

# گوردہا اپنی تپ سسٹک

ترجمہ و تدوین  
بہزاد خوشحالی

کوردستان ایران نیست

# کورددها ایرانی نیستند

ترجمه و تدوین  
بهزاد خوشحالی

تابستان ۲۰۲۰  
فرانکفورت

# گوردها ایرانی نیستند

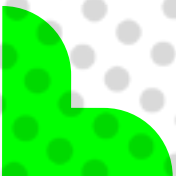


**Behzad  
Khoshhali**

 Behzad.Khoshhali

khoshhali.behzad@gmail.com

**BehzadKhoshhali.com**



# ژنتیک

M168-F\*M89: ~45.000 YBP:  
 Höchste Anteile: Ku-Tm: 41%, Ku-G: 12%, Ku-Tk: 11,5%, Za-Tk: 7,4%  
 M168-F\*M89-J\* (J1+J2): ~10-15.000 YBP,  
 Davon: J2\*M172: Höchster Anteil: Ku-G: 32%, dann: MK: 28,4%, Ku-Tm: 18%, Ku-Tk: 13,8%; J-p12f2\*: MK: 11,6%  
 M168-M89-I\*M170: ~20.000 YBP, M89-Arabische Halbinsel-West/Türkei  
 I\*M170: Höchster Anteil: Za-Tk: 33,3%, dann: Ku-Tk: 16,1%  
 M168-F\*M89-G\*201: ~10-20.000 YBP: SW-Asien/Indien, West über P15  
 G\*M201: eher geringe Anteile: Za-Tk: 3,7%, Ku-Tk: 2,3%  
 M168-F\*M89-K\*M9: ~40.000 YBP, Arabische Halbinsel-Himalaja  
 K\*M9: Bisher nachgewiesen in: Ku-Tk: 12,7% und Ku-G: 8%  
 M168-F\*M89-K\*M9-P\*M45: ~35-40.000 YBP, Zentral-Asien Track  
 P\*M45: Ku-Tk: 5,7%, Ku-G: 4%, Za-Tk: 3,7%  
 M168-F\*M89-K\*M9-P\*M45-R\*: großer R\*-Clan: ~35/30.000 YBP:  
 Untergruppen: R\*M207, R1\*M173, R1a1\*M17, R2\*M124)  
 R\*M207: Stammlinie R\* bisher in Kurden nicht gefunden, nur Sub-Verzweigungen:  
 R1\*M173: ~35.000 YBP: Hoch: Ku-Tm: 29%, dann: Za-Tk: 11,1%, Ku-Tk: 4,6%  
 R2\*M124: ~25.000 YBP: sehr hoch: Ku-G: 44%, ferner: Ku-Tk: 8,0%  
 R1a1\*M17: ~10.000: Hoch: Za-Tk: 25,9%, dann: Ku-Tk: 12,7%, MK: 11,6%, Ku-Tm: 12,0%

دانشگاه تکراس در پژوهش‌های خود نشان می‌دهد کوردها نه ایرانی هستند نه آریایی. این انستیتو با بررسی کدهای ژنتیک گروه‌های اتنیک‌ی خاورمیانه، بیشترین تشابه کوردها را با یهودی‌ها و ارمنی‌ها می‌داند. یافته‌های پژوهش نشان می‌دهند که قرابت ژنتیک کوردها و یهودی‌ها بیش از یهودی‌ها و عرب‌ها، و همچنین کوردها و دیگر همسایگان قومی آن‌ها (یعنی فارس‌ها، عرب‌ها و ترک‌ها) است.

«مرکز جهانی تحقیقات ژنتیک شناسان جمعیتی» در یافته‌های خود نشان می‌دهد خاستگاه کوردها در شمال هلال حاصلخیز است.

این کد نشان می‌دهد که کوردها ایرانی نیستند و از آریایی‌ها منشعب نشده‌اند. براساس یافته‌های «مرکز جهانی تحقیقات ژنتیک» و همچنین «انستیتو ماکس پلانک»، کوردها نه ایرانی هستند و نه از آریایی‌ها منشعب شده‌اند. به باور این پژوهشگران، محال است کوردها ایرانی یا آریایی باشند.

«پروفسور آرنا ویلنا» در پژوهش مشترک خود با «پروفسور علی اکبر امیر زرگر» عضو «دپارتمان ایمونولوژی دانشگاه تهران» با بررسی ژنتیکی ۷۰ نمونه از کوردها ثابت کرده‌اند خاستگاه کوردها شرق مدیترانه است. این پژوهش در ایران هرگز اجازه‌ی چاپ و نشر نیافت.

5 دیوید کوماس، "آریلا اوپنهایم"، "آلموت نبل" و همچنین "مارینا فائرن" با اشاره به یافته‌های خود، خاستگاه کوردها را جنوب شرقی آناتولی، شمال بین النهرین و منطقه‌ی زاگرس می‌دانند.

6 DNA و کروموزوم Y کوردها نشان می‌دهند که ۶۰٪ شناسه‌ی ژنتیک 1z و 2J غالب است و این نسبت تنها در کوردهای ساکن زاگرس مرکزی وجود دارد و آن‌ها را از سایر اقوام ساکن ایران متمایز می‌سازد.

7 یک نتیجه‌گیری قابل تامل دیگر در حوزه‌ی ژنتیک جمعیت نشان می‌دهد که منشاء کوردها نمی‌تواند هندواروپایی باشد چون وجود و ترکیب ژنتیک آن‌ها بدون تردید، هزاران سال پیش از ساختار ژنتیکی اثبات شده‌ی هندواروپایی‌ها قدمت دارد.

8 یافته‌های مشترک پژوهشگران مرکز جهانی مطالعات ژنتیک جمعیت نشان می‌دهند ساختار ژنتیکی کوردها از بیش از ۱۱۰۰۰ سال پیش در شمال هلال حاصلخیز و چندین هزار سال پیش از وجود هندواروپایی‌ها در این منطقه قابل اثبات است.

همچنین هیچ دلیل قابل اثباتی در حوزه‌ی زبان‌شناسی وجود ندارد که بتوان براساس آن، کوردها را ایرانی دانست.

9 پژوهشگران ارشد مرکز جهانی پژوهش‌های ژنتیک جمعیت از جمله "پروفسور ریچارد ویلمز" در "مرکز بیوسنتر تارتو" با قاطعیت این فرضیه را رد کرده‌اند که آریایی‌ها بنیانگذاران تمدن در این منطقه بوده‌اند چون به لحاظ تاریخی نسبت به ساکنان بومی یعنی کوردها متاخرتر بوده‌اند.

10 پژوهش‌های مرکز جهانی ژنتیک جمعیت، موضوع دیگری را هم نشان می‌دهند:

تمام کسانی که به زبان کوردی سخن می‌گویند یک ساختار مشترک ژنتیکی دارند. «پروفسور گرنوت. ال. وینتفور» رییس "مرکز تحقیقات ایران شناسی" در «مرکز پژوهش‌های شرق نزدیک» در «دانشگاه آن. آربور» ایالات متحده‌ی آمریکا نشان می‌دهد ترکیب کوردها به لحاظ زبان شناختی و ژنتیک این گونه است:

- کوردهای شمال (کرمانجی)
- کوردهای مرکز
- کوردهای ساکن جنوب شرقی حوزه‌ی جغرافیایی کردستان بزرگ شامل:
  - لک‌ها ● لر‌ها ● بختیاری‌ها ● بویراحمدی‌ها
  - کهگیلویه ● زازاها در شمال کردستان

- گورانی شامل: ● هورامی ● کرمانشاهی
- باجلانی (در شرق موصل)



### توضیح:

1 این یافته‌ها نشان می‌دهند که تاریخ تحریف شده‌ی ملت کورد، از نو باید نوشته شود.

2 سهل انگاری ما کوردها در بی توجهی به پژوهش‌های علمی و همچنین تلاش‌های نظام سلطه برای ایرانی نشان دادن کردها، مهم‌ترین دلایل برای پذیرش این جعلیات تاریخی بوده‌اند. 3 نتایج کامل پژوهش‌های انجام شده در چند ماه آینده به طور کامل در دسترس علاقه مندان قرار خواهد گرفت.

# گوردها و ژنتیک جمعیتی

نتایج بررسی‌های ژنتیک جمعیتی نشان می‌دهند خاستگاه کوردها گروه‌هایی چندقومی-فرهنگی از کشاورزان، دامداران و چوپان‌های دوران نوسنگی هستند که دستکم بین ۱۱۵۰۰ تا ۵۵۰۰ سال پیش از میلاد مسیح، در سرزمین‌های شمال هلال حاصلخیز در خاورمیانه و اوراسیا، تمدن خود را بنیان نهاده‌اند، در جغرافیای کوردستان امروزی پراکنده شده و در گروه زبان‌های هندواروپایی، آموزش و توسعه یافته‌اند.

## بنیاد ژنتیک قومی:

mtDNA و Y-DNA از ۵۰۰۰۰ سال پیش از میلاد

کوردها یک ترکیب چندفرهنگی و چندقومی هستند که از امتزاج ساکنان بومی خاورمیانه و اوراسیایی‌ها ظهور کرده‌اند.

**YDNA:** از سوی دیگر در نگاه نخست، بررسی‌های دوران کنونی نشان داده‌اند که اجداد اولیه‌ی کوردها از سه شاخه‌ی قومی هستند که هرکدام مستقل از یکدیگر با گسترش خود به جهات مختلف جغرافیایی، توسعه یافته‌اند.

**نخست:** احتمالاً قدیمی‌ترین آن‌ها در درصدی از Y-DNA اما گروه کوچکتري از نسب پدری کوردها:

**خط سیریک:** YAP: ۵۰۰۰۰ E\*M۹۶ YBP: ۳۰-۴۰۰۰۰  
YBP خط سیر انسان اولیه/آفریقا-خاورمیانه‌ای-مدیترانه‌ای:  
M168-YAP-M96-M35

**mtDNA:** بررسی ریشه‌ی مادری کوردها، براساس پژوهش‌های انجام شده بر روی زنان قبایل کورد، نشان می‌دهد ریشه‌ی ژنتیک آن‌ها از L۳ آفریقا و در مرحله‌ی بعد، یعنی دوران متأخر، بخش‌های بزرگی از خاورمیانه و شرق آسیا و ساکنان کنونی اروپا است. مشخصه‌ها و ویژگی‌های مورد بررسی ژنتیک کوردها به ندرت نشان می‌دهد که آن‌ها ریشه‌ی وراثتی یا mtDNA با کد U۵ داشته باشند.

همچنین بررسی‌های ژنتیک قومی تا به امروز ثابت نموده‌اند که فرض وجود کوردها در این منطقه، از ۵۵۰۰۰ سال پیش از میلاد مسیح، اثبات شده است.

### خط سیر انسان اولیه/آفریقا-آسیایی: M168-M13

0, با C\*M130 همه‌ی شاخه‌های آسیایی آفریقا-شبه جزیره‌ی عربستان-SW- آسیایی-استرالیایی (قبایل ساحل نشین، که به طرف خلوص بیشتر رفته‌اند)

**دوم: خط سیر ۳:** "انسان اولیه‌ی اوراسیایی"، گروه اصلی، نیاکان کوردها تا به امروز که به وضوح، تسلط ژنتیکی دارند، و نیای پدری آن‌ها قبایلی است که ریشه‌ی آن‌ها به انسان اولیه‌ی اوراسیایی بازمی‌گردد.

یک زیرشاخه از شاخه‌ی آفریقایی M168 مربوط به خط مهاجرت بزرگ F\*M89 به سوی آسیا و اروپا نیز می‌توان شناسایی کرد. از این رو، کوردها به واسطه ژنتیک جمعیت در خط جدایی نیاکان نیز بیشتر به عنوان فرزندان و خویشاوندان گروه‌های انسان اولیه‌ی اوراسیایی (M۱۶۹-F\*M۸۹) توصیف شده‌اند.

همراه با مهاجرت قبایل از آفریقا به شمال این قاره و

### Y-DNA نسب کوردها از خط سیر: C\*M۱۳۰ و YAP-E\*M۹۶

50000YBP: YAP: C\*M130: 1,1-3,7%  
50000YBP:YAP: 50000, E\*M96: 30-40000: 11,1-11,5%  
YAP-E\*96  
در مورد کورمانج‌ها و زازاکی‌هایی که به ترکی صحبت می‌کنند. Y-DNA اجداد کوردها از خط غالب M89:  
M168-F\*M89: 45000 YBP  
Hochste Anteile: Ku-Tm: 41%, Ku-G: 12%, Ku-Tk: 11,5%, Za-Tk: 7,4%  
M168-F\*M89-J\*(J1+J2): 10-15000YBP  
Davon: J2\*M172: Hochster Anteil: Ku-G: 32%, dann: MK: 28,4%, Ku-Tm: 18%, Ku-Tk: 13,8%, J-p 12f2\*: MK: 11,6%  
M168-M189-I\*M170: 20000YBP, M89-Arabische Halbinsel-West/Turkei  
I\*M170: Hochster Anteil: Za-Tk: 33,3%, dann: Ku-Tk: 16,1%  
M168-F\*M89-G\*201: 10-20000YBP: SW-Asien/Indien, West uber p15  
G\*M201: eher geringe Anteile: Za-Tk: 3,7%, Ku-Tk: 2,3%  
M168-F\*M89-K\*89: 40000 YAB, Arabische Halbinsel-Himalaja

سرزمین‌های عربی، که آثار ژنتیکی آن در Y-DNA کوردها وجود دارد شالوده‌ی ژنتیک قومی چندفرهنگی کوردها را در خاورمیانه و اوراسیا تشکیل می‌دهند.

• با بررسی این گستره‌ی زمانی، ر.سپنسر ویل، ژنتیک‌شناس جمعیتی، یک پنجره‌ی بزرگ تاریخی را از ۷۹۰۰۰-۳۱۰۰۰ پیش از میلاد، به روی ما می‌گشاید. درآمدی بر تمایز جمعیت‌ها از دوران نئولیتیک تا ۱۱۰۰۰ سال پیش از میلاد.

• شالوده‌ی چندفرهنگی از این ژنتیک قومی، یعنی خط منفرد Y-DNA تکامل و گسترش یافته است، و ژن غالب کوردهای امروزی ساکن کوردستان، همان است که از ۱۱۰۰۰ سال پیش از میلاد در دوران نوسنگی برجای مانده است.

• در این چرخه‌ی حیاتی ژنتیک قومی 40%: J2+J1, عمدتاً غالب نسبت به 28,4%: J2\*M172 بیش از R-Clns غالب است و به همین ترتیب، I\*M170 به میزان 16,8% و به میزان پایین‌تر یعنی 7,4% خط سیر آفریقا-خاورمیانه‌ای E3bM35 وجود دارد.

• اکنون وقت آن رسیده است که نسب کوردها و توسعه‌ی تکاملی ایشان را براساس پژوهش‌های ژنتیک و جمعیت و نیز براساس قدمت و بزرگی سهم‌های وراثتی نشان دهیم:

k\*89: Bisher nachgewiesen in: Ku-Tk:12,7% und Ku-G: 8%

M168-F\*M89-K\*M9-P\*M45: 35-40000 YBP, Zentral-Asien Track

P\*M45: Ku-Tk: 5,7%, Ku-G:4%, Za-Tk: 3,7%

M168-F\*M89-K\*M9-P\*M45-R\*: Grosser R\*-Clan: 35/30000 YBP

Untergruppen: R\*M207, R1\*M173, R1a1\*M17, R2\*M124)

R\*M207: تنه‌ی خط R\* در کوردها یافت نشده است همچنین:

R1\*M173: 35000 YBP: Hoch: Ku-Tm: 29%, dann: Za-Tk: 11,1%, Ku-Tk: 4,6%

R2\*M124: 25000YBP: Sehr hoch: Ku-G: 44%, ferner: Ku-Tk: 8,0%

R1a1\*M17: 10000; Hoch: Za-Tk: 25,9%, dann: Ku-Tk: 12,7%, MK: 11,6%, Ku-Tm:12,0%

### خویشاوندی نزدیک کوردها و یهودی‌ها

در تازه‌ترین پژوهش‌های بین المللی، ژنتیک شناسان شناخته شده‌ای چون "آریلا اوپنهایم" (Ariella Op-) (Penheim)، "آلموت نیبل" (Almut Nebel)، و "مارینا



یهودی‌ها و بستگان ژنتیکی آن‌ها براساس "CMH" وجود نداشت اما در پژوهش‌های امروزی موضوع "هاپلوتایپ مدل کوهن" به عنوان یک فاکتور طلایی شناخته شده و همزمان یک معیار برجسته برای پژوهش‌ها به شمار می‌آید.

• مساله‌ی قرابت ژنتیکی کوردها و یهودی‌ها هنگامی روشن‌تر می‌شود که بدانیم کوردها یک مشخصه‌ی متمایز دارند که آن را "مدل هاپلوتایپ کوردی" (KHM) یا روشن‌تر "مدل هاپلوتایپ کوردهای مسلمان" (MKHM) می‌نامیم؛ مشخصات وراثتی متاخرتر براساس خط سیر J2\*-M172، J که در جزییات بسیار ریز (Mikrosatelliten -Loci) با "CMH" متفاوت است:

CHM Cohen model haplotype:

14-16-23-10-11-12

KHM(MKMH) Kurdish model haplotype:

14-15-23-10-11-12

یک قرابت ژنتیک نظیر آنچه میان کوردها و یهودی‌ها وجود دارد بین سایر اقوام و گروه‌های خاورمیانه و اوراسیا نیز کمابیش می‌توان یافت. اما براساس داده‌های فوق و پژوهش‌های انجام گرفته، کوردهای امروزی، علاوه بر آنکه خط سیر ژنتیکی منحصر به خود دارند خط ژنتیکی کهن آن‌ها نیز بسیار نزدیک به یهودی‌ها و مشابه آن‌هاست.

