

## PALEOMİKROBİYOLOJİ: ARKEOLOJİDEN MİKROBİYOLOJİYE

### PALEOMICROBIOLOGY: FROM ARCHEOLOGY TO MICROBIOLOGY

### ПАЛЕОМИКРОБИОЛОГИЯ: ОТ АРХЕОЛОГИИ К МИКРОБИОЛОГИИ

Oktay KESKİN\*  
Yusuf ALBAYRAK\*\*

#### ÖZ

Paleomikrobiyoloji, antik kalıntılardan elde edilen mikroorganizma kalıntıları üzerinde yapılan mikrobiyolojik çalışmaları içeren bir disiplindir. Arkeoloji Bilimi, az sayıdaki yazılı kaynaklarla ortaya konulanlar dışındaki boşlukları doldurmak ve tarihi sağlam temeller üzerine dayandırmak üzere ortaya çıkmış, eski çağlarda insanlığın elinden çıkan maddesel kültür (kültür varlıkları) kalıntılarını inceleyerek geçmişimi aydınlatmayı amaç edinen bir bilim dalıdır. Arkeolojik buluntulardan mikrobiyolojik bazı incelemelerle geçmişe ait bazı veriler elde edilmesine olanak sağlar hale gelmiştir. Geçmiş insan biyolojisi, yaşam yolları ve ortamları hakkında bilgi ortaya çıkarmak için arkeolojik buluntulardan antik ve antik mikroorganizmaların kullanılması “arkeolojik mikrobiyoloji”, hücrelerin genetik materyali olan DNA, proteinler veya kimyasal belirteçler kullanılarak eski mikroorganizmaların incelenmesi ise “paleomikrobiyoloji” olarak isimlendirilir. Bu alan, arkeoloji ve mikrobiyolojiyi birleştirerek, geçmiş toplulukların mikrobiyal dünyasını anlamak için benzersiz bir bakış açısı sunar. Paleomikrobiyoloji, antik topluluklarda yaygın olan hastalıkları belirleyerek bu toplulukların sağlık durumu hakkında önemli bilgiler sağlar. Örneğin, tüberküloz ve çeşitli mikroorganizmaların antik kalıntılarda tespit edilmesi, bu hastalıkların tarih öncesi topluluklar arasında nasıl yayıldığını anlamamıza yardımcı olur. Mikroorganizma kalıntıları, antik göç hareketlerini ve farklı topluluklar arasındaki mikrobiyal etkileşimleri ortaya koymada kritik bir rol oynar. Göç ve ticaret yollarını belirleyerek, paleomikrobiyoloji, tarih boyunca farklı kültürler arasındaki etkileşimleri aydınlatır. Makale, paleomikrobiyolojinin arkeolojiye sağladığı önemli katkıları ve gelecek dönemlerdeki potansiyel etkilerini incelemektedir. Paleomikrobiyoloji, antik toplulukların sağlık durumu, hastalıkların yayılımı, tarımın evrimi ve göç hareketleri gibi konularda kapsamlı bilgiler sağlar. Antik kalıntılardan elde edilen mikroorganizma DNA'sı analizi, tarihsel süreçlerin ve mikrobiyal etkileşimlerin daha iyi

\* ORCID: [0000-0002-5977-7872](https://orcid.org/0000-0002-5977-7872), Prof. Dr., Harran Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Mikrobiyoloji Ana Bilim Dalı, Şanlıurfa [okeskin@harran.edu.tr](mailto:okeskin@harran.edu.tr)

\*\* ORCID: [0000-0002-2001-6718](https://orcid.org/0000-0002-2001-6718), Doç. Dr., Ankara Yıldırım Beyazıt Üniversitesi İnsan ve Toplum Bilimleri Fakültesi, Sanat Tarihi Bölümü, Ankara. [albayrakusuf55@hotmail.com](mailto:albayrakusuf55@hotmail.com)

**Kaynak Gösterim / Citation / Цитата:** KESKİN, O., & ALBAYRAK, Y. (2023). PALEOMİKROBİYOLOJİ: ARKEOLOJİDEN MİKROBİYOLOJİYE. *Karadeniz Uluslararası Bilimsel Dergi* (60), 111-126 DOI: [10.17498/kdeniz.1394502](https://doi.org/10.17498/kdeniz.1394502)

## **Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye**

anlaşılmasını sağlar. Ayrıca, gelecekteki teknolojik gelişmeler ve interdisipliner iş birliği ile paleomikrobiyolojinin arkeoloji alanında daha da önemli bir rol oynaması beklenmektedir. Sonuç olarak, paleomikrobiyoloji, insanlık tarihine dair yeni bakış açıları sunan ve arkeoloji disipliniyle birlikte geçmişin mikrobiyal dünyasını keşfeden heyecan verici bir araştırma alanını temsil eder. Bu disiplinin ilerlemesi, antik toplulukların yaşam koşulları, sağlık durumları ve kültürel etkileşimleri hakkında daha derinlemesine bir anlayışa ulaşmamıza katkı sağlayacaktır.

**Anahtar Kelimeler:** Bakteriyel Antik DNA, Mikrobiyal Arkeoloji, Mikrobiyoloji, Mikroorganizma, Paleomikrobiyoloji.

### **ABSTRACT**

Paleomicrobiology is a discipline that involves microbiological studies on the remains of microorganisms from ancient ruins. Archaeology is a branch of science that has emerged to fill the gaps other than those revealed by a small number of written sources and to base history on solid foundations, and aims to illuminate the past by examining the remains of material culture (cultural assets) produced by human beings in ancient times. It has become possible to obtain some data from the past through some microbiological examinations from archaeological finds. The use of ancient and historical microorganisms from archaeological finds to reveal information about past human biology, life paths and environments is called "archaeological microbiology", and the study of ancient microorganisms using DNA, proteins or chemical markers, which are the genetic material of cells, is called "paleomicrobiology". By combining archaeology and microbiology, the field offers a unique perspective for understanding the microbial world of past communities. Paleomicrobiology identifies diseases that were common in ancient communities, providing important insights into the health status of these communities. For example, the detection of tuberculosis and various microorganisms in ancient remains helps us understand how these diseases spread among prehistoric communities. Microbial remains play a critical role in revealing ancient migratory movements and microbial interactions between different communities. By identifying migration and trade routes, paleomicrobiology illuminates interactions between different cultures throughout history. This article examines the important contributions of paleomicrobiology to archaeology and its potential impact for the future. Paleomicrobiology provides comprehensive insights into the health status of ancient communities, the spread of disease, the evolution of agriculture and migratory movements. The analysis of microbial DNA from ancient remains provides a better understanding of historical processes and microbial interactions. Furthermore, with future technological advances and interdisciplinary collaboration, paleomicrobiology is expected to play an even more important role in the field of archaeology.

In conclusion, paleomicrobiology represents an exciting field of research that offers new insights into human history and explores the microbial world of the past in conjunction with the discipline of archaeology. The advancement of this discipline will contribute to a deeper understanding of the living conditions, health status and cultural interactions of ancient communities.

**Keyword:** Bacterial Ancient DNA, Microbial Archaeology, Microbiology, Microorganism, Paleomicrobiology

## АННОТАЦИЯ

Палеомикробиология – дисциплина, включающая микробиологические исследования остатков микроорганизмов, полученных из древних руин. Археология – это отрасль науки, которая возникла для того, чтобы заполнить пробелы, отличные от тех, которые обнаружены в небольшом количестве письменных источников, и построить историю на прочном фундаменте, а также стремится осветить прошлое путем изучения остатков материальной культуры (культурных ценностей), созданных человеком в древности. Стало возможным получить некоторые данные из прошлого посредством некоторых микробиологических исследований археологических находок. Использование древних и исторических микроорганизмов из археологических находок для раскрытия информации о прошлой биологии человека, его жизненных путях и окружающей среде называется «археологической микробиологией», а изучение древних микроорганизмов с использованием ДНК, белков или химических маркеров, которые являются генетическим материалом клеток, называется «палеомикробиологией». Объединяя археологию и микробиологию, эта область предлагает уникальную перспективу для понимания микробного мира прошлых сообществ. Палеомикробиология выявляет болезни, которые были распространены в древних сообществах, что дает важную информацию о состоянии здоровья этих сообществ. Например, обнаружение туберкулеза и различных микроорганизмов в древних руинах помогает нам понять, как эти заболевания распространялись среди доисторических сообществ. Остатки микробов играют решающую роль в раскрытии древних миграционных движений и микробных взаимодействий между различными сообществами. Определяя миграционные и торговые пути, палеомикробиология проливает свет на взаимодействие между различными культурами на протяжении всей истории. В данной статье рассматривается важный вклад палеомикробиологии в археологию и ее потенциальное влияние в будущем. Палеомикробиология предоставляет исчерпывающую информацию по таким темам, как состояние здоровья древних сообществ, распространение болезней, эволюция сельского хозяйства и миграционные движения. Анализ ДНК микроорганизмов, полученной из древних руин, позволяет лучше понять исторические процессы и микробные взаимодействия. Кроме того, ожидается, что благодаря будущим технологическим достижениям и междисциплинарному сотрудничеству палеомикробиология будет играть еще более важную роль в области археологии.

