ‌های میتوکندری می‌گویند. از تجمع هابلوتایپ‌ها در روی درخت فیلوژنتیک میتوکندری، خوشه‌هایی به صورت هابلوگروپ شکل می‌گیرد. هابلوگروپ‌های میتوکندری ابزاری اساسی در مطالعه ساختار جمعیت‌ها، منشأ و الگوی مهاجرت آن‌ها از قاره‌های مختلف و تاریخ واگرایی آن‌ها از ماکروهاپلوگروپ‌های اولیه است (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۱۸).

با دنبال کردن همه توالی‌های میتوکندری انسانی به یک دودمان منفرد با ۲۰۰ هزار سال قدمت می‌رسیم (Cann, 1987, 31-36). که به آن «حوای میتوکندریایی» اطلاق می‌شود. اعضای جمعیت‌های افریقای باستانی به هابلوگروپ میتوکندری L تعلق دارند (Gonder, 2007, 757-768).

در محافل علمی از واژه حوای میتوکندریایی^۱ استفاده می‌شود و آن از دو واژه تشکیل شده است که شامل میتوکندری (که نقش آن در سلول و تکثیر دی‌ان‌ای بسیار واضح است) و حوا (که

^۱ . Mitochondria Eve

بیگدلی: دانش ژنتیک و نسب‌شناسی در تمدن اسلامی؛ فرصت‌ها و چالش‌ها/ ۱۶۵

بر مبنای کتب عهد عتیق، همسر حضرت آدم و نخستین زن آفریده شده) است. فرضیه حوای میتوکندریایی نقش پررنگی در مطالعات فیلوژنی دارد (Brandstatter, 2004: 294 – 306).

حوا بین ۲۰۰-۱۹۰ هزار سال پیش زندگی می‌کرده است، این واژه به نزدیک‌ترین نیای مشترک همه انسان‌های امروزی روی زمین اشاره دارد. به عبارت دیگر او نزدیک‌ترین نیای مادری تمام انسان‌های روی زمین تلقی می‌شود (Brauer, 2004: 701-707).

قبلاً با بررسی میتوکندری ۱۴۷ نفر از کشورهای مختلف، این نتیجه حاصل شده بود که همگی اینای بشر، فرزندان یک زن از منطقه افریقا هستند که در حدود ۲۰۰ هزار سال پیش زندگی می‌کرده است. بر اساس تحقیقات جدید در سال ۲۰۱۳، زمان زندگی حوا بین ۱۲۰ تا ۱۵۶ هزار سال پیش بوده است (فخرز و دیگران، ۱۳۸۷: ۱۶۶-۱۷۱).

با بهره‌گیری از آزمایش‌های ژنتیک به منزله یکی از راه‌های ممکن برای یافتن رده‌های نیاکان می‌توان در تکمیل و تصحیح گزاره‌ها و داده‌های دانش نسب‌شناسی و ارزیابی متون و منابع انساب‌نگاری به عنوان راهکار و متدی نوین کمک گرفت.

لازم به ذکر است که روش‌های دانش ژنتیک برای تبارشناسی با تکنیک‌های آزمایشگاهی تنها برای درک بهتر داده‌های دانش نسب‌شناسی است نه به منزله جایگزینی کامل که جابه‌جایی‌ها، تهاجمات و جهش‌های ژنتیکی در برخی موارد موجب تغییر در خلوص و آلودگی تبار خاص گردیده است.

مسائلی مانند بیماری‌شناسی، جرم‌شناسی، تبارشناسی و حتی روابط خانوادگی از طریق مطالعات ژنتیکی قابل پیگیری است. فقط یک داده ژنتیکی است که می‌تواند با تحلیل کروموزوم Y، دودمان پدری را مشخص کند و یا با تحلیل میتوکندری به ما بگوید که شجره انسان امروزی از لحاظ مادری به کجا می‌رسد و یا افراد تدفین شده در یک قبرستان با هم چه نسبتی دارند و همچنین اطلاعاتی از بیماری‌های باستانی را در اختیار ما قرار دهد. «این رویکردها، مسائل مربوط به مهاجرت‌های جمعیت‌های باستانی، ساختارهای جمعیت، جابه‌جایی جمعیتی و به تبع آن شناخت منشأ فرهنگ‌ها که همه امروزه از علائق باستان‌شناسی محسوب می‌گردند و از طریق تحلیل کروموزوم Y و میتوکندری (و نشانگرهای دیگر) قابل تحقیق و ارزیابی‌اند (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۳).

کارکردهای دی‌ان‌ای

در دهه گذشته با انجام آزمایش‌های دی‌ان‌ای از دندان و استخوان نیکلاس کوپرنیک (دانشمند لهستانی درگذشته در سال ۱۵۴۳ میلادی) و استخراج دی‌ان‌ای از چند تار مویی که از

وی در یکی از کتاب‌هایش باقی مانده بود. جسد او را در کلیسای جامع کاتولیک فرامبورگ تشخیص دادند (همان: ۲۴۳-۲۴۱).

برای نمونه مقایسه و تحقیقات تطبیقی نشان دهندهٔ جابجایی‌های جمعیتی یک مورد را می‌آوریم: بالغ بر ۸۰ درصد کروموزوم Y جمعیت‌های بومی امروزه امریکا، به دودمان‌های C و Q متعلق است (Santos, 1999, 619-628).

ژنتیک باستان‌شناسی

ژنتیک باستان‌شناسی: اصطلاحی است که از سوی کالین رفرو به کار برد تکنیک‌های ژنتیک جمعیت مولکولی و به منظور مطالعهٔ گذشتهٔ انسان اطلاق شد (رفرو، مقاله: ۱۳۸). که در بر گیرنده موارد زیر است.

۱. تجزیه و تحلیل دی‌ان‌ای بازبایی شده از بقایای باستان‌شناسی مانند دی‌ان‌ای باستانی؛
۲. تجزیه و تحلیل دی‌ان‌ای از جمعیت‌های امروزی (شامل انسان‌ها و گونه‌های گیاهی و جانوری اهلی) جهت مطالعهٔ گذشتهٔ انسان و شناخت هر چه بهتر میراث‌های ژنتیکی در تعامل با زیست‌بوم‌های کرهٔ زمین؛
۳. کاربرد روش‌های آماری توسعه یافته به وسیله ژنتیک‌دان‌های مولکولی در ارتباط با اطلاعات باستان‌شناسی

پس از کشف پی‌سی‌آر^۱، جامعه علمی با موجی از مقالات با یافته‌های شگفت‌انگیز روبرو شدند که بیان می‌کردند دی‌ان‌ای می‌تواند حتی از نمونه‌های چندین میلیون ساله استخراج شود (Kivisild, 2002: 1737-51).