کوردها همچنین در یک فاکتور وراثتی دیگر تکامل پیدا کرده‌اند که به صورت تیپیک متعلق به آن‌هاست و آن، خط Y-DNA, J2\*M172 است که تنها در یک بخش بسیار کوچک و به اندازه‌ی شش "Mikrosatelliten -Loci" از سیر دوم KM/MKHM, 15 im CMH, 16m مدل کوهن و

فائرن (Marina Faerman) در اسرائیل، به شواهدی قابل توجه دست یافته‌اند. براساس این مطالعات، کوردها بیشترین مشابهت ژنتیکی را با "یهودی‌ها" دارند. در این تحقیقات به موضوع جالب دیگری اشاره شده است که قرابت ژنتیک یهودیان به کوردها بیشتر از شباهت آن‌ها به اعراب همسایه‌ی آن‌هاست. این خصوصیت نزدیکی کوردها و یهودی‌ها در دو سیر ژنتیکی Y-DNA J-lineie (\*J-P12f2) ردیابی شده است.

• در اوایل دهه‌ی نود میلادی قرن بیستم، یک پژوهشگر دیگر اسرائیلی، تحقیقات خود را بر روی قدیمی‌ترین Y-DNA J LINE بر زمینه‌ی \*J-P12f2 آغاز کرد. از نگاه یهودی‌ها، یک هاپلوتایپ وجود دارد که براساس متون تورات، "کوهن" نامگذاری شد و با ورود آن به دانش ژنتیک، به نام "CMH" یا "هاپلوتایپ مدل کوهن" ثبت شد. (رژنتیک یک هاپلوتایپ (هاپلوتایپ عبارت است از ترکیبی از ژن‌های هم‌ردیف در مکان‌های مختلف روی کروموزوم که همراه با هم منتقل می‌شوند).

• براساس "مدل کوهن"، سهم درصد ژنتیک، میان گروه‌های مختلف یهودی‌ها شناسایی و ثبت شد. پژوهش‌ها در مرحله‌ی بعد نشان داد که "CMH" نه تنها ویژگی مشترک همه‌ی یهودی‌ها است بلکه در گروه‌های قومی دیگر -اگرچه به میزان کمتر- وجود دارد. براساس نتیجه‌گیری‌ها، بیشترین مقدار "کوهن" پس از یهودی‌ها، در کوردها، ارمنی‌ها و اعراب فلسطینی وجود دارد. هاپلوتایپ کوهن، به میزان کمتری در ایتالیایی‌ها و مجارها نیز شناسایی شده است که این مساله البته به مهاجرت از خاورمیانه به اروپا نسبت داده شده است. • در مطالعاتی که پیش‌تر انجام شده بود امکان تعیین میزان اطلاعات نسبت به مبدا و پیدایش افراد مانند



متون مندرج در تورات با یهودیان تفاوت دارد.

## نزدیکی ارمنی‌ها به دایره‌ی خویشاوندی کوردها و یهودی‌ها

براساس آخرین پژوهش‌ها که تحقیقات در مورد بخش‌های تکمیلی آن هنوز هم در جریان است ارمنی‌ها به لحاظ قرابت ژنتیکی، خویشاوند نزدیک کوردها و یهودی‌ها هستند. در سال‌های اخیر مطالعات تیم جمعیت‌شناس وراثتی اسرائیلی توسط "نیبل" و همکاران (2001-2007)، محققانی چون "لون بیسکوپوزیان" در موسسه‌ی انسان "ایروان" را برانگیخت که مطالعات ژنتیک خود را به این بخش-یعنی خویشاوندی کورد-یهودی-ارمنی" هدایت کنند. وی در تجزیه و تحلیل‌های بین رشته‌ای خود در مورد خاستگاه کوردها به نتایج جالب توجهی دست پیدا کرد که اکنون بخش‌هایی از آن در دسترس است. مهمترین نتایج این پژوهش را در اینجا آورده‌ایم:

"CMH" یهودی در بررسی چندین نمونه از ارمنی‌ها یافت شد:

- به طور متوسط ۲٪ از فاکتور کوهن در نمونه‌ی ۱۲۸۸ یافت شد. همچنین بیشترین مقدار (یعنی ۳٪) "CMH" در ارمنی‌های غرب ارمنستان گزارش شده است.
- در ارمنی‌ها همچنین به میزان ۷/۴٪ هاپلوتا‌یپ کوردهای مسلمان وجود دارد.
- ایزدی‌ها در ارمنستان همچنین دارای هر دو فاکتور "CMH" و "KMH/MKMH" به صورت توامان هستند.
- ایزدی‌ها: دیتای ترکیبی هاپلو گروه ۹  
=J-p12f2\*(Eu9)J2-M172:(Eu-10
- "CMH" مشاهده شده در ایزدی‌های ساکن ارمنستان به میزان ۲٪ است.
- "KMH/MKMH" در ایزدی‌های ساکن ارمنستان به میزان ۹۱٪ گزارش شده است.

### ترتیب جغرافیایی:

خاستگاه (نشأت گرفته) از شمال هلال حاصلخیز

### شناخت بیشتر از تحقیقات ژنتیک:

ریشه‌ی جغرافیایی کوردها به شمال هلال حاصلخیز بازمی‌گردد. این عبارت، الهام بخش ژنتیک شناسان جمعیتی چون "دیوید کوماس"، "آریلا اوپنهایم"، "آلموت نیبل" و مارینا فائرمین" برای پژوهش بر روی نیاکان کوردها بوده است.

در مورد جغرافیای کوردها، این پژوهشگران به جنوب شرقی آناتولی، شمال بین‌النهرین و کوهپایه‌های زاگرس

اشاره می‌کنند. همچنین یک پیوسته گی جغرافیایی در امتداد خطی که از جنوب شرقی مدیترانه تا شمال شرقی قفقاز کشیده شده است به عنوان بخشی دیگر از جغرافیای سرزمینی محل سکونت کوردها شناخته می‌شود. ویژه آنکه ژنتیک بستگی کوردها، یهودی‌ها و ارمنی‌ها، در این جغرافیا با خط عمدتاً غالب "Y-DNA" که در آن "J1" دارای روند کاهنده و J2 دارای روند فزاینده است کاملاً مشخص و متمایز از دیگر مناطق جغرافیایی است. ماکزیمم این مقدار ژنتیکی که حجم آن به بالاتر از ۶۰٪ می‌رسد در سکونتگاه کوردها در زاگرس مرکزی مشاهده شده است (نیبل و دیگران، ۲۰۰۷).

### خاستگاه ژنتیک چندقومی

نمی‌توان گفت کوردها از تنها یک واحد پدر منفردنشأت گرفته‌اند. به طور کلی مطالعات موجود ژنتیک نشان می‌دهند که مردمانی چون کوردها، یهودی‌ها، ارمنی‌ها و نیز اعراب، دارای یک نیای مشترک از فرهنگ اولیه‌ی خاورمیانه و اوراسیا بوده و از اجداد مشترکی ظهور یافته‌اند.

به باور ژنتیک شناسان جمعیت، منشا کوردها به چند عامل وابسته است. از این رو فرض ژنتیک کوردها را تنها براساس یک وراثت چندقومی می‌توان پایه گذاری کرد. بر همین اساس، کوردها را همچنان که پیش از این نیز به این نام شناخته‌ده‌اند باید یک ملت چندفرهنگی دانست. همچنین اینکه منشا زبانی کوردها از یک تک شجره باشد یا به یک نسب واحد بازگردد با استفاده از ستانده‌های قابل اعتماد و اتکا، بارها توسط ژنتیک شناسان جمعیتی رد شده است.

نیز دانش ژنتیک‌شناسی جمعیتی با بررسی‌های خود نشان می‌دهد نه یهودی‌ها (و همچنین عرب‌ها) نسب واحد ابراهیمی براساس آنچه در کتاب مقدس گفته می‌شود ندارند و کوردها نیز از این قاعده مستثنا نیستند به این معنا که هیچ ادعایی در مورد اینکه کوردها از یک قبیله تشکیل شده‌اند و به یک شخص باز می‌گردند قابل پذیرش نخواهد بود.

### کوردها ایرانی نیستند، نسب آریایی‌ها هم ندارند

نتایج بررسی‌هایی که تا پیش از این انجام گرفته بود بر این باور بودند که کوردها خاستگاه ایرانی دارند اما براساس پژوهش‌های اخیر ژنتیک شناسان قومی، کوردها ایرانی نیستند. همچنین ژنتیک شناسان جمعیتی، تاکنون به هیچ سرنخی در مورد اعتبار آنچه گروه‌های آریایی نامیده می‌شوند دست نیافته‌اند. نیز هیچ مدرک قابل استناد علمی به لحاظ زبان شناختی نمی‌توان یافت که بتواند خاستگاه کوردها را از شرق ایران و جایی که به اصطلاح، مکان ظهور هندو-آریایی هاست به اثبات برساند.

# گوردها ایرانی نپسند، نسب آریایی‌ها هم ندارند





اولیهی "شمال هلال حاصلخیز" -هزاران سال پیش از هندو-اروپایی‌ها- بوده اند. بنابراین کوردها ساکنان بومی شمال حاصلخیز پیش از آمدن هندو-اروپایی‌ها بوده‌اند و این ادعا براساس شواهد ژنتیکی به دست آمده کاملاً روشن است.

پاسخ به این پرسش نیز که کوردها پیش از هندو-اروپایی‌ها چارچوب زبان شناختی خود را داشته‌اند در بخش‌های بعدی این پژوهش به عنوان یک مطالعه‌ی میان-رشته‌ای مورد بررسی قرار خواهد گرفت.

### ترکیب بندی ژنتیک "بافتار کوردها"

علاوه بر بررسی داده‌های قابل قبول در ژنتیک جمعیتی، پژوهشگرانی چون "گرنوت ویندفور" با استفاده از ژنتیک قومی، به بررسی زبانی زیرگروه‌های مختلف زبان کوردی پرداخته‌اند. مفهوم بافتار کورد، توسط "گرنوت ال. ویندفور" در بخش مطالعات ایران شناسی "دپارتان مطالعات خاورمیانه" دانشگاه "آن.آرپور" به کار فته است. ویندفور آنچه را که بافتار کوردها نامیده است این گونه تعریف می‌کند:

۱: کورد: ● الف: کورد شمال / کورمانجی ● ب: کورد مرکز ● پ: کورد جنوب، لر، بختیاری، بویراحمدی، کهگیلویه و کوردهای جنوب زاگرس

براساس پژوهش‌های پروفیسور "ریچارد ویلمز" از "مرکز بیوسنتر استونی" در "تارتو" و ادامه‌ی این پژوهش‌ها برای بررسی فرضیه‌ی "وجود مردمان آریایی به عنوان یک گروه بزرگ جمعیتی که بر بنیاد تمدن هندی شکل گرفته باشد" مشخص شد که هیچ نشانه‌ی علمی که بر چنین موضوعی دلالت کند وجود ندارد.

### کوردها منشاء هندو-اروپایی ندارند

یک نتیجه‌ی مهم دیگر ژنتیک‌شناسی جمعیتی این است که کوردها نمی‌توانند هندو-اروپایی باشند زیرا وجود آن‌ها هم به لحاظ دانش ژنتیک و هم زبانی که بدان صحبت می‌کنند به هزاران سال قبل و بسیار پیش از هندو-اروپایی‌ها باز می‌گردد.

همچنین این فرضیه که گویا زبان کوردها منشاء هندو-اروپایی داشته و زبانی است که به دلیل مهاجرت کوردها از شرق ایران امروزی به جغرافیای کنونی کوردها منتقل شده است فاقد هرگونه مستندات ژنتیک جمعیتی و علم زبان‌شناسی است.

براساس پژوهش‌های بین المللی محققانی چون "دیوید کوماس"، "آریلا اوپنهایم"، "آلموت نیبل"، و "مارینا فائرن"، کوردها از بیش از ۱۱ تا ۱۰۰۰۰ سال پیش، ساکنان

۲: زازا ۳: گورانی: الف: هورامی • ب: کرمانشاهی • ج: باجلانی شرق موصل

## برخی توضیحات اولیه برای ورود به بحث

لهجه‌های مختلف زبان کوردی که کوردها بدانها سخن می‌گویند علاوه بر آنکه نمایان گر یک خاستگاه وراثتی مشترک هستند به لحاظ ترکیب زبانی هم با یکدیگر، از یک پیوستگی بنیادین برخوردارند. این نشان می‌دهد که ژنتیک قومی مورد بررسی، متعلق به یک گروه از مردمان (کوردها) و نه گروه‌هایی مختلف است. اگرچه ذکر این نکته ضروری است که این وابستگی و رابطه‌ی متقابل را نمی‌توان به تمام لهجه‌های کوردی تعمیم داد چون پژوهش‌های علمی، تنها به بررسی و مقایسه‌ی نمونه‌هایی از کورمانجی‌ها و زازاکی‌ها پرداخته و پیوستگی مورد نظر را به اثبات رسانده اند. از سوی دیگر و براساس مطالعاتی جداگانه‌ی دیگری که روی کوردها انجام گرفته این پیوستگی میان کوردهای ساکن شمال عراق (باشور) و "ایزدی"‌های ساکن تورکیه (باکوور) به اثبات رسیده است. این پیوستگی همچنین میان کوردهای ساکن ایران (رۆژه‌لآت)، کوردهای ساکن تورکیه (باکوور) و نیز کوردهای ساکن گرجستان تایید شده است. با این وجود نمی‌توان به سادگی به یک طبقه بندی ژنتیک با در نظر گرفتن تمام جزئیات اشاره نمود. اما شناخت موارد ذیل محتمل است:

تمامی نشانگرهای "ترکیب کوردها" که پیش از این در مورد نیاکان کوردها مورد آزمون و پژوهش قرار گرفته‌اند نشان می‌دهند دو تیپ برجسته از Y-DNA را نشان می‌دهند:

R (R1\*M173 und R1a1-M17)

و

J (J2-M172)

و تا حدی

J1-Clans

اما در J-Clans یک استثنای بزرگ وجود دارد:

در زازاها تاکنون شواهدی دال بر وجود J2-M172 گزارش نشده که این تمایز نشان می‌دهد توسعه‌ی زازا در مسیری جداگانه از ترکیب کوردها Kurdischen Komplexes بوقوع پیوسته است. برای توضیح مساله، این گونه استدلال می‌شود که "زازا"ها توانسته‌اند روند هندوآریایی خود را از زمان "میتانی"ها تاکنون حفظ کنند.

اما براساس پژوهش‌هایی که در بخش‌های بعدی به

آن اشاره خواهد شد "زازا"ها بر خلاف آنچه پیشتر گفته می‌شد مهاجرانی از جنوب دریای خزر نیستند که به جنوب شرقی آناتولی کوچ کرده باشند. آن‌ها با کوردها تفاوتی ندارند. همچنین زازاها را نمی‌توان به صرب‌های اسلاو که امروزه در آلمان زندگی می‌کنند نسبت داد. این موضوع توسط یک تیم پژوهشی از "انستیتو ماکس پلانک" (Max Planck Institutes) در "لایپزیک" (2005) ثابت شده است. در نهایت، یک نمایه‌ی ژنتیک قابل مقایسه در کنار وجود جزئیات مشترک میان گروه‌های مختلف کورمانجی زبان را می‌توان مشاهده و رصد کرد. (کورمانج‌های ساکن تورکیه، عراق، گرجستان و ترکمنستان) اگرچه طبقه بندی آن‌ها براساس داده‌های موجود "ژن" در نهایت غیرممکن می‌نماید. مهمترین دلیل آن است که نمونه‌های ثبت شده تنها بخش‌هایی از J2-M172 متعلق به شاخه‌ی J-PI242\*(J1+J2) را نشان داده اند. همچنین به میزان اندکی متمایز از ال هستند. و این موضوع از آن جهت دارای اهمیت است که گروه‌های متعلق به ال، دارای پیوندهای اولیه با فورماسیون زبان‌های سامی هستند. تنها استثنای این نمایه براساس پژوهش‌های محققان ژنتیک اسراییلی، "کوردهای مسلمان" (muslimische kurden) امروزی ساکن شمال عراق هستند که ال آن‌ها بیش از ۱۰٪ ثبت شده است. علاوه بر ژنتیک خاصی که در نزدیکی یهودیان و کوردها وجود دارد این امر همچنین می‌تواند به تأثیرات اولیه "سامی"ها در کردستان، به ویژه در مورد کورمانجی‌ها وابسته باشد. نیز J2-M172 به طور عمده در کورمانجی یافت شده است. امروزه به نظر می‌رسد کورمانجی زبان‌ها تحت تأثیر نخبگان هندوایرانی شمال غربی ایران قرار گرفته‌اند اما این تأثیرگذاری بر "گورانی"ها هنوز به طور مشخص، روشن نیست. بر این اساس، "زازا" اشاره به نفوذ هندوآریایی‌ها و "کورمانجی" نیز اشاره به ایرانیان باستان دارد. در ادامه‌ی این پژوهش، به تفصیل به این موضوعات پرداخته خواهد شد.

از سوی دیگر، گورانی نمی‌تواند از یک چیز خاص به وجود آمده باشد (به عبارتی منحصر به فرد باشد) زیرا تحقیقات ژنتیکی جداگانه وجود ندارد.

همچنین مطالعات ژنتیک موجود آنچنان کافی نیستند که بینش اولیه‌ای در مورد بافتار کوردهای قفقاز و حاشیه‌ی جنوبی دریای خزر به دست دهند.

موضوع دیگری که بدان پرداخته خواهد شد آن است که داده‌های مورد پژوهش، اگرچه یک "شبکه‌ی بین منطقه ای" را به ذهن متبادر می‌کنند اما دلیل دیگری هم می‌تواند داشته باشد و آن ممکن است ناشی از تبعیدهای اجباری- عمدتاً از زمان "آشور" باشند.

تست‌های ژنتیک این واقعیت را علی‌العموم نشان می‌دهند که کوردها فاصله‌ی ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای با



دانش ژنتیک‌شناسی جمعیت همچنین بر این باور است که کوردها خاستگاهی از یک منطقه که امروزه ایران نامیده می‌شود ندارند. بنابراین، اطلاق نام کوردها به عنوان شهروندان شمال غرب ایران-همچنانکه امروز گفته می‌شود- دقیق نیست و به عبارتی دیگر گمراه کننده است.

