

بررسی ساختار ژنتیک اجداد پدری در منطقه زاگرس ایران و تأثیر این رشته کوه در گردش ژنی و تداخل ژنتیکی جمعیت‌های منطقه

اردشیر بهمنی مهر^۱، فاطمه نیک‌منش^۲، لوون بیسکوپوسیان^۳

^۱ دکتری ژنتیک مولکولی، انستیتو بیولوژی مولکولی، آکادمی ملی علوم ارمنستان، ایروان، ارمنستان

^۲ کارشناسی ارشد، گروه بیوتکنولوژی، دانشکده علوم نوین پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران

^۳ استاد گروه انسان‌شناسی مولکولی، انستیتو بیولوژی مولکولی، آکادمی ملی علوم ارمنستان، ایروان، ارمنستان

نویسنده رابط: اردشیر بهمنی مهر، نشانی: انستیتو بیولوژی مولکولی، آکادمی ملی علوم ارمنستان، شماره ۷ خیابان حسرتیان، ایروان، ارمنستان، آدرس پست الکترونیک:

bah_ard@yahoo.com

تلفن ایران: ۰۹۱۷۳۱۱۶۰۹۷

تاریخ دریافت: ۹۲/۱۱/۲۲؛ پذیرش: ۹۳/۴/۷

مقدمه و اهداف: رشته کوه زاگرس مهد تمدن‌های بزرگ مانند بین‌النهرین و ایلام بوده و تنوع قومیتی و زبانی رایج در آن نشان از مهاجرت‌های گوناگون سیاسی و اجتماعی در طول تاریخ دارد. این مطالعه به منظور بررسی نقش رشته کوه‌های زاگرس در تغییرات جمعیتی و ژنتیکی منطقه با بررسی ساختار چند ریختی ژنتیکی سویه‌های اجداد پدری انجام شده است.

روش کار: تعداد ۲۹۷ نمونه خون از مردان ساکن در نواحی بومی استان‌های شمال غرب ایران جمع‌آوری شد. فراوانی هاپلوگروپ‌های مختلف کروموزوم Y و فاصله‌ی ژنتیکی (Fst) و تنوع ژنی محاسبه شده با استفاده از تکنیک‌های نوین آماری در جمعیت‌های ساکن در دو طرف رشته کوه زاگرس مقایسه گردید.

نتایج: در این پژوهش، زمان پراکندگی و ورود هاپلوگروپ G2-M406 به ایران حدود ۸۸۰۰ سال پیش محاسبه گردید که مقارن با اولین سکونت‌های انسانی عصر نوسنگی در رشته کوه‌های زاگرس می‌باشد. تعدادی از سویه‌های ژنتیکی منشعب شده از آسیای مرکزی در قسمت شرقی زاگرس و مرکز ایران به صورت برجسته‌ای بیش‌تر از غرب زاگرس می‌باشد. در نقطه مقابل، سویه‌های ژنتیکی منتسب به اروپا در جمعیت‌های قسمت غربی زاگرس بیش‌تر مشاهده می‌شوند.

نتیجه‌گیری: نتایج پژوهش ضمن تأیید انتشار و گسترش رو به سمت غرب قبل از عصر کشاورزی از فلات ایران به اروپا از مسیر قفقاز و ترکیه، الگوی قابل تأملی از درخت ژنتیکی جمعیت‌ها ترسیم نمود، که تأکیدی بر اهمیت مناطق حاصلخیز در شمال ایران برای حرکت ژنتیکی از میان موانع جغرافیایی ایران دارد. نقش ممانعت‌کنندگی رشته کوه‌های زاگرس در گردش ژنتیکی از مرزهای غربی و گردش آزاد ژنی داخل ایران نیز در این مطالعه تأیید شد.

واژگان کلیدی: مخزن ژنتیکی ایران، سویه‌های پدری ژنتیک، کروموزوم Y، رشته کوه‌های زاگرس

مقدمه

مولکولی می‌توانند درک نوینی از چگونگی ارتباط نزدیک جمعیت‌ها ارائه نمایند. شباهت‌های ویژه‌ی موجود در ساختار ژنتیکی، این قابلیت را فراهم می‌سازد که تعیین گردد از نظر ژنتیک پدری (Y-chromosome) یا ژنتیک مادری (Mitochondrial DNA) گروه‌های مختلف مردم متعلق به کدام هاپلوگروپ در درخت فیلوژنتیک هستند و یا خاستگاه آنان از نظر جغرافیایی کجاست و هم‌چنین برآوردی در خصوص اجداد مشترک و زمان ورود ژن‌ها به جمعیت ارائه نماید. این نوآوری اهمیت به‌سزایی در ردیابی الگوهای مهاجرتی و سکونت‌گاه‌های انسان و چگونگی روند شکل‌گیری جمعیت‌های معاصر و پیشرفت

انسان‌شناسی مولکولی شاخه‌ای نوین و بین رشته‌ای از علوم بیولوژیکی و جمعیت‌شناسی است، و به طور معمول در حیطه‌ی استفاده از تکنیک‌های ژنتیک مولکولی به منظور تجزیه، تحلیل و تفسیر الگوهای ساختار ژنتیکی در جمعیت‌های متنوع مدرن انسان و هم‌چنین مقایسه ژن‌های پستانداران عالی و بازبایی اطلاعات ژنتیکی از نمونه‌های فسیلی و باستانی تعریف می‌شود. این علم نوین با هدف پاسخگویی به پرسش‌هایی در خصوص تکامل بشر و تنوع قومیتی و جمعیتی و ردیابی دقیق وقایع تاریخی روزبه‌روز به فنون و تکنیک‌های مدرن مجهز می‌شود. با بررسی توالی DNA در جمعیت‌های مختلف، انسان‌شناسان

آن در طول زمان دارد.

نوکلئوتیدهای جهش یافته کروموزوم Y به صورت چندریختی‌ها (پلی‌مرفیسم) از طریق پدر به فرزندان پسر منتقل می‌شود. چندریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNP) ابزاری برای مقایسه افراد بر اساس ساختار ژنتیکی اجداد پدری هستند. مجموع این چندریختی‌ها در یک فرد، هاپلوتیپ را تشکیل می‌دهد، و تنوع هاپلوتیپ‌ها در دودمان‌های مختلف، انشعاب‌های درخت فیلوژنتیک کروموزوم Y را ایجاد می‌کند. شاخه‌ی اصلی در درخت فیلوژنتیک در شجره انسانی را هاپلوگروپ می‌گویند که هرکدام به زیر هاپلوگروپ‌هایی شاخه‌بندی می‌شود. مطالعه‌های اخیر علم انسان‌شناسی مولکولی تقسیم‌های دقیقی از این زیر شاخه‌ها ارائه نموده و مناطق ویژه جغرافیایی برای خاستگاه اولیه و فراوانی فعلی آن‌ها یافته است. این امر برای ترسیم نقشه ژنتیکی در ورای نقشه جغرافیایی زمین برای مطالعات مردم‌شناسی، قوم‌شناسی، سفر ژنتیکی انسان‌های اولیه و شناسایی هویت افراد در پرونده‌های قضایی و همچنین مطالعه‌های اپیدمیولوژی و یافتن داروهای با جامعه هدف خاص و در نهایت برای مطالعه جهش‌های بیماری‌های مختلف توارثی در جوامع مورد استفاده قرار می‌گیرد.