افزون بر استفاده‌ای که از دانش ژنتیک در علم باستان‌شناسی اخیراً مرسوم شده می‌توان از دانش ژنتیک برای تجزیه و تحلیل و تصحیح و تکمیل منابع انساب‌نگاری استفاده نمود. فراوانی هاپلوگروپ‌ها، تنوع‌های هاپلوگروپ‌ها و بررسی میزان گوناگونی یا اشتراکات نیایی می‌تواند، خاندان‌ها، جمعیت‌های اقوام هم‌نیا را ردیابی و شناسایی نماید.

«بسیاری از دانشمندان اعتقاد دارند که مطالعه هاپلوگروپ‌های کروموزوم Y به موازات هاپلوگروپ‌های میتوکندری در مطالعه سفر ژنتیکی انسان مؤثر است، ولی تهاجم بعضی از قبایل به دیگر سرزمین‌ها مثل یورش مغول‌ها در قرون ۱۱ الی ۱۳ به کشورهای مختلف جهان سبب آلودگی خزانه ژنی اجداد پدری جمعیت‌ها شده است. بنابراین به نظر می‌رسد، مطالعه تاریخ اقوام از طریق هاپلوگروپ‌های اجداد مادری منطقی‌تر می‌باشد (Kivisild, 2002: 1737-51).

¹ . PCR

بیگدلی: دانش ژنتیک و نسب‌شناسی در تمدن اسلامی؛ فرصت‌ها و چالش‌ها/ ۱۶۷

حالی که برخی از پژوهشگران پیشنهاد می‌دهند که در بحث مردم‌شناسی برای تأیید نتایج بدست آمده از مطالعه الگوی میتوکندری برای اقوام ایرانی، هاپلوگروپ‌های اجداد پدری یعنی مارکرهای کروموزوم Y نیز مطالعه شود (فخرز، ۱۳۸۷: ۱۷۱).

مردم‌شناسان و انسان‌شناسان امروزه به خویشاوندی توجه ویژه داشته و نسب را نیز مورد تأکید قرار می‌دهند.

کارکردگرایی همچون ا. آر. ردکلیف- براون یا مالینوفسکی نسب را به عنوان تعیین‌کننده ماهیت نظام خویشاوندی قرار می‌دهند (ژان کوپانس، ۱۳۹۰: ۸۵).

آدم ژنتیکی (آدم Y کروموزومی)

دو نظریه مشهور درباره منشأ انسان امروزی، بر دنیای علم دیرین انسان‌شناسی حکم‌فرمایی می‌کند:

۱. فرضیه مدل چند منطقه‌ای: که تکامل انسان از ۲/۵ میلیون سال پیش تاکنون در چارچوب یک گونه انسانی واحد، پیوسته در زمان و در سطح جهان و در قالب تکامل انسان صورت گرفت (Caspari, 2000, 129-136).

۲. فرضیه مدل خروج از آفریقا: هوموساپینس یا انسان امروزی در حدود ۲۰۰ هزار سال پیش در آفریقا تکامل یافته سپس از آنجا بیرون آمده و در مناطق مختلف پراکنده شده است. جامعه علمی کنونی درباره نظریه منشأ واحد اخیر انسان امروزی، از شرق آفریقا به اجماع نزدیک شده‌اند (Meredith, 2011).

کروموزوم Y یکی از دو کروموزومی است که در اکثر پستانداران از جمله انسان وظیفه تعیین جنسیت را به عهده دارد. دی‌ان‌ای در کروموزوم Y از پدر به پسر منتقل می‌شود، در نتیجه در واقع می‌توان گفت بسیاری از نام‌های خانوادگی را ردیابی می‌کند. به همین دلیل در تجزیه و تحلیل دی‌ان‌ای از پژوهش‌های تاریخچه خانواده‌ها استفاده می‌شود (Lalueza, 2007: 1453-1455).

آدم Y کروموزومی مرکب از دو کلمه کروموزوم و آدم است. کلمه اول به کروموزوم جنسی مردانه اشاره می‌کند و کلمه دوم به نخستین نیای انسان‌ها، آدم Y کروموزومی، مفهومی است که برای نامیدن نزدیک‌ترین نیای مشترک تمام انسان‌ها به کار می‌رود... (بهمنی، نیک‌منش، ۱۳۹۳: ۳-۴۳).

قدمتی که برای Y-MRCA تخمین زده شده بسیار متغیر است و دامنه تغییرات آن شامل ۱۸۸ هزار (Akashi, Gilbert, 1995, 268) تا ۲۷۰ هزار (Huang, 1998 138-142)، ۳۰۶ هزار (Shi, 2010, 385-393)، ۱۴۲ هزار سال (Mendez, 2013, 454-461) است.

در سال ۲۰۱۳ محققان آن را قدیمی‌تر از ۳۳۸ هزار سال پیش تخمین زدند (Francalacci, 2013: 565-569) سپس در همین سال دو گزارش مشابه چاپ شد که زمان آن را یکی ۱۸۰ هزار تا ۲۰۰ هزار (Pozinik, 2013: 562-565) و دیگری بر اساس توالی ژنوم اقوام مختلف، بین ۱۲۰ هزار و ۱۵۶ هزار سال پیش معین کردند (Bettinger, 2007: 34-42). به لحاظ نظری لازم نیست حتماً حوای میتوکندری با آدم Y کروموزومی در یک زمان با هم زندگی کرده باشند (Cann, 2013: 465-467)، ولی جدیدترین یافته‌ها احتمال هم عصر بودن این دو فرد را ممکن دانسته است (Cann 2013, vol. 341, pp. 465-467).

زمانی که یک جهش Y- دی‌ان‌ای در یک مرد ظاهر می‌شود همه نوادگان خط مذکر او آن نشانگر را حفظ می‌کنند. اگر بتوانیم اطلاعات مرتبط با مجموعه عظیمی از نشانگرها را جمع‌آوری کنیم و سپس آن‌ها را با استفاده از الگوریتم‌های رایانه‌ای به عقب برگردانیم ممکن است به این نتیجه برسیم که رد جهش‌ها از یک مرد تنها که ۱۴۲ هزار سال پیش (تقریباً ۷۱۰۰ نسل قبل) زندگی می‌کرده نشأت گرفته است (Jobling, 2003, 598-612). این تاریخ کمی نامشخص است، ولی یک ضریب اطمینان ۹۵ درصدی وقوع این پدیده را بین حداقل ۶۰ تا حداکثر ۱۴۲ هزار سال پیش تخمین می‌زند. این نیای مشترک با آدم ژنتیکی در ارتباط است. او در افریقا و احتمالاً در شرق آن قاره زندگی می‌کرده است. او احتمالاً به مردمانی که امروزه در جنوب افریقا حضور دارند، شبیه بوده است... گرچه او اولین انسان مذکر امروزی نبوده است. پدر او بدون شک به اندازه او انسان بوده است... آدم ژنتیکی با افراد هم‌دوره خود در این احساس که نوادگان مذکر خط او تاکنون زنده مانده‌اند، تفاوت دارد، در حالی که نوادگان دیگران موفق نبودند. مردم دیگری هم در آن زمان زندگی می‌کردند، اما آن‌ها حوای جهش مشابه نبودند و هیچ یک از خطوط مذکرشان تاکنون زنده نمانده است (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۴۰-۱۴۱).