### نقد متدیک و نتایج ملیتی-زبانی- ژنتیکی (Gene-Spreche-Volk)

در بررسی روش شناختی براساس مطالعات ژنتیک، و تنها براساس یک دیسپلین علمی، نمی‌توان به نتیجه‌ی قطعی در مورد خاستگاه و منشاء ملت‌ها دست پیدا کرد. همین موضوع در مورد زبان هم صادق است به ترتیبی که نمی‌توان تنها با تاکید بر شاخص‌های زبانی به این مهم، دست یافت. این مساله بالطبع در مورد کوردها نیز درست است و تنها نباید براساس یک معیار، اقدام به

غرب و شرق ندارند اگرچه نزدیکی ژنتیک آن‌ها به غرب بیشتر است. به عبارت دیگر، کوردها اگرچه منشاء اروپایی ندارند اما در نیای مادری آن‌ها می‌توان به عواملی اشاره کرد که ریشه‌ی آن‌ها را به اروپا گره می‌زند.

### خاستگاه چندقومی-چندفرهنگی نیاکان کوردها

از نقطه نگاه ژنتیک‌شناسان جمعیتی، کوردها اساساً اخلاف یک جمعیت چندقومی-چندفرهنگی در زیست بوم خود هستند و تمدن خود را از همان سرزمین خود بنا نهاده و تا به امروز تداوم بخشیده اند؛ تاریخی که براساس شواهد ژنتیک، به ۵۰۰۰۰ سال پی از میلاد مسیح اشاره دارد.

به لحاظ جغرافیایی، ژنتیک‌شناسی جمعیتی، بر ظهور و گسترش کوردها از مناطق شمال هلال حاصلخیز در شرق آناتولی به شمال بین‌النهرین و زاگرس تاکید می‌کند.

نتیجه‌گیری کرد. مثلاً اینکه گفته شود کوردها بخشی از ملت ایران هستند به این دلیل که به زبان ایرانی سخن می‌گویند به هیچ وجه درست نیست و از اعتبار علمی ساقط است. کوردها ممکن است به دلیل اقتضائات، مجبور شده‌اند بخشی از تاریخ خود را با ایران به صورت مشترک تجربه کنند. این موضوع در پژوهش حاضر لحاظ خواهد شد.

نتیجه آنکه کوردها یک ملت مستقل با ویژگی چندقومی-چندفرهنگی هستند که بخش‌های بزرگ‌تر آن‌ها در چارچوبی غیر از مرزهای ایران امروزی قرار گرفته‌اند و آن بخشی از کوردها نیز که در داخل مرزهای ایران قرار دارند- حتی اگر به زبان‌های ایرانی هم سخن بگویند- ایرانی محسوب نخواهند شد.

## کوردها و ژنتیک جمعیتی

آنجا که "ژن"ها و "زبان"ها داستان‌های متفاوتی می‌گویند

## مروری بر مطالعات انجام گرفته تاکنون

لوییجی لوکا کاوالی-سفورزا (Luigi Luca Cavalli-Sforza) و همکاران (۱۹۹۴): یافته‌های اساسی

یکی از نخستین و مهمترین مطالعات ژنتیک جمعیت که به پژوهش‌های این رشته در مورد کوردها پرداخته توسط "لوییجی لوکا کاوالی-سفورزا (متولد ۱۹۲۲ جنوا) در ابتدای دهه ۹۰ میلادی انجام گرفته است.

از وی به عنوان یکی از شناخته شده‌ترین و مشهورترین ژنتیک‌شناسان عصر حاضر در ایالات متحده نام برده می‌شود. کاوالی از سال ۱۹۷۰ به عنوان پروفیسور در رشته ژنتیک در دانشگاه "استانفورد" ایالت "کالیفرنیا" به تدریس اشتغال داشته است. در "آزمایشگاه ژنتیک جمعیتی انسان" (HPGL)-موسسه‌ای که زیر نظر او اداره می‌شود- پروژه‌ی بازسازی سیر تکامل ژنتیک انجام می‌شود. رییس دانشمندان مشغول به فعالیت در این موسسه "پیتر.آ. آندرهیل (Peter. A. Underhill) است. این دانشمندان، مجموعه‌ای از مشهورترین متخصصان ژنتیک‌شناسی جمعیتی از سراسر جهان هستند. تمرکز اصلی این پروژه‌ی پژوهشی، ترکیب دانش ژنتیک و زبان‌شناسی تاریخی با یکدیگر به منظور به دست آوردن فهم بهتر از خاستگاه و پراکندگی ملت‌ها است.

اگر چه کاوالی-سفورزا و تیم او هنوز مطالعات جداگانه‌ای در مورد کوردها ارائه نکرده‌اند، اما توانسته‌اند از آغاز دهه ۱۹۹۰ دانش ژنتیکی در مورد کوردها را به طور قابل توجهی

بهبود بخشند. مطالعات کاوالی-سفورزا به همراه پروفیسور "پ.منوزی" (P.Mennozi) و پروفیسور "آ. پیزا" (A. Piza) روی "تاریخ و جغرافیای ژن‌های انسانی" که از سال ۱۹۹۴ بارها چاپ و منتشر شده است اکنون مهمترین اثر مطالعاتی کاوالی-سفورزا به شمار می‌آید. کاوالی-سفورزا نتیجه می‌گیرد کوردهایی که امروزه در کوردستان زندگی می‌کنند به طور کلی همبستگی‌هایی به لحاظ ژنتیک با همسایگان خود در خاورمیانه دارند. او توضیح می‌دهد به رغم یک تاریخ پیچیده و وجود موزاییکی از زبان‌ها و فرهنگ‌ها یک خویشاوندی نزدیک ژنتیکی میان ملت‌های ساکن خاورمیانه وجود دارد. کاوالی-سفورزا براساس مطالعه روی ۱۸ ملت ساکن خاورمیانه نتایج خود را منتشر کرد. به لحاظ جغرافیایی، او از مفهوم خاورمیانه و همچنین آسیای غربی-به ویژه هنگامی که او در بررسی‌های خود به "ایرانی"ها اشاره می‌کند- استفاده می‌کند. او همچنین مطالعات خود در مورد ملت‌ها را براساس کشور مبدا "ایران" و "عراق" تعریف کرد اما به طور مشخص از کوردها نیز در پژوهش‌های خود نام برد. در این پژوهش همچنین از "اردن"، "لبنان"، و "ترکیه" به عنوان "کشورهای مبدا" (country of origin) نام برده می‌شود و از کوردها، آسوری‌ها، کاسپین‌ها، دروزها و بادیه نشین‌ها به عنوان "گروه خاصی از مردم" (specific groups of people) یاد می‌شود. در نتیجه ترمینولوژی به کار برده شده تا حدودی مبهم است. این ابهام به ویژه در به کار بردن عبارات "عراقی" و "ترکی" نیز مشهود است.

با بازبینی و دقت بیشتر در تحقیقات کاوالی-سفورزا این نکته روشن می‌شود که منظور وی از ترکی (Turkish)، اکثریتی از غیر ترک‌ها-به زعم ترک‌ها- هستند که از قرون وسطی به امپراتوری عثمانی مهاجرت کرده‌اند و همچنین مقصود از "عراقی"، عرب‌هایی هستند که امروزه ساکن آن بخش از این کشورند که در "جنوب عراق" قرار دارد و جمعیتی عمدتاً چندفرهنگی از مردمان بین النهرین شامل سامی‌ها و آسوری‌ها هستند.

در "عراقی"، کاوالی-سفورزا بستگی ژنتیکی کوردها را مشاهده کرد. او همچنین بر این باور است که مردمان خزنشین و گروهی خاص از گرجی‌ها همانند آسوری‌ها و اردنی‌ها به یک محیط ژنتیکی دیگر تعلق دارند، کوردها و "عراقی"ها در دایره‌ی بسته‌ی ژنتیک خود قرار دارند و متمایز از ترک‌ها و ایرانی‌ها هستند. کاوالی-سفورزا همچنین با بهره‌گیری از ویژگی‌های زبان‌شناختیک، بنیاد تحقیقات ژنتیکی خود را بر روی سه گروه زبانی "هندواروپایی" (کوردها و ایرانی‌ها)، "ترکی" (ترک‌ها)، و "سامی" (عراقی، اردنی، عرب لبنانی، آرامی-آسوری) قرار داد. کاوالی-سفورزا و تیم پژوهشی او همچنین ردپای ژنتیک کوردها را از قفقاز تا آناتولی و از آنجا به طرف بین النهرین و از بین النهرین به سوی دریاچه‌ی خزر و از آنجا

به سوی سرزمین‌های عرب و ایران در یک حوزه‌ی مشترک وراثتی شناسایی کردند.

کاوالی-سفورزا و تیم پژوهشی او همچنین ردپای ژنتیک مشترک کوردها را از قفقاز تا آناتولی و از آنجا به طرف بین‌النهرین و از بین‌النهرین به سوی دریاچه‌ی خزر و از آنجا به سوی سرزمین‌های عرب و ایران در یک حوزه‌ی مشترک وراثتی شناسایی کردند. آن‌ها همچنین ارتباط ژنتیک قومی و پروسه‌ی تکامل زبان شناختی این مردمان را نشان دادند. کاوالی-سفورزا اخیراً نظریه‌های گسترش و تکامل نیاکان کوردها را به نام آناتولی-کورژن (die Anatolien-und die Kurgen) ارائه نموده است. (۲۰۰۶)

«رینفریو» Renfrew می‌نویسد:

(... کشاورزان حدود ۹۰۰۰ سال پیش از آناتولی به اطراف پراکنده شدند، به زبان هندواروپایی سخن می‌گفتند...).

فرضیه‌ی او بر پایه‌ی این نظرگاه آمیرمن Ammerman و کاوالی 1984 بنیاد شده است که گسترش کشاورزی از هلال حاصلخیز در عصر نوسنگی نه فقط به دلیل توسعه‌ی ابزارهای کشاورزی بلکه همچنین با هدف حفظ زبان صورت گرفته است. این فرضیه‌ی رینفریو با انتقاد شدید زبان‌شناسان هندواروپایی مواجه شد... فرضیه‌ی او با دیدگاه‌های پیشین در تناقض بود... اکنون توسط باستان‌شناسی به نام "ماریژا گیمبوتاس - Marija Gimbutas نشان داده شده است که هندواروپایی‌ها با آغاز عصر برنز از حدود ۵۰۰۰ سال پیش از استپ‌های جنوب روسیه



(دنیپر به ولگا) به سوی اروپا مهاجرت نموده اند.

همچنان که گیمبوتاس (۱۹۸۵) ادعا می‌کند با خاستگاهی از اوکراین.

کاوالی-سفورزا (۱۹۹۴) و پیزا (۱۹۹۵) می‌گویند که فرضیه‌ی رینگریو و گیمبوتاس را نباید به عنوان یک شمولیت عام پذیرفت. استقرار استپی به وسیله‌ی کشاورزان دوران نوسنگی باید پس از شروع مهاجرت آن‌ها از آناتولی آغاز شده باشد و این پراکندگی از ۹۰۰۰ سال پیش از آناتولی و سپس در ۶۰۰۰ سال پیش، از مناطق مربوط به فرهنگ "یامنایا" (Yamnaya) شروع و پس از سپری شدن یک دوره‌ی ۳۵۰۰ ساله از مهاجرت آن‌ها از آناتولی به سوی ولگا-دون و از مسیر بالکان بوده است. (ساکنان نخستین فرهنگ یامنایا در نزدیکی دریای خزر و تا حوالی دریای سیاه زندگی کرده به دلیل نوع خاص مقابر و ارابه‌های چرخدارشان شهرت داشتند. این مردم همچنین از نوعی گویش اولیه زبان‌های هند و اروپائی استفاده می‌کردند)... بنابراین براساس فرضیه‌ی ما زبان هندواروپایی محصول دومین پراکندگی جمعیتی از جغرافیای فرهنگ یامنایا پس از کشاورزان نئولیتیک و احتمالاً از آناتولی آن هم به دلیل گسترش نومادیسیم شبانی (Pastoral Nomadism) بود است... بنابراین می‌توان دو ریشه برای زبان‌های هندواروپایی تعریف کرد: نخست براساس فرضیه‌ی رینگریو (۱۹۸۷) با خاستگاه خاورمیانه یا آناتولی و دیگری

اما با این وجود و از اواسط دهه‌ی ۹۰ میلادی، دیگر نمی‌توان ژنتیک شناسان جمعیت را یافت که چون گذشته، از کوردها به عنوان اقوام ایرانی یا مهاجرانی از آسیای مرکزی اشاره کنند. ژنتیک قومی اکنون دیگر به این قناعت رسیده است که کوردها بومی مناطقی از خاورمیانه هستند که جغرافیای کنونی کوردستان بزرگ است.

یک دلیل مهم این بود که کاوالی-سفورزا، در بررسی هاپلوگروپ L در کروموزوم Y گروه‌های قومی به یک نسبت







که مهاجران کرد هندواروپایی، از جغرافیایی هستند که امروزه، ایران نامیده می‌شود و استدلال او برای رد این ادعا این است که گویا کردها به زبان ایرانی سخن می‌گویند. کوشش‌های او برای اثبات این فرضیه که خاستگاه کردها از مدیترانه‌ی شرقی است یک آنتی تن بسیار مهم در برابر تئوری زبان شناختیک ایرانیسم به شمار می‌آید. همچنین به باور او کورد، اگرچه ریشه در خاورمیانه دارد اما در عین حال، یک پیوستگی روشن با غرب مدیترانه و اروپا نیز برای آن قایل می‌شود.

مهم‌ترین نتایج پژوهش‌های ژنتیک و زبان‌شناسی قومی "آنتونیو آرنایز ویلینا" را می‌خوانیم:

### ماتریال، متد و ترمینولوژی



اما تلاش‌ها برای یافتن ارتباط قومی و نژادی بین نیاکان پدری این گروه‌ها در خاورمیانه و اوراسیا که هریک زبان ویژه‌ی خود را دارند و به خصوص با هندواروپایی‌ها، هنوز به یک نتیجه‌ی علمی قابل اتکا نرسیده است و پژوهش‌ها در این مورد همچنان ادامه دارند.

با وجود ترکیب بندی متنوع و گستره‌ی وسیع هاپلوگروپ L، این نتیجه‌گیری به ذهن متبادر می‌شود که ممکن است تنوع زبانی از همان آغاز به وجود آمده و به تدریج توسعه و نفوذ پیدا کرده و در ادامه در یک جغرافیای ویژه، به صورت یک زبان، روند تکاملی خود را تداوم بخشیده باشد.

در بحث درباره‌ی ژنتیک قومی مردمانی با نسبت بالای هاپلوگروپ L و نیز کردها، یک توزیع واضح (به ویژه J۲\* و نیز J۱\*) از آناتولی، شمال بین النهرین، توروس/زاگرس تا آن بخش از جغرافیای کردها -که امروزه ایران نامیده می‌شود- دیده می‌شود اما این توزیع همناخت ژنتیکی، پس از مرز طبیعی کردها با ایرانی‌ها، دیگر مشاهده نمی‌شود. این موضوع، نتایج پژوهش‌های ژنتیک شناسان جمعیتی -در بررسی محتوای Y-DNA را بار دیگر مورد تایید قرار می‌دهد که اگرچه ممکن است مشابهت‌هایی به لحاظ فرهنگی قابل مشاهده و بررسی باشد اما ریشه‌های قومی و فرهنگی مشترک میان کردها و ایرانی‌ها وجود ندارد.

آنتونیو آرنایز ویلینا و همکاران (Antonio Arnaiz-Villena) "اوسکو مدیترانه‌ای‌ها (Usko-Mediterraneans)"

یک رساله‌ی تخصصی در مورد خاستگاه کردها توسط آنتونیو آرنایز ویلینا، رییس دپارتمان ایمنولوژی و زیست‌شناسی سلولی ملکولی در دانشگاه مادرید انجام شده است.

"آرنایز" در پژوهش‌های خود به دنبال توجیه درک این موضوع است که مردمانی مانند کردها متعلق به یک بن مایه از شرق مدیترانه هستند که وی آن را "اوسکومدیترانه ای" نامید. به باور وی، این گروه از مردمان به زبانی نیز سخن می‌گفته‌اند که آن را می‌توان یک زبان پیشا-هندواروپایی نامید. اجداد کردها در این گروه از مردمان، غالب بوده‌اند و این زبان اولیه، بعدها توسط یک پروسه‌ی زبانی پیشرو اوراسیایی-هندواروپایی جایگزین شد. به طور کلی این پژوهشگر، زبان‌های "اوسکومدیترانه ای" را در گروه مجموعه‌ی زبانی قفقازی قرار می‌دهد.

"آرنایز" در مطالعات خود به ویژه با بهره جستن از مؤلفه‌های زبان شناختیک، این باور را به چالش می‌کشد

“آنتونیو آرنایز ویلینا” آزمایش‌های خود را بر روی نمونه خون ۲۳۸ نفر در دانشگاه “استانبول” و همچنین ۳۰ نفر از کوردهای ساکن گرجستان در “تفلیس” انجام داد. نمونه‌های او در دانشگاه استانبول، مجموعه‌ای متنوع از تمام ساکنان آناتولی (from all over Antolia)، شامل بخش‌های شرقی (اما به غیر از افرادی که به زبان کوردی صحبت می‌کنند) بود. از آنجا که ترکیه، اجازه‌ی صحبت کردن به زبان مادری را در ادارات دولتی و موسسات به کوردها نمی‌دهد می‌توان اینگونه فرض کرد که از میان ۲۲۸ نمونه خون گرفته شده از موارد آزمایش شده، کوردهایی وجود دارند که مجبور به تکلم به زبان ترکی هستند. در ارزیابی و تشریح نمونه‌های مورد بررسی از ۲۲۸ اهدا کننده‌ی خون استانبول، “آنتونیو آرنایز ویلینا” اساساً از دو اصطلاح استفاده می‌کند که در معنایی وسیع تر، بر کوردها نیز دلالت می‌کند: “آناتولی”ها و “ترک”ها که منظور از آناتولی، همان کوردها هستند. او همچنین توضیح می‌دهد سلجوقیان به عنوان قبایلی آسیایی، در قرون وسطی به این مناطق آمده و بر آن تسلط یافته‌اند. (بنیاد ژنتیکی آناتولی، منشاء مدیترانه‌ای با کمترین تاثیر آلتایی است... احتمال بعدی، یک حالت ویژه است که “نفوذ نخبگی” می‌توان نام نهاد که گروهی از افراد با توانایی نظامی و فرهنگی بالاتر، به تدریج، بافت یک جامعه را به لحاظ وراثتی تحت تاثیر قرار می‌دهند... مشخصات ترکیه‌ی امروز، یک منشاء مدیترانه‌ای است که تفاوت آنچنانی با ویژگی‌های ژنتیک یهودی‌ها یا لبنانی‌ها ندارد... بعید است که ترک‌ها (آناتولی‌ها) به طور گسترده با مردم تحت کنترل آن‌ها در اروپا و یا در حوزه دریای مدیترانه اختلاط نژادی پیدا کرده باشند... ترک‌ها که از آسیای مرکزی (کوه‌های آلتایی) آمده بودند، در سال ۱۰۵۵ آناتولی را مورد حمله قرار دادند و سرانجام در سال ۱۴۵۳ استانبول را فتح کردند).