با وجود نوپایی علم انسان‌شناسی مولکولی و نظر به اهمیت فلات ایران، مطالعه‌های مختصری بر جمعیت ایران انجام شده که در برخی اندازه‌ی نمونه‌ها بر اساس تقسیم‌بندی‌های رایج کشوری (۱،۲) و یا تقسیم‌های قومیتی-زبانی (۳-۶) بوده است. فقط در برخی از این مطالعه‌ها به طور خلاصه تأثیر موانع و پدیده‌های جغرافیایی بر ساختار ژنتیکی برخی جمعیت‌های منفصل در نظر گرفته شده است. از این رو، الگوهای تنوع ژنتیکی در اطراف موانع طبیعی و پدیده‌های جغرافیایی مانند رشته‌کوه‌های زاگرس هنوز نامشخص بوده و نیاز به بررسی دقیق در ساختار جغرافیایی و خصوصیت ژنتیکی ساکنان منطقه و همچنین روند تغییرات ژنتیکی و گردش ژن‌ها از خلال آن‌ها دارد.

رشته‌کوه‌های زاگرس بزرگ‌ترین ناحیه مرتفع در ایران و عراق می‌باشد، که روی هم‌رفته مسافت ۱۵۰۰ کیلومتری از شمال غرب به جنوب شرق ایران و در موازات مرزهای غربی ایران امتداد دارند. این رشته‌کوه‌ها در استان‌های مختلف کشور گسترده شده و به تنگه‌ی هرمز ختم می‌گردد. نخستین نشانه‌های کشاورزی اولیه انسان به ۹۰۰۰ سال پیش از میلاد و در دامنه کوه‌های زاگرس، در نزدیکی شهرهایی که بعدها به نام انشان و شوش نامیده گرفت؛ یافته شده است (۸،۷). در طول تاریخ، نواحی مرتفع و معتدل بین انبوه این رشته‌کوه‌ها منزلگاه خوبی برای جمعیت‌های متراکم

انسانی بوده است که در دره‌ها و میانکوه‌های آن سکنی گزیده‌اند. رودخانه‌های منشعب از این رشته‌کوه‌ها به خلیج فارس ریخته و در مسیر آب و هوای و اقلیم حاصلخیزی متناسب برای کشاورزی و مبادلات اقتصادی فراهم نموده‌اند (۹).

مهاجرت‌ها و رویدادهای مختلف تاریخی در فلات ایران که منجر به ورود و دریافت ژن‌های جدید و ایجاد تنوع ژنتیکی شده است، مخزن ژنی جمعیت ایران را در زمان‌های مختلف به یک منبع مهم تنوع کروموزوم Y از خاور نزدیک و اوراسیا تبدیل نمود. مطالعات مختلف مخزن ژن پدری (کروموزوم Y) جمعیت امروزی ایران، نشان از سکونت و مهاجرت‌هایی در گذشته در سراسر خاورمیانه دارد، که ساختار ژنتیکی فعلی ایرانیان را تشکیل داده است. مطالعه‌های ژنتیک جمعیت در این منطقه که تاکنون بر اساس مارکرهای ژنتیکی دیگر مانند ژنوم میتوکندریایی و مارکرهای کوتاه تکرارشونده غیر جنسی^۱ انجام شده نیز تنوع ژنتیکی بالایی را تصریح کرده‌اند (۱۰). در مجموع ترکیب مخزن ژنی پدری گزارش شده در مطالعه‌های اخیر برخی از گروه‌های جمعیتی ایران را در شاخه جمعیتی جنوب آسیا و خاور نزدیک تقسیم‌بندی کرده‌اند. از این رو عوامل مختلفی چون؛ وجود موانع جغرافیایی مهم در غرب و شمال ایران، مانند رشته‌کوه‌های زاگرس و البرز، همچنین دو منطقه خشک و غیر قابل سکونت و بیابانی، دشت کویر و دشت لوت، در مرکز ایران را در ناهمگونی ساختار ژنتیکی مردم ایران دخیل دانسته‌اند. این موانع مهم جغرافیایی که از شمال غرب ایران به جنوب شرق امتداد دارند گردش ژنتیکی از مناطق هم‌جوار مرزی به داخل ایران را مسدود و کنترل نموده و سیر آزاد و تداخل ژنتیکی در داخل کشور را محدود ساخته‌اند (۱۱،۶).

برای بررسی نقش ممانعت کننده رشته‌کوه‌های زاگرس، گروه‌های مختلف جمعیتی و قومیت‌های مختلف ساکن در دو طرف زاگرس بر اساس مارکرهای چند ریختی‌های تک‌نوکلئوتیدی^۲ کروموزوم Y که بیانگر توارث اجداد پدری در جمعیت است؛ مقایسه گردیدند. تلاش شد با بررسی ساختار ژنتیکی این قومیت‌ها، فاصله ژنتیکی احتمالی آنان را بر اساس موقعیت جغرافیایی محل سکونت نسبت به زاگرس بررسی نموده و از این طریق نقش این مانع جغرافیایی را در تداخل ژنتیکی و گردش ژنی ارزیابی گردد.

^۱ Autosomal Short tandem Repeat (STRs)

^۲ Single Nucleotide polymorphism (SNP)

روش کار

نقاط جغرافیایی مورد نظر برای این پژوهش با مد نظر گرفتن سابقه‌ی تاریخی، زبانشناسی و باستان شناسی مناطق برای نمونه‌گیری انتخاب شدند و در هر منطقه سعی شد افراد خالص بومی انتخاب شوند؛ به گونه‌ای که افراد شرکت‌کننده در این طرح بر اساس پرسشنامه‌ی تکمیلی از نظر اجداد پدری و مادری تا دو نسل بومی منطقه بوده و زبان مشترک داشته‌اند.

با این روش تعداد ۲۹۷ نمونه خون از مردان غیر خویشاوند ساکن نواحی بومی استان‌های شمال‌غرب ایران جمع‌آوری شد، که شامل ۱۱۳ نمونه از شهرهای مختلف استان آذربایجان شرقی و ۴۴ نمونه از شهرهای مختلف استان آذربایجان غربی و تعداد ۱۴۰ نمونه از شهرهای مختلف استان اردبیل می‌باشد. نمونه خون با حفظ شرایط استاندارد لازم، نگهداری و به آزمایشگاه منتقل گردید. از افراد شرکت‌کننده در طرح، قبل از خون‌گیری فرم رضایت اخلاقی و پژوهشی هم‌چنین اطلاعات فردی کسب شده است. این طرح بر اساس تفاهم‌نامه دانشگاه آکادمی ملی علوم ارمنستان و مجری ایرانی انجام گرفته و از این تفاهم‌نامه و تأییدیه کمیته اخلاق آن برای انتشار نتایج استفاده شد.

DNA ژنومی از خون کامل با استفاده از کیت Qiagen و با روش پیشنهادی و استاندارد پروتکل کیت^۱ استخراج گردید. مقدار و کیفیت ژنوم استخراج شده به وسیله روش‌های اسپکتوفتومتری ارزیابی شده و برای مطالعه‌های مولکولی به آزمایشگاه‌های معتبر مولکولی منتقل گردید.