با خروج نوادگان آدم ژنتیکی از افریقا به سایر قاره‌ها رفته رفته هاپلوگروپ‌های کروموزوم Y در طی هزاران سال به وجود آمدند که امروزه شاهد تنوع Y دسته‌های جمعیتی هستیم.

مناسبات میان نسب‌شناسی و ژنتیک

استفاده از تحلیل دی‌ان‌ای در تحقیقات نسب‌شناسی و تاریخ

بررسی ارتباطات ژنتیکی: یکی از مهم‌ترین کاربردهای استخراج و تحلیل دی‌ان‌ای استخوان‌های باستانی، بررسی ارتباطات ژنتیکی است. در مناطقی که جمعیت‌های انسانی آن دارای تاریخ پیچیده‌ای است و در مسیر تاریخ انشعابات گوناگونی یافته‌اند بیان هر نظر در

خصوص مهاجرت آن‌ها با استفاده از مطالعه دی‌ان‌ای باستانی، کار ساده‌ای نخواهد بوده برای این که بتوان از مطالعه باستانی به تاریخ جمعیت‌های انسانی پی برد لازم است ابتدا تفاوت‌های مشخص و قانونمندی را در توالی‌های دی‌ان‌ای باستانی (که بین این جمعیت‌ها وجود دارد) تعیین کرد. این امر نیازمند مطالعه‌ی مقایسه‌ای بر روی توالی یابی‌های دی‌ان‌ای در جمعیت‌های امروزی آن‌هاست (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۷۹-۱۷۸).

با تحقیقات آزمایشگاهی و توالی‌یابی دی‌ان‌ای‌ها خویشاوندی ژنتیکی میان دو جامعه آماری یا حتی افراد اعم از اشخاص یا بقایای باستانی اجساد مشخص می‌گردد و اینکه گذشته مشترک آنها در چه دوره‌ای بوده و در چه زمانی از یکدیگر جدا شدند در نتیجه می‌توان نقطه اتصال یا اصل و نسب واحد یا مشترک را نیز بازبازی کرد و یا زمان جدایی اجداد از هم را تعیین نمود.

می‌توان از بقایای استخوانی محوطه یخ‌زده نیز دی‌ان‌ای استخراج کرد (Dabney, 2013: 15758-15763) یکی از منابع خوب برای استخراج دی‌ان‌ای، مومیایی‌ها هستند گر چه تعداد آن‌ها خیلی محدود است، مانند مرد یخی اوتزری، یا مومیایی‌های سریع خشک شده مانند مومیایی‌های یافت شده در ارتفاع بالای رشته کوه آند و همین‌طور مومیایی‌های شمیایی مانند مومیایی‌های مصر (Hanni, 1994: 487-489).

فرصت‌ها

۱. اطلاعات ژنتیکی به دست آمده از دی‌ان‌ای استخوان‌های انسان باستانی، می‌تواند به مطالعه ارتباطات موجود بین جمعیت‌ها و در ابعاد محدودتر به شناخت روابط میان گروه‌ها و افراد مدفون در یک گورستان کمک کند، همچنین می‌تواند در تعیین جنسیت اسکلت‌ها مفید باشد (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۶۰).

۲. تاریخ جمعیت پیچیده است و افرادی که امروزه در یک محل زندگی می‌کنند، لزوماً نسل‌های بعدی افرادی نیستند که قبلاً آنجا می‌زیستند. جا به جایی و ترک منطقه در اثر جنگ، تغییر اقلیم یا سایر فاجعه‌های طبیعی، هم در گذشته و هم امروز رخ می‌دهند (همان: ۲۶۰-۲۵۹).

۳. نسبت میان تحقیقات آزمایشگاهی- میدانی و منابع نسب‌نگاری: گزاره‌های تاریخی و تحولات سیاسی، جا به جایی‌های جمعیتی به چه میزانی با نتایج آزمایشگاهی همخوانی و سازگاری دارد و آیا این دو می‌توانند به درک بهتر یافته‌های ژنتیکی یا داده‌های منابع نسب یاری رسانند. برای نمونه تنوع و پراکندگی یک هاپلوگروپ خاص در نقاط جغرافیایی متفاوت بیان‌گر رابطه خویشاوندی ساکنین هست؟ نسبت هاپلوگروپ شایع میان مسلمانان در هند و تفاوتش با

هاپلوگروپ دیگر ساکنان مانند هندوها و بودائی‌ها یا بررسی هاپلوگروپ کروموزوم Y مسلمانان چین به ویژه اویغورها می‌تواند همسانی‌های تباری آنان با دیگر اقوام را نشان دهد. هدف انسان‌شناسی مولکولی فهم جابجایی‌های جمعیتی، پیوستگی خاندان‌ها و یافتن رابطه‌های نسبی است. تغییرات صورت گرفته در ترکیب‌های جمعیتی و آنچه اقوام و ملت‌های امروزی را پدید آورده نیز می‌تواند مورد بررسی قرار گیرد.

با توجه به این که در تمدن اسلامی زمینه‌های شکل‌گیری و بالندگی دانش نسب‌شناسی و به تبع نسب‌نگاری وجود داشته و انبوهی از داده‌های روابط نسبی در کتاب‌های نسب‌نگاری آمده است. از آنجایی که ظهور دین اسلام در خاورمیانه بوده و از سوی دیگر «به دلیل موقعیت جغرافیایی خاورمیانه، این منطقه نقطه تلاقی پراکندگی‌های انسانی محسوب می‌شود و نقش پررنگی در مهاجرت‌های جمعیت‌های خاورمیانه به داخل یا خارج آن دارد» (Al zahery, 2003: 458-472).

به کمک دانش ژنتیک می‌توان به تجزیه و تحلیل داده‌ها و اطلاعات منابع نسب‌شناسی پرداخت و از دو جهت این مورد ارزشمند است.

اول اینکه داده‌های نسب‌شناسی برای فهم درخت تباری و یا همان هاپلوگروپ‌های به دست آمده از نتایج آزمایشگاهی دی‌ان‌ای می‌تواند سودمند باشد و تمایزها یا تشابه‌های ژنی و کروموزوم دی‌ان‌ای را توجیه، تبیین و یا بهتر تفسیر نمود. نمونه موردی در این زمینه پایان‌نامه الهام بنی‌مهدی‌دهکردی در مورد بررسی ژنتیکی سیادت چند خاندان می‌باشد. که با عنوان «ردیابی هاپلو گروه‌های ژنتیکی در افراد منتسب به سادات در استان چهارمحال و بختیاری (بنی‌مهدی‌دهکردی، ۱۳۹۴: ۶۰-۴۰).

