جامــعة واســط
مجلـــــة كليـــــة التربيـــة

العـدد الأربعون
الجزء الثاني / آب / ٢٠٢٠

الجينوم (الجين) الوراثي لإمراة إنسان تبة غانج داره في العصر الحجري الحديث في إيران

م.م مرتضى جاسب مثنى أ.م.د. حسين سيد نور الأعرجي
جامعة واسط / كلية التربية للعلوم الانسانية

الملخص

تهتم الدراسة بمعرفة أصل السلالة البشرية التي تنتمي إليها امرأة إنسان تبة غانج داره، إذ سوف نقوم بدراسة حامض الـ DNA الخاص بالحمض النووي لتلك العينة من أجل التوصل إلى بيانات مهمة لمعرفة السلالة التي سكنت ذلك الموقع، فضلاً عن بعض التحليلات الأخرى كالتحليل عن طريق حمض الميتوكندريا المرتبط بالمرأة بشكل خاص من اجل معرفة أصل نسب تلك العينة، فضلاً عن جينات الهابلوغروب من أجل تحديد نسل تلك المراة والي أي سلالة تنتمي.

الكلمات المفتاحية: – الجينوم الوراثي – غانج داره– الأجناس– السلالة البشرية.

Abstract

This study is concerned with knowledge of the origin of the human race, which belongs to a woman human Tepe Ganj Dara his home, as we will examine the acid the DNA of the sample in order to reach important data to know the strain that inhabited the site, as well as some of the other analyzes The Mitochondria and haplogroup in order to identify the descendants of those and any woman to breed belongs.

Key words: - genome genetic - Ganj Dara- Races -human strain.

المقدمة:

تعد دراسة الجينوم أو الجين الوراثي من المواضيع المهمة في معرفة مختلف الكائنات الحية، إذ تتضمن دراسة هذا المجال إلى جهود مكثفة لتحديد تسلسل الحمض النووي الـ DNA[١] للعينات البشرية بشكل كامل من أجل رسم خرائط دقيقة لمسار الجينوم، فضلاً عن تتبع مسار نسل الذي ينحدر عن طريق الأب، وفي هذه الدراسة سوف نقوم بالتركيز على جينوم أحد الكائنات البشرية التي عاشت أثناء العصر الحجري الحديث في موقع غانج داره في إيران، وذلك من أجل التوصل إلى السلالة البشرية التي تنتمي إليها تلك العينة من البشر، فضلاً عن أصل ونسب تلك المرأة.

الجينوم الوراثي وأصل السلالة

يُعدّ الجينوم الوراثي واحد من أهم التحليلات الذي يتّم عن طريقه معرفة الكثير من الصفات الوراثية التي تخص الإنسان، وذلك بعد تحليل حامض الـ DNA، إذ إنَّ تحليل الحامض يعطي الكثير من الصفات الجينية الوراثية عن السلالات البشرية القديمة وتحديدها، لذا فإن دراسة عينة إمراة غانج داره ومعرفة أصل سلالتها التي تنتمي إليها مرحلة مهمة في دراسة إنسان غانج داره.

إنَّ أضافة تواريخ جديدة من بقايا إنسان غانج داره أسهم إلى حدٍ كبير في معرفتنا لسكنى الإنسان والتحول إلى العصر الحجري الحديث في حدود ١٠,٠٠٠ ق.ت من منطقة وسط زاغروس في إيران[٢]، إذ أظهر الأفراد الذين ينتمون إلي العصر الحجري الحديث وصفاً عن طريق حمض DNA لم يتّم تسجيله من قبل ويفصلهم عن مجموعات أخرى من العينة التي تَّم العثور عليها من العصر الحجري الحديث والهلال الخصيب في تلك المدة[٣].

غير التحول الزراعي بشكل عميق المجتمعات البشرية، إذ إنَّ دراسة تسلسل أول جينوم (x١,٣٩) لإمرأة مبكرة من العصر الحجري الحديث من موقع غانج داره Ganj Dareh، في جبال زاغروس الإيرانية، إذ أعتمد اقتصاد الموقع وبأدلة مبكرة على رعي الماعز بحدود ١٠,٠٠٠ ق.م[٤]. سوف يمكننا من معرفة السلالة البشرية التي تنتمي إليها امراة إنسان تبة غانج داره.

بدأ التحول الزراعي في المنطقة التي تضم الشرق الأدنى القديم من إيران والأناضول بحدود ١٢,٠٠٠ سنة قبل الميلاد مع أول قرى ما قبل العصر الحجري الحديث ما قبل الفخار و فيها أول تدجين للحبوب والبقوليات، إذ تشير الأدلة الأثرية إلى سيناريو معقد من التدوينات المتعددة في عدد من المجالات، مقترنة بأمثلة للتجارة، وقد كشف الحمض النووي القديم (a DNA) بأن تلك الحزمة

الثقافية قد تَّم جلبها إلى أوروبا في وقت لاحق عن طريق تفرق مزارعو الأناضول ما يسمى الانتشار الديموغرافي، في مقابل الانتشار–الثقافي غير الديموغرافي منذ ٨٤٠٠ سنة قبل الميلاد، ومع ذلك فإن عدم وجود a DNA للأفراد الجدد في العصر الحجري الحديث من الشرق الأدنى يترك سؤالاً رئيسياً دون إجابة[٥]؟

هل كان التحول الزراعي مطور من قبل مجموعة سكانية رئيسة واحدة تغطي الشرق الأدنى، بما في ذلك الأناضول وجبال زاغروس المركزية؛ أم كانت المنطقة التي يسكنها سكان متنوعون وراثياً، مما يقترح الوضع غير المتجانس و توقيت ظهور التدجين في وقت مبكر في أماكن مختلفة[٦]؟

للإجابة على ذلك السؤال، لابد من القيام بتسلسل جينوم لأنثى العصر الحجري الحديث المبكر من غانج داره، الذي يحمل العينة المرقمة بالرمز GD13a، (Ganj Dareh 13a) وسط زاغروس (غرب إيران)، مؤرخة إلى ١٠,٠٠٠–٩,٧٠٠ قبل الميلاد[٧].