انجمن بین‌المللی شجره‌ی ژنتیکی (ISOGG) برای حمایت و آموزش در مورد استفاده از ژنتیک به عنوان ابزاری برای تحقیق شجره‌نامه‌ای و وراثت اجدادی انسانی هم‌چنین ترویج یک شبکه‌ی حمایتی برای استفاده مشترک پژوهشگران شجره‌شناس ژنتیکی و تکمیل تدریجی آن، مجموعه‌ای از نشانگرهای مولکولی را برای مطالعه‌های وراثت اجداد پدری معرفی نموده است.

در این مطالعه، ژنوتیپ نمونه‌ها بر اساس مجموعه‌ای از ۵۸ مارکر جفتی کروموزوم Y در ناحیه غیر تکاملی این کروموزوم (NRY)^۲ که به وسیله‌ی این انجمن (ISOGG 2012)^۲ گزارش و پیشنهاد شده بودند؛ شناسایی و تعیین گردید. تکنیک دستوری

PCR با آنالیز RFLP و سنجش Tagman^۴ هم‌چنین در برخی نمونه‌ها، با کمک روش توالی‌یابی مستقیم نمونه‌ها، برای تشخیص ژنوتیپ و موقعیت افراد در درخت فیلوژنتیک پدری استفاده شد. برای اندازه‌گیری تمایز جمعیت‌ها با توجه به ساختار ژنتیکی، از شاخص ثابت (FST) که معیار فاصله‌ی ژنتیکی می‌باشد استفاده گردید. فراوانی هاپلوگروپ‌های مختلف کروموزوم Y برای این جمعیت‌ها با ژنوتیپ نشانگرهای فوق برای هر نمونه انجام گردیده و با استفاده از نرم‌افزار Arlequin نسخه ۳/۵ (۱۲) برای محاسبه فاصله‌ی ژنتیکی (Fst) و تنوع ژنی مورد استفاده قرار گرفت.

هم‌چنین برای محاسبه میزان تطابق هر جمعیت با دگرگونی‌های محیط طبیعی و تغییرات جمعیتی ناشی از مهاجرت‌ها و تداخل، از شاخص تنوع ژنتیکی (Genetic Diversity) استفاده شد. تنوع ژنتیکی بالا در جمعیت نشان از تکامل و تداخل جمعیتی بیشتر هم‌چنین احتمال بیش‌تر دوام محیطی آل‌های توارثی می‌باشد. تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها در این مطالعه نیز با استفاده از فراوانی هاپلوگروپ‌های مختلف کروموزوم Y محاسبه گردید و در نهایت برای تعیین معنی‌داری تمایز جمعیت‌ها از آزمون exact test و P-value استفاده شد (۱۳).

برای تجسم چند بعدی سطح تشابه موارد فردی از یک مجموعه و نمایش اطلاعات فاصله‌ی ژنتیکی جمعیت‌ها به صورت ماتریکس فاصله دو بعدی از نمای بردار فضایی (PCO) استفاده شد. از این رو با استفاده از نرم‌افزار GenStat نسخه ۱۴/۲، از ماتریس تشابه بر حسب فاصله ژنتیکی (Fst) جمعیت‌ها، برای محاسبه و آنالیز مختصات اصلی نمای بردار فضایی (PCO) بهره گرفت.

درخت اتصال- همسایگی (NJ) (neighbor-joining tree) برای خوشه‌بندی پایین به بالا برای ساخت فنوگرام با استفاده از یک الگوریتم چند جمله‌ای ساختار ژنتیک توارثی اجداد پدری جمعیت‌های مطالعه شده با استفاده از نرم‌افزار PHYLIP نسخه ۳/۶ (۱۴) بازسازی شده و فاصله و موقعیت جمعیت‌ها نسبت به ریشه مشترک اجدادی مقایسه گردید.

داده‌های ژنتیک جمعیتی منتشرشده توسط Grugni و همکاران در سال ۲۰۱۲ میلادی که شامل ژنوتیپ کروموزوم Y هشت قومیت مختلف ایران می‌باشد؛ برای مقایسه و انجام آزمون اصلی پژوهش مورد استفاده قرار گرفت. مجموع جمعیت قومیت‌های

^۱ QIAamp DNA Mini Kit

^۲ non-recombining portion of the Y chromosome

^۴ <http://www.isogg.org/tree/>

می‌شوند. به عنوان مثال سویه ژنتیکی E1b بیش‌ترین فراوانی را در کرد زبانان (۲۰/۳ درصد) و لر زبانان (۱۲ درصد) ساکن در غرب زاگرس دارد.

سویه ژنتیکی G در جمعیت‌های غرب زاگرس با فراوانی بالا مشاهده شده و به سمت شرق کشور از فراوانی آن کاسته می‌گردد؛ به طوری که در جمعیت کرد و لر ساکن در غرب کشور به ترتیب با فراوانی ۲۰/۳ و ۱۲ درصد مشاهده شد و در نقطه مقابل در شرق ایران در جمعیت بلوچ و ترکمن به ترتیب ۴/۲ و ۴/۴ درصد بود. در این پژوهش، زمان پراکندگی و ورود هاپلوگروپ G2-M406 به ایران حدود ۸۸۰۰ سال پیش محاسبه گردید، که مقارن با نخستین سکونت‌های انسانی عصر نوسنگی در رشته‌کوه‌های زاگرس می‌باشد (۱۵).

فراوانی مجموع زیرشاخه‌های هاپلوگروپ J (J2-M172 و J1-M267) در همه اقوام ایرانی به نسبت بالایی مشاهده شد، اما نسبت پراکندگی آن‌ها در قسمت غربی زاگرس (۳۷/۳ درصد) بیش‌تر از قسمت شرق آن (۲۸/۴ درصد) بود. فراوانی بالایی از این سویه ژنتیکی در مطالعه‌های گذشته در جمعیت‌هایی از سواحل جنوب‌غربی دریای خزر و کوه‌های زاگرس گزارش شده بود (۶). در میان اقوام ساکن در طرف غرب رشته‌کوه‌های زاگرس، قوم عرب خوزستان نسبت بالایی از این سویه را دارا هستند، که مطابق با موقعیت جغرافیایی آن‌ها در هم‌مرزی با عرب‌زبانان عراق می‌باشد.

هر دو زیرشاخه R1a و R1b از سویه ژنتیکی اروپایی-آسیایی R پراکندگی متضاد و قابل تفسیر در دو طرف مانع جغرافیایی زاگرس دارند. زیرشاخه R1b با خاستگاه جنوب غرب آسیا در طرف غربی زاگرس (NZ) با فراوانی ۹/۶ درصد بیش‌تر از طرف شرقی (FZ) با فراوانی ۸/۴ درصد مشاهده شد؛ در حالی که زیرشاخه R1a در طرف شرق زاگرس (۱۷/۶ درصد) بیش‌تر از طرف غربی زاگرس (۱۱/۴ درصد) پراکنده شده است.

تنوع یا واگرایی ژنتیکی (Diversity) بالای (به ترتیب ۰/۲۰۵±۰/۸۹۷۷ و ۰/۱۹۶±۰/۸۶۱۱) در نواحی خراسان و گیلان مشاهده شده است، که با ویژگی و موقعیت استراتژیک این مناطق به عنوان معبر مهاجرت و عبور و مرور تاریخی از زمان‌های قدیم تطابق دارد، که احتمالاً منجر به تداخل ژنتیکی اندک در

مختلف بر اساس فاصله‌ی جغرافیایی محل سکونت آن‌ها نسبت به رشته‌کوه‌های زاگرس گروه‌بندی و تقسیم شدند.