دوم: در مناطق جغرافیایی که زمینه نسب‌نگاری مانند مراکز قدرت و یا مراکز دینی رشد نیافته یا به دلایل سیاسی و دوری از تمدن اسلامی و عدم پیوستگی با خاورمیانه و یا به دلیل همزیستی و همگونی با اقوام همسایه دسته‌های مسلمان نسب خود را به فراموشی سپرده (به ویژه هاشمی‌تباران و سادات) که نسب آنان مترتب بر احکام شرعی و فقهی خاصی است، از طریق یافتن اشتراکات توالی دی‌ان‌ای و تحقیقات آزمایشگاهی می‌توان آن دسته‌ها و گروه‌ها را یافت و یا مدعیان سیادت را مورد راستی‌آزمایی قرار داد، نظر فقها و اندیشمندان اسلامی در این زمینه اهمیت دارد، زیرا برخی از دانشمندان مسلمان هنوز تحقیقات دی‌ان‌ای را جهت ارزیابی و تعیین یابیت پذیرش هویت سادات ملاک ندانسته و آنچه را که مبنا و اصل می‌دانند اعتبار به «شهرت» است.

قدر مسلم این است که این روش برای آن دسته از کسانی که در مورد سلسله سیادتشان ابهام است کاربرد دارد و برای سایر دسته‌ها و گروه‌های که دارای شجره‌نامه (نسب‌نامه معتبر) هستند ملاک نیست. همکاری میان نسب‌شناسی و ژنتیک (زیست‌ملکولی) و یا ژنتیک باستان‌شناسی رویکرد مطالعاتی میان رشته‌ای است که در آینده شاید بتواند بسیاری از چالش‌های عمده مربوط به شناخت جمعیت‌های گذشته را پاسخ داده و ابهامات را روشن نماید. لازم به توضیح است که در برخی موارد یافته‌های ژنتیکی مربوط به هاپلو گروه‌های کروموزوم Y با داده‌های تاریخی مکتوب یا روایت‌های شفاهی موجود مغایرت دارد، برای نمونه قاجارها که ترک تبار شناخته می‌شوند طبق آزمایش ژنتیک از هاپلو گروه J هستند (Barjesteh, 2008: 1) که بیشتر مربوط به اقوامی با ریشه‌های بین‌النهرینی است.

جمعیت‌های باستانی و یافته‌های گورستان‌ها

باستان‌شناسان می‌توانند از بقایای اجساد سلسله‌ها دی‌ان‌ای باستانی استخراج نمایند و با تجزیه و تحلیل بهتر ارتباط اقوام و جابجایی جمعیتی را بررسی، شناسایی و بازسازی نمایند. هدف اصلی از تحقیقات در میتوکندری تخمین‌های ژن‌شناسی مادری و هدف از مطالعه کروموزوم Y ارائه مدل‌های فیلوژغرافیایی برای شناخت تنوع‌های انسانی، شناخت دودمان افراد مذکر و نیز مطالعه تنوع ژنوم‌های گسترده میان اتوزوم‌های موجود است (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۲۶۸).

این که آیا دانش ژنتیک می‌تواند در شناسایی منشأ انسان‌های امروزی - مهاجرت - گسترش کشاورزی، تاریخ جدایی و تمایز دسته و گروه‌ها و اقوام مؤثر باشد؟ آیا آنچه در مورد تقسیم‌بندی اقوام در منابع و متون تاریخی و منابع نسب‌نگاری آمده با یافته‌های ژنتیکی همخوانی دارد؟ آیا با تحلیل و تفسیر گزاره‌های تاریخی با کشفیات جدید دی‌ان‌ای باستانی و بررسی اجساد باقیمانده از انسان‌ها می‌توان آن بخشی از رویدادهایی که در منابع نیامده است را بازیابی کرد؟ آیا با نتایج آزمایشگاهی می‌توان مسیر تغییرات و تحول در زندگی بشر پیش تاریخی و یا بشر تاریخی را مورد بررسی قرار داد؟

و آیا دسته‌بندی اقوام بر اساس زیست‌مشترک زبان و آداب و رسوم که ملاک قومیت‌ها در طول تاریخ تا امروز بوده با بهره‌مندی از دانش ژنتیک و این واقعیت که تقریباً هیچ قومی از نیای واحد نیست - می‌توان از آسیب‌های ناشی از تعصبات قومی کاست و در سطحی فراتر و کلان‌تر در دهکده جهانی بستگان دور و نزدیک خود را شناسایی کرد.

با توجه به مطالعاتی که انجام شده است در میان ایرانیان، ۱۵ هاپلوگروپ اصلی Y کروموزوم وجود دارد که عبارتند از: T, O, Q, R, N, L, J, I, H, G, F, E, D, C, B (همان، ۳۷۳). مطالعات ژنتیکی می‌تواند درکی بهتر و برای راستی‌آزمایی روابط خویشاوندی اجتماعی و بیولوژیکی میان جوامع (به ویژه جوامع سنتی) مورد استفاده قرار گیرد.

بازیابی عنصر زمان و دوره حیات افراد از طریق دی‌ان‌ای

اختلاف دی‌ان‌ای میتوکندری در میان افراد مختلف می‌تواند موجب تخمین زمان جدا شدن از نیای مشترک مانند حوای میتوکندری باشد (همان، ۱۳۴). از این شیوه می‌توان برای یافتن زمان زندگی شخصیت‌های برجسته تاریخی (دینی، اجتماعی، سیاسی، مشاهیر) استفاده نمود. در نسب‌شناسی می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد.

تحقیقاتی که برای تشخیص ویژگی‌های جمعیتی عراق به وسیله الظاهری و همکارانش در سال ۲۰۰۳ صورت گرفت. آن‌ها پلی‌مورفسیم‌های میتوکندری و کروموزوم Y را بررسی کردند و هاپلوگروپ‌های این جامعه را به دست آوردند. پس از آن، فراوانی این هاپلوگروپ‌ها را با دیگر کشورها از جمله ایران، سوریه، عربستان، فلسطین، ایتالیا، آلمان و هند مقایسه کردند. نتیجه‌گیری آن‌ها شواهدی از جابجایی‌های جمعیتی و مهاجرت‌های صورت گرفته از جوامع دیگر به این کشور را نشان می‌دهد (Al-Zahery, 2003: 458-472).

