

Mitochondriale DNA-analyse op skeletten van de Sint-Michielskaai

Els Jehaes¹

Opdracht

Ook archeologen doen een beroep op genetische identificatie. Dankzij de ontwikkeling van de PCR-technologie, de techniek om kleine hoeveelheden DNA te vermenigvuldigen, is het mogelijk om oud DNA uit skeletten te onderzoeken op polymorfe stukken. Archeologen die menselijke resten vinden, stellen zich allerlei vragen. Waar komen deze mensen vandaan? Hoe zijn ze naar hier gekomen? Hoe zijn ze verwant? Analyse van DNA-polymorfismen kan helpen om deze vragen te beantwoorden.

Archeologisch DNA-onderzoek spitst zich meestal toe op analyse van polymorfismen op het mitochondriaal DNA (mtDNA), daar mtDNA vaak het enige DNA is dat kan teruggevonden worden in oude stalen. Deze bevinding is toe te schrijven aan de grote hoeveelheid mtDNA in een cel en zijn resistentie tegen extreme omgevingsfactoren. Dit mtDNA wordt enkel materneel overgeërfd.

Van negen skeletten opgegraven op de Sint-Michielskaai werd telkens een mtDNA-analyse uitgevoerd op twee onderdelen (tand of bot). De begraving dateert uit de 10de eeuw (zie Rapporten van het Stedelijk informatiecentrum archeologie & monumentenzorg, nr. 6).

Tevens dienden de archeologen en labomedewerkers die de resten hebben aangeraakt, getypeerd worden om eventuele contaminatie uit te sluiten.

Staalname

Van volgende negen skeletten werden volgende stalen geselecteerd voor mtDNA-analyse:

Uitgevoerde analyses en gebruikte methoden

Uit de 18 geselecteerde stalen werd het DNA geïsoleerd en het nucleair DNA werd gekwantificeerd met behulp van een kwantitatieve real-time PCR op de ABI Prism 7000 Sequence Detection System. De DNA-isolaten werden geanalyseerd voor mitochondriale D-loop DNA-polymorfismen. Hiervoor werden de twee hypervariabele regio's (HV1 en HV2) van de mitochondriale D-loop geamplificeerd door middel van een hot-start PCR en gesequeneerd in een cycle-sequence PCR. De sequentiereacties werden tevens geanalyseerd op de ABI Prism 3130xl Genetic Analyzer.

Skelet nr	Nummer (verwijzing)	Beschrijving	Bruikbaar voor DNA-analyse
1	A302/S5/SK1B1rechts	femur.	SK1_bot1
1	A302/S5/SK1B3 links	femur.	SK1_bot2
2	A302/S5/SK2B1 links	femur.	SK2_bot1
2	A302/SK2 buikligger + A302/S5/SK2B4 rechts	femur.	SK2_bot2
3	A302/SK3 +A302/S5/SK3B1	2 femur.	SK3_bot1 SK3_bot2
4	A302/S5/SK4B2	tibia.	SK4_bot1
4	A302/S5/SK4B1	femur.	SK4_bot2
5	A302/S5/SK5	2 tanden	SK5_tand1 SK5_tand2
6	A302/SK6	tibia (bot 1) en fibula (bot 2)	SK6_bot1 SK6_bot2
7	A302/SK7	femur (bot 1) en humerus (bot 2)	SK7_bot1 SK7_bot2
8	A302/S5/SK8	tibia (bot 1) en fibula (bot 2)	SK8_bot1 SK8_bot2
11	S5/SK11 (skelet schedel):	2 tanden	SK11_tand1 SK11_tand2

Resultaten en technisch besluit van het mitochondriaal DNA-onderzoek

- In de DNA-isolaten van botfragmenten SK1_bot1 en SK6_bot 1 kon geen mitochondriaal DNA-profiel opgesteld worden (botfragmenten bevatten dus geen bruikbaar DNA).
- Slechts in de DNA-isolaten van drie fragmenten, zijnde SK2_bot2, SK11_T1 en SK11_T2, kon een volledig mitochondriaal DNA-profiel opgesteld worden. Twee van de drie fragmenten zijn tanden wat bevestigd wordt door de literatuur dat DNA-analyse in archeologische tanden succesrijker is dan DNA-analyse in botfragmenten. Het feit dat voor de overige DNA-isolaten slechts een partieel mitochondriaal DNA-profiel kon bekomen worden, toont aan dat de staat van het DNA in deze archeologische skeletten niet van goede kwaliteit is en gedegradeerd.
- Vergelijking van de mitochondriale DNA-profielen van de archeologen en de uitvoerende laboranten met de bekomen (partiële) profielen toont aan dat er geen rechtstreekse duidelijke contaminatie is van de archeologen en de uitvoerende laboranten op de archeologische fragmenten.
- Er werden geen identieke mitochondriale DNA-profielen aangetroffen tussen de bekomen profielen, wat maternele verwantschap uitsluit.
- De mogelijk authentieke profielen werden ingegeven in EMPOP, een database met meer dan 25000 mtDNA profielen wereldwijd.
- Het mtDNA profiel van skelet 5 kunnen we specifiek linken aan haplogroep J. De herkomst van haplogroep J is 45000 jaren geleden en vindt zijn origine in het nabije Oosten of Kaukasus. Haplogroep J is geassocieerd met de bevolkingsmigratie naar Europa en de ontwikkeling van de agricultuur gedurende de neolithische periode.
- De overige mtDNA profielen kunnen we niet specifiek linken aan een haplogroep, maar alle "matchen" in de EMPOP database kunnen gekoppeld worden aan de Europese bevolking of Westeurasië.



Het archeologisch onderzoek van de skeletten op de Sint-Michielskaai

¹ Dr.sc. Els Jhaes, Laboratoriumhoofd Forensisch DNA-laboratorium, Centrum voor Forensische Geneeskunde, Universitair Ziekenhuis Antwerpen. els.jhaes@uza.be