بعد الاطلاع على الدراسات السابقة حول سكان ايران تبين أنهم أكثر تشابهاً جينياً مع الصيادين القوقاز، ولكن متميزة عن البشر في العصر الحجري الحديث في الأناضول الذين جلبوا فيما بعد إنتاج الغذاء إلى أوروبا، إذ قدم سكان غانج داره مساهمة جينية مباشرة قليلة مع السكان الأوروبيين المعاصرين، وذلك بفضل الانتقال والترحال، مما تشير إلى أن هؤلاء في وسط زاغروس كانوا معزولين بعض الشيء عن مجموعات أخرى من مناطق الهلال الخصب[٨].

إنَّ مدة وجود الزيجات المتماثلة الطول مع تلك التي تخص مزارعين العصر الحجري الحديث ذات الزيجات القصيرة من سكان القوقاز والصيادون– الجامعون الغربيين يوحي بأن سكان "غانج داره" لم يتعرضوا للعوائق السكانية الكبيرة التي يعاني منها جيرانهم الشماليون، المتمثلة بالتنقل في أماكن وعرة وخطرة بحثاً عن معيشتهم، في حين أن درجة الانتشار الثقافي بين الأناضول وغرب إيران والمناطق المجاورة الأخرى، والاختلاف الوراثي بين المزارعين الأناضوليين في وقت مبكر وسكان غانج داره يدعم النموذج الذي كانت مجتمعات العصر الحجري الحديث في تلك المناطق متميزة به[٩].

أسفر العظم الصخري[١٠] لـ GD13a لعينة الأنثى عن مجموعة كتابات متسلسلة تضم ١٨,٥٧٪ من القراءات البشرية التي تَّم ضبطها والتي كانت تستخدم في توليد تقدير نسبة ١,٣٧ من تغطية تسلسل جينوم الوراثي، وأظهرت بيانات التسلسل أطوال القراءة وأنماط عدم اندماج الحمض النووي النيوكليوتيدات single nucleotide polymorphisms SNP[١١] التي تشير إلى الضرر

بعد الوفاة، وكانت تقديرات التلوث منخفضة بنسبة ١%، إذ تَّم تعيين الحمض النووي الميتوكوندريا Mitochondria[١٢] التي ورثت أسفل خط الإناث وتتطور بسرعة[١٣] لـ (GD13a91,74X) إلى الهابلوغروب X المرتبط بهابلوغروب المايتوكوندريا[١٤]، على الأرجح إلى المجموعة الفرعية X2 (معيار الافراد)، التي ارتبطت بتوسع مبكر في الشرق الأدنى بنسبة ١٣،١٤% وتَّم العثور عليها في عينات العصر الحجري الحديث في وقت مبكر من الاناضول و هنغاريا و المانيا[١٥]. أي أن هناك صلات وانتقالات جينية حدثت أثناء تلك المدة.

قام كل من غاليغور ليلورنت وآخرون Gallego-Llorente, et al بمقارنة عينة GD13a امرأة تبة غاند داره مع عدد من جينوم العوامل الوراثية لبعض البقايا البشرية القديمة مع مجموعات سكانية حديثة، وذلك باستعمال تحليل المحتوى للعنصر الاساسي المكون للجينوم الوراثي عن طريق PCA[١٦]، والامتزاج مع الجينومات الأخرى، وإحصائيات خارج الجماعة البشرية التي تعود لتلك المدة[١٧]، فضلاً عن ذلك أن عينة أنثى GD13a غانج داره لم تجمع مع أي فرد آخر من العصر الحجري الحديث المبكر من اورآسيا في أي من التحليلات، إذ إنَّ إحصائيات الامتزاج والاختلاط خارج المجموعة حددت الصيادين و جامعين القوت القوقاز من جورجيا الغربية، إلى الشمال مباشرة من جبال زاغروس، كمجموعة وراثية اكثر تشابهاً لـ عينة GD13a الانثى من غانج داره[١٨]، في حين كشفت PCA عن بعض التقارب مع سكان جنوب آسيا الوسطى الحديثة مثل البلوشية Bloch، والمكرانية makrani، وبراهوي Brahu[١٩].

كانت العينات من تلك المناطق يوجد فيها تشابه قريب وراثياً من عينة انثى غانج داره GD13a[٢٠]، فضلاً عن ذلك كانت العينة GD13a قريبة وراثياً من مجموعات سكان السهوب كانت جزءاً من مجموعة أو أكثر من المهاجرين إلى أوروبا في العصر البرونزي، وكذلك ثقافات العصر البرونزي المبكر في تلك القارة[٢١].

وتماشياً مع العلاقات السابقة التي تمت ملاحظتها عند القوقاز تَّم التحقيق في العلاقة بين عينة غانج داره (GD13a)، والصيادين- جامعين القوت من القوقاز باستعمال احصائيات حامض DNA، لاختبار ما إذا كانوا قد شكلوا استبعاداً للعينات القديمة والحديثة الأخرى، إذ إنَّ عدد كبير من العينات الأوراسية الغربية (الحديثة والعتيقة على حدٍ سواء) أظهرت وجود تقارب جيني كبير نحو صيادوا-جامعوا القوقاز، في حين لم يحصل ذلك مع عينة غانج داره GD13a، عموماً تشير تلك النتائج إلى أن عينة GD13a لها قليل من المدخلات الوراثية المباشرة مع السكان الأوروبيين

اللاحقين مقارنة بجيرانها الشماليين[٢٢]، ومن أجل فهم تاريخ السكان الذين تنتمي إليهم GD13a بشكل أفضل، قام الباحثون غاليغوري ليورانت وآخرون Gallego–Llorente, et al بالتحقيق في توزيع أطوال الزيجات المتماثلة الالائل (ROH)[٢٣]، أن التحيز نحو ارتفاع وتيرة كل من ROH الطويلة و القصيرة يدل على الاختناقات[٢٤] القوية السابقة التي أعقبتها إعادة توسع السكان لدى عينة غانج داره GD13a توزيع مع عدد قليل طويل من ROH مماثل لتلك التي تنتمي إلى أحفاد المزارعين الأناضوليين الأوائل ممثلة بالمزارعين الأوروبيين بالمقابل كان لكل من الصيادين–الجامعين الغربيين و القوقاز ROH أكثر طولاً نسبياً وكذلك ROH قصيرة، وبالتالي فإن عينة GD13a هي سليل مجموعة لديها ديموغرافيا مستقرة نسبياً ولم تعاني من الاختناقات التي أثرت على المزيد من السكان الشماليين، إذ إنَّ السمات المظهرية لعينة غانج داره GD13a تشبه المزارعين الأناضول في وقت مبكر والصيادين القوقاز على أساس النمط الجيني single nucleotide polymorphisms SNPs التشخيصي، فضلاً عن ذلك تبين أنَّها كان لديها شعر أسود داكن وعيون بنية[٢٥]. حسب التحليلات التي اظهرتها.