میتوکندری و مفهوم سیادت

سادات به گروهی گفته می‌شود که از طریق پیوند نسبی با خاندان پیامبر اسلام در جامعه اسلامی جایگاهی ویژه و نوعی تمایز و برجستگی دارند (الهیاری و قلیزاده، ۱۳۹۵: ۲) در ادوار نخست سیادت با مفهوم هاشمی برابری می‌کند، مفهومی وسیع که همه منتسبان عبدالمطلب در بر می‌گیرد. در این معنا عباسیان نیز سیدند. پس از سقوط عباسیان و برآمدن حکومت مغولان و بروز تغییرات در فضای سیاسی-اجتماعی جهان اسلام، یعنی در پی از بین رفتن تأثیر حضور عباسیان، مفهوم سیادت به شکلی محدودتر (حتی نسبت به همه طالبیان) به مفهوم علوی (فرزندان علی(ع)) نزدیک می‌شود. در دوره صفوی در پی تأسیس حکومتی شیعی سیادت با مفهوم فاطمی بودن مترادف شد (همان: ۷-۶).

با توجه به ارزش مفهوم سیادت در قلمرو تمدن اسلامی گر چه این مفهوم از آغاز تاکنون مفهوم انقباضی (هاشمی، طالبی، علوی و فاطمی) را طی کرده در مورد سیادت از جانب پدر یا

مادر نیز نظرات متفاوت وجود دارد به گونه‌ای که برخی از اندیشمندان اسلامی سیادت را از جانب پدر و برخی هم انتساب از جانب پدر یا مادر دانسته‌اند.

سیدمرتضی، برادر سیدرضی، انتساب سیادت از ناحیه مادری را نیز درست می‌داند (علوی عاملی، ۱۳۳۹: ۵-۵۰) افزون بر سید مرتضی، دو رساله نگاشته شده در دوره صفوی یکی با عنوان الاشراف علی سیادت الاشراف تألیف سید حسین بن مجتهد کرکی (د. ۱۰۰۱ ق) و رساله فی اولاد البنات یا اثبات سیادت اولاد الاناث تألیف سید احمد بن زین العابدین علوی عاملی (د. ۱۰۶۰ ق) به سیادت از جانب مادر اعتقاد دارند. این درحالی است که گفتمان غالب این عصر و اعصار گذشته سیادت را فقط از جانب پدر صحیح می‌دانست. طرح این موضوع در مورد زنانی که غالباً با عنوان «ضعیفه» معرفی می‌شدند در دوره صفوی رهیافتی متفاوت به منزلت اجتماعی و جایگاه آنان می‌گشود.

با توجه به آنچه در مورد انتساب مادری عنوان شد و همانگونه که می‌دانیم می‌تواند به عنوان نشانگر تبار مادری هست در تحقیقات انتساب از جانب مادر این نشانگر دارای اهمیت می‌باشد و می‌تواند پژوهشگر را یاری رساند.

کروموزوم Y و مفهوم سیادت

سادات در میان مسلمانان از اهمیت چشمگیری برخوردارند و با توجه به باور به نیای مشترک می‌بایست کروموزوم Y آن‌ها نسبت به دیگر افراد تنوع کمتری داشته باشد. در طول تاریخ سادات با نوشتن شجره‌نامه و یا قرار دادن نمادهای ظاهری مانند شال و عمامه بر سیادت خود تأکید داشتند.

در شرع راه‌هایی برای تأیید سیادت وجود دارد (بنی‌مهدی‌دهکردی، ۱۳۹۴: ۶۷).

۱. شهرت صد‌های ساله یک خاندان به سیادت، گونه‌ای که همه اهل محل، این خاندان را از دیر زمان به سیادت بشناسند و به سیادتشان اعتراف کنند.

۲. شهادت دو عادل آگاه، یعنی چنان چه دو نفر عادل، مورد اعتماد و آگاه به مسایل نسب‌شناسی به سیادت کسی شهادت دهند، شرعاً مورد قبول است.

۳. وجود اسناد و مدارک بسیار معتبر در خاندان که بر سیادت این خاندان دلالت کنند و این اسناد عبارتند از:

الف) شجره‌نامه معتبر که به تأیید علمای نسب‌شناس رسیده باشد.

ب) اسناد سیادت که در قدیم سراغ بزرگ محل می‌رفتند و آن شخص هم از روی شناختی که با این خاندان داشت، سندی مبنی بر سیادت این خاندان می‌نوشت و به آن‌ها می‌داد.

ج) وجود وقفنامه و امثال این گونه اسناد معتبر که سیادت این خاندان در آن‌ها قید شده باشد (همان، ۱۸).

بسیاری از سادات به دلایل گوناگون فاقد شجره‌نامه و سند انتساب به پیشوایان هستند و در این زمینه می‌توان از دانش ژنتیک بهره گرفت. بر اساس تحقیقی که در سال (۲۰۱۰) ای.ام. بل^۱ و همکارانش بر روی کروموزوم Y افرادی که خود را سید می‌نامیدند در هند و پاکستان انجام شد، مشخص گردید تنوع ژنتیکی این افراد از غیرسیدهایی که در همین مناطق زندگی می‌کنند، کمتر نیست، اما این افراد نسبت به غیر سیدهای این منطقه شباهت ژنتیکی بیشتری با اعراب داشته‌اند. هر چند هاپلو تایپ‌های ویژه‌ای در میان سیدها در هند و پاکستان مشاهده نشد (همان، ۵۷).

در سال (۲۰۱۰) تحقیق ام. یاسوارکانت^۲ و همکارانش بر روی مسلمانان هند صورت گرفت که مشخص گردید ۲۹ درصد از مسلمانان شیعه شمال هند به هاپلوگروه J تعلق دارند و ساب‌کلادهای آن، J1 با فراوانی ۱۱ درصد و J2 با فراوانی ۱۸ درصد در میان این جمعیت مشاهده شدند. همچنین مشخص گردید که هاپلوگروه‌های پدری شایع در میان مسلمانان هند به هاپلوگروه‌هایی که از تبار پدری خاورمیانه‌ای هستند نسبت به هاپلوگروه‌هایی که در بین مردم هند شایع می‌باشند، نزدیک‌تر است.

الهام بنی‌مهدی‌دهکردی در تحقیق آزمایشگاهی پایان‌نامه خود، به ردیابی هاپلوگروه‌های مشترک در میان افراد منتسب به سادات در چهارمحال و بختیاری پرداخته است. وی، ابتدا به بررسی تعدادی از سادات شاخص با شجره‌نامه معتبر زیر نظر متخصص علم انساب پرداخت، سپس نمونه‌ها با معرفی مسئول مؤسسه انساب سادات در قم از شاگردان آیت‌الله مرعشی نجفی، مورد ارزیابی گرفت. دو نمونه از استان قم و سه نمونه از استان اصفهان به عنوان نمونه‌های شاخص در این مطالعه در نظر گرفته شدند. همچنین یک نمونه از استان چهارمحال و بختیاری که احتمال انتساب آن به سادات وجود داشت، برای بررسی‌های اولیه انتخاب شد (همان: ۲۴).