او براساس تعریف خود، در ابتدا به مردم محلی با ریشه‌های مختلف اشاره می‌کند که ساکن آناتولی و دیگر قسمت‌های ترکیه هستند. آرنایز همچنین از واژه‌ی “ایرانیان” نیز در این پژوهش استفاده می‌کند. در حقیقت، او در بررسی نمونه‌های مورد آزمایش، به شباهت‌های وراثتی آن‌ها با مردمانی دست پیدا می‌کند که در مرزهای جغرافیایی ایران امروز ساکن هستند. گستره‌ی ژنتیک قومی نمونه‌های مورد بررسی همچنین نشان دادند که گستره‌ی وراثتی، بسیار غنی بوده و فراتر از کوردها و آذری‌ها، فارس‌ها، پشتون‌ها در شمال شرق و بلوچ‌ها در جنوب شرقی ایران را نیز دربرمی‌گیرد. به باور او با وجود این تنوع فراوان، همیشه مشخص نیست که نشانی اصلی را از کجا باید گرفت.

براساس گزارش آرنایز، ۳۰ نمونه‌ی مورد آزمایش متعلق به

جامعه‌ی کردهای مقیم “تفلیس” در “گرجستان” هستند. این ۳۰ نفر کورد، همچنین توسط “نینا بندوکیدزه” (Nina Bendukidze) و همکاران (۱۹۹۶) در دانشگاه “پراگ” مورد مطالعه قرار گرفتند. علاوه بر آن، آرنایز، به همکاری با “علی اکبر امیر زرگر” (Aliakbar Amirzargar) در دیارتمان ایمنی‌شناسی دانشگاه تهران در پروژه‌ی “بررسی ۷۰ نمونه از کوردهای ساکن ایران در مورد ژن‌های HLA” پرداخت که نتایج آن، تاکنون چاپ و منتشر نشده است. به طور کلی روش آنتونیو آرنایز، براساس HLA-آنتی ژن لکوسیت انسانی- است که گلیکوپروتئین ایمونوگلوبولین‌ها در عشای سلولی هستند.

آرنایز-ویلینا در کار خود همه‌ی فرکانس، تنوع، فاصله و نزدیکی، را مورد بررسی قرار داد، از مدل‌های همبستگی بین نمونه‌های مورد بررسی استفاده کرد و مجموعه‌ی این عوامل را برای ارتباط داده‌ها با یکدیگر و همچنین ارتباط دادن آن‌ها با زبان‌شناسی و تاریخ به کار برد. روش‌های کاربردی آرنایز، در گزارش او به طور کامل توضیح داده شده است.

ابتدا نمونه خون افراد گرفته شد، سپس DNA تمام نمونه‌ها مورد بررسی قرار گرفت:

در نمونه‌ی مردها:

- الف: DNA ، کروموزوم شماره ۶، HLA
  - ب: DNA میتوکندریال از همه‌ی سلول‌ها
  - پ: DNA Y تمامی سلول‌ها
- در نمونه‌ی زن‌ها:

- الف: DNA ، کروموزوم شماره ۶، HLA
- ب: DNA میتوکندریال از همه‌ی سلول‌ها
- پ: در مورد زن‌ها، کروموزوم Y وجود ندارد.

پس از آن، آنالیز هر نمونه برای ردیابی نشانگرهای ژنتیکی (شماره ۲ برای زنان و شماره ۳ برای مردان) انجام گرفت.

نتایج اصلی پژوهش‌های  
آنتونیو-آرنایز-ویلینا به این شرح است:

- نخست: HLA-هاپلوتایپ کوردها غالباً هاپلوتایپ HLA  $\times$  مردم مدیترانه را نشان می‌دهند:  
“کوردها بیشتر هاپلوتایپ مدیترانه‌ای دارند:
- ( ۴ ) A-۳B-۳۵DR(۳/۶)
- به میزان (۳٪) در ارمنی‌ها یافت شد
- ( ۱۱ ) A-۲B-۵۱DR(۳/۶)

DQB1\*05031(10.0%), DQB1\*06(1.7%),  
DQB1\*0601(16.7%), DQB1\*0603(3.3%)

سه: فاصله‌ی ژنتیکی و تجزیه و تحلیل‌های مورد تایید:  
بنیادهای مدیترانه‌ی باستان

جدول: استاندارد **فاصله‌ی ژنتیکی** (SGD) میان ترک‌ها  
و سایر جمعیت‌ها (ضرب در توان دوم ۱۰) به دست آمده  
با استفاده از فرکانس آلل‌های HLA-DR,-SQ:

- یهودی‌های غیر اشکنازی (۰/۱۵)
- ارمنی‌ها (۰/۷۸)
- لبنانی‌ها (KZ) (۰/۱,۵۲)
- ایرانی‌ها (۲/۸۰)
- یهودی‌های اشکنازی (۳/۰۵)
- ایتالیایی‌ها (۳/۲۷)
- کرتی‌ها (۳/۸۵)
- لبنانی‌ها (NS) (۴/۵۵)
- کوردها (۵/۹۰)

### ناپیوستگی

- یهودیان (در مراکش) (۱۰/۵۶)
- پرتغالی‌ها (۱۱/۰۰)
- فرانسوی‌ها (۱۲/۳۹)
- الجزایری‌ها (۱۳/۲۷)
- مصری‌ها (۱۳/۶۶)
- ساردینی‌ها (ساکنان جزیره‌ای در غرب ایتالیا و دریای مدیترانه) (۱۴/۰۴)
- مراکشی (۱۴/۳۱)
- اسپانیایی‌ها (۱۴/۹۸)
- بربرها (جنوب مغرب) (۱۵/۹۸)

### ناپیوستگی

- یونانی‌ها (۱۹/۴۲)
- سان‌ها (بوشمن‌ها که قبایل شکارچی ساکن جنوب آفریقا هستند) (۲۰/۵۶)
- باسکی‌ها (۲۸/۸۵)
- ژاپنی‌ها (۳۰/۲۵)

جمعیت ترک‌ها نزدیک‌ترین فاصله‌ی ژنتیکی را با شرق مدیترانه‌ای‌ها نشان می‌دهد. پس از فاصله‌ی زوج ترک-کورد (۵/۹۰ ضرب در ۱۰ به توان منفی ۲)، یک ناپیوستگی معنی دار را می‌توان با نزدیک‌ترین گروه یعنی ترک-یهودی (مراکش) یعنی "۱۰/۵۶ ضرب در ۱۰ به توان منفی ۲" مشاهده نمود.

به میزان (۲/۱٪) در ارمنی‌ها یافت شد  
• DR۱۵-B۵۲ (۳/۶٪)

در ساکنان شبه جزیره‌ی ایبری و شمال آفریقا یافت شد و  
• B-VDR (۳/۶٪) (۱۰)

به مقدار (۰/۹٪) در الجزایری‌ها یافت شد  
دیگر فرکانس‌های کمتر هاپلوتایپ B۳۶-A۲۶ هستند که  
مقادیری از آن‌ها در یهودی‌ها و ترک‌ها به دست آمد  
همچنین B۱۳-A۳۰ در تمامی ساکنان حوزه‌ی مدیترانه  
شناسایی شد.

- DR۳-B۸-A۲ در ترک‌ها نیز یافت شد
- DR۵-B۴۴-A۲۶ نیز در الجزایری‌ها پیدا شد و
- DR۷-B۴۴-A۲۴ در مردم باسک دیده شد.

### • دوم: مدل ژنتیک مردمان کهن مدیترانه‌ی شرقی

نتایج فراوانی آلل HLA در کوردها براساس مدل تعادل  
হারدی-وینبرگ:

فرکانس فراوانی آلل‌ها (آلل به یونانی allon به معنای  
متقابل یا دوجانبه است. هر ژن بر روی کروموزوم (فام‌تن)  
جایگاه ویژه‌ای دارد در این جایگاه ویژه نوکلئوتیدها چیده  
شده‌اند که به آن توالی اسید نوکلئیک می‌گویند. [۱] ال  
(allele) در حقیقت ژن کنترل کننده‌ی یک صفت است  
که در یک جایگاه مشخص روی کروموزوم قرار گرفته.  
آلل‌هایی که در جایگاه مشابه هم روی کروموزوم‌های  
همتا قرار گرفته‌اند یک صفت را کنترل می‌کنند. مثلاً  
چروکیدگی یا صاف بودن دانه‌های یک گیاه را دو آللی که  
در جایگاه مشابه هم روی دو کروموزوم همتا قرار گرفته‌اند  
کنترل می‌کنند. بین آلل‌ها سه رابطه‌ی غالب و مغلوب،  
غالب ناقص و هم توان برقرار است. براساس مدل تعادل  
হারدی-وینبرگ به شرح زیر است:

A\*01(8.6%), A\*02(15.5%), A\*03(17.2%), A\*11(10.3%),  
A\*23(5.2%), A\*24(8.7%), A\*26(8.6%), A\*29(5.3%),  
A\*30(3.4%), A\*31(1.7%), A\*32(6.9%), A\*68(8.6%),  
B\*05(1.8%), B\*07(8.9%), B\*08(3.6%), B\*13(7.1%),  
B\*15(1.8%), B\*18(5.4%), B827(5.4%), B\*35(10.7%),  
B\*38(1.8%), B\*44(14.2%), B\*47(1.8%), B\*48(1.8%),  
B\*49(1.8%), B\*50(3.6%), B\*51(14.1%), B\*52(3.6%),  
B\*53(1.8%), B\*55(3.6%), B\*56(3.6%), B\*57(1.8%),  
B\*59(1.8%), DRB1\*01(3.3%), DRB1\*03(13.3%),  
DRB1\*04(18.3%), DRB1\*07(6.7%), DRB1\*10(6.7%),  
DRB1\*11(16.7%), DRB1\*13(6.7%), DRB1\*14(8.3%),  
DRB1\*15(18.3%), DRB1\*16(1.7%), DQB1\*02(18.3%),  
DQB1803(1.7%), DQB1\*0301(21.6%),  
DQB1\*0302(13.3%), DQB1\*03032(1.7%),  
DQB1\*0501(10.0%), DQB1\*0502(1.7%),

## ۴. کوردها ریشه در مردمان کهن شرق مدیترانه دارند.

### زبان:

“آنتونیو آرنایز ویلینا” نماینده‌ی همان تفکری است که به پیروی از “کولین” و “رینگریو”، خاستگاه اصلی کوردها را از قفقاز می‌دانند.

در مورد زبان نیز او به پیروی از سبک “گرد شتاینر” (Gerd Steiner)، به ترکیب ارگاتیو (ergative composition) و تیپونیم‌ها (toponyms) اشاره می‌کند.

براساس دیدگاه “گرد شتاینر” و “ولفرام ون سودن” (Wolfram von Soden) ارگاتیویته‌ی زبان کردی از زمان هوری‌های باستان (یا زبانی مشابه قفقازی) حفظ شده است.

“آرنایز” نیز همچنانکه ولفرام بدان اشاره می‌کند هیتی‌ها را نیای اصلی کوردها می‌داند هیتی‌ها را در نظر گرفت، که زبان آن‌ها نه زبان هندو اروپایی بلکه قفقازی است. به باور او، زبان کوردها از ۸۵۰ پیش از میلاد به این سو، به زبان هندواروپایی تحول پیدا کرد:

“کوردها... به یک زبان ایرانی تکلم می‌کنند که تاثیری بسیار قوی از قفقازی گرفته است. (براساس ترکیب ارگاتیو و توپونیمی‌ها)...”

“... هوری‌ها (۲۰۰۰ سال پیش از میلاد) که به زبان گروه قفقازی تکلم می‌کردند (و نه هندواروپایی)، به احتمال فراوان اجداد کوردهای امروزی هستند...”

“... از ۸۵۰ پیش از میلاد به این سو، زبان کهن، با شروع تغییر از ساکنان کوهستان‌ها به زبان هندواروپایی تغییر یافته و شکل امروزی‌ن زبان کردی را به وجود آورده است...”

“... اما ارگاتیویته همچنان به شکل زبان هوری‌های باستان (یا شبیه قفقازی) همچنان در کوردها باقی مانده است...”

تجزیه و تحلیل تطبیقی خویشاوندی HLA-DR-DQ به دست آمده در مورد ملت‌های مورد مطالعه نشان می‌دهند: خوشه‌ی ترک‌ها در میان ساکنان مدیترانه‌ی شرقی شامل کوردها و ارمنی‌ها به ساکنان مدیترانه‌ی غربی متصل است در حالی که یونانی‌ها، سان‌ها و ژاپنی‌ها در خارج از این بازه قرار دارند. با وجود تمامی تفاوت‌ها در تجزیه و تحلیل داده‌ها، ترک‌ها، دیگر ساکنان آناتولی (مثلا کوردها و ارمنی‌ها)، و ایرانی‌ها، یک تعلق روشن را به بنیادهای کهن مدیترانه نشان می‌دهند که این وابستگی، بیشتر به مدیترانه‌ی شرقی است.

فاصله‌ی ژنتیکی کوردها با ترک‌ها، ۵/۹۰ ضریب ۰۱ به توان منفی دو است که این فاصله نشان می‌دهد کوردها یک بنیاد کهن مدیترانه‌ای دارند. “آرنایز” در پژوهش‌های خود می‌گوید لازم است نمونه‌های بیشتری از کوردها مورد بررسی قرار بگیرند تا بتوان به اطلاعات دقیق تری دست پیدا کرد.



## مردمان «اوسکومدیتراانه» زبان اولیهی «اوسکومدیتراانه‌ای»

هدف اوسکو، تعریف تأثیر تمدن های باستان مانند باسک‌ها (اوسکارا) Euskara همچنين اوسکارا (Euskara)، اسکوارا (Eskuara)، اوسکارا (Uskara) اتروسکی‌ها (Etrusker) و قفقازی‌ها است.

براساس دیدگاه‌های آنتونیو آرنایز ویلینا، منشا زبان اولیهی کوردها، به مدیترانه‌ی شرقی بازمی‌گردد و ارتباطی به زبان مهاجران هندوایرانی در جایی که در جغرافیای کنونی شرق ایران نامیده می‌شود ندارد.

ژنتیک‌شناس جمعیتی اسپانیایی با بهره‌گیری از زبان‌شناسی تطبیقی، قوی‌ترین آنتی‌تز را در برابر ادعاهای مربوط به خاستگاه هندوایرانی زبان کوردی ارائه و با بنیاد قرار دادن مدنیت مدیترانه‌ی باستان (کهن ساکنان مدیترانه)، نظریه «اوسکومدیتراانه» را ارائه می‌کند. به باور او، این مردمان، یک وسیله‌ی ارتباطی زبانی مشابه زبان‌های پیشا هندواروپایی نیز داشته‌اند اما زبان اصلی آن‌ها همان است که ویلینا، «زبان مدیترانه‌ی باستان» یا اوسکومدیتراانه‌ای می‌نامد و این زبان، دارای بنیادهای قفقازی نیز هست. این نکته لازم است گفته شود که بعدها مهاجمان جدید و گروه‌هایی از نخبگان، گویشی زبانی بر پایه‌ی زبان‌های پیشاهندواروپایی را متداول نمودند.

این منطقه‌ی فرهنگی باستانی که تبار کوردی برای آن می‌توان قایل شد مناطق نزدیک به مرزهای دریای مدیترانه، خاورمیانه و قفقاز است. «ویلینا» در بسته‌ی پژوهشی خود به همان نکاتی اشاره می‌کند که «کولین رینفریو» نیز بدان پرداخته است. ژنتیک‌شناس جمعیتی اسپانیایی می‌گوید:

«مردمان اوسکومدیتراانه به عنوان ساکنان باستانی و امروزی منطقه‌ای جغرافیایی شناخته می‌شوند که در منطقه‌ی مدیترانه/خاورمیانه/قفقاز زندگی کرده‌اند و به زبانی شبیه «زبان باسک»‌ها تکلم کرده‌اند. این گروه از مردمان امروزه به عنوان جمعیتی وجود دارند که به لحاظ ژنتیک، دارای HLA مشابه در یک جغرافیای شناخته شده هستند. در این میان نمونه‌های یونانی خارج از این بازه قرار دارند زیرا نشانه‌هایی ژنتیک از اتیوپیایی‌ها و نژاد سیاه با خود دارند. این ویژگی آن‌ها به احتمال فراوان به تأثیر دوران فراغنه بازمی‌گردد. مقایسه‌ی امروزی بین ژن‌ها و زبان‌ها فقدان یک پیوستگی را نشان می‌دهند: مدیترانه‌ای‌ها، فلسطینی‌ها، کوردها، بخش‌هایی از بربرها، ارمنی‌ها، و ترک‌ها متعلق به اجداد مدیترانه‌ای هستند اما آن‌ها به زبانی صحبت نمی‌کنند که لزوماً آن‌ها

را به زبان‌های گروه قفقازی گره بزند. این ویژگی تنها به انتخاب این زبان توسط گروه‌های برگزیده برای سخن گفتن بازمی‌گردد. بقیه‌ی گروه‌های قومی به یک زبان کهن مدیترانه‌ای یا اوسکو مدیترانه‌ای تکلم می‌کنند که با لاتینی رمی تعدیل شده است. بنابراین پیوستگی میان ژن‌ها و زبان‌ها ممکن است در یک کلان سطح جغرافیایی وجود داشته باشد اگرچه در سطوح خرد، تفاوت‌هایی وجود دارد. این موضوع در تبیین مدل اوسکومدیتراانه‌ای قابل تشخیص است. در این پژوهش همچنین به موضوع مهاجرت اولیه‌ی انسان‌های اولیه از قفقاز و زاگرس به رشته کوه‌های پیرنه به عنوان یک فرضیه‌ی پیشاهند و اروپاییان پرداخته خواهد شد اما تا آنجا که به زبان شناسان مربوط می‌شود، آن‌ها تأکید می‌کنند یک اشتراک پروتو-هندو-اروپایی و مدیترانه‌ی شرقی هرگز وجود نداشته است.