В заключение, палеомикробиология представляет собой захватывающую область исследований, которая предлагает новые взгляды на историю человечества и исследует микробный мир прошлого вместе с дисциплиной археологией. Развитие этой дисциплины будет способствовать более глубокому пониманию условий жизни, состояния здоровья и культурных взаимодействий древних сообществ.

**Ключевые слова:** Бактериальная древняя ДНК, Микробная археология, Микробиология, Микроорганизм, Палеомикробиология

## GİRİŞ

Mikrobiyoloji, mikroorganizma adı verilen çok küçük ölçüdeki canlıları inceleyen ve izole edilme yöntemlerini araştıran bilim dalıdır (Diniz vd. 2022: 49). Mikroorganizmalar, çıplak gözle görülemeyecek kadar küçük olan tek hücreli canlılardır. Bakteriler, mayalar, küfler, algler temel mikroorganizmalardır. Mikroorganizmalar, hücre içi ve/veya hücre dışı olan geniş bir proteaz dizisi geliştirirler. Hücre içi proteazlar sporülasyon ve farklılaşma, protein döngüsü, enzimlerin ve hormonların olgunlaşması ve hücre protein havuzunun bakımı gibi farklı hücresel ve metabolik süreçler için önem teşkil ederler. Hücre dışı

## **Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye**

proteazlar ise hücre dışı ortamlarda proteinlerin hidrolize edilmesi için önemlidir ve hücrenin hidrolitik ürünleri absorbe ederek kullanmasını sağlar (Kalisz 1988: 36). Çoğu mikroorganizma hem inorganik hem de organik azot biçimlerini, amino asitler, nükleik asitler, proteinler ve hücre duvarı bileşenleri üretmek üzere metabolize eder (Giesecke 1991: 721-724). Çoğu çıplak gözle görülemeyecek kadar küçük olan mikroorganizmaların ilk keşfi Antonie van Leeuwenhoek'un 1673 yılında basit tek lensli mikroskobu tasarlamasıyla başlamıştır. Leeuwenhoek'in çağdaşı olan Robert Hooke'un biraz daha geliştirdiği mikroskop mikroorganizmaları görülebilir hale getirmiştir. Mikroskobun geliştirilmesinden günümüze mikroorganizmalar hakkında bilgilerimiz hızla artmış, önceleri bir hayal ürünü olan mikroorganizmaların varlığı kanıtlanmış ve bu sayede mikrobiyoloji bilim dalı bugünkü bilgi düzeyine ulaşabilmiştir (Diniz vd. 2020: 50).

Arkeoloji, Antik Yunanca'daki "arkhaios" (eski) ve "logos" (bilim) kelimelerinin birleşiminden oluşmaktadır. Arkeoloji, insanın geçmişe dair hissettiği merak duygusunun ciddi, saygıdeğer ve titizlik isteyen bir bilim haline dönüşmesidir. Diğer bir tanıma göre ise; arkeoloji aslında asla gidemeyeceğimiz zamanlara gidebilmemizi, nereden geldiğimizi öğrenebilmemizi ve bu sayede biz kimiz gibi sorulara cevap verebilmemizi sağlayan bilim dalıdır (Gamble 2014: 1). Arkeoloji, temel olarak insanlığı ve insanlık tarihini anlamak üzerine kurulu bir bilim dalıdır. Bu nedenle eski dönemlerde yaşamış insan topluluklarından günümüze kalan maddi kalıntıları inceler, belgeler ve yorumlar. Dilimize "kazıbilim" şeklinde geçmişte olsa doğrusu kazı, sadece toprak altındaki verilere ulaşabilmek için kullanılan bir yöntemdir. Arkeoloji kimi zaman sıcak çöllerde kazılar yapmak, kimi zaman laboratuvarlarda titiz analizler ve çizimlerle uğraşmak, kimi zamanlarda da tüm bunların ne anlam ifade ettiği konusunda kafa yormaktır (Renfrew - Bahn 2017: 19).

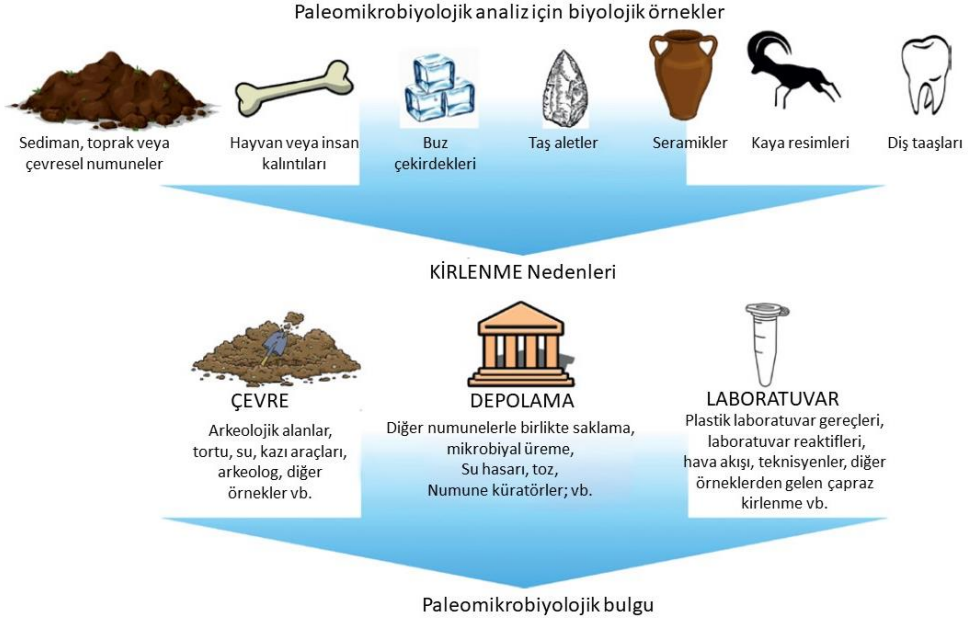
"Arkeoloji Bilimi, az sayıdaki yazılı kaynaklarla ortaya konulanlar dışındaki boşlukları doldurmak ve tarihi sağlam temeller üzerine dayandırmak üzere ortaya çıkmış, eski çağlarda insanoğlunun elinden çıkan maddesel kültür (kültür varlıkları) kalıntılarını inceleyerek geçmişimi aydınlatmayı amaç edinen bir bilim dalıdır (Özbilen 2020: 41). Örneğin insanlık tarihinin milyonlarca yıl devam etmiş yazısız dönemleri ancak bu bilim sayesinde elde edilen veriler yoluyla öğrenilebilir; Protohistorik ve Historik çağların aydınlanmamış noktaları da onun yardımıyla aydınlatılabilir. Bu nedenle arkeoloji tarihle kopmaz bir bağ ve sürekli bir iş birliği içindedir ve ancak tarih çerçevesi içinde ele alındığı zaman değer kazanır. Aksi takdirde amaçsız bir bilim haline dönüşebilir (Sevin 1999: 15).

Bilim teknolojide yaşanan hızlı ilerleme, arkeolojik buluntulardan mikrobiyolojik bazı incelemelerle geçmişe ait bazı veriler elde edilmesine olanak sağlar hale gelmiştir. Geçmiş insan biyolojisi, yaşam yolları ve ortamları hakkında bilgi ortaya çıkarmak için arkeolojik buluntulardan antik ve tarihi mikroorganizmaların kullanılması "arkeolojik mikrobiyoloji", hücrelerin genetik materyali olan DNA, proteinler veya kimyasal belirteçler kullanılarak eski mikroorganizmaların incelenmesi ise "paleomikrobiyoloji" olarak isimlendirilir (Weyrich ve Pérez 2023: 558). Antik kalıntılardaki mikroorganizmaların tespiti ve teşhisi ile mikroorganizmaların evriminin ve insan popülasyonu ile simbiyotik ilişkisinin anlaşılmasına imkan sağlayan paleomikrobiyoloji, tarihsel ve arkeolojik kaynaklarda ortaya konan hipotezlerin, bilimsel olarak kanıtı verilerle desteklenmesini sağlamaktadır. Metagenomik çalışmaların son yıllarda gelişmesiyle birlikte paleomikrobiyoloji çalışmaları da hız kazanmıştır (Rivera-Perez 2016: 2-5). Metagenomik, mikroorganizma topluluklarını içeren örneklerin kültür edilmesine gerek duymaksızın doğrudan doğal ortamlarından alınıp, içindeki mikroorganizmaların DNA'larının izole edilmesi ve bu DNA'ların yeni nesil dizileme yöntemleri kullanılarak analiz edilmesidir (Petrosino 2009: 860-867).