منشا مهاجرت اولیه سادات به نقاط مختلف جهان عربستان سعودی و عراق می‌باشند. هاپلو گروه J با فراوانی ۵۸ درصد در عربستان شایع‌ترین هاپلوگروه است و دو ساب‌کلاد آن یعنی J1-M267 با فراوانی ۴۲ درصد و J2-M172 با فراوانی ۱۴ درصد در این منطقه دیده می‌شوند (همان، ۴۶). با بررسی فراوانی هاپلوگروه‌های کروموزوم Y در عراق نیز مشخص گردید که هاپلوگروه J با فراوانی ۵۵/۱ درصد هاپلوگروه غالب در این منطقه است و در آن جا نیز ساب‌کلاد J1-M267 با فراوانی بالاتری نسبت به J2-M172 دیده می‌شود (همان) بر اساس بررسی‌هایی

¹ . EM.Belle

² . M. Eaaswarkhanth

که بر روی قبیله قریش و طایفه بنی‌هاشم صورت گرفته، مشخص گردیده است که J1-M267 به عنوان هاپلوگروه رایج در میان آن‌ها می‌باشد و J1c3d-p58 نشانگر غالب در میان سادات در نظر گرفته شده است (همان، ۴۱-۴۰).

با توجه به نتایج به دست آمده می‌توان هاپلوگروه‌های J2-M172 و K-M9 را که فراوانی بالاتری در میان نمونه‌ها داشتند، به عنوان مسیر بررسی هاپلوگروه سادات در نظر گرفت و از آن جایی که هاپلوگروه J2 در میان مسلمانان هند نیز با فراوانی بالایی دیده شده بود می‌توان ساب‌کلادهای J2-M172 را برای ردیابی هاپلوگروه سادات بررسی نمود (همان، ۵۸).

بررسی بر روی هاپلوگروه‌های II, K, I و J که زیر گروه‌های هاپلوگروه F می‌باشند، مشخص کرد که II با فراوانی بالاتری نسبت به K، همچنین J با فراوانی بالاتری نسبت به I مشاهده می‌شود. بررسی بر روی ساب‌کلادهای J یعنی J1 و J2 نیز مشخص کرد که هاپلوگروه J2 در میان نمونه‌های مورد بررسی فراوانی بالاتری دارد. از آن جایی که J2-M172 در میان نمونه‌ها با فراوانی بالاتری نسبت به هاپلوگروه‌های دیگر دیده شد و بر اساس نتایج حاصل از بررسی‌ای که بر روی مسلمانان شیعه شمال هند صورت گرفته بود و در آن‌ها نیز J2، با فراوانی بالاتری نسبت به سایر هاپلوگروه‌ها دیده شده بود، ممکن است که زیرگروهی از ساب‌کلاد J2 متفاوت از آن چه در میان ایرانیان غالب است، را بتوان به عنوان نشانگر ویژه سادات در نظر گرفت. البته این موضوع نیاز به بررسی‌های بیشتری دارد. در این مطالعه نمونه‌ها از سادات دارای شجره‌نامه معتبر انتخاب شده بودند، انتظار می‌رفت هاپلوگروه خاصی را بتوان در همه‌ی آن‌ها مشاهده کرد اما بر خلاف انتظار تنوع ژنتیکی بالایی در میان نمونه‌ها وجود داشت (همان: ۵۹).

پژوهشگر نتیجه‌می‌گیرد که: در پژوهش صورت گرفته احتمال داده می‌شد که J1-M267 به علت فراوانی بالای آن در جمعیت اعراب هاپلو گروه غالب در میان نمونه سادات مورد بررسی باشد اما نتایج نشان داد که فقط در نمونه‌ای که احتمال انتساب آن به سادات وجود داشت این هاپلوگروه دیده شد و در هیچ یک از نمونه‌های دیگر، مشاهده نشد (همان: ۵۷).

تهدیدها

بیشتر دانشمندان معتقدند شناسایی توالی ژنوم جمعیت‌های مختلف بر واحد بودن نژاد انسان تأکید خواهد کرد، زیرا این مطالعات مشخص خواهند کرد که تغییرات ژنتیکی نمی‌تواند نمایان‌گر گروه بندی جغرافیایی و سیاسی به وجود آمده در چند قرن اخیر باشد. در هر صورت نتایج به دست آمده از این پروژه ممکن است در برخی محافل غیر علمی تحریکاتی را ایجاد کند. سؤال دیگری که مطرح است در خصوص مالکیت توالی دی‌ان‌ای انسان است. برای بسیاری عقیده

مالکیت توالی *دی/ان/ای* عجیب است، ولی باید توجه کرد که با اطلاعات موجود در ژنوم انسان می‌توان درآمدی بسیار زیادی کسب کرد؛ مثلاً با استفاده از توالی ژن‌ها می‌توان داروها و درمان‌های جدیدی را برای سرطان و سایر بیماری‌ها معرفی نمود. شرکت‌های دارویی که در توالی ژنوم سرمایه‌گذاری کرده‌اند، تمایل به حفظ سرمایه دارند که در حال حاضر تنها راه آن دریافت حق مالکیت برای توالی *دی/ان/ای* کشف شده است. متأسفانه در گذشته، اشتباهاتی در چگونگی بهره‌مندی اقتصادی از مواد بیولوژیک انسانی صورت گرفته است؛ مثلاً سهمیم بودن فردی که ماده بیولوژیک از وی به دست آمده است چندان رعایت نمی‌شود، و این یکی از دغدغه‌هاست که باید بر طرف گردد (نیکنامی و رضانی، ۱۳۹۵: ۱۵۵).

افرادی که توالی آن‌ها زیر استاندارد خوانده می‌شود، ممکن است به هر دلیلی متمایز محسوب شوند، خطر شامل افزایش حق بیمه افرادی با توالی‌های مستعد کننده یک بیماری و یا اقدام احتمالی نژادپرست‌ها برای جدا کردن توالی‌های «خوب» از «بد» و عواقب ناشناخته احتمالی برای افرادی که در گروه «بد» قرار می‌گیرند، پیش آید (همان، ۱۵۵).