كانت عينة غانج داره GD13a لها مدخل جيني مباشرة قليل إلى السكان الأوروبيين في وقت لاحق مقارنة مع الصيادين–الجامعين القوقاز كما هو موضح باستعمال إحصاءات حامض DNA، ذلك النقص في الاتصال مع المناطق المجاورة ربما نشأ في وقت مبكر، لأننا نجد أيضاً أن الصيادين–الجامعين من القوقاز يظهرون تقارب أعلى لصيادي – جامعي الغرب و لمزارعين الأناضول المبكرين؛ تلك النتيجة تشير إلى إمكانية تدفق الجينات بين السابقين وتلك المجموعتين الأخيرتين مما يؤدي إلى استبعاد عينة غانج داره GD13a، إذ إنَّ هنالك تفسير بديل لكن ليس حصري لذلك النمط وهو أنه ربما تكون عينة GD13a قد تلقت مدخلات جينية من مصدر بعيد عن مصدر جميع الشعوب الأوروبية الأخرى، وبالتالي تباعد ارتباطهم بها[٢٦].

يُظهِر التحليل أن كلاً من الصيادين الجامعين القوقاز (كوتاز) وعينة غانج داره GD13a مصادر جينية معقولة للأصل الأوروآسيوي الموجود في ذلك الجزء من آسيا، على الرغم من أن جزءاً من المكون الغربي الاوراسيوي موجود في الهند ويمكن ربطه بهجرات العصر البرونزي عن طريق تأريخ الاتصال الاخير باستعمال ربط قاعدة عدم الاتزان (وبالتالي تكون قادمة من نسل كوتازي)، و تسلط النتائج الضوء على أحتمالية مساهمة اقدم من مصدر قريب جينياً من عينة غانج داره GD13a (والذي سيكون من الصعب فصله عن الجين المتأخر المتدفق من مناطق السهوب) في النهاية ستكون هناك حاجة إلى الحمض النووي القديم من وادي السند للكشف بشكل قاطع إذا ما ترك

أي آثار وراثية بواسطة تمدد الهجرات السكانية أثناء العصر الحجري الحديث في الشرق من الشرق الأدنى، أو ما كانت العملية في الغالب ثقافية[٢٧].

بعد تعديل البيانات لحصول التوقعات النموذجية من الحمض النووي DNA من تحلل الموتى، أي اجراء فحوصات على الكائنات بعد موتها، إذ إنَّ استرجاع تسلسل حامض DNA من الكائنات الميتة القديمة يقدم وجهة نظر فريدة من نوعها بالتاريخ الوراثي في توفير المعلومات من الكائنات المنقرضة وسكان الماضي[٢٨]، فضلاً عن ذلك تَّم فحص توزيع طول تسلسل الجزيئات على النحو المبين في دليل غاليغور ليلورنت وآخرون Gallego Llorente et al[٢٩]، بينما تَّم تقييم مواقع انتشار عدم مشاركة النيوكلوتيدات في نهايات القراءة باستعمال خريطة الضرر ٢,٠ ومجموعة فرعية عشوائية من ١ مليون قراءة[٣٠] تَّم تقييم معدل تلوث الميتوكوندريا أثناء تقييم نسبة قواعد عدم التوافق في تحديد مواقعه من هابلوغروب جينوم الميتوكوندريا بمعدل ١٥،٥٠، إذ تَّم استعمال القواعد ذات الجودة ٢٠≤ فقط العاشر، لكن لم يتمكنوا من تقييم معدل تلوث الكروموسوم X، إذ تَّم تحديد العينة لتكون أنثى، وذلك باستعمال تسلسل البيانات التي يمكن استعمالها في تحديد الجنس البيلوجي للفرد في بقايا الإنسان من تسلسل البيانات المتفرقة نسبياً، وذلك بالنظر في تسلسل الكروموسوم Y مع نسبة تسلسل الانحياز الى Y من الكروموسومات الجنسية (RY) التي تبرهن على أن الجنس الذكري على سبيل المثال CI الأدنى لل RY يكون أكبر بنسبة 0,077، اما بالنسبة للأنثى كان الـ CI الحد الأعلى أقل من 0,016، مما يوضح أن عينة غانج داره كانت أنثى[٣١].

أمَّا بخصوص تحديد هابلوغروب الميتوكوندريا، ومن أجل تحديد أي هابلوغروب تنتمي إليه الميتوكوندريا في عينة غانج داره GD13a (أي تحديد نسب عينة غانج داره)، تَّم إنشاء تسلسل متوالي لتحديد احصائيات الجينات الوراثية، وذلك باستعمال ANGSD[٣٢]، إذ تطلب أن يكون للعينة ظروف خاصة تحت عمق تغطية بمعدل ≤ ٣ مع بيان القواعد ذات الجودة ≤ ٢٠ التي تَّم اعتبارها، فضلاً عن ذلك تَّم تحميل ملفات FASTA الناتجة إلى هابلوفايند HAPLOFIND لتحديد الهابلوغروب، إذ تَّم حساب التغطية باستعمال عمق التغطية GATK[٣٣] من أجل الوصول إلى البيانات الجينية للمجموعة السكانية، ومن ثم استدعاء التركيبة الوراثية في عينة غانج داره GD13a التي تراكبت مع مجموعة بيانات الأصول البشرية التي عرضها لازاريدس وآخرون Lazaridis et al في بحثه الجينومات البشرية الوراثية للبشر الاوربيين[٣٤]، والتي تَّم تصفيتها كما هو موضوح في بحث اولاليدي وآخرون Olalde, et al حول هجرة الاقوام وبيان الجينات الوراثية لتلك الاقوام[٣٥]