اقوام لر (لرستان)، کرد (کردستان)، آذری (آذربایجان) و اعراب (خوزستان) ایران ساکن در ناحیه غرب زاگرس به عنوان گروه جمعیتی نزدیک به رشته‌کوه‌های زاگرس (NZ) و اقوام بومی منطقه گیلان، یزد، خراسان، گنبد (ترکمن) و بلوچستان ساکن در ناحیه شرق زاگرس در گروه جمعیتی دور از زاگرس (FZ) در نظر گرفته شد. مقایسه ژنتیکی و آماری این گروه‌ها برای آزمون نقش بازدارندگی جغرافیایی رشته‌کوه‌های زاگرس در تداخل ژنتیکی و ورود توده‌ی ژنی به فلات ایران استفاده شد. محل سکونت و نمونه‌گیری شده جمعیت‌ها و موقعیت آن‌ها نسبت به رشته‌کوه‌های زاگرس در نقشه شماره‌ی ۱ درج شده است.

یافته‌ها

پراکندگی هاپلوگروپ‌های شناسایی شده در جمعیت‌های مورد مطالعه در جدول شماره ۱ ارایه شده و بیان‌گر این است که پراکندگی چهار هاپلوگروپ برجسته (G, J2, R1b, R1a) در همه‌ی اقوام ایرانی یکسان و قابل ملاحظه است، هر چند نسبت‌های پراکندگی این سویه‌های ژنتیکی در دو طرف زاگرس متفاوت می‌باشد. هاپلوگروپ G و J2 و R1b با فراوانی به ترتیب ۱۶/۳، ۲۲/۳ و ۹/۶ درصد در مجموعه جمعیت‌های غرب زاگرس بیش‌تر از مجموعه جمعیت‌های شرق زاگرس مشاهده شد؛ در حالی که هاپلوگروپ R1a با فراوانی ۱۷/۶ درصد در مجموعه جمعیت‌های شرق زاگرس بیش‌تر است. برخی هاپلوگروپ‌های ویژه مانند E و J1e پراکندگی متضاد در دو طرف زاگرس دارند. به گونه‌ای که سویه ژنتیکی J1e در غرب زاگرس با فراوانی ۱۳/۳ بسیار بیش‌تر از شرق زاگرس با فراوانی ۳/۸ درصد می‌باشد؛ هم‌چنین سویه ژنتیکی E1b در غرب زاگرس ۱۲ درصد و در شرق زاگرس ۵ درصد مشاهده شده است.

تعدادی از سویه‌های ژنتیکی منشعب شده از آسیای مرکزی مانند Q، در قسمت شرقی زاگرس (FZ) و مرکز ایران با پراکندگی ۱۳/۴ درصد به صورت برجسته‌ای بیش‌تر از غرب زاگرس با فراوانی ۱/۹ درصد می‌باشد. در نقطه مقابل، سویه‌های ژنتیکی منتسب به اروپا (E و I) در جمعیت‌های قسمت غربی زاگرس (NZ) بیش‌تر مشاهده

هم‌گروهی خود قرار دارند. همان‌طور که انتظار می‌رفت به سبب فاصله ژنتیکی معنی‌دار ترکمن‌ها با همه اقوام دیگر این جمعیت به صورت مجزا و با فاصله از همه در گوشه نمودار جای گرفته است.

هم‌چنین برای متصور ساختن قرابت ژنتیکی در جمعیت‌های اطراف رشته‌کوه‌های زاگرس، درخت ژنتیک NJ^۲ بر اساس فاصله‌ی ژنتیکی محاسبه شده در جمعیت‌ها، ترسیم گردید. همان‌طور که در این درخت ژنتیکی دیده می‌شود (شکل شماره ۴) جمعیت‌های طرف شرق و غرب زاگرس همانند موقعیتشان در نمودار PCO، بیش‌تر در دو شاخه‌ی اصلی مجزا قرار گرفته و ریشه مشترک نزدیکی برای اقوام هر گروه قابل ملاحظه است. قوم‌های ترکمن و بلوچ با ریشه مشترک و نزدیک به نمونه‌های خراسان و یزد در این درخت شجره‌ای قرار دارند، که همگی از نظر جغرافیایی در گروه (FZ) شرقی زاگرس قرار دارند. هم‌چنین اقوام آذری، لر و عرب‌زبانان غرب ایران در نزدیکی و ریشه مشترک با هم قرار دارند.

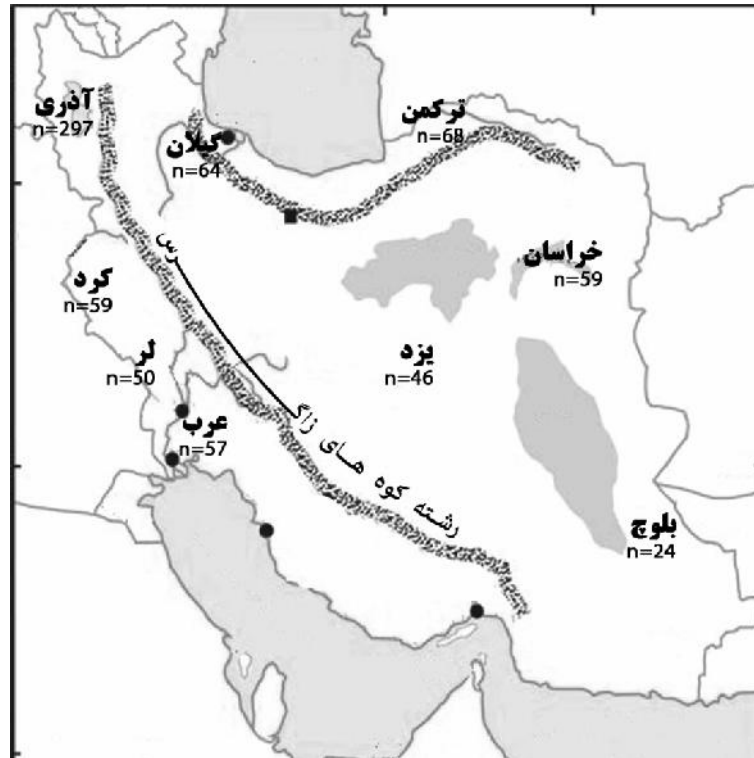
ساکنان این مناطق شده است. هم‌چنین موقعیت جغرافیایی و پتانسیل مناسب سرزمین غرب زاگرس منجر به نگرش و رویدادهای تاریخی بسیاری در طرف غربی این رشته‌کوه گردید. این امر هم‌چنین تنوع ژنتیکی بالایی در اقوامی مانند آذری (۰/۸۷۹۶±۰/۰۰۸) و لر (۰/۸۷۳۵±۰/۰۲۳) ساکن در شمال غرب و غرب ایران ایجاد نموده است. در نقطه مقابل، تنوع ژنتیکی در اقوامی چون ترکمن (۰/۷۸۴۵±۰/۰۴۳۱) و بلوچ (۰/۷۹۷۱±۰/۰۴۹۹) از جمعیت‌های گروه شرقی زاگرس (FZ) و قوم عرب (۰/۸۰۰۸±۰/۰۲۸۸) از اقوام منطقه غربی زاگرس به طور قابل ملاحظه‌ای کم می‌باشد، و این امر را می‌توان به دلیل انزوای تولید مثلی این جمعیت‌ها به دلیل ویژگی اقلیتی مذهبی، زبانی و فرهنگی در تداخل با بقیه اقوام تفسیر کرد. این‌گونه جمعیت‌ها گاهی به جزایر جمعیتی در علم ژنتیک یاد می‌شوند (شکل شماره ۲).