Arkeoloji biliminin gelişmekte olan disiplinler arası bir alanı olan arkeolojik mikrobiyoloji, mikroorganizma olarak isimlendirilen bakteriler, arkeler, virüsler,

parazitler ve protozoanlardan elde edilen bilgiler sayesinde geçmişe dair yeni bilgiler elde edilmesini sağlamaktadır. Dünyada yaşamın, yaklaşık 3,5 milyar yıl önce tek hücreli mikroorganizmalarla başladığına inanılmaktadır (Schopf 2006: 869). Mikroorganizmalar tipik olarak çok hücreli organizmalardan çok daha hızlı çoğaldığı için çok daha fazla evrim oranına sahiptir ve çevresel, antropojenik ve iklimsel değişime hızla yanıt verebilir ve Dünyanın zaman içinde nasıl değiştiğine dair benzersiz veriler sağlayabilirler. Gözle görülemeyen bu mikroorganizmalara ait bilgi kalıntılarının günümüzde ulaşılan tekniklerle açığa çıkarılması geçmiş yorumlamak açısından çok önemlidir.

Paleomikrobiyoloji, antik kalıntılardan elde edilen mikroorganizma kalıntıları üzerinde çalışarak, tarihsel süreçleri ve insan-mikrobiyotaya etkileşimini anlamaya odaklanan yeni ve heyecan verici bir araştırma alanını olarak karşımıza çıkmaktadır. Paleomikrobiyoloji, antik kemikler, dişler, dışkı kalıntıları ve diğer arkeolojik buluntulardan elde edilen mikroorganizma DNA'sını inceleyerek geçmişteki mikrobiyal yaşamı keşfeder. Arkeologlar ve mikrobiyologlar, bu kalıntıları analiz ederek eski hastalıkların izlerini sürerek antik toplulukların sağlık durumları hakkında bilgi edinebilirler.



**Şekil 1.** Mikrobiyal arkeolojide hali hazırda kullanılan başlıca numune türleri ve tarihi numunelerde bulunan bulguyu değiştirebilecek kirlenme yolları (Weyrich ve Pérez 2023: 558).

## PALEOMİKROBİYOLOJİNİN ARKEOLOJİYE KATKILARI

Antik Hastalıkların Tanımlanması: Paleomikrobiyoloji, antik topluluklarda yaygın olan hastalıkları belirleyerek bu toplulukların sağlık durumu hakkında önemli bilgiler sağlar. Örneğin, tüberküloz ve çeşitli mikroorganizmaların antik kalıntılarda tespit edilmesi, bu hastalıkların tarih öncesi topluluklar arasında nasıl yayıldığını anlamamıza yardımcı olur.

## Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye

Tarımın Evrimi: Mikrobiyolojik kalıntılar, tarımın başlangıcını ve tarımsal uygulamaların evrimini izleyerek, insanların beslenme alışkanlıklarındaki değişikliklerin anlaşılmasına yardımcı olur. Tarıma dayalı toplumların ortaya çıkışı ve bu toplumların mikrobiyal etkileşimleri, paleomikrobiyoloji aracılığıyla arkeologlar tarafından incelenir.

Göç ve Etkileşim: Mikroorganizma kalıntıları, antik göç hareketlerini ve farklı topluluklar arasındaki mikrobiyal etkileşimleri ortaya koymada kritik bir rol oynar. Göç ve ticaret yollarını belirleyerek, paleomikrobiyoloji, tarih boyunca farklı kültürler arasındaki etkileşimleri aydınlatır.

### ANTİK DNA (aDNA)

Antik DNA (aDNA), tarihi ve arkeolojik örneklerde bulunabilen ve deri, diş, toprak, müze örnekleri, koproлитler, kalsifiye diş plağı ve kemikler gibi arkeolojik kaynaklardan başarıyla elde edilen kalıntı genetik kayıttır (Tsangaras ve Greenwood 2012: 58-73; Anastasiou ve Mitchell 2013:33-40; Burrell vd. 2015: 35-44). Antik DNA, modern DNA veya paleontolojik çalışmaların tek başına sağlayamayacağı geçmişe dair doğrudan bilgiler sağlar.

Bu alanda çalışmaları ilk başlatan atılım, Higuchi vd. (1984: 282-284) zebranın akrabası olan ve soyu tükenmiş quagga (*Equus quagga*)'nın 150 yıllık bir müze örneğinden oldukça zor bir yol olan bakteriyel klonlama yoluyla küçük bir antik DNA (aDNA) parçası elde edebilmesiyle gerçekleşti. Daha sonra Mullis ve Faloona (1987: 335-350) belirli DNA bölümlerinin laboratuvarında çoğaltılmasını sağlayan Polymerase Chain Reaction (PCR) tekniğini geliştirdiler. Bu tekniğin keşfinden sonra ilk bakteriyel aDNA çalışması Spigelman ve Lemma (1993: 137-143) tarafından yapılmıştır. Araştırmacılar on farklı bölgeden elde edilmiş 1350 yıllarına kadar farklı dönemlere ait kemik örneklerinden aDNA eldesi ile tüberküloz hastalığının etkeni olan *Mycobacterium tuberculosis* bakterisinin varlığını araştırmışlardır. Çalışmada biri Türkiye'den ve Bizans döneminden kalma, diğeri 17-18.yüzyıl İskoçya kaynaklı olarak iki bel omurunda, ayrıca Bornea ve İngiltere orijinli talus ve ulna kemikleri olmak üzere toplam 4 adet kemikte *Mycobacterium tuberculosis* pozitiflik bulunmuştur. Daha sonraki çalışmalarda Salo vd. (1994: 2091-2094) MS 100-1300 yıllarına tarihlenen Güney Eru'da bir mezarlıktan ele edilen 40-45 yaşlarında bir kadına ait mumyanın lezyon bulunan akciğer ve lenf yumrusunu inceleyerek, Donoghue vd. (1998: 265-269) İsrail'de Negev Çölü'ndeki bir Bizans bazilikasının kazısı sırasında, 35-45 yaşlarında bir erkeğe ait cesedin göğüs boşluğunda bulunan kalsifiye akciğer plevrasında *Mycobacterium tuberculosis* tespit edilmiştir. Jackson vd. (1998: 1224-1229) Nisan 1979'da Sverdlovsk, Sovyet Sosyalist Cumhuriyeti Birliği'nde insanlarda görülen şarbon salgınında ölen kişilerin parafinde saklanmış dokularında hastalığın etkeni olan *Bacillus anthracis* bakterisini saptamışlardır. Drancourt vd. (1998: 12637-12640) ilk kez diş taşlarından aDNA elde etmeyi başarmış ve 400 yıllık bir iskeletin diş taşında veba etkeni olan *Yersinia pestis* bakterisinin varlığını göstermiştir. Bundan sonraki çalışmalarda çevresel örneklerden aDNA çalışmaları yapılmış ve Priscu vd. (1999: 2141-2144) buz örneklerinden çevresel metagenomu bir numunedan olan farklı canlılara ait genetik materyalin tamamı saptamışlardır.

Ancak PCR tekniğinin uygulamada karşılaşılan bazı dezavantajlarını gidermek için geliştirilen Yüksek verimli dizileme (High Throughput Sequencing - HTS) tekniği de aDNA çalışmalarında kullanılmış ve çalışmaların büyük önemde güvenilirlik kazanmasını sağlamıştır. Tito vd. (2008: 1-6) HTS tekniğini kullanarak ilk kez koproлитten aDNA izole ederek barsak mikrobiomunu (belirli bir yerde veya nişte birlikte

yaşayan bir mikroorganizma topluluğu ve onun çevresel ve genomik bağlamı) belirlemişlerdir. Yine aynı teknikle Bos vd. (2011, 506-510) diş pulpasından veba etkeni olan *Y. pestis* bakterisini saptamışlardır.

16. Yüzyılda 'Yeni İspanya' adı verilen bugünkü adıyla Meksika olan bölgede görülen salgın felaketi 'cocoliztli salgınları' olarak bilinir. Bu salgın süresince 1520 - 1576 yılları arasında toplamda 15 milyona yakın insanın öldüğü ve Maya uygarlığı için sonun başlangıcı olduğu söylenebilir. Ancak bu salgının neden kaynaklandığı yakın zamana kadar aydınlatılamamıştır. Tarihi belgeler aracılığıyla belirlenen bölgede 1545-1550 yılları arasındaki Cocoliztli salgınıyla ilişkilendirilen bir Meksika mezarlığında bulunan dişlerden Vågene vd. (2018) tarafından ilk *Salmonella enterica* aDNA'sı, üretilmiştir. Araştırmacılar, hedeflenmemiş HTS ve kapsamlı bir patojen veri tabanı ile karşılaştırma ve ardından hedeflenmiş yakalama yoluyla, Cocoliztli salgını enterik ateşe neden olan ve fekal-oral yolla bulaşan *S. enterica* serovar Paratyphi C ile ilişkilendirebilmiştir. Araştırmacılar, zorla yer değiştirmeler, değişen ev düzenlemeleri ve yeni tarım uygulamaları gibi İspanyol boyunduruğu altındaki yaşam tarzı değişikliklerinin hijyeni tehlikeye atarak Paratyphi C bulaşmasını kolaylaştırmış olabileceğini öne sürmüşlerdir. (Vågene, vd. 2018: 520-528)

Mikrobiyal arkeolojik araştırmaların çoğu paleopatolojik bağlamlarda başlamış olsa da, günümüzde mikrobiyolojik uygulamalar insanlar hakkında bulaşıcı hastalıklardan daha fazla bilgi sağlamaya başlamıştır. Çok sayıda çalışmada mikroskopi, immünohistokimya, PCR ve metagenomik yaklaşımlar kullanılarak çok sayıda bakteriyel, viral ve parazitik enfeksiyonun eski çağlardaki varlığı doğrulanmıştır.