وباستعمال تجميع GATK الخاص بتحليل الجينات الوراثية تَّم تجاهل SNPs الثلاثي والقواعد المطلوبة للحصول على جودة ٣٠ ≤، أمَّا بالنسبة للمواقع التي فيها اكثر من قاعدة واحدة من الجينات الوراثية، تَّم اختيار أحد الأليل عشوائياً مع أحتمال يساوي تردد القاعدة في ذلك الموقع الخاص بالعينة، وتَّم تكرار ذلك الأليل لتشكيل نمط جيني ثنائي الصبغيات متماثل الزيجات لكل موضع يسترجع في عينة غانج داره GD13a[٣٦]، لذا تَّم استعمال تلك الطريقة في استدعاء SNP عينة الحمض النووي والناتج في تصنيف الهابلوغروب الذي يستعمل في تسلسل الجينوم الوراثي والاختلافات البشرية وعرض العلاقة بين المجموعة الوراثية الميتوكوندريا للعينات القديمة المحددة التي تَّم وصفها جوينز واخرون Jones et al فيما تخص جامعين القوت من القوقاز، إذ ساهم الجينوم CHG إلى حد كبير من الرعاة الصيادين وجامعي القوت في معرفة أصل الجينوم لتلك الاجناس[٣٧]، لذا كان النمط الوراثي لتلك العينات القديمة قد أندمج مع العينات الحديثة الموجودة في مجموعة بيانات الأصول البشرية والعينات القديمة المقدمة من ميثيسون داتست Mathieson et al dataset فيما يخص الحمض النووي عن طريق تحليل عينات من السكان قبل واثناء وبعد التكيف، إذ اخذت العينات من الجينوم الوراثي لـ ٢٣٠ عينة غرب آسيويين و اوربيين تعود الى ما بين ١٠,٠٠٠– ٦٥٠٠ قبل الميلاد، بينها ١٦٣ عينة جديدة تشمل جينوم على نطاق من العصر الحجري الحديث تعود الى أصول بشرية من الاناضول المزارعين الذين ارتبطوا مع عينة غانج داره وبين المزارعين الأوربيين[٣٨]، ومن أجل تجنب التحيزات الناجمة عن تلف الحمض النووي بعد الوفاة، تَّم استعمال مواقع الارتداد فقط ADMIXTURE، و إحصائيات f3 و D ولـ PCA الذي يتمحور حول بيانات الجينات الوراثية، وهل أن الافراد في العينات من مجموعة متجانسه أو من المجموعات السكانية التي تحتوي على مجموعات فرعية متميزة وراثياً[٣٩].

لاستكشاف عينة غانج داره GD13a، وعينات قديمة أخرى في سياق الاختلاف الحديث في أوراسيا، وجامعي القوت القوقاز عمل بتأدية PCA مع جماعة من السكان المعاصرين على ١٩٦ مجموعة معاصرة، ١٤٥,٠٠٤ تبدل SNPs الحمض النووي، إذ تَّم تنفيذ التحليل باستعمال Smart PCA؛ وتَّم تحميل المكونات على السكان المعاصرين، ووضع الأفراد القدامى على تلك الأبعاد الخاصة بجامعي القوت من القوقاز من هنتر، وتبين هناك ارتباط بين جامعي القوت من القوقاز وعينة غانج داره حسب المعطيات الجينية الوراثية عن طريق الحمض النووي DNA[٤٠].

الاستنتاجات

توصل الباحث مما تقدم بعد طرح المعلومات والبيانات الخاصة بالجينات الوراثية والحمض النووي DNA للعينات التي تَّم أخذها من مختلف الأجناس البشرية في الشرق الأدنى، وارتباطها بالبشر المزارعين الاوربيين، وعينة غانج داره هناك ارتباط بين الاجناس البشرية من القوقاز وعينة غانج داره وكذلك البلوش والمكرانيين وإشارات حول الارتباط الجيني وتشابههم بالمزارعين من الاناضول، بينما لا يوجد ارتباط بين الأجناس البشرية الاوربية من المزارعين، (أي لا توجد صلة ولا ارتباط جيني بين تلك المجموعات البشرية التي عاشت في أوربا)، فضلاً عن اكتشاف الهابلوغروب الذي أوضح جنس السلالة التي تنتمي إليها تلك العينة وهي السلالة القوقازية، فضلاً عن ذلك كان حامض DNA الميتوكوندريا والهابلوغروب الدور الأول في معرفة أصل عينة غانج داره ومعرفة المجموعة السكانية واصل السلالة البشرية التي تنتمي إليَّها تلك العينة، فضلاً عن ذلك الارتباط الجيني الذي أوضحه ذلك التحليل بين سكان غانج داره والمجموعة السكانية من القوقاز والاناضول، والمكرانيين، والبلوش، والبراهويين.

هوامش البحث

(١) جزيء ضخم يتواجد داخل خلايا كل الكائنات الحية والعديد من الفيروسات ويحتوي على المعلومات الوراثية التي تسمح بعمل وتكاثر وتطور الكائنات

(2)Christopher Meiklejohn, Deborah C.Merrett, David Reich, Ron Pinhasi, **''Direct dating of human skeletal material from Ganj Dareh, Early Neolithicof the Iranian Zagros''**, p. 170.

(3) M. Gallego-Llorente, S. Connell, E. R. Jones1, D. C. Merrett, Y. Jeon, A. Eriksson, V. Siska1, C. Gamba, C. Meiklejohn8, R. Beyer, S. Jeon, Y. S. Cho, M. Hofreiter, J. Bhak4, A. Manica1, & R. Pinhasi2, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran'',** p. 2 ؛ Lazaridis, I., D. Nadel, G. Rollefson, D. C. Merrett, N. Rohland, S. Mallick, D. Fernandes, et al. **"Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East'',,** pp.13-19.