بر اساس معیار ارزش تنوع ژنتیکی، عرب‌زبانان خوزستان به صورت معنی‌داری (p<۰/۰۵) با همه اقوام ایران غیر از ترکمن‌ها متفاوت هستند. هرچند در مقایسه‌ی گروهی جمعیت‌های دو طرف زاگرس، تفاوت معنی‌داری در ارزش تنوع ژنتیکی وجود ندارد. فاصله ژنتیکی دو گروه جمعیتی غرب و شرق زاگرس بر اساس شاخص FST مثبت و معنی‌دار (۰/۰۰۹۳) بود. بیش‌ترین فاصله‌ی ژنتیکی در بین جمعیت‌های مختلف در ترکمن‌ها دیده شد، که با همه جمعیت‌ها فاصله‌ای معنی‌دار داشتند. بیش‌ترین فاصله‌ی ژنتیکی ترکمن‌ها با عرب‌زبانان (۰/۱۵۱۴۸) و کرد زبانان (۰/۱۲۰۶۵) غرب زاگرس مشاهده شد.

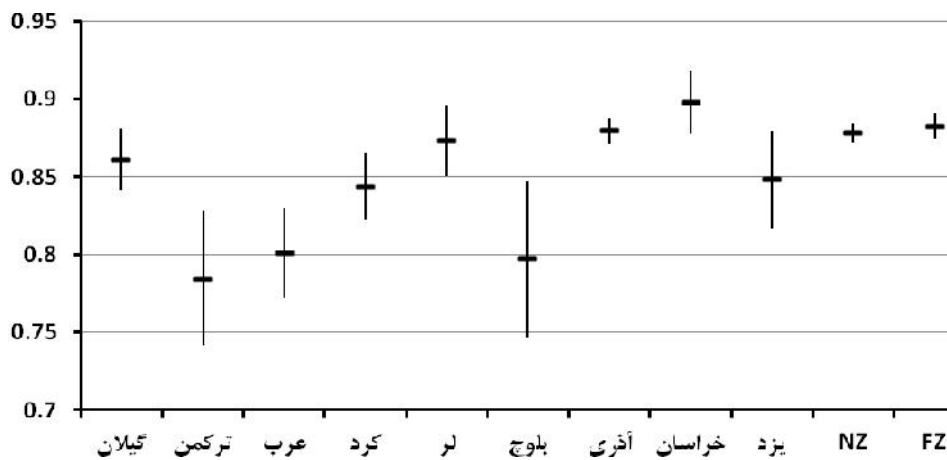
این فاصله‌ی ژنتیکی (FST) جمعیت‌های مختلف که با استفاده از فراوانی هاپلوتیپ‌های کروموزوم Y در هر دو گروه محاسبه شده است، برای ترسیم نموداری PCO^۱ استفاده شد. طبق این نمودار (شکل شماره ۳)، که فاصله ژنتیکی مطرح‌شده به خوبی در آن مشهود است، غالب جمعیت‌های گروه‌بندی شده در دو گروه غرب زاگرس (NZ) و طرف شرقی زاگرس (FZ) در دو دسته‌ی مجزا و مشخص جای گرفتند و تنها استثنای این جمعیت‌ها، اقوام گیلکی و کرد بودند که به طور غیرمعمول در دسته‌ی جدا از اقوام

^۲ Neighbor Joining tree

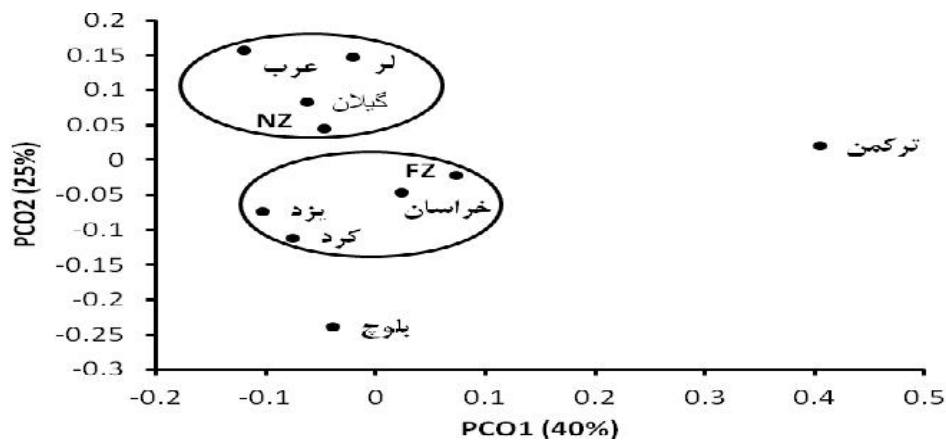
^۱ Principal coordinates analysis



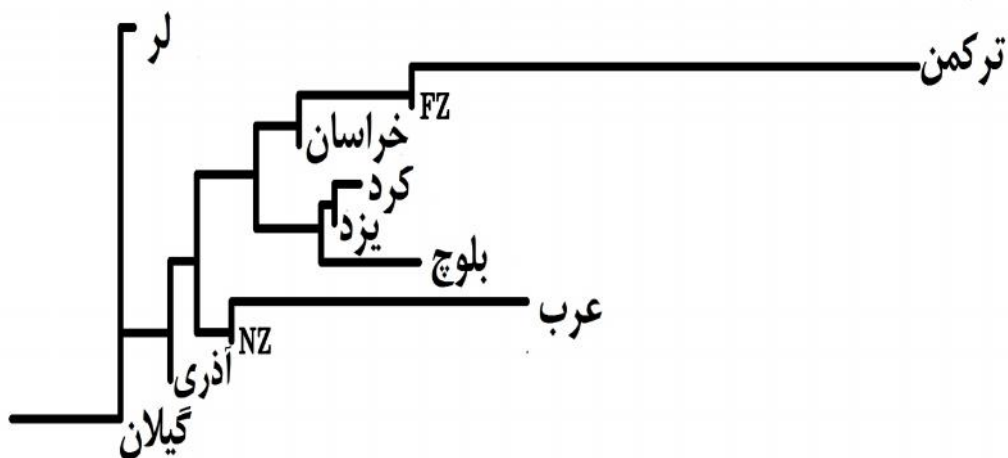
شکل شماره ۱- نقشه ایران، معرفی جمعیت‌های مورد مطالعه و تعداد نمونه از هر جمعیت بر اساس موقعیت جغرافیایی آنها نسبت به رشته کوه‌های زاگرس. گروه جمعیتی ساکن در غرب زاگرس شامل اقوام آذری، کرد، لر و عرب در حاشیه مرزهای غربی ایران در مقایسه با گروه جمعیتی ساکن در طرف شرق زاگرس شامل اقوام بلوچ و ترکمن و ساکنان گیلان، یزد و خراسان قرار گرفتند.