Bu çalışmaların birçoğu, geçmişteki insan hastalıklarını tanımlamayı ve incelemeyi amaçlamış, hastalığın kökenine, bir salgının etkenini belirlemeye ve bir hastalığın bir manzara boyunca veya farklı insan gruplarına yayılmasına odaklanmıştır.

Patojenin yanı sıra aynı patojenin çeşitli suşları arasındaki küçük varyasyonların ve farklılıkların tanımlanması, ekiplerin belirli suşların nasıl ve neden yayıldığının arkasındaki mekanizmaları anlamasına ve araştırmacıların bir mikroorganizmadan elde edilen genetik bilgileri, hastalığın yaygınlığının uzun vadeli ve yaygın etkileri hakkındaki arkeolojik bağlamla ve insan göçü, kaynak paylaşımı veya ticaret gibi bir hastalığın ortaya çıkışını desteklemiş olabilecek antropolojik veya ekonomik faktörlerle eşleştirmesine olanak tanır.

Paleomikrobiyolojik teknikler kullanılarak incelenen ilk mikroorganizma, insanlardaki tüberkülozun etkeni olan *M. tuberculosis*'tir. Erken modern genomik çalışmalar, insanlardaki tüberkülozun, sığırlarda benzer bir solunum yolu hastalığına neden olan akraba bir tür olan *Mycobacterium bovis*'ten kaynaklandığını düşündürmüştür. Sığırların insanlar tarafından evcilleştirilmesinin insanlarda tüberkülozun yayılmasına ve ortaya çıkmasına yol açmış olması gerektiğini öne süren hipotezler ortaya çıkmıştır. Ancak, eski *M. tuberculosis* genomları üzerinde yapılan çalışmalar, eski insanları enfekte eden suşların sığırlardan kaynaklanmadığını, bunun yerine sığır suşlarının insanlardan kaynaklandığını ortaya koymuştur (Brosch vd. 2002: 3684-3689).

Daha ileri araştırmalar, tüberkülozun milyonlarca yıldır insanlarla birlikte olduğunu ve muhtemelen Afrika'yı terk ederken anatomik olarak modern insanlarla birlikte yayıldığını göstermektedir (Comas vd 2013: 1176-1182). Bu örnek, eski zamanlarda dolaşımda olan suş türleri hakkındaki zamansal bilginin, insanlardaki patojenlerin kökenlerini ve ortaya çıkışını tanımlamak ve anlamak için çok önemli olduğunu göstermektedir. Bu aynı zamanda hastalıkların kökenine ilişkin birçok teori ve hipotezin paleomikrobiyolojik incelemelerle desteklenmesi gerektiğini de göstermektedir. Paleomikrobiyolojik çalışmalar ayrıca yeni hipotezler üretmek, yeni

## Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye

kazı yerleri hakkında bilgi vermek ve arkeolojik ve antropolojik teorileri yeni yollarla test etmek için ek kanıt olarak kullanılabilir.

Veba (*Yersinia pestis*) antik bağlamlarda da kapsamlı bir şekilde incelenmiştir ve metagenomik yaklaşımlar artık Birinci (541-544 ce), İkinci (1347-1352 ce) ve Üçüncü (1665-1666 ce) Pandemilerden toplu mezarlarda ölen bireylerin kemiklerinden vebayı tanımlamıştır. Birkaç önemli çalışma, Kara Ölüm ve Justinianus Vebası kurbanlarının bulunduğu belirli mezarlıklardan ilk taslak antik patojenik genomları ortaya çıkarırken (Bos vd. 2011: 506-510; Wagner vd. 2014: 541-543), daha yeni çalışmalar evrimsel tarihini incelemiştir (Spyrou vd. 2019.1-13). Daha ileri paleomikrobiyolojik çalışmalar, hastalığın kökeni ve yayılımı hakkında yeni bilgiler sağlayacak ve potansiyel olarak bugün bu hastalıklara ilişkin anlayışımızı etkileyecektir. Örneğin, Justinianus Vebası'nın kökenleri artık Doğu Asya'daki ortak bir tarihe kadar uzanmaktadır ve bu da hastalığın Orta Doğu'ya günümüz Çin'inden ticaret yolları aracılığıyla girmiş olabileceğini düşündürmektedir (Wagner vd. 2014: 541-543).

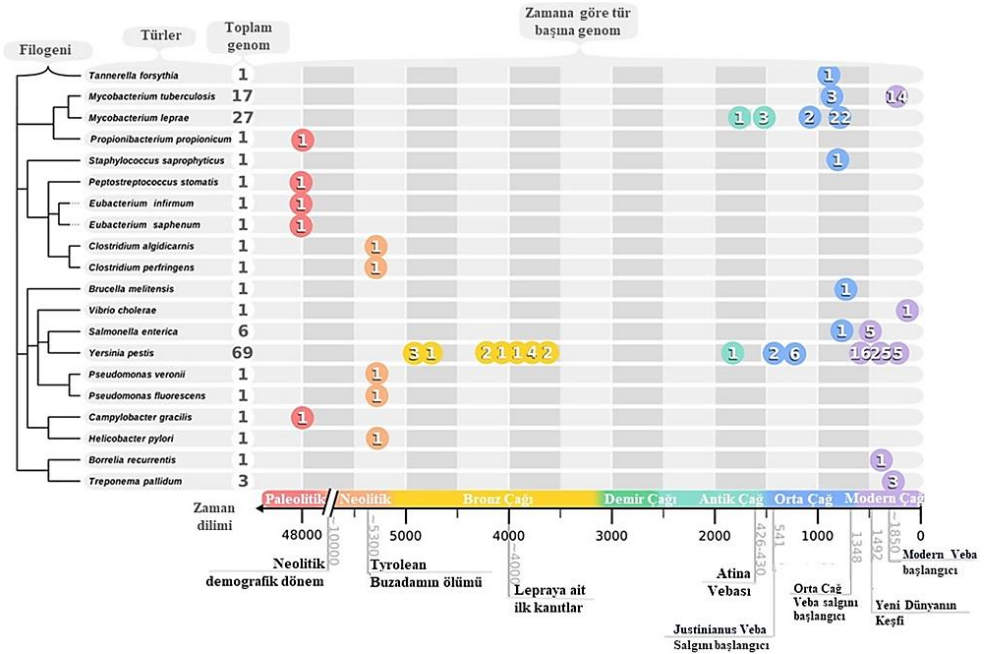
Bu gözlem, hayvanlardan insanlara geçen zoonotik hastalıkların kökenine ilişkin anlayışımızı geliştirmekte ve geçmişteki insan göçlerinin, hareketlerinin ve ticaretinin insan sağlığını nasıl etkilemiş olabileceğini aydınlatmaktadır. Şaşırtıcı bir şekilde, yakın zamandaki paleogenomik kanıtlar da eski dönemlerde vebanın, daha az ölümcül formlarının insanlarda mevcut olduğunu göstermektedir (Rasmussen vd. 2015: 571-582); veba etkeni olan *Y. pestis* günümüzde kemirgenler üzerinde yaşayan pireler yoluyla bulaşır, ancak 5000 yıl önce eski insanlardan elde edilen paleogenomlar, insanların pirelerde hayatta kalmak için gerekli genleri olmayan *Y. pestis* etkenleri enfekte olduğunu ortaya koymuştur. Pire sevmeyen bu *Y. pestis* türleri aynı zamanda muhtemelen daha az ölümcüldü ve muhtemelen insan aileleri, grupları ve toplulukları arasında, günümüzde *Y. pestis* enfeksiyonlarında görülen ciddi sonuçlar olmadan dolaşıyordu. Bu tür paleomikrobiyolojik çalışmalar sadece hastalığın yayılması konusunda bilgi vermekle kalmaz, aynı zamanda bu tür çalışmalar bize geçmiş insan kültürleri hakkında daha fazla bilgi verecek şekilde genişletilebilir. Örneğin, eski *Y. pestis* suşlarının yayılımını izlemek, bilinmeyen ticaret yollarını veya kültürler arası etkileşimleri belirlemenin yanı sıra insanlar ile evcil ve vahşi hayvanlar arasındaki etkileşimleri anlamak için kullanılabilir.