(4) M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran''**, p. 1.

(5) Ibid, p. 1.

(6) Ibid, p. 1.

(7) Melinda A. Zeder, and Brian Hesse, **''The Initial Domestication of Goats (Capra hircus) in the Zagros Mountains 10,000 Years Ago''**, Science 287, (2000); p. 2256.

(8) Ibid, p. 1.

([9]) M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran''**, p. 1.

([10]) الجزء الصخري من العظم الصدغي عبارة عن شكل هرمي مثبت في قاعدة الجمجمة بين عظم الوتدية والعظم القذالي، ويتكون من خمسة أجزاء الصدفة والصخري والخشاء والاجزاء الطبلية، وعملية الابري، ويعد الجزء الصخري هو من بين أكثر العناصر القاعدية في الجمجمة ويشكل جزءاً من الغشاء الداخلي ويأتي معناه من Petrous من الكلمة اللاتينية petrosus، ويعني "مثل الحجر، وهي واحدة من أكثر العظام كثافة في الجسم.

Henry Gray, **"The Temporal Bone, Anatomy of the Human Body"**, 1918, p. 1.

([11]) النيوكليوتيدات single nucleotide polymorphisms (SNPs):- أن تعدد أشكال النوكليوتيدات الأحادية، والتي يطلق عليها غالباً SNPs (القصاصة البارزة)، هي أكثر أنواع التباينات الجينية شيوعاً بين الناس، يمثل كل SNPS اختلافًا في كتلة بناء DNA واحدة، وتُسمى النوكليوتيد على سبيل المثال، قد يحل SNPS محل cytosine النوكليوتيد (C) مع thymine النوكليوتيد (T) في امتداد معين من الحمض النووي، للمزيد انظر:-

Phillip A. Morin, Gordon Luikart, Robert K. "**Wayne and the SNP workshop group, "SNPs in ecology, evolution and conservation"**, TRENDS in Ecology and Evolution Vol.19 No.4 April 2004, pp. 208-215.

([12]) الميتوكوندريا Mitochondria:- هي تلك الأجسام الأخرى المتواجدة داخل الخلايا في السائل المحيط بالنواة (السيتوبلازم). وتتميز بالتالي، لها القدرة على إنتاج الطاقة من الغذاء في شكل يمكن أن تستخدمه الخلايا، تنتج الطاقة من بعد عملية تسمى الفسفرة المؤكسدة لإنتاج الأدينوزين ثلاثي الفوسفات (ATP) مصدر الطاقة الرئيسي للخلية. فضلاً عن ذلك؛ تلعب الميتوكوندريا دورًا في العديد من الأنشطة الخلوية الأخرى إذ أنها؛ تساعد الميتوكوندريا في تنظيم الموت المبرمج للخلايا (Apotosis) ضرورية لإنتاج بعض المركبات الهامة مثل: الكوليسترول Cholesterol والهيم Haeme (أحد مكونات الهيموجلوبين، وهو الجزيء الذي يحمل الأكسجين في الدم).وقد ظن علماء الأحياء لوقتٍ طويلٍ أن الحمض النووي لدينا كان يقطن فقط في مركز التحكم في الخلايا (النواة)، ولكن وُجد أن الميتوكوندريا تمتلك حمضًا نوويًا مميزًا خاصًا بها ويُعرف بـ mitochondrial DNA أو mt DNA، ويختلف عن الحمض النووي المتواجد بالنواة nuclear DNA، والذي يأتي من كلا الوالدين، ويحتوي الحمض النووي للميتوكوندريا على ٣٧ جينًا فقط من أصل ٢٠ إلى ٢٥٠٠٠ جينًا قد تَّم التعبير عنهم لإنتاج البروتين بأجسامنا، ويأتي فقط من الأم، ووجد العلماء أن الحمض النووي للميتوكوندريا يتّم تدميره في الحيوانات المنوية بعد مدة وجيزة من إخصاب البويضة، وذلك عن طريق قطع بروتين يسمّى CPS-6 وبالتالي فإن الحمض النووي لن يمتلك القدرة على إنتاج البروتينات التي تحتاجها الميتوكوندريا لإنتاج الطاقة، وقد أفاد الباحثون بأن الحمض النووي الميتوكوندري الأبوي قد يؤذي نمو الأجنة إذ لم يتلاشى، إذ إنَّ الحمض النووي الميتوكوندري يمكنه أن يزودك بالكثير من المعلومات - بعضها مفيد في علم الأنساب - وبعضها يوفر لك معرفة "من

أين جاء خطك الأمومي" وسيرهم عبر الزمن على مئات وآلاف السنين، بل ويمكنه أن يذهب بنا لأبعد من ذلك بكثير – ما وراء الأنساب – إلى المرأة التي ننحدر منها جميعاً والتي نسميها "حواء الميتوكوندريا". للمزيد انظر:-

Scientists find clue to why mitochondrial DNA comes only from mom.؛ Mitochondrial DNA – Your Mom's Story

([13]) Richards, M. et al. **"Tracing European founder lineages in the Near Eastern mt DNA pool"**, Am. J. Hum. Genet. 67, (2000), p. 1252.

([١٤]) الهابلوغروب Haplogroub x:- في علم الوراثة البشري هي مجموعة الجينات المتوارثة من طرف واحد – (من الأب أو من الأم)، إذ إنَّ الدراسات المتعلقة بتلك البحوث تأخذ مجموعات الجينات من أدنى المتقدرات البشرية، وعن طريقها يمكن معرفة تفرع السلالات، وعلى الأخص من جهة الأم؛ لأن متقدرات (الميتوكوندريون) تورث دائماً من الأم فقط، وذلك ينطبق على الرجال والنساء، فجميعهم يتوارثون متقدرات خلاياهم من الأم فقط وليس من الأب، لأنها تنشأ من البويضة، وتلك الجينات دفعت بعض الباحثين إلى تتبع الوراثة من جهة الأم للإنسان الحديث رجوعاً إلى أصول الإنسان في أفريقيا وانتشاره لاحقاً في جميع أنحاء العالم، للمزيد انظر:-

Martin Richards, Vincent Macaulay, Antonio Torroni, and Hans-Ju¨rgen Bandelt, **''In Search of Geographical Patterns in European Mitochondrial DNA'',** Am. J. Hum. Genet, 71:1168–1174, 2002**,** pp. 1168-1174. ؛ Lavanya Rishishwar, and I. King Jordan, **''Implications of human evolution and admixture for mitochondrial replacement therapy''**, Rishishwar and Jordan BMC Genomics (2017) 18:140, pp. 2-11.