شکل شماره ۲- ارزش تنوع/ واگرایی ژنتیکی (Diversity) به همراه انحراف معیار جمعیت‌های مطالعه شده بر اساس فراوانی هاپلوگروپ‌های کروموزوم Y



شکل شماره ۳- مختصات اصلی نمای بردار فضایی (PCO) بر حسب فاصله‌ی ژنتیکی (Fst) جمعیت‌ها. اعداد داخل پرانتز بردارها بیانگر درصد کل تنوع بیان شده توسط هر بردار می‌باشد.



شکل شماره ۴- درخت ژنتیکی Neighbor-Joining (NJ) بر حسب فاصله‌ی ژنتیکی (Fst) جمعیت‌ها. ترسیم ریشه مشترک برای گروه جمعیت‌های مطالعه شده

جدول شماره ۱- فراوانی هاپلوگروپ‌های کروموزوم Y در جمعیت‌های مورد مطالعه

هاپلوگروپ	بلوچ (n=۲۴)	یزد (n=۴۶)	خراسان (n=۵۹)	ترکمن (n=۶۸)	گیلان (n=۶۴)	لر (n=۵۰)	کرد (n=۵۹)	عرب (n=۵۷)	FZ** (n=۲۶۱)	NZ* (n=۱۶۶)
J2	۰/۳۳۳	۰/۳۰۴	۰/۱۶۹	۰/۰۸۸	۰/۲۳۴	۰/۱۸	۰/۲۳۷	۰/۲۴۶	۰/۲۰۳	۰/۲۲۳
G	۰/۰۴۲	۰/۱۵۲	۰/۱۳۶	۰/۰۵۹	۰/۱۵۶	۰/۱۶	۰/۱۱۹	۰/۲۱۱	۰/۱۱۵	۰/۱۶۳
R1a	۰/۲۹۲	۰/۱۷۴	۰/۲۲	۰/۱۴۷	۰/۱۲۵	۰/۰۶	۰/۲۲	۰/۰۵۳	۰/۱۷۶	۰/۱۱۴
R1b	.	۰/۰۴۳	۰/۰۶۸	۰/۰۴۴	۰/۲۰۳	۰/۲۴	۰/۰۱۷	۰/۰۵۳	۰/۰۸۴	۰/۰۹۶
E1b1	۰/۰۴۲	۰/۰۰۹	۰/۰۳۴	۰/۰۴۴	۰/۰۳۱	۰/۱۲	۰/۲۰۳	۰/۰۳۵	۰/۰۵	۰/۱۲
J1e	۰/۰۸۳	۰/۰۴۳	۰/۰۱۷	۰/۰۵۹	۰/۰۱۶	۰/۰۴	۰/۰۳۴	۰/۳۱۶	۰/۰۳۸	۰/۱۳۳
J1*	.	۰/۰۲۲	۰/۰۵۱	.	۰/۱۰۹	۰/۰۲	۰/۰۱۷	۰/۰۱۸	۰/۰۴۲	۰/۰۱۸
T	.	۰/۰۶۵	۰/۰۵۱	۰/۰۱۵	.	۰/۰۴	۰/۰۸۵	.	۰/۰۲۷	۰/۰۴۲
Q	۰/۰۴۲	.	۰/۰۶۸	۰/۴۲۶	۰/۰۱۶	۰/۰۶	.	.	۰/۱۳۴	۰/۰۱۹
L	۰/۱۶۷	۰/۰۴۳	۰/۰۳۴	۰/۰۵۹	۰/۰۳۱	۰/۰۴	۰/۰۱۷	۰/۰۱۸	۰/۰۵۴	۰/۰۲۴
I	۰/۰۱۶	.	۰/۰۱۷	.	۰/۰۰۴	۰/۰۰۶
R2	.	۰/۰۴۳	۰/۰۳۴	۰/۰۱۵	۰/۰۳۱	۰/۰۴	۰/۰۳۴	۰/۰۳۵	۰/۰۲۷	۰/۰۳۶
H	.	.	۰/۰۳۴	۰/۰۱۵	۰/۰۱۶	.	.	۰/۰۱۸	۰/۰۱۵	۰/۰۰۶
NO	.	.	۰/۰۱۷	.	۰/۰۱۶	.	.	.	۰/۰۰۸	.

* گروه جمعیتی ساکن در غرب زاگرس (نزدیک به زاگرس) شامل اقوام آذری، کرد، لر و عرب.

** گروه جمعیتی ساکن در طرف شرق زاگرس (دور از زاگرس) شامل اقوام بلوچ و ترکمن و ساکنان گیلان یزد و خراسان.

اعداد پررنگ شده بیانگر بالاترین فراوانی هاپلوگروپ‌های هر جمعیت است.

بحث

جغرافیایی و وجود بیابان‌های غیرقابل سکونت، تراکم جمعیتی بسیار کم وجود دارد.

نقشه توپوگرافی فلات ایران در برگزیده اراضی ناهموار و کوهستانی است، که حوضه‌های مرتفع داخلی را در بر گرفته‌اند. در اعصار مختلف، کوه‌های ایران نقش به‌سزایی در ترسیم تاریخ سیاسی و اقتصادی این سرزمین داشته‌اند و از جهت این‌که تنوع ژنتیکی جمعیت انسانی به طور معمول تحت تأثیر شرایط جغرافیایی خاص سکونتشان قرار دارد و عوارض خاص جغرافیایی، مانند بیابان‌ها و کوه‌های ایران، نقش کنترل‌کنندگی در گسترش جمعیت انسانی ایفا نموده‌اند و در نقطه مقابل، برخی عوامل طبیعی جغرافیایی مانند تنگه هرمز نقش هدایت‌کنندگی در حرکت جمعیتی و ژنتیکی داشته‌اند. از طرفی تغییرات جوی و محیطی واقع شده در منابع طبیعی و محیط‌زیست در طول زمان، تغییراتی در عوارض جغرافیایی ایجاد نموده است، که زندگی انسان و مهاجرت‌ها را تحت تأثیر قرار می‌دهد. از این نمونه، منطقه حاصلخیز و منحصر به فرد شمال غرب ایران که با پتانسیل طبیعی و جوی خود استقرار جوامع انسانی را تسهیل نموده و تراکم‌های جمعیتی را تا دامنه‌های غربی زاگرس موجب شده است، و در نقطه مقابل، در مرکز و شرق ایران به دلیل عوارض

جغرافیایی و وجود بیابان‌های غیرقابل سکونت، تراکم جمعیتی بسیار کم وجود دارد. یافته‌های این پژوهش از فراوانی متناسب و الگوی مشابه گسترش سویه‌های ژنتیکی اصلی کروموزوم Y در گروه‌های قومیتی ساکن در طرفین رشته‌کوه‌های زاگرس، در تطابق با یافته‌های علمی (۶،۱۵) مبنی بر انتشار و گسترش رو به سمت غرب قبل از عصر کشاورزی از فلات ایران به اروپا از مسیر قفقاز و ترکیه (هاپلوگروپ‌های J2-M410^{*}، J2-PAGE55^{*}، J2-M530، G-M201^{*} و R1b-M269^{*}) می‌باشد. این تناسب در وراثت سویه‌های مشابه مهم ژنتیکی تأکیدی بر اهمیت نقش مناطق حاصلخیز در شمال ایران به عنوان معبری برای حرکت ژنتیکی از میان موانع جغرافیایی شرق و غرب ایران دارد. بر خلاف همه‌ی شباهت‌ها در این سویه‌های اصلی ژنتیکی، فراوانی هاپلوگروپ‌های J2، G، R1b در طرف غرب زاگرس بیش‌تر از طرف دیگر است؛ در حالی‌که R1a در طرف شرق زاگرس فراوانی بیش‌تری نسبت به طرف دیگر دارد، که با زادگاه و مسیر گسترش این سویه ژنتیکی تطابق دارد.