Bulaşıcı hastalıklarla ilgili paleomikrobiyoloji çalışmaları bakterilerin ötesine geçmiştir. Antik patojenik virüsler ve parazitler, büyük ölçüde HTS ve spesifik viral genomik bilginin zenginleştirilmesi sayesinde artık birçok çalışmada tanımlanmış ve tarif edilmiştir. Virüslerle ilgili antik paleogenomik çalışmalar arasında Variola virüsü (çiçek hastalığı) (Duggan vd. 2016: 3407-3412), Hepatit B Virüsü (HBV) (Krause-Kyora vd. 2018: 1-15) ve Parvovirüs (Beşinci hastalık) (Mühlemann vd. 2018: 7557-7562) yer almaktadır. Bu çalışmalar, insanların ve virüslerinin uzun vadeli birlikte evrimi hakkında bilgi sağlamakta, bazı hastalıkların kökenlerinin zamanlamasını milyonlarca yıl sıfırlayabilmekte ve araştırmacıların geçmişte yanlış tanımlanmış enfeksiyonları yeniden sınıflandırmasına olanak tanımaktadır. Benzer şekilde, Plasmodium falciparum (sıtma) gibi parazitlere yönelik araştırmalar, hastalığın ortaya çıkışına ilişkin dogmaları altüst etmiştir; örneğin, Eski ve Yeni Dünya'daki *P. falciparum* suşlarına yönelik paleogenomik çalışmalar, Amerika kıtasına sıtmayı Avrupalıların getirmiş olabileceğini göstermektedir (Marciniak vd. 2016: R1220-R1222; Gelabert vd. 2017: 1-10).

Bugüne kadar yapılan paleomikrobiyolojik çalışmalarda *Mycobacterium leprae* (cüz zam) (Schuenemann vd. 2013: 179-183), *Vibrio cholerae* (kolera) (Devault vd. 2014: 334-340) ve *S. enterica* (tifo) (Vâgene vd. 2018: 520-528) gibi diğer birçok patojen daha az ayrıntılı olarak incelenmiştir. Bununla birlikte, daha az sayıda çalışma faydalı



veya insanlarla uyum içinde yaşayan ve ölüm ve yıkımla ilişkili büyük ölçekli salgınlara neden olduğu bilinmeyen simbiyotik türleri (günümüzde mikroorganizmaların %2'sinden daha azının doğrudan hastalığa neden olduğu bilinmektedir) incelemiştir. Örneğin, *Helicobacter pylori* mide ile ilişkili bir mikroorganizmadır ve günümüzde sanayileşmiş ülkelerde mide ülseri ile ilişkilendirilmektedir (Kusters vd. 2006: 449-490). Bununla birlikte, bu asit seven bakteri dünyanın dört bir yanındaki sağlıklı insanlarda da yaygındır ve alerjik hastalıklara karşı korumayla bağlantılıdır (Chen ve Blaser 2008: 553-560), bu da insan vücudundaki rolünün hastalıkla ilişkili olmaktan çok simbiyotik olabileceğini düşündürmektedir. *H. pylori* ile ilgili eski ve modern filogenomik çalışmalar, bu mikrobu insanlarda milyonlarca yıldır mevcut olduğunu ve belki de sadece insan davranışları ve beslenmesindeki son değişikliklerin bu suşların hastalığa neden olmasını desteklediğini göstermektedir (Blaser vd. 2008: 561-567). Aslında, bu mikroorganizmanın evrimsel geçmişi, insanların evrimsel geçişinin neredeyse bir ayna görüntüsüdür ve bu da bu mikrop ile insanların milyonlarca yıldır birlikte yaşadığını göstermektedir (Breurec vd. 2011: 1-10; Moodley vd. 2012: 1-16). Bu aynı zamanda bu mikrobu insan genlerinin geçişine benzer şekilde ebeveynlerden yavrulara geçtiğini ve simbiyotik mikropların insan göçünü izlemek için bir işaretleyici olarak hizmet edebileceğini göstermektedir (Dominguez-Bello ve Blaser 2011: 471-474; Eisenhofer ve ark. 2019: 149-162). Diğer ölümcül olmayan mikroplar da *H. pylori*'ye benzer örüntüler sergiler ve insan göç örüntüleri ve insan grupları arasındaki karışım için anahtarlar barındırabilir. Ortak, patojenik olmayan mikroplar üzerine yapılan çalışmalar arkeolojik araştırmalar için büyük önem taşıyacaktır, çünkü bunlar sadece bulaşıcı bir hastalıktan ölenlerle değil, herhangi bir insanla karşılaştırılabilir ve ayrıca kronik hastalıklar hakkında bilgi ve nihayetinde bir bireyin yaşam deneyimi hakkında ayrıntılı bilgi sağlayabilir.



## **Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye**

**Şekil 2.** Mevcut bakteriyel paleogenomların katalogu: NCBI Taksonomi Ortak Ağacı kullanılarak çıkarılan paleogenomların yeniden yapılandırıldığı türler arasındaki filogenik ilişki şeklinin solunda gösterilmektedir. Mevcut genomların toplam miktarı tür adından sonra listelenmiştir. Sağ tarafta ise tür başına genom sayısı ve tarihsel zaman dilimi gösterilmekte, önemli olaylar alttaki zaman çizelgesinde vurgulanmaktadır (Arning ve Wilson 2020: 9).

### **HAYVANLARDAKİ ANTİK MİKROORGANİZMALAR**

İnsan mikrobiyotası ile karşılaştırıldığında, hayvanlarla ilişkili mikrobiyota araştırmaları nispeten yenidir ve hem koproлит hem de kalkülüs benzeri materyal kullanan sadece bir avuç çalışma içermektedir.

Hayvanlarla ilişkili mikrobiyota araştırmaları sadece geçmişteki hayvanların biyolojilerini, diyetlerini ve menzillerini daha iyi anlamak için yararlı olmakla kalmaz, aynı zamanda insan ve hayvan etkileşimleri ve diğer ekolojik çıkarımlar hakkında da bilgi sağlayabilir. Örneğin, insanlar ve hayvanlar arasında paylaşılan mikroplar, insan-hayvan temasının türleri ve doğası hakkında bilgi sağlayabilir (örneğin bulaşıcı hastalık yayılımı için). Hayvan mikrobiyotasındaki değişiklikler, evcilleştirmenin ve insanların hayvanların yaşam tarzlarına müdahalesinin bir işareti olabilir (Metcalf vd. 2017: 1-9). Hayvanlardaki mikrobiyota da muhtemelen çevresel ve iklim değişikliğinin getirdiği beslenme düzenindeki değişikliklere yanıt vermektedir; bu değişiklikler aynı zamanda coğrafi çeşitliliği veya insanlar tarafından uzun süreli maruz kalma veya yetiştirmeye geçişi de yansıtıyor olabilir (Liu vd. 2020: 307-319).

Günümüzde, primat olmayan eski hayvanlardaki mikropları inceleyen çalışmalar, soyu tükenmiş, uçamayan kuşların çeşitliliğini ve etkileşimlerini ortaya çıkarmış (Boast vd. 2018: 1546-1551), ayrıca eski, adaya izole şekilde yaşayan keçilerde bulunan bağırsak mikroorganizmalarının günümüz modern keçilerine kadar devamlılığını ortaya koymuştur (Welker vd. 2014: 106-116). Öte yandan, eski primatlar üzerine yapılan çalışmalar, Mısır babunları ve Tanzanya şempanzelerinde hem esaretin hem de yakın zamandaki yaşam tarzı değişikliklerinin ağız mikrobiyotasını, insan ağız mikrobiyotasındaki endüstriyel değişikliklere benzer şekillerde değiştirmiştir (Otoni vd. 2019: 1-10; Ozga vd. 2019: 1-15). Mikrobiyal arkeolojiyi zooarkeolojik çalışmalara uygulayan daha ileri çalışmalar, hayvanların bu gezegenin farklı yerlerinde nasıl yaşadıklarına ve ayrıca insanların geçmişte hayvanlarla nasıl etkileşime girdiklerine dair anlayışımızı genişletecektir. Mikrobiyal arkeolojiyi zooarkeolojik çalışmalara uygulayan daha ileri çalışmalar, hayvanların bu gezegenin farklı yerlerinde nasıl yaşadıklarına ve ayrıca insanların geçmişte hayvanlarla nasıl etkileşime girdiklerine dair anlayışı genişletecektir.

### **ARKEOLOJİK VE TARİHİ YAPI MALZEMELERİNİN MİKROBIYOMLARI**

Şu anda en yaygın olarak çalışılan mikrobiyomlar insanlarda olmasına rağmen, çevresel mikrobiyota artık arkeolojik bağlamlar da dahil olmak üzere geçmiş hakkında bilgi sağlamak için giderek daha fazla incelenmektedir. Örneğin, araştırmacılar antik yapı malzemeleri ve yapı kalıntılarıyla ilişkili antik mikrobiyotayı incelemişlerdir. Bir grup araştırmacı, tarihi tuğlalar ve boyalar üzerinde halotolerant (tuza toleranslı) türleri tespit ederek, alanın bozulmasıyla potansiyel olarak ilişkili mikroorganizmaları ortaya çıkarmış ancak kullandıkları tekniklerden daha güvenilir tekniklerle çalışılması gerektiğini vurgulamışlardır (Adamiak vd. 2018: 11-18). Ayrıca, başka bir grup, İkinci Dünya Savaşı toplama kamplarındaki tarihi bina kalıntılarıyla ilişkili mikrobiyal

toplulukları, gemiři anlamak için deęil, tarihi malzemelerin mikrobiyal iliřkili bozulmasını sınırlama ve malzemeleri gelecek için daha iyi koruma umuduyla tarihi malzemelerin nasıl bozulduęunu daha iyi anlamak için incelemiřtir (Gutarowska vd. 2015: 1-13). Biyolojik ve biyolojik olmayan arkeolojik malzemelerin, özellikle de farklı toprak türlerinde veya dięer evresel baęlantılarda bozulma süreçlerini daha iyi anlamak için benzer uygulamalar yapılmalıdır. Bu tür alıřmalar, müzelerin ve kütüphanelerin, muhafaza ettikleri malzemeleri nasıl daha iyi koruyabilecekleri konusunda bilgilendirilmelerinde de kilit rol oynayabilir.