([15]) M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran''**, p. 2.

([١٦]) هي تحليل العنصر الرئيس أو تحليل المركبات الرئيسية (Principal component analysis) وعملية رياضيّة تنتمي إلى شعبة تحليل البيانات، و التي تتمثل في تحويل عدد من المتغيرات المترابطة إلى عدد أقل من المتغيرات غير المترابطة، أي المتغيرات الناتجة عن عملية التحويل تسمى بالمركبات (أو المكونات أو المحاور) الرئيسية، أي القيمة المضافة للعملية التي تسهل تأويل المعطيات المعقدة، عبر تمكين الباحث والإحصائي من تحقيق أمثل توافق بين التقليل من عدد المتغيرات الواصفة للمعطيات، و فقدان المعلومة الأصلية (التباين) الناتج عن اختزال الأبعاد الأصلية، وهي طريقة تقدم اختبارات رسمية عن وجود السكان في هيكل البيانات الجينية، محاولة تصنيف جميع افراد السكان بصورة منفصلة بائتلاف خطي، وهو لا يقوم دائماً بإعطاء نماذج لبعض معطيات السكان بصورة صحيحة وأنما وفق معطيات افتراضية للمزيد انظر:- Nick Patterso, Alkes L. Price, Population Structure and Eigenanalysis", "David Reich, "

([١٧]) حول الاحصائيات حول الافراد خارج الجماعة، انظر الشكل رقم (١).

([١٨]) حول الاحصائيات بين جامعي القوقاز من هنتر وبين عينة الانثى من غانج داره، انظر الشكل رقم (١).

(١٩) حول الاحصائيات الوراثية للمجموعات المتمثلة بالبلوش والمكرانيين والبراهويين مع عينة غانج داره، انظر الشكل رقم (٧٩).

(20) M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran''**, p. 2.

(21) Ibid**,** p. 2.

(22) Ibid, p. 2-3

(٢٣) مسارات الجذور المتماثلة Runs of Homozygosity (ROH) هي أطوال متشابهة من طرز جينية متماثلة موجودة في الفرد نتيجة لقيام الوالدين بنقل النمط الفرداني المتطابق إلى أبنائهم، إذ إنَّ إمكانات التنبؤ أو تقدير التزاوج الفردي للقطاعات الفرعية هي نسبة الجينوم الجسدي فوق طول محدد، يسمى Froh، إذ يمكن استعمال تلك التقنية لتحديد البصمة الجينومية للتزاوج الداخلي في برامج الحفظ، إذ إنَّ الكائنات الحية التي خضعت لزواج الأقارب الحديث ستظهر على المدى الطويل من الزيجات المتماثلة، فعلى سبيل المثال، خلقت استراتيجية إعادة التقديم التدريجية لجبال الألب السويسرية العديد من الاختناقات السكانية القوية التي قللت من التنوع الجيني للأفراد الذين تَّم إدخالهم حديثاً، يمكن دراسة تأثير زواج الأقارب في المجموعات الفرعية الناتجة عن طريق قياس جريان متماثل الزيجات في مختلف الأفراد، بعبارة أخرى تنشأ أشواط لزوجة متماثلة طويلة (ROH) عندما يتّم توارث النمط الفردي المتشابه كل من الوالدين، وبالتالي فإن المسالك الطويلة من الأنماط الجينية متماثلة الزيجات، زواج ابن العم أو زواج الأقارب يؤدي إلى مثل تلك الخصوبة؛ ومع ذلك تكشف البيانات على نطاق الجينوم أن ROH شائع عالميا في الجينوم البشري حتى بين الأفراد الأصيلة، يعكس رقم وطول ROH التاريخ الديموغرافي الفردي، في حين يمكن استعمال عبء متماثلي اللواقح في التحقيق في البنية الجينية للمرض المعقد، للمزيد انظر:-

Francisco C. Ceballos, Peter K. Joshi, David W. Clark, Michèle Ramsay, and James F. Wilson, **''Runs of homozygosity, windows into population history and trait architecture''**, 2018, p. 1.

(٢٤) حول بيانات الاختناقات السكانية ومدى تفاوتها بين المناطق، انظر الرسم البياني شكل رقم (٨٠).

(25) M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros Iran''**, p. 3.

(26) Ibid, p. 3.

(27) Ibid, p. 4.

(28) Briggs, A. W. et al. **''Patterns of damage in genomic DNA sequences from a Neandertal. Proc''**, Natl. Acad. Sci. USA **104,** (2007), p. 14161.

(29) Gallego Llorente, M. et al. **''Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture in Eastern Africa''**, Science **350,** (2015), pp. 820–822.

(30) Jonsson, H., Ginolhac, A., Schubert, M., Johnson, P. L. F. & Orlando, L. mapDamage2.0: **''fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters''**, Bioinformatics 29, (2013), pp. 1682–1684.

([31]) Skoglund, P., Stor, J., G□therstr□m, A. & Jakobsson, M. **''Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing''**, J. Archaeol. Sci. 40, (2013), pp. 4480.

([٣٢]) برنامج يقوم بحساب العديد من الاحصائيات الملخصة، ويقوم بوضع خرائط ارتباط وتحليلات جينية للعينات من بعد الاستفادة من المعلومات المتاحة في بيانات تسلسل الجيل التالي أثناء العمل مباشرة علي بينات التسلسل الخام أو من استعمال أوجه التشابه الوراثية (النمط العرقي) ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data، للمزيد، انظر:-

Korneliussen, T. S., Albrechtsen, A. & Nielsen, R. **''ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data''**, BMC Bioinform, 15, 356 (2014), pp. 1-13.