نقش ممانعت‌کنندگی رشته‌کوه‌های زاگرس در گسترش هاپلوگروپ‌ها، از نسبت‌های فراوانی متضاد دو زیرشاخ-J1 M267

الگوی ترسیم شده در درخت ژنتیکی NJ و دسته‌بندی مجزای گروه‌های جمعیتی در دو طرف زاگرس، تطابق کامل با یافته‌های توصیف‌شده این پژوهش در خصوص پراکندگی سویه‌های ژنتیکی، آنالیز نمودار PCO، واگرایی ژنتیکی و هم‌چنین مقایسه فاصله ژنتیکی آن‌ها دارد. در مجموع، این یافته‌ها همگی نقش ممانعت‌کنندگی رشته‌کوه‌های زاگرس در گردش ژنتیکی از مرزهای غربی هم‌چنین گردش آزاد ژنی جمعیت‌های داخل ایران را تأیید و تأکید می‌کنند.

نتیجه‌گیری

در راستای مطالعه نقش رشته‌کوه‌های زاگرس در فرم‌دهی ساختار ژنتیکی منطقه، ژنوتیپ سویه‌های ژنتیکی اجداد پدری دو گروه جمعیتی در دو طرف متقابل رشته‌کوه‌های زاگرس در قالب ۹ گروه مختلف قومیتی و جغرافیایی بررسی گردیدند.

نتایج مطالعه ساختار ژنتیک اجداد پدری و ژنوتیپ این سویه‌ها با استفاده از رویکردهای نوین ژنتیک جمعیت و انسان‌شناسی مولکولی ارزیابی گردیده و تصویر قابل‌اعتماد و دقیقی از تنوع کروموزومی Y در جمعیت‌های مستقر مدرن امروزی در حاشیه غربی و مرکزی فلات ایران در هر دو طرف رشته‌کوه‌های زاگرس ارائه شده است. این مطالعه هم‌چنین ضمن تأکید بر الگوی ژنتیکی نزدیک برای اقوام ایرانی و تأثیر مثبت فاصله جغرافیایی بر فاصله ژنتیکی اقوام، نقش محدودکنندگی موانع طبیعی مانند رشته‌کوه‌های زاگرس در گردش ژنی و تداخل ژنتیکی مناطق هم‌جوار را مورد تأیید قرار می‌دهد. این نقش مهم رشته‌کوه‌های زاگرس، از فراوانی و تنوع توزیع هاپلوگروپ‌های اصلی کروموزوم Y در درخت فیلوژنتیک جمعیت‌های مطالعه شده منطقه قابل استنباط است. در این راستا توزیع محدود برخی سویه‌های پدری در بین قومیت‌های ایرانی که از جمعیت‌های مناطق هم‌جوار جغرافیایی به ساختار ژنتیکی جمعیت ایران وارد شده است هم‌چون؛ هاپلوگروپ *J1-M267 از منطقه آسیای صغیر/قفقاز، Q-M25 از آسیای مرکزی، J1-8 از جنوب بین‌النهرین و R1b-L23 و احتمالاً بخشی از *R1a-M198 (۷،۱۱،۱۵) از غرب اوراسیا نشان از گردش محدود و پراکنده‌ی ژنی منطقه در حوادث تاریخی و سیاسی دارد. پیشنهاد می‌شود در بحث مردم‌شناسی برای تأیید نتایج و افزایش دقت در مطالعه فرضیه این پژوهش، هاپلوگروپ‌های اجداد مادری یعنی mtDNA نیز مطالعه گردد و با

و J2-M172 از سویه ژنتیکی خاورمیانه‌ای L هم‌چنین دو زیرشاخه‌ی R1a-M198 و R1b-L23 از سویه‌ی ژنتیکی غرب آسیایی R قابل استنباط است، که پراکندگی کاملاً متفاوت در دو طرف رشته‌کوه دارند (جدول شماره ۱).

فراوانی بالای مشاهده‌شده هاپلوگروپ A در میان اقوام گیلکی و بلوچی احتمالاً به دلیل زادگاه اولیه‌ی این جمعیت‌ها از کرانه‌های دریای خزر می‌باشد، که خاستگاه این سویه‌ی ژنتیکی و اجداد اولیه با زبان‌های هند-اروپایی است.

تحقیقات پیشین خاستگاه سویه‌ی ژنتیکی J1e (Page 08) را از مرز بین عراق و جنوب شرق ترکیه دانسته‌اند (۱۶،۱۷). هم‌چنین به نظر می‌رسد پراکندگی جمعیتی مهم عصر نوسنگی در جنوب خاورمیانه، این سویه‌ی اصلی ژنتیکی را در مناطق شمال آفریقا و شبه جزیره عربستان گسترانده است. این هاپلوگروپ در ساکنان عرب زبان خوزستان در طرف غربی زاگرس، بالاترین نسبت (۳۱/۶ درصد) را دارا است که هم‌تراز همسایگان هم زبان و هم مرز عراقی می‌باشد (۱۶،۱۸). از این رو، پراکندگی این هاپلوگروپ در غرب زاگرس (۱۳/۲۵ درصد) به طور قابل ملاحظه‌ای بیش‌تر از طرف شرق آن (۳/۸ درصد) می‌باشد، و این امر دلالت روشن بر نقش ممانعت‌کنندگی عوامل جغرافیایی دارد که مسیر گسترش این سویه ژنتیکی به طرف دیگر زاگرس را مسدود و مختل نموده است.

دسته‌بندی جداگانه و مشخص گروه‌های مورد مطالعه در نمودار PCO دلالت روشن دیگری بر نقش محدودیتی زاگرس دارد که با فاصله ژنتیکی (FST) معنی‌دار ($P < 0.05$) این گروه‌ها تأیید می‌شود. اقوام داخل هر گروه از نظر فاصله ژنتیکی، اختلاف معنی‌داری با یکدیگر ندارند؛ درحالی‌که برخی اقوام مانند ترکمن‌ها در نمودار PCO از همه گروه‌ها جدا افتاده که با فاصله ژنتیکی این جمعیت ایزوله ژنتیکی با بقیه جمعیت‌های مورد مطالعه، هم‌خوانی دارد. همان‌طور که در جدول فراوانی هاپلوگروپ‌ها پیداست، برخلاف بقیه اقوام ایرانی، سویه‌ی ژنتیک پدری ترکمن‌ها به طور برجسته شامل هاپلوگروپ Q-M122 می‌باشد که خاستگاه آسیای مرکزی دارد (۱۰).

نزدیکی غیر معمول جمعیت گیلکی به گروه غرب زاگرس در نمودار PCO را می‌توان با موقعیت جغرافیایی استان گیلان در شمال ایران به عنوان کریدور مهاجرت‌های متنوع از مرزهای غربی و شرقی ایران در اعصار مختلف تاریخی توجیه کرد، این امر هم‌چنین با تنوع بالای ژنتیکی در این جمعیت قابل تأیید است.