**Tablo 1.** Mikrobiyal arkeolojide uygulanan mevcut metodolojiler, avantajları ve dezavantajları (Weyrich ve Pérez 2023: 560).

	Yöntem	Avantajlar	Dezavantajlar
Eski Yöntemler	Tarihi kayıtlar	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Antik hastalıkların etimolojilerinin belirlenmesi</li> <li>• Tarihsel baęlam saęlama</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• eviri ve yorumlamada eřitlilik</li> <li>• Etkenlerin doęru tespitinin sınırlı olması</li> </ul>
	Etkenin Kültür yolu ile üretilmesi	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Antik mikroorganizmaların metabolik özelliklerinin belirlenmesi</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Antik mikropların yeniden canlandırılması zor ve olası deęil</li> <li>• Yüksek kirlenme oranları</li> </ul>
	Mikroskopi	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Önceden izolasyona ve kültür yolu ile üretmeye gerek yoktur</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Spesifik etkenleri tanımlama yeteneęinin olmaması</li> </ul>
	İmmünohistokimya	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Önceden izolasyona ve kültür yolu ile üretmeye gerek yoktur</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Etkenlerin tanımlanmasını saęlar, ancak alt tür düzeyinde tanımlama yapılamaz</li> </ul>
	PCR kullanan genetik yaklařımlar	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Önceden kültür yolu ile üretmeye gerek yok</li> <li>• Antik etkenlerin tespiti</li> <li>• Antik etkenlerin spesifik tespiti</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• aDNA'nın hasar görmesi ve paralanması ile PCR inhibisyonu</li> <li>• Yüksek kirlenme oranları</li> </ul>
Yeni Teknolojiler	Metagenomik (yeni nesil dizileme)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Büyük miktarda veri</li> <li>• Daha bilgilendirici genetik yaklařım</li> <li>• Antik mikroorganizmaların spesifik tespiti</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Yüksek kirlenme oranları</li> <li>• Yetersiz referans veri tabanları</li> </ul>
	Metaproteomiks	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Büyük miktarda veri</li> <li>• İşlevsel bilgi saęlanması</li> <li>• Antik mikroorganizmaların spesifik tespiti</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Daha fazla standardizasyon</li> <li>• Tekrarlanabilirlik eksiklięi</li> <li>• Yetersiz referans veri tabanları</li> </ul>
	Metabolomik	<ul style="list-style-type: none"> <li>• İşlevsel bilgi saęlaması</li> <li>• Antik mikroorganizmanın fenotipine daha yakın baęlantı</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Daha fazla standardizasyon</li> <li>• Tekrarlanabilirlik eksiklięi</li> <li>• Yetersiz referans veri tabanları</li> </ul>

## **Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye**

### **SONUÇ VE DEĞERLENDİRME**

Bu alan arkeolojik çalışmaların en yeni alanlarından biri olduğundan, mevcut yöntemleri klasik arkeolojik araştırma alanlarına uygulamak için geniş fırsatlar bulunmaktadır. Paleomikrobiyoloji, arkeoloji alanında bakteriyel hastalıkların geçmişini aydınlatan önemli bir araştırma dalıdır. Antik kalıntılardan elde edilen mikroorganizma kalıntıları sayesinde, geçmişteki toplulukların maruz kaldığı hastalıkları belirlemek ve bu hastalıkların tarih boyunca nasıl evrimleştiğini anlamak mümkün hale gelmiştir. Bu çalışmalar, günümüzdeki sağlık sorunlarına dair içgörüler sunmanın yanı sıra, antik toplulukların yaşam koşulları ve etkileşimleri hakkında daha derin bir anlayış sağlar. Diğer taraftan eski kültürlerin beslenmeleri, bakterilerin evrimleşme süreci, antibiyotik direncinin geçmişte araştırılması pek çok alanda arkeoloji ve mikrobiyoloji disiplinlerini birleştiren paleomikrobiyoloji, geçmişin bakteriyel dünyasını gün yüzüne çıkararak bilim dünyasına yeni bir perspektif sunmaktadır. Ancak, mevcut uygulamaların genişletilmesi ve üzerine yeni tekniklerin geliştirilmesi şüphesiz bu alanı pozitif yönde dönüştürmeye devam edecek ve mikroorganizmaların değişimleri saptanarak, geçmişle görünmez ancak çok önemli yollarla insanı ilişkilendirmeye devam edecektir. Mikrobiyolojik analiz tekniklerindeki sürekli gelişmeler, gelecekte daha hassas ve ayrıntılı sonuçlar elde edilmesine olanak tanıyacaktır. Bu, antik kalıntılardan elde edilen mikroorganizma kalıntılarının daha etkili bir şekilde analiz edilmesine ve çeşitli bakteriyel türlerin daha iyi anlaşılmasına olanak sağlayacaktır.

Bir kazı esnasında aDNA çalışması yapılabilecek muhtemel örnekler ile karşılaşıldığında, aDNA çalışmalarında sonucu olumsuz olarak etkileyen kirlenme risklerini azaltacak şekilde uygun koşullarda örneğin alınması büyük önem taşımaktadır. Bu nedenle kazı esnasında antropologların ve arkeologların karşılaştıkları örneklerle aDNA araştırmaları yapılacağı düşünülerek gerekli hassasiyeti göstermeleri de önem arz etmektedir. Ayrıca mikrobiyolog, genetik uzmanı ve çevre bilimci gibi ilgili disiplinlerden bir çalışma grubu kurularak çalışma ve örnek toplama ile ilgili eğitimler ve çalışmalar yapılması da paleomikrobiyoloji çalışmalarına büyük katkı sağlayacaktır. Ayrıca disiplinler arası ortak projeler ve bilgi paylaşımı, paleomikrobiyolojinin arkeoloji alanında daha geniş bir uygulama bulmasına yol açacaktır.

Gelecekteki çalışmalar, farklı coğrafyalardaki antik toplulukların mikrobiyal profilini karşılaştırmaya odaklanabilir. Bu, göç hareketlerini, ticaret yollarını ve kültürel etkileşimleri anlamamıza yardımcı olacak, global ölçekte geniş bir perspektif sunacaktır. Gelecekte paleomikrobiyoloji, moleküler antropoloji ve sağlık tarihi gibi alt alanlara daha fazla entegre olacak. Bu, antik toplulukların genetik ve mikrobiyal geçmişini birleştirerek daha kapsamlı bir insan tarihi resmi oluşturulmasına olanak sağlayacaktır. Paleomikrobiyoloji, arkeoloji alanına önemli katkılar sağlayabilir, ancak bu katkılar, doğru metodoloji, örnek seçimi ve veri doğrulama gibi faktörlere dikkat edilmesiyle daha sağlam hale getirilebilir. Bu, arkeologların ve mikrobiyologların iş birliği içinde çalışmalarını gerektirir. Paleomikrobiyolojik araştırma sonuçlarının güvenilir olabilmesi için şu koşullara dikkat edilmesi gerekir.

#### **1. Kontaminasyon Kontrolü**

Antik kalıntılardan alınan örneklerin kontaminasyon riskine karşı dikkatli bir şekilde işlenmesi önemlidir. Modern mikropların veya diğer kontaminantların örneklerle karışmaması için laboratuvar koşullarının titizlikle kontrol edilmesi gerekir.

#### **2. Örnek Seçimi**

Doğru ve temsilci örneklerin seçimi önemlidir. Arkeologlar, mikrobiyolojik analiz için en uygun olan örnekleri seçerek, istenilen bilgilerin elde edilmesine katkıda

bulunabilirler. Örneklerin korunma durumu ve çevresel etmenler göz önünde bulundurulmalıdır.

### 3. Veri Doğrulama

Elde edilen mikrobiyolojik verilerin, diğer arkeolojik ve antropolojik verilerle uyumlu olması önemlidir. Çeşitli disiplinler arası yaklaşımlar, daha sağlam ve güvenilir sonuçlar elde etmede yardımcı olabilir.

### 4. Çoklu Bağlam İncelemesi

Mikrobiyolojik bulguların değerlendirilmesi sırasında, antik materyalin genel bağlamı dikkate alınmalıdır. Bu, arkeologların mikrobiyolojik verileri antik toplumların genel tarihçesi içinde değerlendirmelerine yardımcı olur.