([٣٣]) تحليل الجينوم (GATK)، وهو إطار برمجة مهيكلة تهدف إلى سهولة تطوير فعالية وقوة أدوات تحليل الحمض النووي باستعمال الجيل التالي من التعاقب الوظيفي للمزيد حول GATK انظر:-

Aaron McKenna, Matthew Hanna, Eric Banks, Andrey Sivachenko, Kristian Cibulskis, Andrew Kernytsky, Kiran Garimella, David Altshuler, Stacey Gabriel,1 Mark Daly, and Mark A. De Pristo, **''The Genome Analysis Toolkit A Map Reduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data''**, Genome Res, 20, (2010), pp. 1297–1303.

([34]) Lazaridis, I. et al. **''Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans''**, Nature 513, (2014), pp. 409–413

([35]) Olalde, I. et al. **''A common genetic origin for early farmers from Mediterranean Cardial and Central European LBK cultures''**, MolBiolEvol msv181, doi: 10.1093/molbev/msv181 (2015), p. 3132.

([36]) M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran''**, p. 5.

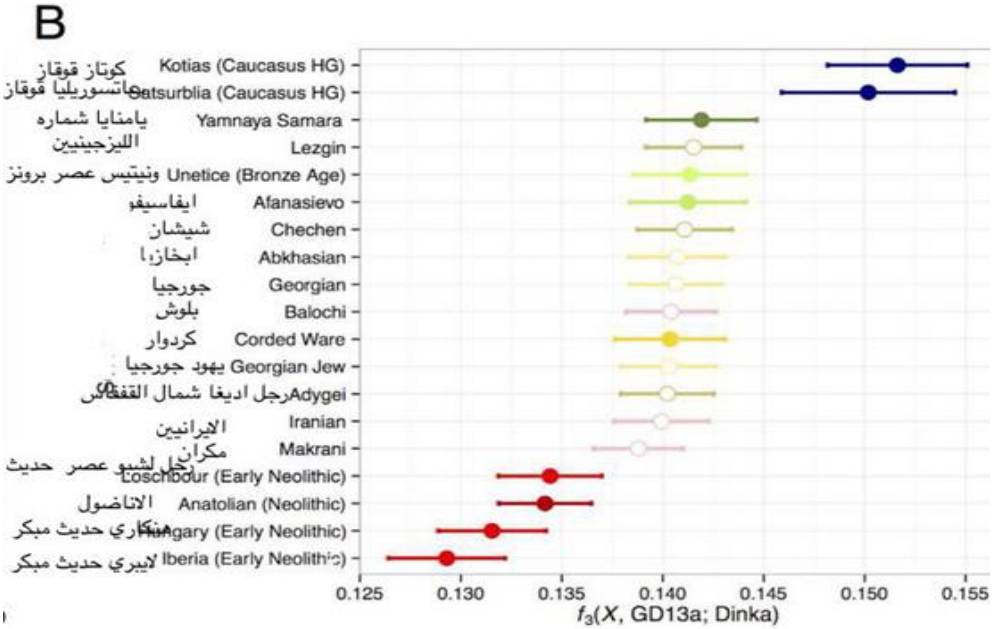
([37]) Jones, E. R. et al. **''Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians''**, Nat Commun 6, 8912 (2015), p. 1.

([38]) Mathieson, I. et al. **''Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians''**, Nature 528, (2015), p. 2.

([39]) Patterson, N., Price, A. L. & Reich, D. **''Population structure and eigenanalysis''**, PLoS Genet. 2, e190 (2006), p. 2074.

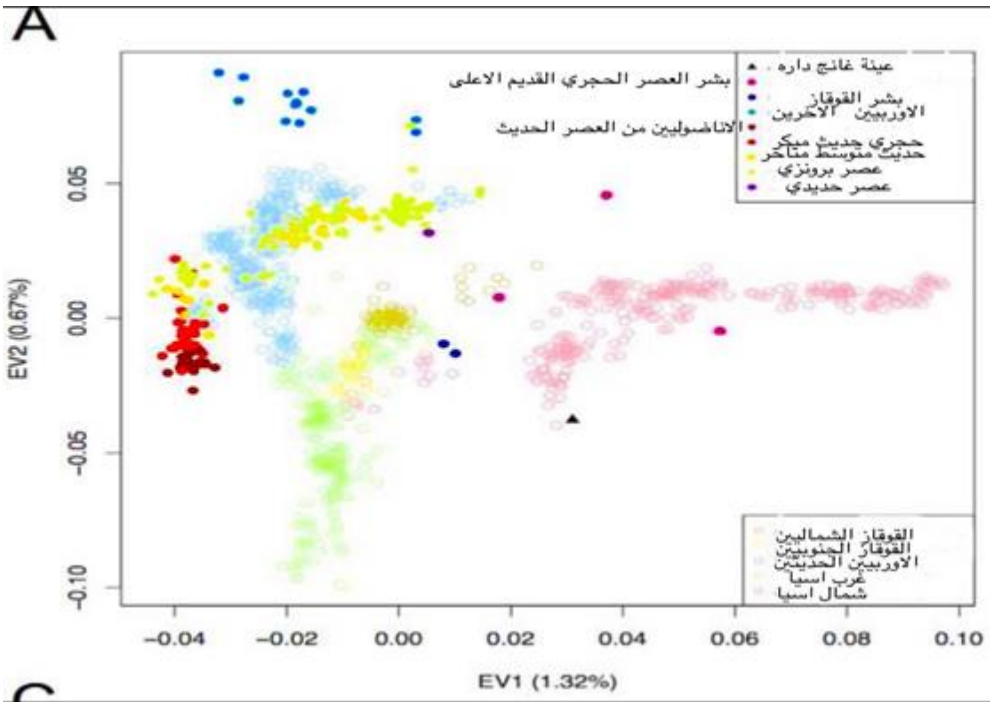
([40]) Patterson, N., Price, A. L. & Reich, D. **''Population structure and eigenanalysis''**, p. 2074. ؛ M. Gallego-Llorente, et al, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran''**, p. 5.