نتیجه‌گیری

نسب‌نگاری یکی از میراث تمدن اسلامی است که با توجه به کارکردهای فقهی، کلامی، اجتماعی و اعتقادی از جایگاه ویژه در میان مسلمانان برخوردار بوده است. امروزه با توجه به اهمیت مسئله هویت، و نیز تأثیر نسب در رفتارهای دینی - هر چند به اندازه گذشته مورد توجه نیست - و قشربندی‌های اجتماعی به‌ویژه سادات که از منزلت خاصی برخوردارند آنان را از سایر دسته‌ها متمایز می‌سازد، از آنجایی که بسیاری از متون و منابع نسب از میان رفته و در برخی جوامع زمینه انسب‌نگاری پدیده نیامده این دانش کاستی‌هایی دارد. این مقاله با طرح مباحثی از قبیل کارکرد ژنتیک در نسب‌شناسی و بررسی فرصت‌ها و تهدیدهای آن رویارویی نسب‌شناسی با دانش ژنتیک را مورد واکاوی قرار داده است. دانش ژنتیک که از علوم نوین است با بهره‌گیری از آزمایش *دی/ان/ای* افراد و توالی‌یابی عناصر تشکیل دهنده این فرصت را پدید می‌آورد تا شناخت و بازیابی هویت‌ها نیز تفاوت‌ها و شباهت‌های اشخاص با یکدیگر و همان‌طور روشن کردن نسبت‌های خویشاوندی گروه‌ها و دسته‌های اجتماعی، نشان دادن تبار پدری یا مادری آنان خلاء ناشی از کاستی‌های منابع نسب را جبران نماید، گر چه این رویکرد یعنی یاری گرفتن از دانش ژنتیک و تجزیه و تحلیل *دی/ان/ای* در میان فقها و مراجع اسلامی به‌ویژه تشیع هنوز از مبانی فقهی استواری برخوردار نیست، اما به نظر می‌رسد در آینده جهت انتساب شخص به اشخاص تاریخی - دینی نیز انتساب شخص با شخص، انتساب شخص و ارتباط با گروه و

بیگدلی: دانش ژنتیک و نسب‌شناسی در تمدن اسلامی؛ فرصت‌ها و چالش‌ها/ ۱۷۷

دسته‌ای خاص، ارتباط یک شخص یا جامعه با بقایای باستانی اجساد شخصیت‌های تاریخی و میزان ارتباط نسبی (پدری و مادری) اقوام با یکدیگر اهمیت فراوانی خواهد یافت.

منابع و مأخذ

- آلبرت، بروس (۱۳۸۹). **مبانی زیست‌شناسی سلولی**، آلبرت ترجمه، جواد محمد نژاد، علی مطاع، محمد رحمتی و بهروز علیرضاپور، تهران: اندیشه رفیع.
- الهیاری، حسن؛ قلیزاده، محمدرضا (۱۳۹۵)؛ سیادت و جنسیت بررسی مفهوم سیادت در دو نسخه خطی نویافته، **پژوهش نامه زنان**، پژوهشگاه علوم انسانی و مطالعات فرهنگی، سال هفتم، شماره دوم، ۱۸-۱.
- بحرالعلوم، فقیه (۱۳۸۹). **مزارات چهارمحال بختیاری**، چاپ اول، قم: وثوق.
- بنی‌مهدی‌دهکری، الهام (۱۳۹۴). **ردیابی هاپلوگروه‌های ژنتیکی در افراد منتسب به سادات در استان چهارمحال و بختیاری**، پایان‌نامه، دانشگاه شهرکرد.
- بهمنی مهر، اردشیر؛ نیک منش، فاطمه (۱۳۹۳). **بیپسکوپوسیان، لوون؛ بررسی ساختار ژنتیک اجداد پدری در منطقه زاگرس ایران و تاثیر این رشته کوه در منطقه زاگرس ایران و تاثیر این رشته کوه در گردش ژنی و تداخل ژنتیکی جمعیت‌های منطقه، مجله تخصصی اپیدمیولوژی ایران**، دوره ۱۰، شماره ۳.
- حاجی خلیفه مصطفی بن عبدالله (۱۹۹۲ م.). **کشف الظنون**، بیروت: دارالکتب العلمیه.
- حسین‌زاده ساداتی، جواد؛ فاضلی‌نشلی، حسن؛ منتظرظهوری، مصطفی؛ زارع، شهره (۱۳۹۴). تجزیه و تحلیل دی ان ای باستانی (دی ان ای) استخوان بزهای اهلی دوره نوسنگی دشت‌های کاشان و قزوین؛ **مطالعات باستان‌شناسی**، دوره ۷، شماره ۲.
- خورسندی طاسکوه، علی (۱۳۸۸)، "تنوع گونه شناختی در آموزش و پژوهش میان رشته‌ای"، **مطالعات میان رشته‌ای در علوم انسانی**، شماره ۴.
- دوس فرانسوا (۱۳۹۶ ش.). **تاریخ تکه تکه از آنال تا "تاریخ جدید"**، ترجمه عبدالله ناصری طاهری، سمیه سادات عبدالله طباطبایی، تهران: سمت. ۱۳۹۶
- ستوده، غلامرضا (۱۳۷۵). **مرجع‌شناسی و روش تحقیق در ادبیات فارسی**، تهران: سمت.
- علوی عاملی، محمد اشرف (۱۳۳۹). فضائل اسادات، قم، شرکت المعارف و الاثار.

- فخرز، میررحیم؛ تولایی، محمود؛ هوشمند، مسعود (۱۳۸۷). ژنوم میتوکندری ابزاری موثر در تعیین هویت، *مجله علمی پزشکی قانونی*؛ دوره ۱۴، شماره ۳.
- کوپانس، ژان (۱۳۹۰). *درآمدی بر مردم شناسی و انسان شناسی*، ترجمه حسین میرزایی، تهران: ثالث.
- مهرمحمدی، محمود (۱۳۸۸)، " *ملاحظات اساسی در باب سیاست گذاری توسعه علوم میان رشته ای در آموزش عالی از منظر فرآیند تکوین* "، فصل نامه مطالعات میان رشته ای در علوم انسانی، شماره ۳، ۱-۱۸.
- نیکنامی، کمال الدین؛ رضانی، مریم (۱۳۹۵). *مقدمه ای بر ژنتیک باستان شناسی*، تهران: سازمان مطالعه و تدوین کتب علوم انسانی دانشگاهها (سمت).

منابع خارجی

- Al- Zahery, N., Semino, O., Benuzzi, G., Passarino, G., Torroni, A., Santachiara Benerecetti, A.S., *Y-chromosome and Mitochondrial polymorphism in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations, Molecular phylogenetic evolution, vol. 28, pp.458-472, (2003).*
- Al- Zahery, N., Semino, O., Benuzzi, G., Passarino, G., Torroni, A., Santachiara Benerecetti, A.S., *Y-chromosome and Mitochondrial polymorphism in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations, Molecular phylogenetic evolution, vol. 28, pp.458-472, (2003)*
- Bettinger, B., *Mitochondrial Eve and Y-chromosomal Adam, The Genetic Genealogist, vol.23, pp. 34-42, (2007)*
- Brandstatter, A., Petersin, C.T., Mpoke, S., Koech, P.K., Parsin., W., Parson, J.J., *Mitochondria DNA control region sequences from Nairobi (Kenya): inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database, international Journal of legal Medicine, Vol. 118. pp.294-306, (2004b).*
- Brauer, G., Collard, M., *on the reliability of recent tests of the out of Africa hypothesis for modern human origins, the Anatomical Record Vol. 279. pp.701-707, (2004).*
- Burton, M.L., Moore, C.C., Whiting, J.W.M., Romney, A. K., Alberle, D.F., *Regions based on social structure, Current Anthropology, Vol. 37. pp.49-87, (1996).*
- Cann, R. L., *Genetics Y weigh in again on modern humans, Science, vol. 341, pp. 465-467, (2013)*