### پژوهشگران تاریخ نیز صحت پژوهش‌های آنتونیو آرنایز ویلینا را تایید می‌کنند.

نتایج تحقیقات خود ویلینا در مورد کوردها نیز توسط مورخان تایید شده است. او تحت تأثیر پژوهشگر و مورخ کورد، مهرداد ایزدی دانش آموخته‌ی نیویورک در ایالات متحده است که به بررسی تاریخ و فرهنگ کوردها از عصر حجر تاکنون پرداخته است. در ارجاعات باستانشناسی نیز او متأثر از «جولیان.ای.ریدر (Julian E. Reade)» و «جمیز ملارت» (James Mellaart) است.

• ... او در کنار «جورج فورشتاین» (George Feuerstein)، «سبحان کاک» (Sobhash Kak) و «دیوید فراولی» (David Frawley) بر این باور است که کوردها هرگز تحت تسلط آریایی‌ها قرار نگرفته‌اند و این باور، از اساس، فاقد بنیاد است. آرنایز همچنین بر این باور است که کوردها خویشاوندی قومی-ژنتیکی بسیار نزدیکی با همسایگان ارمنی خود دارند. از نگاه او خاستگاه کوردها و ارمنی‌ها از آناتولی است، روابط نزدیک وراثتی با یکدیگر دارند و احتمالاً یک ژن مشترک داشته‌اند. به باور آرنایز، ایرانیان امروزی نیز از لحاظ مشابهت‌های ژنتیکی، بن‌مایه‌ای نزدیک به مردمان خاورمیانه و مدیترانه دارند. در اینجا عین عبارات آنتونیو آرنایز ویلینا در این باره را به صورت خلاصه می‌آوریم: «پژوهش‌های ژنتیک بر روی آنتی ژن لکوسیت انسانی (HLA) کوردها در مدیترانه-خاورمیانه نشان می‌دهد که:

• ترک‌های آناتولی به لحاظ ژنتیک، تفاوتی ماهوی با سایر مردمان مدیترانه‌ای ندارند و اختلافی اگر هست به دلیل حضور مهاجمان خارجی بوده که بیشتر زبان آن‌ها (ترک‌های آسیا) را تحت تأثیر قرار داده است و صورت بندی وراثتی آن‌ها تغییری نکرده است....

• ... dendrograms و آنالیزهای تطبیقی همچنین چگونگی نزدیکی ارمنی‌ها به کوردها و ترک‌ها را به لحاظ وراثتی نشان می‌دهند. موضوع دیگری که باید به آن اشاره کرد وجود هاپلوتیپ مشترک B1۴-A۳۳ ارمنی‌های پراکنده در سراسر حوزه‌ی مدیترانه به ویژه غرب آن شامل لیبیریا، مراکش و الجزایر است....

• ... ارمنی‌ها و کوردها احتمالاً حاصل تقسیم ابتدایی "هوری"ها هستند. (هزاره‌ی دوم و هزاره‌ی نخست پیش از میلاد).... هوری‌ها به احتمال بسیار، نیاکان کوردهای امروزی هستند.... بنابراین احتمال اینکه هوری‌ها یکی از پایه‌های اصلی برای شکل‌گیری هویت مشترک کوردها باشند بسیار بالا است....

به طور خلاصه به نظر می‌رسد ترک‌های (آناتولی)، کوردها و ارمنی‌ها به لحاظ ژنتیکی بسیار به یکدیگر نزدیک هستند و از هزاره‌های کهن در این منطقه ساکن بوده اند.

• ... ایرانی‌ها: بررسی ژنتیکی کوردها، ترک‌ها، ارمنی‌ها و ایرانی‌ها نشان می‌دهد که هیچ رابطه‌ای علمی به لحاظ ژنتیکی نمی‌توان یافت که اثبات کند گویا این گروه‌ها تعلق به آنچه ایرانی‌ها، گروه‌های آریایی می‌گویند داشته باشد:

• ... کوردها و ارمنی‌ها به لحاظ ژنتیکی، قرابت زیادی با ترک‌ها و دیگر مردمان مدیترانه‌ای دارند.... هیچ نشانه‌ی ژنتیکی HLA از تهاجم به اصطلاح آریایی وجود ندارد که تنها براساس منابع مشکوک زبان شناختی تعریف شده است....

• ... کوردها، ارمنی‌ها، ایرانیان، یهودی‌ها، لبنانی‌ها و دیگر گروه‌های مدیترانه‌ای (شرق و غرب مدیترانه) به نظر می‌رسد یک اشتراک نیاکان داشته باشند: "بن مایه‌ی مدیترانه‌ای"....

• ... هیچ نشانه‌ای از هندواروپایی‌ها (آریایی‌ها) از ۱۲۰۰۰ سال پیش از میلاد مسیح، در تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی ما یافت نشد. این موضوع نشان می‌دهد هجوم آریایی‌ها (اگر وجود داشته است) تاثیرات نادری روی ساکنان بومی منطقه مانند "هیتی"ها و "هوری"ها داشته است (پیش از ۲۰۰۰ قبل از میلاد).

## ارمنی‌ها و قرابت ژنتیکی آن‌ها با کوردها

هاپلوتیپ‌های B1۴-A۳۳, DR11-B۳۵, DR11-B۴۹ نشان می‌دهند که ارمنی‌ها متعلق به یک بنیاد کهن-مدیترانه‌ای هستند. همچنین به لحاظ ژنتیکی بسیار نزدیک به ترک‌ها و نیز کوردها هستند.... شاخه‌های درختی HLA



”به طور خلاصه باید به این موضوع اشاره کرد صرفنظر از آنچه در مباحث زبان شناختی بدان اشاره و استناد می‌شود یافته‌های ژنتیکی ما موضوعی به نام گستره‌ی آریایی را نشان نمی‌دهند... داده‌های ژنتیکی از این فرضیه پشتیبانی می‌کند که موجودی ژنتیک ایرانی از مردمانی باستانی نشأت می‌گیرد و ریشه‌ی این زبان هندواروپایی (ایرانی) نامعین است.

به احتمال، بخشی از هویت آن‌ها به کوهستان‌های زاگرس و بین‌النهرین در هزاره‌ی نخست پیش از میلاد بازمی‌گردد. این‌ها جنگجویانی مهاجری بوده‌اند که به تدریج در این مناطق پراکنده شده و با تحمیل کردن خود به این جغرافیا، یک زبان نو به وجود آورده‌اند.

• ... کوردها، ارمنی‌ها و ایرانیان، از نظر زبان شناختی به عنوان هندواروپایی‌ها شناخته شده‌اند که در حدود ۱۳۰۰ تا ۱۲۰۰ پیش از میلاد در آناتولی، عراق و ایران پراکنده شده‌اند در حالی که براساس پژوهش‌های ما بر روی HLA بر روی کوردها و ارمنی‌ها، آن‌ها بیشتر به یکدیگر نزدیک و ساکنان اصلی خاورمیانه و مدیترانه هستند. آن‌ها از کاسپین یا دیگر مناطق آسیا به اینجا مهاجرت نکرده‌اند و بومی خود این جغرافیا هستند. درست است که جایگزینی زبانی از طریق پراکندگی مهاجران جدید انجام شده است اما در حوزه‌ی مطالعات ژنتیک، نمی‌توان به هیچ نتایجی دست یافت که نشان دهد تاثیری بر ژنتیک ساکنان بومی داشته است.

بدون شک جایگزینی زبانی پس از ۲۰۰۰ قبل از میلاد مسیح آغاز شده است... و زبان‌های هندواروپایی در این منطقه شروع به پراکنده شدن کرده‌اند اما این پروسه‌ای بوده است که توسط گروه‌های بالادست انجام شده و هیچ نشانه‌ی ژنتیکی در این مورد یافت نشده و ترکیب HLA مردمان آسیای مرکزی کاملاً متمایز است... حتی گویش سانسکریتی از پاکستان و هند (همچنین زبان هندواروپایی) به طور کامل متمایز از مشخصه‌های HLA است....

به طور خلاصه دلایل بسیاری وجود دارند که جنبش عظیمی که هندواروپایی (یا آریایی) نامیده می‌شود وجود خارجی ندارد... دلایل موجود برای دگرگونی‌های زبانی در هزاره‌ی دوم پیش از میلاد هنوز شناخته نشده‌اند اما با قاطعیت می‌توان گفت هیچ ارتباط معناداری که از طریق ژنتیک بتوان بر وابستگی‌های مدعابه صحه گذاشت وجود ندارد.”

## یافته‌های جامع آنتونیو آرنایز ویلینا در زمینه‌ی ژنتیک درباره‌ی کوردها

شرق مدیترانه -خاورمیانه به عنوان خاستگاه کوردها

• مقدار قرابت ژنتیک کوردها با ساکنان آناتولی، کوردها، ارمنی‌ها و ایرانیان

اجداد کوردها به عنوان بومیان بسیار کهن آناتولی یافته‌های جامع “ آنتونیو آرنایز ویلینا” به صورت خلاصه عبارتند از:

”کوردها نیز در زیر مجموعه‌ی کهن مدیترانه‌ای‌ها قرار می‌گیرند... ذخیره‌ی ژنتیکی آن‌ها متعلق به ساکنان اولیه‌ی مدیترانه است. فاصله‌ی ژنتیکی HLA و هاپلوتیپ‌های مشاهده شده در کوردها، آن‌ها را در مجموعه‌ی خاورمیانه-مدیترانه جای می‌دهد. به نظر می‌رسد ساکنان آناتولی و کوردها به لحاظ خاستگاه متعلق به یک گروه قومی باشند. (منظور از ساکنان آناتولی، ترک زبان‌هایی است که ترک نژاد نیستند). فقدان برخی داده‌های ژنتیک در مورد کوردها ضرورت مطالعات گسترده‌تر در مورد آن‌ها را الزامی می‌کند. اما با توجه به ویژگی‌های ژنتیک و هاپلوتیپ HLA مدیترانه‌ای موجود در کوردها بسیار بعید است اگر خاستگاه دیگری بجز این مناطق برای آن‌ها در نظر گرفت....

آنالیز ژنتیکی HLA، کوردهای امروزی را در زمره‌ی ساکنان اصلی مدیترانه‌ی شرقی قرار می‌دهند و بر این اساس، می‌توان آن‌ها را قدیمی‌ترین ساکنان آناتولی دانست. این ستانده‌های ژنتیکی را همچنین می‌توان با شواهد تاریخی نیز مطابقت و مورد تایید قرار داد.”

## آرنایز ویلینا: جدیدترین پژوهش‌های ژنتیک در ایران، خاستگاه مدیترانه‌ای-خاورمیانه‌ای کوردها را تایید می‌کنند.

در جدیدترین اظهار نظر خود درباره‌ی کوردها، آنتونیو آرنایز ویلینا به ایمیلی اشاره می‌کند که توسط علی اکبر امیر زرگر پژوهشگر ارشد دپارتمان ایمونولوژی دانشگاه تهران برای او فرستاده شده است. امیر زرگر در پژوهش‌های خود که بر روی ۷۰ نمونه از کوردها انجام شده است ثابت می‌کند که کوردها کهن ساکن شرق مدیترانه هستند:

”از سوی دیگر پروفیسور آنتونیو آرنایز ویلینا در مادرید، براساس پژوهش‌های انجام گرفته توسط علی اکبر امیر زرگر از دپارتمان ایمونولوژی دانشگاه تهران -با انجام آزمایش بر روی HLA ۷۰ نفر از کوردها در ایران-، مجدداً بر خاستگاه مدیترانه‌ای شرقی کوردها صحه گذاشته است. البته نتایج تحقیقات امیر زرگر تاکنون بنا به دلیلی چاپ و منتشر نشده است.

## مطالعات mtDNA درباره‌ی کوردها

تاکنون تعداد بسیار اندکی از ژنتیک شناسان جمعیتی به بررسی خاستگاه کوردها از نگاه DNA میتوکندریال یا



mtDNA پرداخته اند. میتو گونه‌ای ساختارهایی درون سلول هستند که انرژی مواد غذایی را به انرژی قابل استفاده در سلولها تبدیل می‌کنند. هرچند که اغلب DNAها در کروموزوم داخل هسته قرار می‌گیرند.

میتوکندری‌ها مقادیر کوچکی از DNAهای خودشان را دارند. این مواد ژنتیکی DNA میتوکندریال یا mtDNA نامیده می‌شوند. در انسانها mtDNA از حدود ۱۶/۵۰۰ بلوک سازنده (base pair) تشکیل شده‌اند.

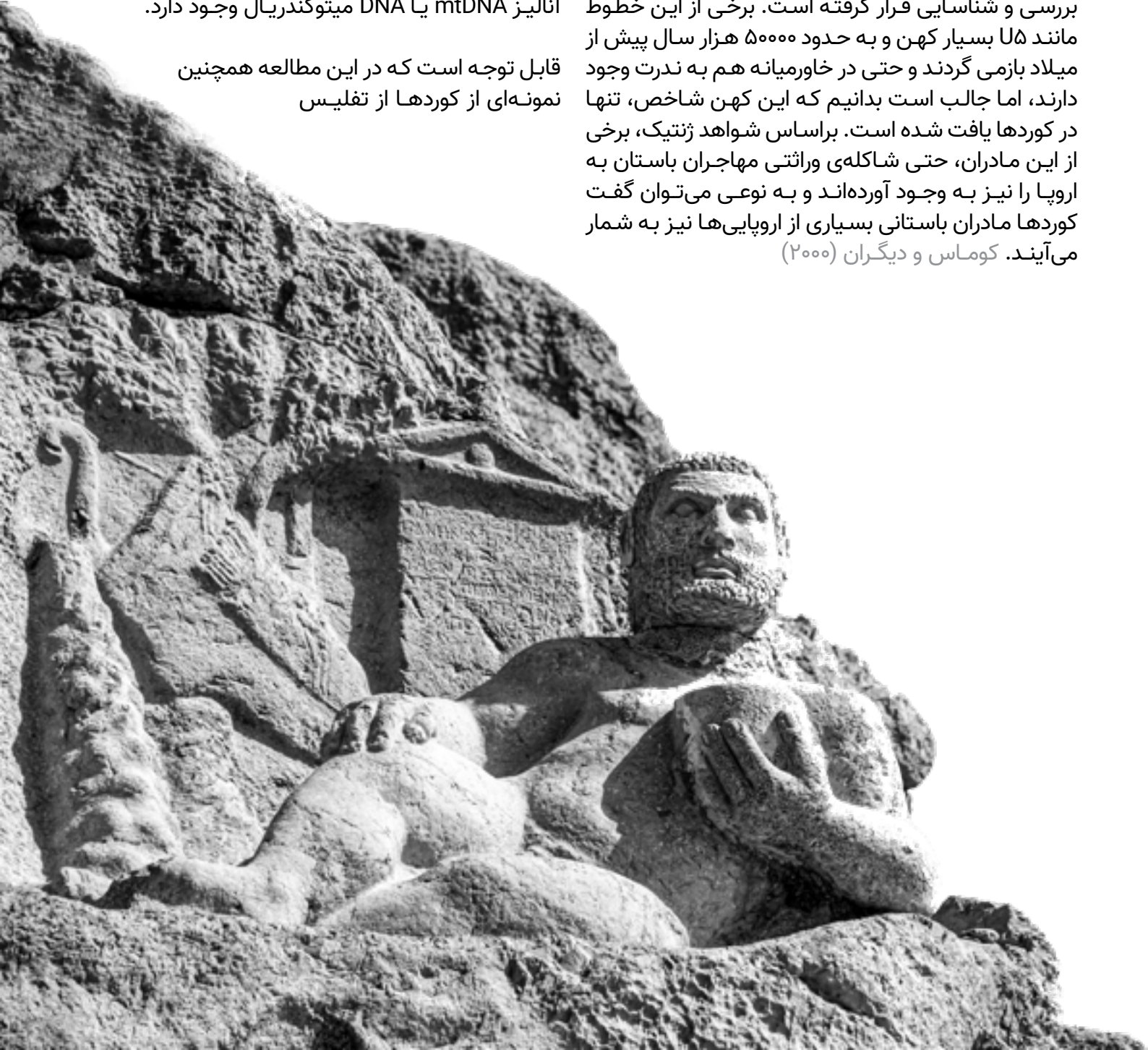
همه‌ی مطالعات منتشر شده تا به امروز عمدتاً با این نتیجه‌گیری مطابقت داشته‌اند که کوردها از طرف مادری، اساساً توسط کلان‌های (clans) مادرانه تشکیل شده‌اند که سایر مردمان خاورمیانه و بعدها اروپایی‌ها را نیز به وجود آورده‌اند. در این رابطه و به عنوان کلان غالب کوردها، خطوط U از DNA میتوکندریال (mtDNA) مورد بررسی و شناسایی قرار گرفته است. برخی از این خطوط مانند U5 بسیار کهن و به حدود ۵۰۰۰۰ هزار سال پیش از میلاد بازمی‌گردند و حتی در خاورمیانه هم به ندرت وجود دارند، اما جالب است بدانیم که این کهن شاخص، تنها در کوردها یافت شده است. براساس شواهد ژنتیک، برخی از این مادران، حتی شاکله‌ی وراثتی مهاجران باستان به اروپا را نیز به وجود آورده‌اند و به نوعی می‌توان گفت کوردها مادران باستانی بسیاری از اروپایی‌ها نیز به شمار می‌آیند. کوماس و دیگران (۲۰۰۰)

یک مطالعه‌ی محدود درباره‌ی خاستگاه مادری کوردها توسط ژنتیک‌شناسان جمعیتی دانشگاه‌های بارسلونا و پراگ انجام شد. نخستین کسی که نتیجه‌ی این مطالعات را بر روی کاغذ آورد "دیوید کوماس" (David Comas) است. عنوان تجزیه و تحلیل این است:

"توالی mtDNA گرجی‌ها و کوردها فقدان همبستگی بین زبان‌ها و خطوط ژنتیکی را نشان می‌دهد."