الملاحق

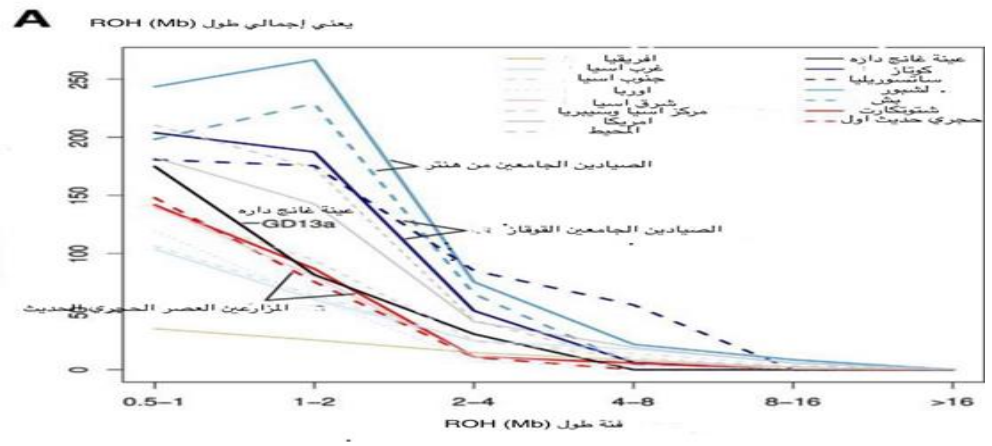


شكل رقم (١) يوضح الإحصائيات بين الأفراد خارج الجماعة البشرية، وكذلك يوضح الإحصائيات بين جامعي القوقاز وعينة غانج داره

M. Gallego-Llorente, "The genetics of an early Neolithicpastoralist from the Zagros, Iran", p.2.



تابع شكل رقم (١)



شكل رقم (٨٠) يوضح بيانات الاختناقات السكانية ومدى تفاوتها بين المناطق

M. Gallego-Llorente, The genetics of an early Neolithicpastoralist from the Zagros, Iran", p.3.

المصادر الأجنبية

1- Aaron McKenna, Matthew Hanna, Eric Banks, Andrey Sivachenko, Kristian Cibulskis, Andrew Kernytsky, Kiran Garimella, David Altshuler, Stacey Gabriel,1 Mark Daly, and Mark A. De Pristo, **''The Genome Analysis Toolkit A Map Reduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data''**, Genome Res, 20, (2010).
2- Lazaridis, I. et al. **''Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans''**, Nature 513, (2014).
3- Olalde, I. et al. **''A common genetic origin for early farmers from Mediterranean Cardial and Central European LBK cultures''**, MolBiolEvol msv181, doi: 10.1093/molbev/msv181 (2015).
4- Jones, E. R. et al. **''Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians''**, Nat Commun 6, 8912 (2015).
5- Mathieson, I. et al. **''Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians''**, Nature 528, (2015).
6- Patterson, N., Price, A. L. & Reich, D. **''Population structure and eigenanalysis''**, PLoS Genet. 2, e190 (2006).
7- Korneliussen, T. S., Albrechtsen, A. & Nielsen, R. **''ANGSD: Analysis of Next Generation Sequencing Data''**, BMC Bioinform, 15, 356 (2014).
8- Briggs, A. W. et al. **''Patterns of damage in genomic DNA sequences from a Neandertal. Proc''**, Natl. Acad. Sci. USA 104, (2007), p. 14161.
9- Gallego Llorente, M. et al. **''Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture in Eastern Africa''**, Science 350, (2015), pp. 820–822 .
10- Jonsson, H., Ginolhac, A., Schubert, M., Johnson, P. L. F. & Orlando, L. mapDamage2.0: **''fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters''**, Bioinformatics 29, (2013), pp. 1682–1684.
11- Skoglund, P., Store, J., G◌otherstr◌om, A. & Jakobsson, M. **''Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing''**, J. Archaeol. Sci. 40, (2013).
12- Francisco C. Ceballos, Peter K. Joshi, David W. Clark, Michèle Ramsay, and James F. Wilson**, ''Runs of homozygosity, windows into population history and trait architecture''**, 2018.
13- Martin Richards, Vincent Macaulay, Antonio Torroni, and Hans-Ju¨rgen Bandelt, **''In Search of Geographical Patterns in European Mitochondrial DNA''**, Am. J. Hum. Genet, 71:1168–1174, 2002.
14- Lavanya Rishishwar, and I. King Jordan, **''Implications of human evolution and admixture for mitochondrial replacement therapy''**, Rishishwar and Jordan BMC Genomics (2017) 18:140.
15- Christopher Meiklejohn, Deborah C.Merrett, David Reich, Ron Pinhasi, **''Direct dating of human skeletal material from Ganj Dareh, Early Neolithicof the Iranian Zagros''**.

16- M. Gallego-Llorente, S. Connell, E. R. Jones1, D. C. Merrett, Y. Jeon, A. Eriksson, V. Siska1, C. Gamba, C. Meiklejohn8, R. Beyer, S. Jeon, Y. S. Cho, M. Hofreiter, J. Bhak, A. Manica1, & R. Pinhasi, **''The genetics of an early Neolithic pastoralist from the Zagros, Iran**",

17- Lazaridis, I., D. Nadel, G. Rollefson, D. C. Merrett, N. Rohland, S. Mallick, D. Fernandes, et al. **''Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East''**.

18- Melinda A. Zeder, and Brian Hesse, **''The Initial Domestication of Goats (Capra hircus) in the Zagros Mountains 10,000 Years Ago''**, Science 287, (2000).

19- Henry Gray, **''The Temporal Bone, Anatomy of the Human Body''**, 1918.

20- Phillip A. Morin, Gordon Luikart, Robert K. **''Wayne and the SNP workshop group, ''SNPs in ecology, evolution and conservation''**, TRENDS in Ecology and Evolution Vol.19 No.4 April 2004.

21- Scientists find clue to why mitochondrial **DNA** comes only from mom.

22- Mitochondrial **DNA** – Your Mom's Story.

23- Richards, M. et al. **''Tracing European founder lineages in the Near Eastern mt DNA pool''**, Am. J. Hum. Genet. 67, (2000).