تشکر ویژه از تمام داوطلبان شرکت‌کننده در این طرح که با اشتراک نمونه DNA و سابقه قومی، زبانی و تاریخی خود سهم به‌سزایی در این مطالعه داشتند. همکاری دوستانی که در امر خطیر نمونه‌گیری و شناسایی جغرافیایی اقوام مؤثر بودند، همچنین حمایت مالی، تکنیکی و آزمایشگاهی دانشگاه ملی آکادمی علوم ارمنستان و دانشگاه تارتو کشور استونی قابل تقدیر و سپاس می‌باشد.

مقایسه با نتایج این پژوهش، نقش عوارض طبیعی در فرم‌دهی ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها با دقت بیش‌تری بررسی گردد.

تشکر و قدردانی

این پروژه با حمایت مالی انستیتو بیولوژی مولکولی آکادمی ملی علوم ارمنستان و امکانات آزمایشگاهی مرکز بیولوژی دانشگاه تارتو کشور استونی در قالب قسمتی از پروژه پایان‌نامه دکتری انجام گرفته است.

منابع

- Farjadian S, Sazzini M, Tofanelli S, Castri L, Taglioli L, Pettener D, et al. Discordant Patterns of mtDNA and Ethno-Linguistic Variation in 14 Iranian Ethnic Groups. *Hum Hered.* 2011; 72: 73–84.
- Grugni V, Battaglia V, Hooshiar Kashani B, Parolo S, Al-Zahery N, Achilli A, et al. Ancient Migratory Events in the Middle East: New Clues from the Y-Chromosome Variation of Modern Iranians. *PLoS ONE.* 2012; 7: e41252. doi:10.1371/journal.pone.0041252.
- Nasidze I, Schachlich H, Stoneking M. Haplotypes from the Caucasus, Turkey and Iran for nine Y-STR loci. *Forensic Science International.* 2003; 137: 85–93.
- Nasidze I, Quinque D, Rahmani M, Alemohamad S, Stoneking M. Close Genetic Relationship Between Semitic-speaking and Indo-European-speaking Groups in Iran. *Annals of Human Genetics.* 2008; 72: 241–52.
- Nilforoushan F. GPS network monitors the Arabia-Eurasia collision deformation in Iran. *Journal of Geodesy.* 2003; 77: 411–22.
- Quintana-Murci L, Chaix R, Wells S, Behar D, Sayar H, Scozzari R, et al. Where West Meets East: The Complex mtDNA Landscape of the Southwest and Central Asian Corridor. *Am. J. Hum. Genet.* 2004; 74: 827–45.
- Regueiro M, Cadenas A.M, Gayden T, Underhill P.A, Herrera R.J. Iran: Tricontinental Nexus for Y-Chromosome Driven Migration. *Hum Hered.* 2006; 61: 132–43.
- Simone R, Zeidi M, Conard N.J. Emergence of Agriculture in the Foothills of the Zagros Mountains of Iran. *Science.* 2013; 341: 65, 64–67. DOI: 10.1126/science.1236743.
- Sikora M.J, Colonna V, Xue Y, Tyler-Smith C. Modeling the contrasting Neolithic male lineage expansions in Europe and Africa. *Investigative Genetics* 2013; 4: 25. doi:10.1186/2041-2223-4-25.
- Terreros MC, Rowold DJ, Mirabal S, Herrera RJ. Mitochondrial DNA and Y-chromosomal stratification in Iran: relationship between Iran and the Arabian Peninsula. *Journal of Human Genetics.* 2011; 56: 235–46.
- Yunusbayev B, Metspalu M, Jarve M, Kutuev I, Rootsi S, Metspalu E, et al. The Caucasus as an asymmetric semipermeable barrier to ancient human migrations. *Mol Biol Evol.* 2011; doi: 10.1093/molbev/msr221.
- Excoffier L, Lischer HE. Arlequin suite ver 3.5: A new series of Programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour.* 2010; 10: 564–67.
- Raymond M, Rousset F. An exact test for population differentiation. *Evolution.* 1995; 49: 1280–83.
- Felsenstein J. PHYLIP: phylogeny inference package (version 3.6a3). Seattle, Department of Genetics. 2002; University of Washington.
- Rootsi S, Myres NM, Alin A, Jarve M, King R.J, Kutuev I, et al. Distinguishing the co-ancestries of haplogroup G Y-chromosomes in the populations of Europe and the Caucasus. *European Journal of Human Genetics.* 2012; 86: 1–8.
- Al-Zahery N, Semino O, Benuzzi G, Magri C, Passarino G, Torroni A, et al. In search of the genetic footprints of Sumerians: a survey of Y-chromosome and mtDNA variation in the Marsh Arabs of Iraq. *BMC Evol Biol.* 2011; 11: 288.
- Chiaroni J, King RJ, Myres NM, Henn BM, Ducourneau A, Mitchell MJ, et al. The emergence of Y-chromosome haplogroup J1e among Arabic-speaking populations. *Eur J Hum Genet.* 2010; 18: 348–53.
- Hessami K. Active deformation within the Zagros Mountains deduced from GPS measurements, *Journal of the Geological Society.* 2006; 163: 143–48.

Original Article

Paternal Genetic Landscape of Zagros Region of Iran and Its Role in the Gene Flow in the Populations of the Region

Bahmanimehr A1, Nikmanesh F2, Yepiskoposyan L3

1- Institute of Molecular Biology, National Academy of Sciences of Armenia, Yerevan, Armenia

2- Biotechnology and Bioengineering Department, School of Advanced Medical Science, Tabriz University of Medical Sciences, Tabriz, Iran

3- Assistant Professor of Molecular anthropology, National Academy of Sciences of Armenia, Yerevan, Armenia

Corresponding author: Bahmani A, bah_ard@yahoo.com

Background & Objectives: Zagros Mountains, which are between the flatlands of Mesopotamia and the Iranian plateau, surround the western border of the country. This region was the cradle of great civilizations like Mesopotamia and Elam. This study aimed to test the boundary role of the Zagros Mountains in the genetic structure of the region through evaluating the paternal lineages inheritance and patterns of genetic polymorphisms.

Methods: Two hundred and ninety seven blood samples were collected from unrelated men of the different local areas of the northwest of Iran. Haplogroup frequencies were used to calculate and compare the population genetic parameters as genetic distance and genetic diversity.

Results: In this research distribution time and entrance of the haplogroup G2-M406 estimated around 8800 years before present, the age of first human residential in the Zagros mountains area, Frequency of central Asian lineages in the eastern side of the mountains observed notable more than west side. While, European paternal lineages in the western side was more than eastern side of the mountains.

Conclusion: This research emphasized the westward distribution and migration from Iranian plateau to the Europe through Turkey and Caucasus. This research has drawn reliable phylogenetic tree of the surrounding population and showed an important geographic barrier role for these mountains to gene flow from neighboring regions and free movements of the local people. Moreover, the important role of the Zagros Mountains as a geographic barrier to gene flow from neighboring regions clearly highlighted in this research

Keywords: Iranian genetic pool, Paternal lineages, Y-chromosome, Zagros Mountains