هدف اصلی نشان دادن این موضوع بود که باسک‌ها و قفقازی‌ها (مانند گرجی‌ها) هم به لحاظ ژنتیک قومی و هم به لحاظ ویژگی‌های زبان شناختی مستقل هستند. در این پژوهش اگرچه کوردهای گرجستان در ابتدا هدف اصلی تحقیق نبودند اما پژوهش‌ها بعداً نشان داد که در یک مقیاس وسیع‌تر و نیز در یک بازه‌ی زمانی طولانی مدت، پیوندهایی میان باسک‌ها-کوردها-گرجی‌ها در آنالیز mtDNA یا DNA میتوکندریال وجود دارد.

قابل توجه است که در این مطالعه همچنین نمونه‌ای از کوردها از تغلیس



در گرجستان مورد ارزیابی قرار گرفت که دکتر "نینا بندوکیدزه" (Nina Bendukidze) مسوول پژوهش این نمونه بود. پس از آن نوبت به آزمایش دیگری رسید که در آن، نمونه‌ی ۲۹ کورد تغلیس مورد مطالعه قرار گرفت. اما این امکان وجود نداشت که مشخص شود که آیا این نمونه‌ها می‌توانند به صورت نمونه‌های قابل اطمینان مورد بررسی قرار گیرند یا خیر و که همانگونه که پیش از این گفته شد در سال ۱۹۹۶ و نیز ۲۰۰۱/۲۰۰۰ مطالعاتی از این دست نیز انجام شده بود.

این بار حداقل نتایج از میتوکندری (mtDNA HVI) به دست آمد. و به این ترتیب سرانجام نتایج پژوهش‌های کوماس و همکاران، زیر این عنوان منتشر شد: "بررسی خاستگاه کوچندگان از مناطق روستایی به تغلیس"

در این گزارش می‌خوانیم:

"دنباله‌ی میتوکندریال در هر دو جمعیت علی‌رغم تفاوت بستره‌های زبانی و پیشینه‌ی تاریخی، بسیار مشابه یکدیگر است. هر دو جمعیت، ویژگی‌هایی در خطوط mtDNA

خود دارند که نشان از تعلق آن‌ها به حوزه‌ی ژن اروپایی است:

- نخست: نوکلئوتید مشابه و تنوع دنباله‌ها
- دوم: مقادیر گسترده از دنباله‌های به اشتراک گذاشته شده با نمونه‌های اروپایی
- سوم: فاصله‌ی ژنتیکی ناچیز
- چهارم: طبقه بندی خطوط ژنتیک دوران حاضر به هاپلوگروپ اصلی mtDNA اروپایی"

در ادامه‌ی گزارش می‌خوانیم:

"بنابراین تجزیه و تحلیل‌های ما نشان می‌دهند که خط سیر mtDNA در گرجی‌ها و کوردها به صورت واضح، متعلق به حوزه‌ی ژن اروپایی است-با در نظر گرفتن اختلافات بسیار جزئی آن‌ها (یعنی کوردها و گرجی‌ها) با دیگر جمعیت‌های اروپایی...."

براساس واریاسیون mtDNA، نمونه‌های مورد بررسی کوردها و گرجی‌ها نزدیک‌تر به اروپایی‌ها هستند تا



مردمان خاورمیانه؛ بر این اساس اختلافات نوکلئوتید و توالی در خاورمیانه و ترکیه نسبت به گرجی‌ها و کوردها بیشتر است.

همچنین موقعیت جمعیت‌های قفقاز براساس نشانگرهای ژنتیکی کلاسیک در داده‌های فعلی mtDNA ' گرجی‌ها شناخته نشده است. این نتایج نشان می‌دهد که تمایز توالی‌های mtDNA در غرب اوراسیا و ویژگی‌های جمعیتی ساکنان قفقاز را باید به فرآیندهای مختلف نسبت داد. علاوه بر این، ارتباط زبان شناختی بین گروه‌های قفقازی و باسک‌ها - یکی دیگر از جمعیت‌های موجود در اروپا - برای نشانگرهای ژنتیکی کلاسیک، با تجزیه و تحلیل توالی‌های mtDNA تشخیص داده نمی‌شود. ما می‌توانیم نتیجه بگیریم که تقریباً تمام دنباله‌های گرجی‌ها و کوردها متعلق به میانه توزیع mtDNA اروپایی / غرب آسیا هستند.

در پایان این گزارش چنین نتیجه‌گیری شده است:

”... کوردها ممکن است اخلاف چوپان‌های نخستینی باشند که از ابتدای دوران نئولیتیک در جغرافیای امروزی کوردستان (کوردستان بزرگ) سکنی گزیده اند.“

براساس پژوهش‌های انجام گرفته‌ی کوماس و همکاران ، این نمونه از کشور گرجستان (تفلیس)، بخشی از یک حوزه‌ی ژن اروپایی / آسیای غربی هستند که از لحاظ جغرافیایی قرابت بسیاری با نیاکان مادری جمعیت‌های اولیه در اروپا و آسیای غربی دارند. آن‌ها به لحاظ ماهیت و منشاء، در نهایت می‌توانند فرزندان ”گله داران“ (دامداران و کشاورزان) دوره اول نوسنگی (۸۵۰۰ سال قبل از میلاد) در مناطق کوهستانی کوردستان باشند.

برای توضیح جزئیات، خطوط mtDNA HV1 در این تحلیل نشان داده شده است:

از ۲۹ نمونه‌ی مورد مطالعه‌ی کوردها و گرجی‌ها، 5H, 3K, 2I, 1W, 1X, 2I, 3U(U1+U2), 2T و دو دیگر هستند. با توجه به این موضوع، خطوط میتوکندریال H، سپس U یعنی U1+U3, K و T پیش از A, X, W است.

خلاصه‌ی بحث داوید کوماس و همکاران در سال ۲۰۰۰ به شرح زیر است:

• کوردها ممکن است فرزندان نخستین چوپانانی باشند که در جغرافیایی به نام کوردستان، جمعیت خود را به موجود آورده‌اند.

-حوزه‌ی mtDNA کوردها و گرجی‌ها کاملاً شبیه یکدیگر

و مانند خطوط ژنتیکی اروپایی‌ها است. علاوه بر این، ساختار کوچک قابل تشخیص در شبکه ژن mtDNA اروپا وجود دارد: آن فراتر از زبان شناخت... و فاصله‌ی جغرافیایی حوزه‌ی mtDNA یک همگنی کامل را ظاهر می‌سازد.

• به نظر می‌رسد که گرجستانی‌ها و کوردها با یک الگوی کلی مطابقت داشته باشند:

جمعیت‌هایی مانند فنلاندی‌ها، باسک‌ها و ساردینی‌ها پلی مورف‌هایی کلاسیک از داده‌های ژنتیک هستند اما با توجه به توالی‌های mtDNA متمایز نیستند. پلی مورف در علم وراثت، تغییری رایج در رمز یا کد ژنتیکی موجود در DNA است.

• تفسیر این دیدگاه، موضوع بحثی پر جنب و جوش است... نتیجه‌ی این مطالعه با این دیدگاه موافق نیست که گسترش آنچه که ما آن را آل‌های میتوکندری اروپایی می‌نامیم با معرفی زبان‌های هندواروپایی در اوراسیا، همزمانی داشته است.

## ریچاردز و همکاران (۲۰۰۳)

یک تفصیل دقیق‌تر از توالی mtDNA HV1 یعنی نیاکان مادری کوردها، نتیجه‌ی یک مطالعه‌ی گسترده توسط ۳۷ نفر از ژنتیک‌شنایان جمعیتی با عنوان ”رديابی خطوط بنیانگذار اروپایی در حوزه‌ی mtDNA خاور نزدیک“ (“Tracing European founder lines in the Near Esaster mtDNA pool”) بود که در سال ۲۰۰۰ میلادی در ”مجله‌ی آمریکایی ژنتیک انسانی“ (American Journal of Human Genetics) منتشر شد.

نخستین پژوهشگر این مجموعه، ”مارتین ریچاردز“ (Martin Richards) از دانشگاه آکسفورد انگلستان بود. در این مطالعه، 53 نمونه از کوردهای شرق ترکیه مورد ارزیابی و بررسی قرار گرفتند. نویسندگان پس از پژوهش‌ها به دو موضع جالب و قابل توجه دست یافتند:

کوردهای امروزی که ساکن شرق ترکیه هستند حامل ژن نیاکانی مربوط به کلان‌های مادری U5 هستند که قدمت آن‌ها به ۵۰۰۰۰ سال پیش از میلاد مسیح بازمی‌گردد. خط U5 به طور عمده از کوردها و همسایگان‌شان مانند ارمنه یا آذری‌ها می‌آید، اما به ندرت در بقیه‌ی خاورمیانه دیده می‌شود.

همچنین وجود U5 روند برگشت مهاجران از اروپا به آناتولی شرقی را نیز ثابت می‌کند.

از این رو کوردها کهن‌ترین ساکنان آناتولی شرقی (شرق ترکیه‌ی امروز) و بخشی از مهاجران اولیه به اروپا هستند

که اکنون به سرزمین نخستین خود بازگشته اند:

”وینسنت ماکاولی“ (Vincent Macaulay) از دانشگاه گلاسکوی اسکاتلند در سال ۲۰۰۱ منتشر شد.

فشرده‌ی نتایج پژوهش‌ها به این شرح است:

با توجه به 53 نمونه مورد بررسی از کوردهای شرق ترکیه تصویر زیر را از mtDNA می‌توان نشان داد:

C,H,J (J\*,J1,J1a,J2), K,L (L1a,L3\*), N (N1b, N1c), pre-HV, R(R2), T (T\*, T1), U (U1a, U2, U3, U5a1\*, U5a1a, U7)

یک مقدار دقیق مخصوصا برای خط میتوکندری U، (در چندین نوع فرعی) و همچنین N، L، J، و بعضا همچنین R، پیش از H، HV، C و نشان داده شد.

و اما عبارات کلیدی مطالعه‌ی ریچاردز و همکاران (۲۰۰۰) درباره‌ی نیاکان مادری کوردها براساس مطالعات انجام شده بر روی کوردهای ساکن شرق ترکیه/ آناتولی شرقی:

”مهاجرت دوباره (Back-Migration) از اروپا:

مهاجرت به سرزمین اولیه را می‌توان با انجام آزمایش‌ها بر روی نمونه‌های انسانی امروزی تایید کرد؛ خوشه‌هایی که نشان می‌دهند روند تکامل آن‌ها در اروپا انجام شده است. هاپلوگروپ U5 در اروپا و نیز خاورمیانه بسیار قدیمی است (با ۵۰۰۰۰ سال قدمت)، اما در میان ملل خاورمیانه

• ما نتیجه می‌گیریم که یک برگشت مهاجرتی به این بخش از خاورمیانه انجام شده است. (به این معنا که مهاجرانی که پیش از این به اروپا مهاجرت کرده بودند هزاران سال بعد، مجدداً از اروپا به این مناطق مهاجرت نموده اند)

• بیشتر محتوای mtDNA در چندین موج مهاجرات و در دوران متاخر پالئولیتیک وارد بسته‌ی ژنتیکی اروپایی شده‌اند.

• یک اثر باقیمانده‌ی وراثتی در خط سیر ژنتیک مربوط به آخرین عصر یخبندان یعنی بیش از ۲۰۰۰۰ سال پیش مشاهده شد.

• محتوای مهاجرین عصر نئولیتیک، احتمالاً کمتر از یک چهارم از مجموعه‌ای mtDNA اروپائیان مدرن را تشکیل می‌دهد.

ستانده‌های دقیق‌تر درباره‌ی کلان‌های mtDNA به عنوان نیاکان کوردها توسط یکی از همکاران این گروه به نام



نادر بوده و اصلا در اعراب وجود ندارد. این هاپلوگروپ در مردمان خاورمیانه بسیار محدود بوده و تنها در گروه‌های مشخصی یافت شده است. (کورد‌ها، ترک‌ها، ارمنی‌ها، آذری‌ها و مصری‌ها).

از میان تمامی نمونه‌های بررسی شده تنها سه نمونه (مربوط به هلال حاصل‌خیز و سرزمین‌های عربی) دارای توالی‌های U5 بودند. یکی از آن‌ها، متعلق به ریشه‌ی اصلی (U5) است در حالیکه دو نفر دیگر عضو زیرمجموعه U5a1a هستند... ۸ نمونه از ۲۲ نمونه تیپ U5 خاورمیانه‌ای، عضو زیرشاخه‌ی بزرگ و اصلی هستند و ۶ نمونه متعلق به زیرشاخه‌ی U5a1 هستند. چهار نمونه به U5b تعلق دارند و یک نمونه U5a است و تنها سه نمونه متعلق به U5 است.

علاوه بر این، تیپ‌های خاورمیانه‌ای مورد بررسی، غالبا از تی میانی اروپایی مشتق شده‌اند:

• یک مصری از یک تیپ باسکی مشتق شده است و بسیاری از ارمنی‌ها و آذری‌ها از اروپایی‌ها و شمال قفقازی‌ها مشتق شده‌اند. بنابراین در حالی که به نظر می‌رسد توالی (U5 (16270) در خاورمیانه تکوین یافته و در حدود ۵۰۰۰ سال پیش از میلاد مسیح به سوی اروپا گسترش یافته است در برگشت مهاجرت نیز مهاجران، احتمالا این خوشه را با خود بازپس آورده‌اند. در هر دو مورد، خوشه‌ی U5 به طور عمده در اروپا تکامل یافته است.

• توالی U5 همان طور که پیش از این نیز گفته شد اگرچه در خاورمیانه نادر است اما در کورد‌ها، ارمنی‌ها و آذری‌ها کنسانتره شده است. این ممکن است اشاره‌ای به نسبت نسبی اروپایی برای این جمعیت بدون در نظر گرفتن گروه‌های زبانی و تاریخ آن‌ها- باشد اما ممکن است به سادگی نشان دهنده نزدیکی آن‌ها به قفقاز و استپی‌ها باشد.

• از توالی‌های خاورمیانه‌ای، ۱/۸٪ آن‌ها U5 هستند در حالی که این مقدار برای اروپایی‌ها ۹/۱٪ است. از مرکز سوریه-فلسطین به طرف عراق، این نسبت به ۵٪ کاهش می‌یابد.

• به طور کلی پژوهش حاضر به این نتیجه می‌رسد که وجود U5 در mtDNA مهاجران اولیه به اروپا که دوباره به خاورمیانه بازگشته‌اند به میزان ۲۰٪ و همین مقدار در مورد ساکنان بومی خاورمیانه، تنها ۶٪ است. کویینتانا-مورسی و همکاران (۲۰۰۴)

در سال ۲۰۰۴ هفده نفر از ژنتیک‌شناسان جمعیتی شش کشور فرانسه، بریتانیا، اسرائیل، ایتالیا، پاکستان و ایالات

متحده، نتیجه‌ی تحقیقات گسترده‌ی خود را با عنوان "کمپلکس mtDNA کریدور آسیای جنوب غربی و آسیای مرکزی" در مجله‌ی آمریکایی ژنتیک انسانی منتشر کردند. سرپرست این تیم پژوهشی، "لوئییس کویینتانا مورسی" (Luis Quintana-Murci) از "انستیتو پاستور" پاریس بود.

در این پژوهش، نمونه‌های mtDNA از ۲۰ کورد ساکن غرب ایران و ۳۲ کورد ساکن ترکمنستان مورد بررسی و تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. مهمترین نتایج این تحقیق عبارتند از:

داده‌های به دست آمده، نسبت‌های قابل توجهی از اشتراک خطوط U را میان نیاکان مادری کورد‌ها و محتوای میتوکندری گروه‌های اولیه‌ی ساکن آسیای غربی و اروپایی تایید می‌کنند. افزون بر این، آن‌ها به ویژه به این نتیجه رسیدند که کوردهایی که امروز در ترکمنستان زندگی می‌کنند، به لحاظ ژنتیک قومی، دارای نیاکانی کاملا متفاوت از همسایگان کنونی خود هستند. این موضوع نشانه است برای اینکه کوردها تعلق به ترکمنستان ندارند و به آنجا مهاجرت کرده‌اند؛ مساله‌ای که در متون تاریخی نیز به صورت دقیق بدان اشاره شده است: کوردها به زور و اجبار از سرزمین مادری خود (جنوب قفقاز، آناتولی شرقی، شمال بین‌النهرین، زاگروس و شمال غرب ایران) به این مناطق رانده شده‌اند. ناسیدزه و همکاران (۲۰۰۵)

جامع‌ترین و تا به امروز، احتمالا مهم‌ترین پژوهش انجام شده درباره‌ی خاستگاه کورد‌ها، با مشارکت یک تیم بین‌المللی از پنج ژنتیک‌شناس جمعیتی در سال ۲۰۰۵ انجام گرفته است که سه پژوهشگر از آن‌ها از موسسه مشهور انسان‌شناسی تکاملی ماکس پلانک - گروه ژنتیک تکاملی- در لایپزیگ آلمان هستند: "ایوان ناسیدزه" (Ivan Nasidye)، "دومینیک کوینک" (Dominique Quinque) و "مارک ستونکینگ" (Mrk Stoneking). دو همکار دیگر آن‌ها هریک از "موآرت اوزترک" (Muart Ozturk) از دانشگاه "تروندهایم" نورژ و نیز "نینا بندوکیدزه" (Nina Bendukidze) بودند که این بار به عنوان کارشناس "آزمایشگاه پژوهش‌های ژنتیک H&A" از "مرکز خدمات ملی خون" بریستول، وارد همکاری شده بود. عنوان پژوهش این گروه "mtDNA و تنوع کروموزوم Y در کورد‌ها" است که در مجله‌ی سالانه ژنتیک انسانی (۲۰۰۵) به سرپرستی ایوان ناسیدزه منتشر شده است.

این تیم نخستین و تنها تیم مطالعات ژنتیک است که پژوهش‌های خود را منحصر و در یک مقیاس گسترده بر روی کورد‌ها انجام داده است. بررسی توالی‌های mtDNA HV1 درباره‌ی نیاکان کورد‌ها یکی از مهمترین پژوهش‌های این گروه تحقیقاتی است. خطوط Y-DNA در ژن وراثتی کورد‌ها در این بخش به صورت خلاصه آمده است. نتایج

این تحقیقات بعدها توسط نیبل و همکاران (۲۰۰۷) درباره‌ی کوردها و یهودی‌ها مورد استفاده قرار گرفت.