### 5. Çalışmaların Yeniden Çoğaltılabilirliği

Elde edilen sonuçların başkaları tarafından tekrar üretilebilirliği önemlidir. Bu nedenle, kullanılan metodoloji ve elde edilen verilerin açıklanması, bilimsel topluluk tarafından doğrulanabilirliği artırabilir.

Sonuç olarak gelecek dönemde, paleomikrobiyoloji araştırmalarının arkeoloji disiplini için daha fazla keşif ve anlam sağlaması beklenmektedir. Bu, antik toplumların yaşam koşulları, sağlık durumları ve mikrobiyal etkileşimleri hakkında daha derinlemesine bir anlayışa yol açacak ve tarih öncesi dönemlerin gizemlerini çözmeye daha da yaklaşma olanağı tanıyacaktır. Gelecekteki araştırmaların, paleomikrobiyoloji ile arkeolojinin iş birliğinin doruk noktasına ulaşmasını ve insanlık tarihini daha kapsamlı bir şekilde aydınlatmasını umuyoruz.

## KAYNAKÇA

- Adamiak, J.- Otlewska, A.- Tafer, H.- Lopandic, K.- Gutarowska, B.- Sterflinger, K.- Piñar, G. (2018). “First evaluation of the microbiome of built Cultural Heritage by using the Ion Torrent next generation sequencing platform”, *Int. Biodeterio., Biodegrad*, 131: 11–18.
- Anastasiou, E. and Mitchell, P. D. (2013). “Palaeopathology and genes: investigating the genetics of infectious diseases in excavated human skeletal remains and mummies from past populations”, *Gene*, 528: 33–40.
- Blaser, M. J.- Chen, Y. and Reibman, J. (2008). “Does *Helicobacter pylori* protect against asthma and allergy?” *Gut* 57: 561–567.
- Boast, A.P.- Weyrich, L. S.- Wood, J. R.- Metcalf, J. L.- Knight, R.- Cooper, A. (2018). “Coprolites reveal ecological interactions lost with the extinction of New Zealand birds”, *Proc Natl Acad Sci USA*. Feb 13;115 (7): 1546-155.
- Bos, K. I.- Schuenemann, V. J.- Golding, G. B.- Burbano, H. A.- Waglechner, N.- Coombes, B. K.- McPhee, J. B.- DeWitte, S. N.- Meyer, M.- Schmedes, S.- Wood, J.- Earn, D. J.- Herring, D.A.- Bauer, P.- Poinar, H. N.- Krause, J. (2011). “A draft genome of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death”, *Nature*, 478 (7370), 506-510.
- Breurec, S.- Guillard, B.- Hem, S.- Brisse, S.- Dieye, F. B.- Huerre, M.- Oung, C.- Raymond, J.- Tan, T.S.- Thiberge, J. M.- Vong, S.- Monchy, D.- Linz, B. (2011). Evolutionary history of *Helicobacter pylori* sequences reflect past human migrations in Southeast Asia, *PLoS One*. 6 (7): e22058.
- Brosch, R.- Gordon, S. V.- Marmiesse, M.- Brodin, P.- Buchrieser, C.- Eiglmeier, K.- Garnier, T.- Gutierrez, C.- Hewinson, G.- Kremer, K.- Parsons, L. M.- Pym, A. S.- Samper, S.- van Soolingen, D.- Cole, S. T. (2002). “A new evolutionary scenario for the *Mycobacterium tuberculosis* complex”, *Proc Natl Acad Sci U S A*. Mar 19; 99 (6): 3684-9.
- Burrell, A. S.- Disotell, T. R. and Bergey, C. M. (2015). “The use of museum specimens with high-throughput DNA sequencers”, *J Hum Evol*, 79, 35–44.

## Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye

- Chen, Y. and Blaser, M. J. (2008). *Helicobacter pylori* colonization is inversely associated with childhood asthma. *Journal of Infectious Diseases* 198: 553–560.
- Comas I.- Coscolla, M.- Luo, T.- Borrell, S.- Holt, K.E.- Kato-Maeda, M.- Parkhill, J.- Malla, B.- Berg, S.- Thwaites, G.- Yeboah-Manu, D.- Bothamley, G.- Mei, J.- Wei, L.- Bentley, S.- Harris, S. R.- Niemann, S.- Diel, R.- Aseffa, A.- Gao, Q.- Young, D.- Gagneux, S. (2013). “Out-of-Africa migration and Neolithic coexpansion of *Mycobacterium tuberculosis* with modern humans”, *Nat Genet*, Oct; 45 (10): 1176-82.
- Devault, A. M.- Golding, G. B.- Waglechner, N.- Enk, J. M.- Kuch, M.- Tien, J. H.- Shi, M.- Phil, M.- Fisman, D. N.- Dhody, A. N.- Forrest, S.- Bos, K. I.- Earn, D. J. D.- Holmes, E.C. and Poinar, H. N. (2014). “Second-pandemic strain of *Vibrio cholerae* from the philadelphia cholera outbreak of 1849”, *N Engl J Med*, 370: 334–340.
- Diniz, G.- Karakayalı, M.- Aycan, İ.- Ertürk, G.- Uysal, G. (2022). “Mikroorganizmaların Keşfi ve Mikrobiyolojinin Tarihçesi”, *İzmir Tıp Fak Derg*, 1 (2) :49-55.
- Dominguez-Bello, M.G. and Blaser, M. J. (2011). “The human microbiota as a marker for migrations of individuals and populations”, *Annual Review of Anthropology* 40: 451–474.
- Donoghue, H. D.- Spigelman, M.- Zias, J.- Gernaey-Child, A.M. and Minnikin, D. E. (1998). “*Mycobacterium tuberculosis* complex DNA in calcified pleura from remains 1400 years old”, *Lett Appl Microbiol*, 27 (5), 265–269.
- Drancourt, Mm, Aboudharam, G., Signoli, M., Dutour, O. and Raoult, D. (1998). “Detection of 400-year-old *Yersinia pestis* DNA in human dental pulp: an approach to the diagnosis of ancient septicemia”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95(21),12637–12640.
- Duggan, A.T.- Perdomo, M. F.- Piombino-Mascali, D.- Marciniak, S.- Poinar, D.- Emery, M. V.- Buchmann, J. P.- Duchêne, S.- Jankauskas, R.- Humphreys, M.- Golding, G. B.- Southon, J.- Devault, A.- Rouillard, J. M.- Sahl, J. W.- Dutour, O.- Hedman, K.- Sajantila, A.- Smith, G. L.- Holmes, E. C. (2016). “Poinar HN. 17<sup>th</sup> Century Variola Virus Reveals the Recent History of Smallpox”, *Curr Biol*, Dec 19; 26 (24): 3407-3412.
- Eisenhofer, R.- Anderson, A.- Dobney, K.- Cooper, A. -Weyrich, L. (2019). “Ancient Microbial DNA in Dental Calculus: A New method for Studying Rapid Human Migration Events”, *Journal of Island & Coastal Archaeology*, 14: 149-162.
- Gamble, C. (2014). *Arkeolojinin Temelleri*, Aktüel Arkeoloji Yayınları, İstanbul.
- Gelabert, P.- Olalde, I.- de-Dios, T.- Civit, S.- Lalueza-Fox, C. (2017). “Malaria was a weak selective force in ancient Europeans”, *Sci Rep*. May 3;7 (1): 1377.
- Gutarowska B.- Celikkol-Aydin S.- Bonifay, V. -Otlewska, A.- Aydin, E.- Oldham, A.L.- Brauer, J. I.- Duncan, K.E.- Adamiak, J.- Sunner, J. A.- Beech, I. B. (2015). *Metabolomic and high-throughput sequencing analysis-modern approach for the assessment of biodeterioration of materials from historic buildings*, Front Microbiol.
- Higuchi, R.- Bowman, B.- Freiberger, M.- Ryder, O. A. and Wilson, A. C. (1984). DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*, 312 (5991), 282-284.
- Jackson, P. J.- Hugh-Jones, M. E.- Adair, D. M.- Green, G.- Hill, K. K.- Kuske, C.R.- Grinberg, L. M.- Abramova, F. A. and Keim, P. (1998). “PCR analysis of tissue samples from the 1979 Sverdlovsk anthrax victims: the presence of multiple *Bacillus anthracis* strains in different victims”, *Proc Natl Acad Sci U S A*, 95(3), 1224-1229.
- Kalisz, H. M. (1988). “Microbial proteinases”, *Adv Biochem Eng Biotechnol*, 36: 1-65.
- Krause-Kyora B.- Susat, J.- Key, F. M.- Kühnert, D.- Bosse, E.- Immel, A.- Rinne, C.- Kornell, S. C.- Yepes, D.- Franzenburg, S.- Heyne, H.O.- Meier, T.- Lösch, S.- Meller, H.- Friederich, S.- Nicklisch, N.- Alt, K. W.- Schreiber, S.- Tholey, A.- Herbig, A.- Nebel, A.- Krause, J. (2018). *Neolithic and medieval virus genomes reveal complex evolution of hepatitis B*. *Elife*, May 10;7:e36666.