- Cann, R. L., *Genetics Y weigh in again on modern humans*, *Science*, vol. 341, pp. 465-467, (2013)
- Dabney, J., Knapp, M., Glocke, I., Gansauge, M. T., Weihmann, A., Nicke, B., Valdiosera, C., Garcia, N., Paabo Arsuaga, J. L., Meyer, M., *Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments*, *Proceeding of the National Academy of Science*, vol. 110, pp. 15758-15763, (2013)
- Dorit, R.I., Akashi, H., Gilbert, W., *Absence of polymorphism at the AFY locus the human Y chromosome*, *Science*, vol. 268, pp. 1183-1185, (1995).
- Francalacci, P., Morelli, L., Angius, A., Berutti, R., Reinier, F., Atzeni, R., Pilu, R., Busonero, F., Maschio, A., Zara, I., Sanna, D., Useli, A., Urru, M.F., Marcelli, M., Cusano, R., Oppo, M., Zoledziowska, M., *Low-pass DNA sequencing of 1200 Sardinians reconstructs European Y-chromosome phylogeny*, *Science*, Vol. 341, pp. 565-569, (2013)
- Gonder, M.K., Mortensen, H.M., Reed, F.A., de Sousa, A., Tishkoff, S.A., *Whole mtDNA genome sequence analysis of ancient African Lineages*, *Molecular Biology and Evolution*, Vol. 24, pp. 757-768, (2007).
- Hanni C., Laudet, V., Coll, K., Stehelin, D., *An unusual mitochondrial DNA sequence variant from an Egyptian mummy*, *Genomics*, vol. 3, pp. 487-489, (1994).
- Huang, W., Fu, Y.X., Chang, B.H., Gu, X., Jorde, L. B., Li, W. H., *Sequence variation in ZFX introns in human populations*, *Molecular Biology and Evolution*, vol. 15, pp. 138-142, (1998)
- Jobling MA, Tyler-Smith C: *The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age.*
- Kivisild, T., Tplk, H. V., Paric, J., Wang Y., Papiha, S. S., Bandelt, H.J., et al., *The emerging limbs and twigs of the east Asian Mitochondrial tree*, *Molecular Biology and Evolution*, vol. 19, pp. 1737-51, (2002).
- Kivisild, T., Tplk, H. V., Paric, J., Wang Y., Papiha, S. S., Bandelt, H.J., et al., *The emerging limbs and twigs of the east Asian Mitochondrial tree*, *Molecular Biology and Evolution*, vol. 19, pp. 1737-51, (2002).
- L.A. Ferydoun Barjesteh van Waalwijk van Doorn (Khosrovani), 'Short Report: DNA evidence versus the Paper Trial. Groundbreaking News on the Origine of the Qajars', in : *Qajar Studies VIII* (2008)
- Lalueza, F.C., Rompler, H., Caramelli, D., Staubert, C., Catalano, G., Hughse, D., *A Melanocortin 1 receptor allele suggests varying pigmentation among Neanderthals*, *Science*, Vol. 318, pp. 1453-1455, (2007)
- Mendez, F., Krahn, T.H., Sevrack, B., Krahn, A.M., Veeramah, K., Woerner, A., Fomine, F. M., Bradman, N., Thomas, M., Karafet, T.M., Hammer, M.F., *An African American paternal lineage adds an extremely ancient*

- rppt to the human Y chromosome phylogenetic tree, American Journal of Human Genetics, vol. 92, pp. 454-461. (2013).*
- Meredith, M., Born in Arica: the quest for the origins of human life, New York, Public Affairs, (2011).*
- Pozinik, G.D., Henn, B.M., Yee, M.C., Sliwerska, E., Euskirchen, G.M., Lin, A.A., Snyder, M., Quintana-murci, L., Kidd, j.M., Underhill, P.A., Bustamante, C.D., Sequencing Y chromosomes resolves discrepancy in time to common ancestor of males versus females, Science, .Vol. 341. pp.562-565, (2013)*
- Rozhanskii IL, Klyosov AA: Mutation rate constants in DNA genealogy (Ychromosome). Advances in Anthropology*
- Ruzgar E, Erciyes K: Phylogenetic Tree construction for Y-DNA Haplogroups. (2004).*
- Semino, O., Magri, C., Benuzzi, G., Lin, A. A., Al-Zahery, N., Origin diffusion and differentiation of Y chromosomes h;plogroups E and J: inferences on neolithization of Europe and later migratory events In the Mediterranean area, American Journal of Human Genetics, vol. 74, pp.1023-1034,(2004).*
- Shi, W., Ayub, Q., Vermeulen, M., Shso, R. G., Zuniga, S., Van der, K., A worldwide survey of human male demographic history based on Y-SNP and Y-STR data from the HGDP CEPH Populations, Molecular Biology and Evolution, vol. 27, pp. 385-393, (2010) .*
- Underhill, P. A., Myres, N. M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L. A., et al., Separating the post-glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a., European Journal of Human Genetics, vol. 18, pp. 479-484, (2010)*
- Wells, R. S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P. A., Evseeva, I., et al., The Eurasian Wolpoff, M. H., Spuhler, J. N., Smith, F. H., Radovcic, J., Modern human origins, Science, vol.241, pp. 772-773, (1988)-*
- Wolpoff, M. J., Hawks, J., Caspari, R., Multiregional, not multiple origins, American Journal of physical Anthropology, vol. 112, pp. 129-136, (2000)*
- Zhao H, Pfeiffer R, Gail MH: Haplotype analysis in population genetics and association studies. Pharmacogenomics 2003, 4:171-178.*

Genetic and Genealogy; Opportunities and Challenges

Mehdi Bigdeli, Sayed Abolfazl Razavi, Reza Shabani Samgh Abadi,

Abstract

One of the sciences that has a profound impact on archeology, history, anthropology and anthropology, and "geneology" with opportunities, challenges or challenges is "Genetics." Genetic knowledge and DNA discovery are a major development in the fields of life science and science. An article examines the approaches and opportunities of genealogy's genealogy advancement, by specifying how much genetics can be useful in genetic research. The use of empirical laboratory identification methods such as the DNA of Y chromosome and mitochondria in determining the origin and the relationship with the new methods in recognizing identity identities by completing and correcting data helps to better understand our history or to show the movement of societies more accurately. The research's achievement suggests that in the future genetics can be used in this field, and new relationships in the precise understanding of history will be formed by relying on the knowledge of genealogy.

Key words: Genetics, Genealogy, Y Chromosome, mt DNA, Islamic civilization