نخست به بررسی نتایج پژوهش‌های ناسیدزه و همکاران (۲۰۰۵) می‌پردازیم:

”گروه‌های کورد به لحاظ ویژگی‌های موجود در mtDNA و کروموزوم Y بسیار شبیه سایر گروه‌های آسیای غربی هستند و بیشترین فاصله‌ی ژنتیکی را با ساکنان آسیای مرکزی دارند. براساس بررسی mtDNA کوردها نسبت به مردمان قفقاز، نزدیکی بیشتری را با اروپایی‌ها نشان می‌دهند اما بر خلاف آن و در کروموزوم Y، مشخصه‌های دیگری را می‌توان یافت. داده‌های ژنتیک مشخص می‌کنند که کوردهای ساکن گرجستان، به دنبال

مهاجرت، دچار برخی تغییرات بسیار محدود شده‌اند اما با همسایگان جغرافیایی خود در گرجستان مخلوط قابل شناسایی نداشته‌اند.“

بنابراین، این مطالعه، شباهت فراوان ژنتیکی کوردها با افراد دیگر آسیا و نیز شباهت بسیار قابل توجه در مقایسه با آسیای مرکزی را تایید می‌کند. در مورد نیاکان مادری، کوردها بیشتر با گروه‌های اروپایی ارتباط داشتند تا گروه‌های قفقازی. در سمت نیاکان پدری، این روند معکوس شده است.... در نسبیت قومی- نژادی از اجداد زنان و مردان کرد، باید تفاوت‌هایی وجود داشته باشد.... به نظر می‌رسد کوردها از گرجستان در طول مهاجرت خود به قفقاز، یک اثر گردن بطری(تنگنا) را تجربه کرده‌اند.... آمیزه‌ی کوردها با گرجی‌ها را نمی‌توان ثابت کرد....



به باور "ناسیدزه" و همکاران (Nasidze et al, 2005)، زبان شناسان در مقاطعی از پژوهش‌های خود، با فرضیه سازی و نه اثبات علمی، زبان کوردی را در گروه زبان‌های به اصطلاح ایرانی و آریایی قرار داده‌اند که این مساله، به هیچ عنوان، قطعیت ندارد اولاً و ثانیاً، اساساً نمی‌توان براساس صرف شواهد زبان شناختی، کوردها را به لحاظ منشأ، به این یا آن گروه وابسته کرد. "مک کنزی" (Mackenzie) زبان‌شناس فقید بریتانیایی در نهایت، اعتراف کرد که برای دسترسی نسبتاً دقیق به منشأ کوردها، باید به شواهد غیرزبانی نگاه کرد.

پژوهشگران نتیجه می‌گیرند که کوردها از بستر چندقومی ژنتیکی خاورمیانه و قلمرو خاص کوردستان، پیدا شده‌اند و در درجه‌ی نخست، فرزندان بومیان این جغرافیا هستند که از ترکیب چند قومی و چند فرهنگی این مردمان، کوردهای امروزی شکل ساخت پیدا کرده‌اند. نتیجه‌ی همه‌ی پژوهش‌های انجام گرفته با استفاده از معیارهای علم ژنتیک و نیز بررسی‌های زبانی نشان می‌دهند کوردها ایرانی نیستند و از آریایی‌ها منشعب نشده‌اند. شباهت ژنتیکی کوردها، یهودی‌ها و ارمنی‌ها به روشنی نشان می‌دهد که قدیمی‌ترین و کهن‌ترین گروه‌های ساکن خاورمیانه، این‌ها بوده‌اند و نسبت دادن هویت مضاف به هریک از آن‌ها بیش از آنکه یک واقعیت علمی باشد نتیجه دروغ و سیاست است. کوردها نه ایرانی هستند و نه از آریایی‌ها منشعب شده‌اند. به باور همه این پژوهشگران، محال است کوردها ایرانی یا آریایی باشند. باز هم تاکید می‌شود مساله چسپاندن کوردها به ایرانی یا آریایی، بیش و پیش از آنکه دلایل و مستدل‌های دانشی داشته باشد به نیت و مقاصدی باز می‌گردد که در پس پشت آن، اغراض سیاسی و نژادگرایانه پنهان است.



# **DIE HERKUNFT DER KURDEN**







این نوشتار ترجمه‌ای است از کتاب:

---

## **DIE HERKUNFT DER KURDEN**

Ferdinand Hennerbichler

Peter Lang

2010

---

برای مطالعه بیشتر، می‌توانید به برخی منابع کتاب مراجعه فرمایید:

- Y-chromosome and mtDNA in Iraq, Al-Zaheri N, Semino, Benuzzi G, 2002  
Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe, Princeton university press, 1984
- Population Genetics Relationships between Mediterranean Populations by HLA distribution and a historic perspective. Tissue Antigens. 2002
- Quintana-Murci et al, Where West Meets East: The Complex mtDNA Landscape of the southwest and central Asian Corridor. *Am J Hum Genet.* 2004 May, 74(5): 827-845
- Nasidze et al.(2005), *Annals of Human Genetics* 69:401(summary)
- see also: Nasidze et al.(2005) ,*Annals of Human Genetics* 69:405: (Results: mtDNA HV1 Sequence Variability)  
Schatzungen YBP(tears before present) zitiert nach R.Spencer Wells/ The Genographic project, [www3.national-geographic.com/genographic/atlas.html](http://www3.national-geographic.com/genographic/atlas.html), stand: September, 2007, zitierte Daten (in %) und Abkürzungen nach nasidze et al.(2005) sowie Nebel et al, (2001,2007): Ku-Tk: Kurmandschi- Sprecher(heutige) Türkei, Za-Tk: Zazaki-Sprecher Türkei, Ku-Tk:kurden (kurmandische sprecher)Georgian, Ku-Tm: kurdenTurkmenistan. MK: Muslim Kurds, meist Nord-Irak
- Pizza A, Cavalli Sforza L.Diffusion of Genes and Languages in Human Evolution. Discussion paper. The Sixth International Conference on the Evolution of Languages(Evolang6). Rome, 12-15 April 2006, cites internet-version: <http://www.tech.plym.ac.uk/socce/evolang6/> HYPERLINK "http://www.tech.plym.ac.uk/socce/evolang6/"

● L.c.5ff.Sources cited: renfrew, C.(1987). Aecheology and Language: The Puzzle of Indo-European origins. Cambridge University Press, New York. Gimbutas, M.(1985) Primary nd Secondary homeland of the Indo-European Studies 13:185-202. Ammerman, A.J., Cavalli-sforza, LL(1984). Neolithic Trnsition and the Genetics of Populations in Europe. Princeton University press, Princeton, NJ.Pizza, A.,Rendine, S., Minch, E.,Menozzi, P.,Mountain, J., Cavalli-Sforza, LL.(1995). Geenetics and the origin of the European Languages. Proceedings of the National Academy of Sciences 92: 5836-40

● Cavalli-sforza et al, indicated an overall genetic similarity of kurds with other middle eastern populations : Nasidze et al: MtDNA and Y-chromosome Variation in Kurdish Groups. Annals of Human Genetics(2005) 69, 402

● Vergel.: Cavalli-Sforza,LL., Menozzi, P. and Pizza.A, The History and Geogrphy of Human Genes. princeton university Press, N.J.,1994:Abridged Pperback Edition, 1996

● Spencer Wells: The genographic project.Atlas of Human Journey. in: [www3.nationalgeographic.com/genographic/atlas.html](http://www3.nationalgeographic.com/genographic/atlas.html).

● Hurro-uratian Archeology, Lnguages, and Genes: A Y Chromosome Model of Northeastern Caucasian Language Spread. Roy King M.D., Ph.D. and Peter Unterhill Ph.D. The University of California Santa Barbara. Interdisciplinary conference. Languages and Genes, 2006 September 8-10, cited: [HYPERLINK "HYPERLINK%20%22http://www.linguistics.ucsb.edu/prijects/Languages-and-Genes/plenary/AbstractKing.pdf%22www.linguistics.ucsb.edu/prijects/Languages-and-Genes/plenary/AbstractKing.pdf" HYPERLINK "HYPERLINK%20%22http://www.linguistics.ucsb.edu/prijects/Languages-and-Genes/plenary/AbstractKing.pdf"](http://www.linguistics.ucsb.edu/prijects/Languages-and-Genes/plenary/AbstractKing.pdf) IAntonio Arnaiz-Villena et al, The correlation between language and genes,2001 Antonio Arnaiz-Villena & Alonco Garcia, The Usko Mediterranean. Plenum Publisher, New York, 2000.

● Arnaiz-Villena et al, Tissue Antigens, 2001

● Arnaiz-Villena, 2001: HLA-Allele-Frequenzen unter 30 Kurden aus Georgian

● Arnaiz-Villena et al, Tissue Antigens, 2001

● Fernerstein George, Kaksubhash, Frawley David, in search of the cradle of civilization, Wheaton: Quest Books, 1995

● Frawley David. The Myth if the Aryan Invasion of India. New Delhi: Voice of India, 1995

● Comas, D ., Calafell, F., Bendukidze, N., Fananas, L. & Bertranapatit, J. Georgian and Kurd mtDNA Sequence Analysis Shows a Lack of Correlation Between Languages. American Journal of Physical Anthropology (2000) 112:5-16

● Comas et al.(2000) 112: 8(Fig.1). Vergl.auch: Nasidze et al., Annals of Human Genetics(2005) 69, 402: „Comas et al(2000) studied mtDNA HV1 sequence variabillity among Kurmanji-speaking kurds living in Georgia(caucasus), and found close European affinities for Kurdish mtDNA lineages. Comas et al(2000) sprechen allerdings nur von kurds, ohne auf deren sprache wie Kurmanji einzugehen.

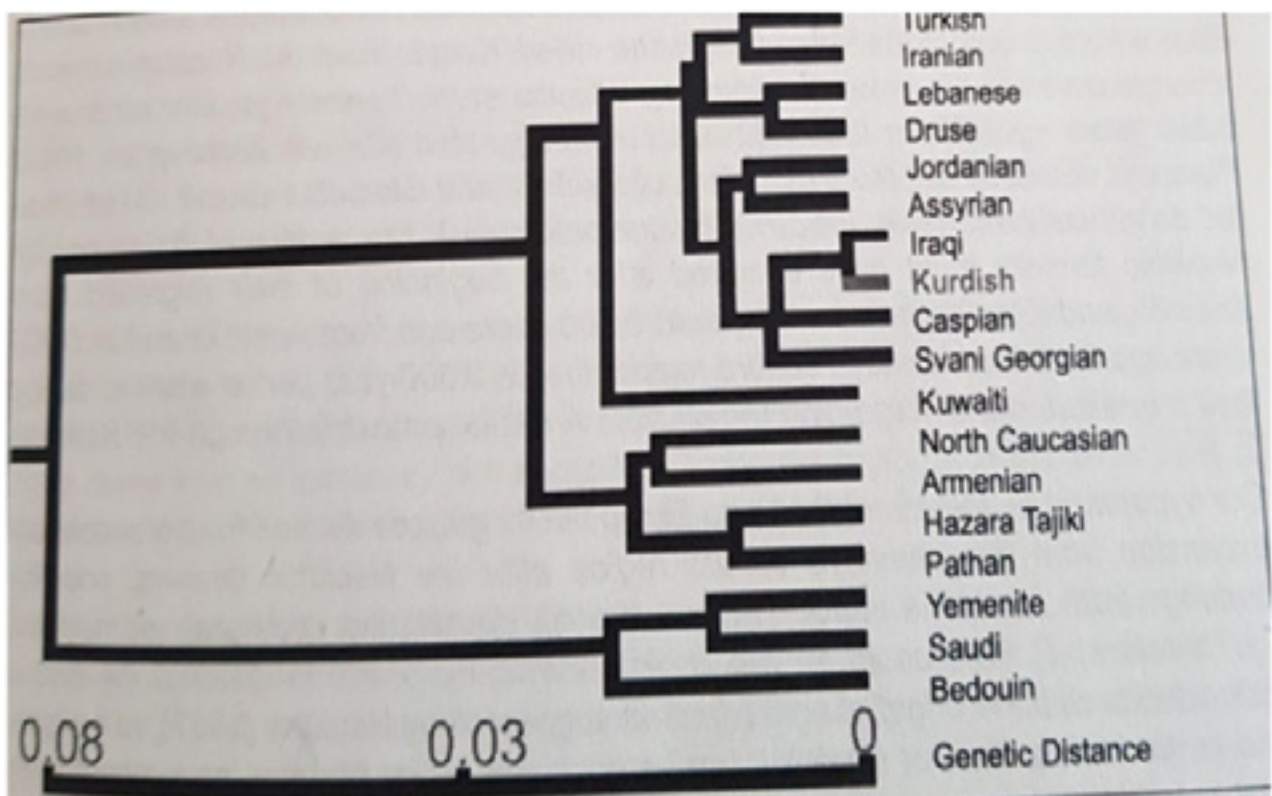
● Comas et al.(2000) 112:16 (Discussion)

● Richards, M et al(2000). Tracing European founder lineages in the near eastern mtDNA pool. American Journal of Human Genetics, 67, 1251-1276

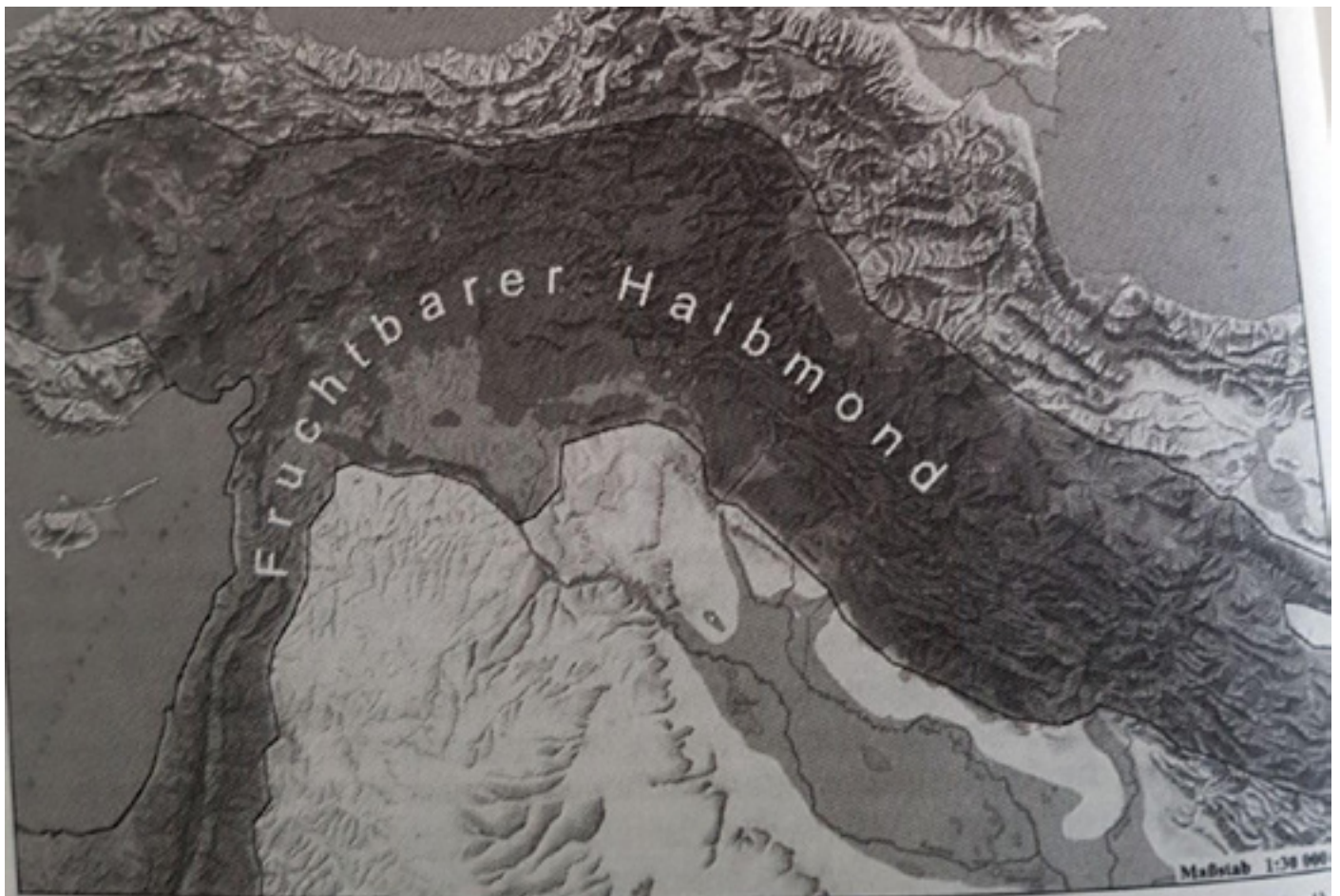
● Richards et al.(2000) 67: 1251

● Richards et al.(2000) 67: 1264-1263

● [Stats.gla.ac.uk vincent /founder/2000](http://Stats.gla.ac.uk/vincent/founder/2000)



Graphik fre 2009, zitiert nach Cavalli-Sforza et al. The History and Geography of Human Genes  
 Princeton University Press 1994, S. 242, Fig. 4.15.1 Genetic tree of 18 populations in West Asia.