- Kusters, J. G.- van Vliet, A. H. and Kuipers, E. J. (2006). “Pathogenesis of *Helicobacter pylori* infection”, *Clinical Microbiology Reviews* 19: 449–490.
- Liu, Y.- Weyrich, L.S. and Llamas, B. (2020). “More arrows in the ancient DNA quiver: use of paleoepigenomes and paleomicrobiomes to investigate animal adaptation to environment”, *Molecular Biology and Evolution* 37: 307–319.
- Marciniak, S.- Prowse, T. L.- Herring, D. A.- Klunk, J.- Kuch, M.- Duggan, A.T.- Bondioli, L.- Holmes, E. C.- Poinar, H. N. (2016). “*Plasmodium falciparum* malaria in 1<sup>st</sup>-2<sup>nd</sup> century CE southern Italy”, *Curr Biol*, Dec 5; 26 (23): R1220-R1222.
- Metcalf, J.L.- Song, S. J.- Morton, J. T.- Weiss, S.- Seguin-Orlando, A.- Joly, F.- Feh, C.- Taberlet, P.- Coissac Amir, A. E.- Willerslev, E.- Knight, R.- McKenzie, V.- Orlando L. (2017). Evaluating the impact of domestication and captivity on the horse gut microbiome, *Scientific Reports* Nov 14; 7 (1): 15497.
- Moodley, Y.- Linz, B.- Bond, R. P.- Nieuwoudt, M.- Soodyall, H.- Schlebusch, C. M.- Bernhöft, S.- Hale J.- Suerbaum, S.- Mugisha, L.- van der Merwe, S. W.- Achtman, M. (2012). “Age of the association between *Helicobacter pylori* and man”, *PLoS Pathog.* 8 (5): e1002693.
- Mullis, K. B. and Faloona, F.A. (1987). “Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction”, *Meth Enzymol*, 155: 335–350.
- Mühlemann B.- Margaryan, A.- Damgaard, P.- Allentoft, M. E.- Vinner, L.- Hansen, A. J.- Weber, A.- Bazaliiskii, V. I.- Molak, M.- Arneborg, J.- Bogdanowicz, W.- Falys, C.- Sablin M.- Smrčka, V. Sten, S.- Tashbaeva, K.- Lynnerup, N.- Sikora, M.- Smith, D. J.- Fouchier, R. A. M. (2018). “Ancient human parvovirus b19 in Eurasia reveals its long-term association with humans”, *PNAS* 115: 7557–7562.
- Otoni, C.- Guellil, M.- Ozga, A. T.- Stone, A. C.- Kersten, O.- Bramanti, B.- Porcier, S.- van Neer, W. (2019). Metagenomic analysis of dental calculus in ancient Egyptian baboons, *Sci Rep.* Dec 23; 9 (1): 19637.
- Ozga, A.T.- Gilby, I.- Nockerts, R. S.- Wilson, M. L.- Puseyi, A. and Stone, A. C. (2019). Oral microbiome diversity in chimpanzees from Gombe National Park. *Scientific Reports* 9: 17354.
- Özbilen, S. (2020). “Arkeoloji; Geçmiş, Zaman ve Kuram”, *Uluslararası Eskiçağ Tarihi Araştırmaları Dergisi*, 2/1: 41 - 65.
- Priscu, J. C.- Adams, E. E.- Lyons, W. B.- Voytek, M. A.- Mogk, D. W.- Brown, R. L.- McKay, C. P.- Takacs, C. D.- Welch, K. A.- Wolf, C. F.- Kirshtein, J. D. and Avci, R. (1999). “Geomicrobiology of subglacial ice above Lake Vostok, Antarctica”, *Science*, 286 (5447), 2141-2144.
- Rasmussen, S.- Allentoft, M. E.- Nielsen, K.- Orlando, L.- Sikora, M.- Sjögren, K.G.- Pedersen, A. G.- Schubert, M.- van Dam, A.- Kapel, C. M.- Nielsen, H. B.- Brunak, S.- Avetisyan, P.- Epimakhov, A.- Khalyapin, M. V.- Gnumi, A.- Kriiska, A.- Lasak, I.- Metspalu, M.- Moiseyev, V. (2015). “Early divergent strains of *Yersinia pestis* in Eurasia 5,000 years ago”, *Cell*, 163 (3): 571-582.
- Renfrew, C.- Bahn, P. (2017). Arkeoloji: Kuramlar, Yöntemler ve Uygulama, Homer Kitapevi, İstanbul.
- Rivera-Perez, J. I.- Santiago-Rodriguez, T. M.- Toranzos, G. A. (2016). “Paleomicrobiology: a snapshot of ancient microbes and approaches to forensic microbiology”, *Microbiology Spectrum*, 4(4): 1-14.
- Salo, W. L.- Aufderheide, A. C.- Buikstra, J. and Holcomb, T. A. (1994). “Identification of *Mycobacterium tuberculosis* DNA in a pre-Columbian Peruvian mummy”, *Proc Natl Acad Sci USA*, 91 (6): 2091-2094.
- Schopf, J. W. (2006). “Fossil evidence of Archaean life”, *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 361: 869–885.

## Paleomikrobiyoloji: Arkeolojiden Mikrobiyolojiye

- Schuenemann, V. J.- Singh, P.- Mendum, T. A.- Krause-Kyora, B.- Jäger, G.- Bos, K. I., Herbig, A.- Economou, C.- Benjak, A.- Busso, P.- Nebel, A.- Boldsen, J. L.- Kjellström, A.- Wu, H.- Stewart, G. R.- Taylor, G. M.- Bauer, P.- Lee, O. Y.- Wu, H. H.- Minnikin, D.E.- Besra, G.S.- Tucker, K.- Roffey, S.- Sow, S. O.- Cole, S. T.- Nieselt, K.- Krause, J. (2013). "Genome-wide comparison of medieval and modern *Mycobacterium leprae*", *Science*, Jul 12;341 (6142): 179-83.
- Spigelman, M. and Lemma, E. (1993). "The use of the polymerase chain reaction (PCR) to detect *Mycobacterium tuberculosis* in ancient skeletons", *International Journal of Osteoarchaeology*, 3 (2): 137-143.
- Spyrou, M. A.- Keller, M.- Tukhbatova, R. I.- Scheib, C. L.- Nelson, E. and Andrades Valtueña, A. (2019). "Phylogeography of the second plague pandemic revealed through analysis of historical *Yersinia pestis* genomes", *Nat Commun*, 10: 4470.
- Tito, R. Y.- Macmil, S.- Wiley, G.- Najar, F.- Cleeland, L.- Qu, C.- Wang, P.- Romagne, F.- Leonard, S.- Ruiz, A. J.- Reinhard, K.- Roe, B. A. and Lewis, C. M. Jr. (2008). "Phylotyping and functional analysis of two ancient human microbiomes", *PLoS One*, 3(11) :e3703.
- Tsangaras, K. and Greenwood, A. D. (2012). "Museums and disease: using tissue archive and museum samples to study pathogens", *Ann Anat*, 194 (1): 58-73.
- Sevin, V. (1999). *Arkeolojik Kazı Sistemleri El Kitabı*, Arkeoloji ve Sanat Yayınları, İstanbul.
- Vågene, Å. J.- Herbig, A.- Campana, M. G.- Robles García, N. M.- Warinner, C.- Sabin, S.- Spyrou, M. A.- Andrades V. A.- Huson, D.- Tuross, N.- Bos, K. I. and Krause, J. (2018). "Salmonella enterica genomes from victims of a major sixteenth-century epidemic in Mexico", *Nat Ecol Evol*, 2 (3): 520-528.
- Wagner, D. M.- Klunk, J.- Harbeck, M.- Devault, A.- Waglechner, N.- Sahl, J. W.- Enk, J.- Birdsell, D. N.- Kuch, M.- Lumibao, C.- Poinar, D.- Pearson, T.- Fourment, M.- Golding, B.- Riehm, J. M.- Earn, D. J.- Dewitte, S.- Rouillard, J. M.- Grupe, G.- Wiechmann, I. (2014). "Yersinia pestis and the plague of Justinian 541-543 AD: a genomic analysis", *Lancet Infect Dis*, 14 (4): 319-326.
- Welker, F.- Duijm, E.- Gaag, K. J.- van der Geel, B.- van Knijff, P. De.- Leeuwen, J.- van Mol, D.- Plicht, J.- van der Raes, N.- Reumer, J.- Gravendeel, B. (2014). "Analysis of coprolites from the extinct mountain goat *Myotragus balearicus*", *Quaternary Research* 81(1): 106-116.
- Weyrich, L. S. and Pérez, V. (2023). *Archaeological Microbiology. In: Handbook of Archaeological Sciences, Second Edition*, Edited by A. Mark Pollard, Ruth Ann Armitage, and Cheryl A. Makarewicz. John Wiley & Sons Ltd. Published 2023 by John Wiley & Sons Ltd.