Ungefähre Ausdehnung des Fruchtbaren Halbmondes in Nahost und Eurasien, darunter (in Dunkel)

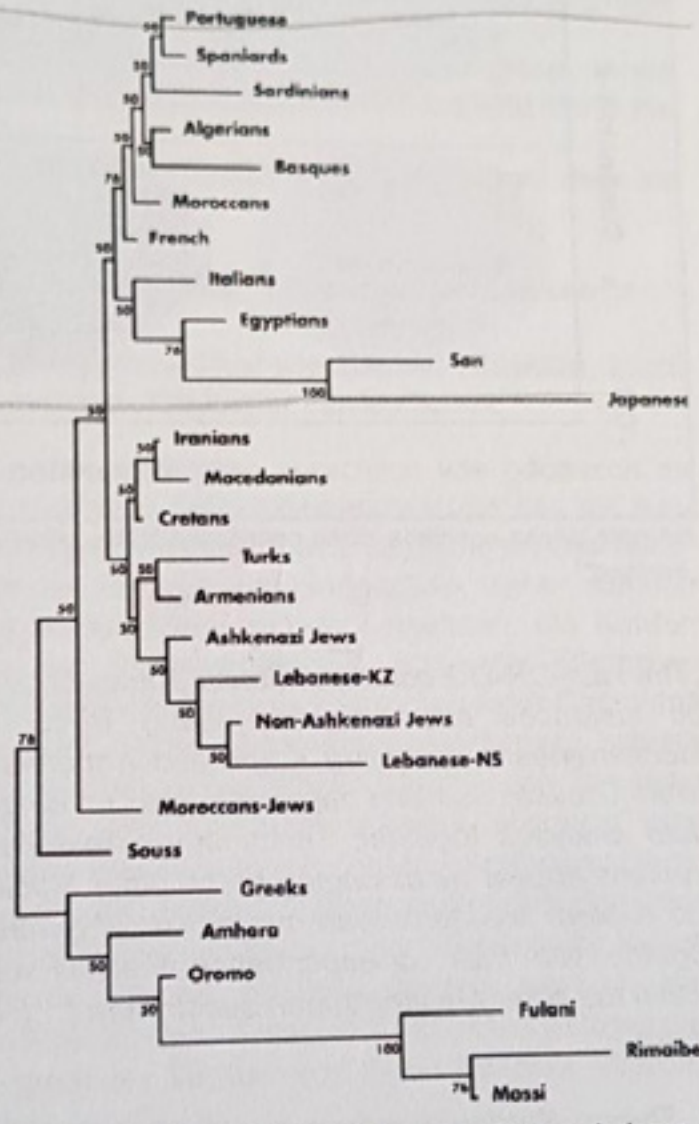
3. Genetische Distanz- & Ubereinstimmungs-Analysen: altes Mittelmeer-Substratum<sup>2</sup>

Grundaussage: „Kurds are also integrated within the older Mediterranean substratum“

Table 3: Standard genetic distances (SGD) between Turkish and other populations (x 10<sup>2</sup>) obtained by using HLA-DR,-DQ allele frequencies [...]

DR-DQ - Genetic distances (x 10<sup>2</sup>)

Non-Ashkenazi Jews	0.15
Armenians	0.78
Lebanese (KZ)	1.52
Iranians	2.80
Ashkenazi Jews	3.05
Italians	3.27
Cretans	3.85
Lebanese (NS)	4.55
Kurds	5.90



DISCONTINUITY

Jews (Moroccans)	10.56
Portuguese	11.00
French	12.39
Algerians	13.27
Egyptians (Siwa)	13.66
Sardinians	14.04
Moroccans (El Jadida)	14.31
Spaniards	14.98
Berbers (Souss)	15.98

DISCONTINUITY

Greeks	19.42
San (Bushmen)	20.56
Basques	28.85
Japanese	30.25

<sup>1</sup> Arnaiz-Villena et al. 2001: HLA-Allele-Frequenzen unter 30 Kurden aus Georgien: Teilergebnisse:

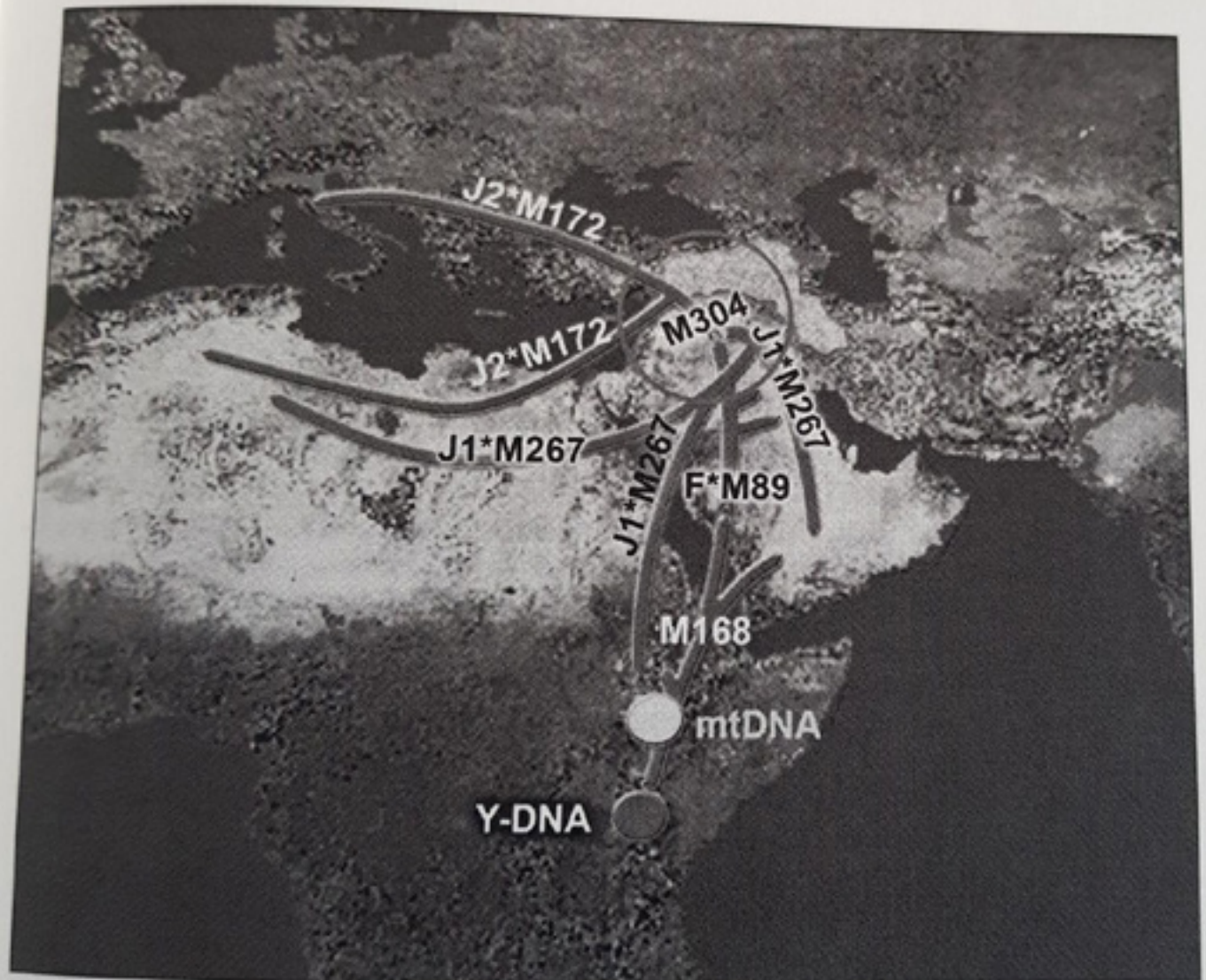
A\*03: 17,2%, B\*51: 14,1%, B\*52: 3,6% = 34,9%  
 A\*02: 15,5%, A\*11: 10,3% = 25,8%

Vergl. Bendukidze et al. 1996:

„Frequency of A\*03, B\*51/52 is the highest in Kurds (32,1% and 34,6%).  
 A\*02 and A\*11 are the second most frequent alleles (both 21,4%).  
 Within the C locus, this group has high frequencies of Cw\*04 and Cw\*15.“

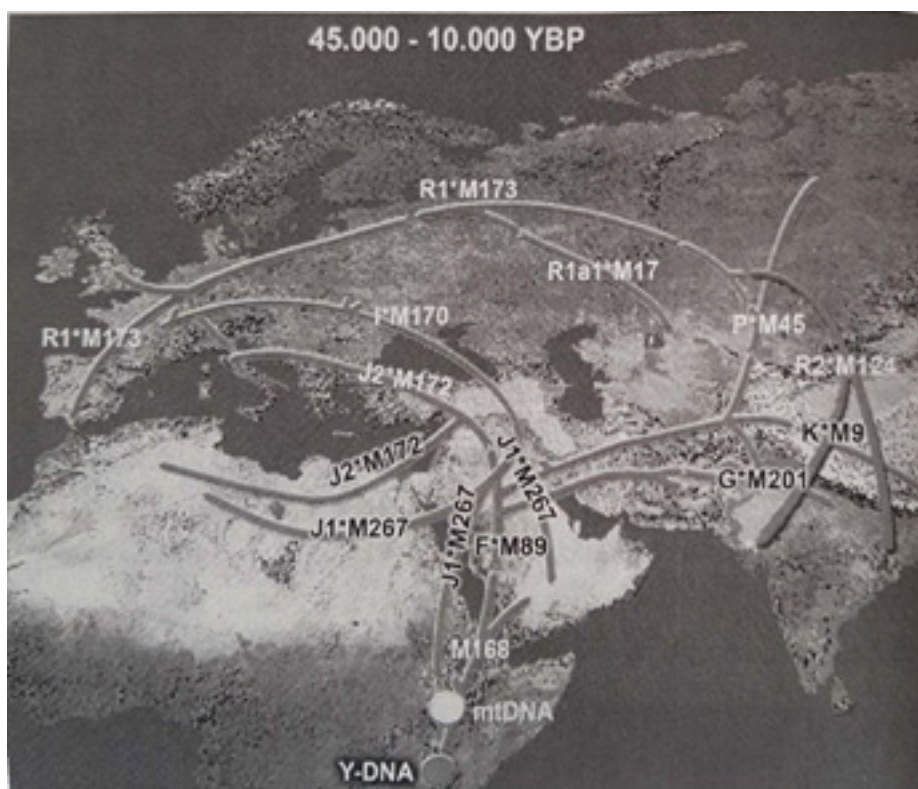
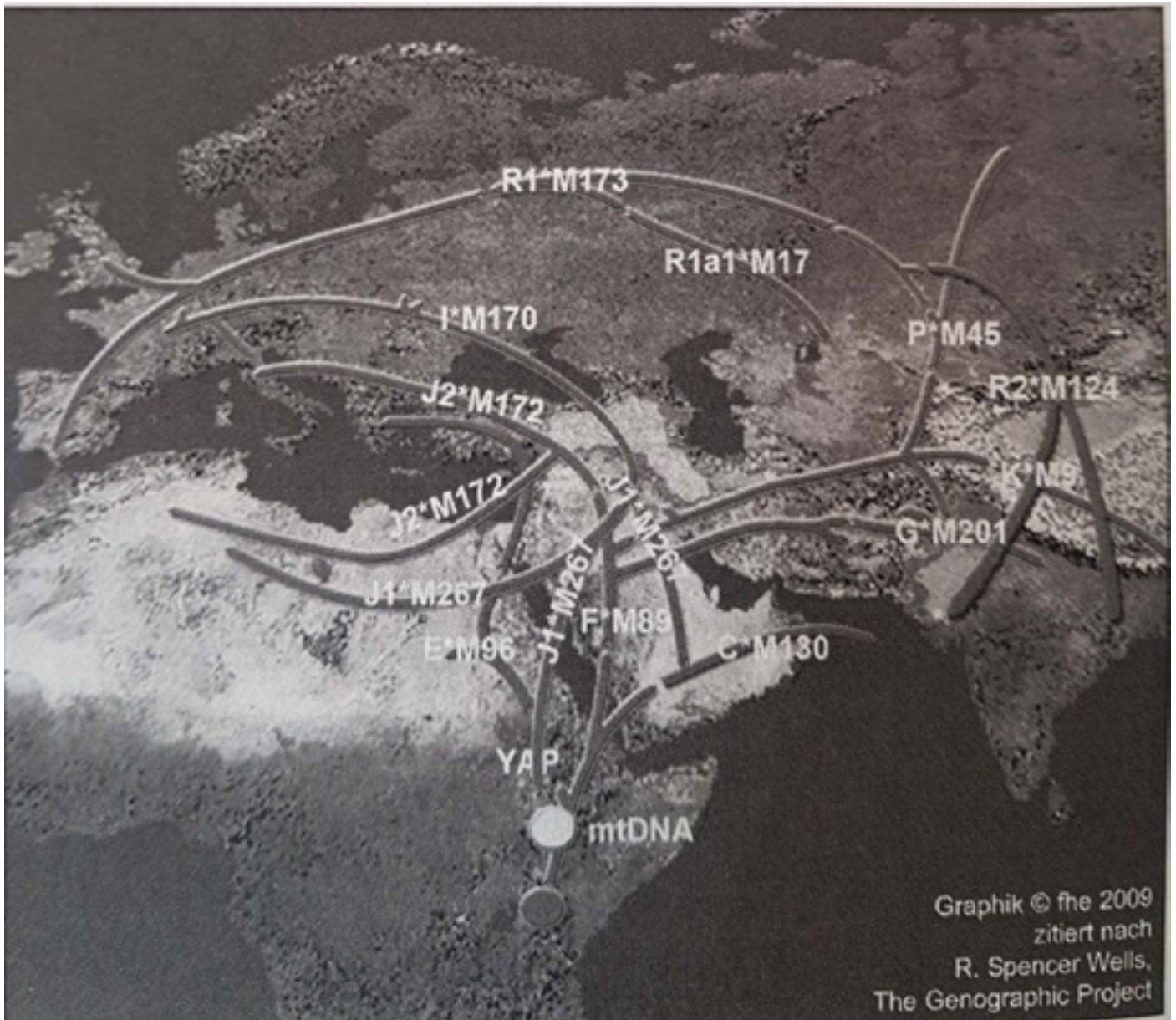
Source: Bendukidze Nina, Meschishvilia Elena, Ivaskova Eva, Cerna Marie, Churadzea Tamaz, Guladzea Ramaz, Shalamberidzea Ketevan. Determination of the alleles of HLA I class in Georgian, Kurdish and Czech populations by ARMS-PCR method. Human Immunology Volume 47, Issues 1-2, 15 April-31 May 1996, p. 54

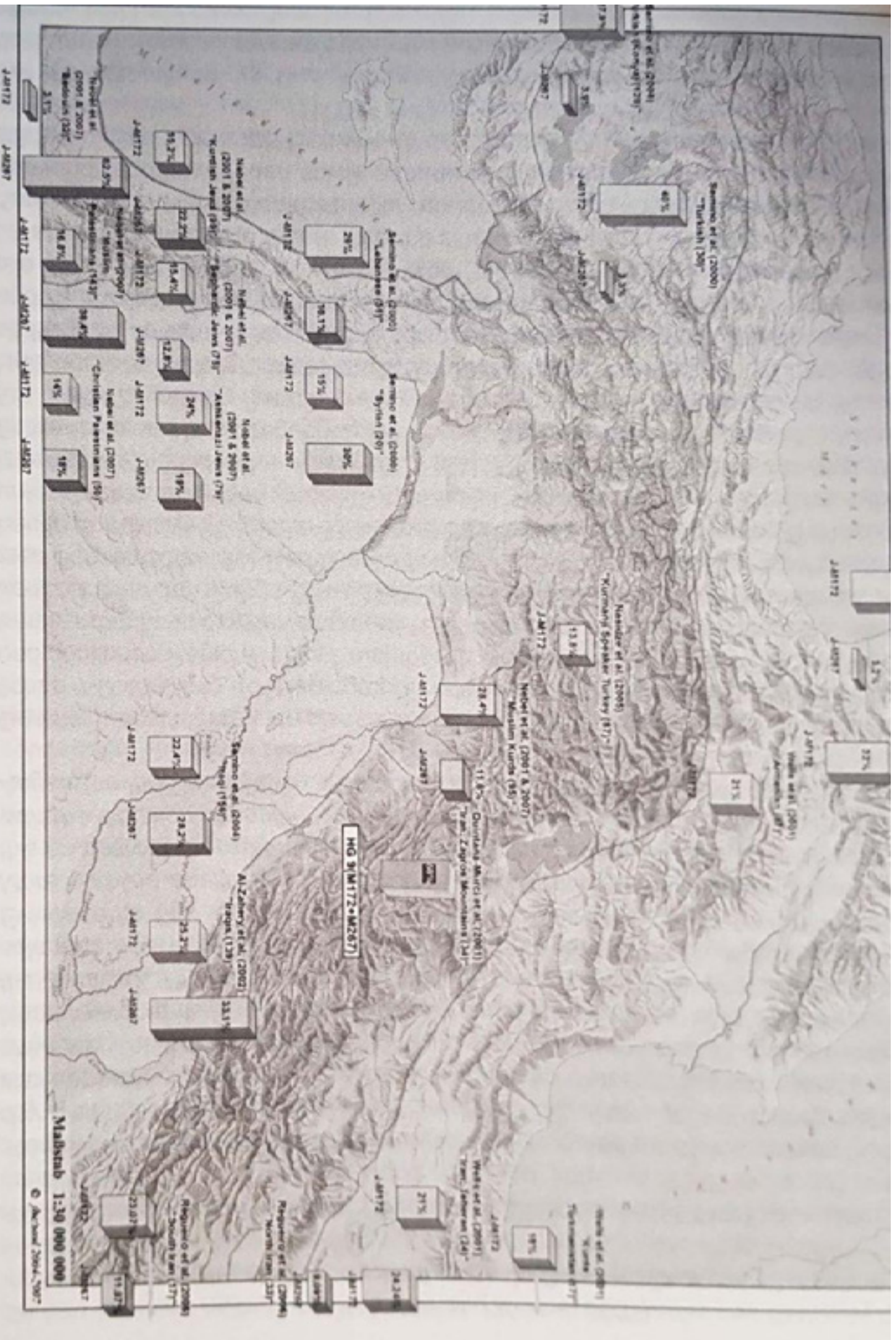
<sup>2</sup> Arnaiz-Villena et al. Tissue Antigens 2001, 57 (4): 311-312



Graphiken © the 2009: oben: (Basismap NASA public domain): Entwicklung der männlichen Y-Chromosomlinie, Haplogruppe J\* (1 und 2), nach Spencer Wells (zitiert nach Genographic Project: <https://www3.nationalgeographic.com/genographic/atlas.html>). Darunter: Entwicklung und Alter der Haplogruppe J-p12f2\* und ihrer Sublinien J1\*M267 & J2\*M172 zitiert nach Semino et al. 2004: 1026.



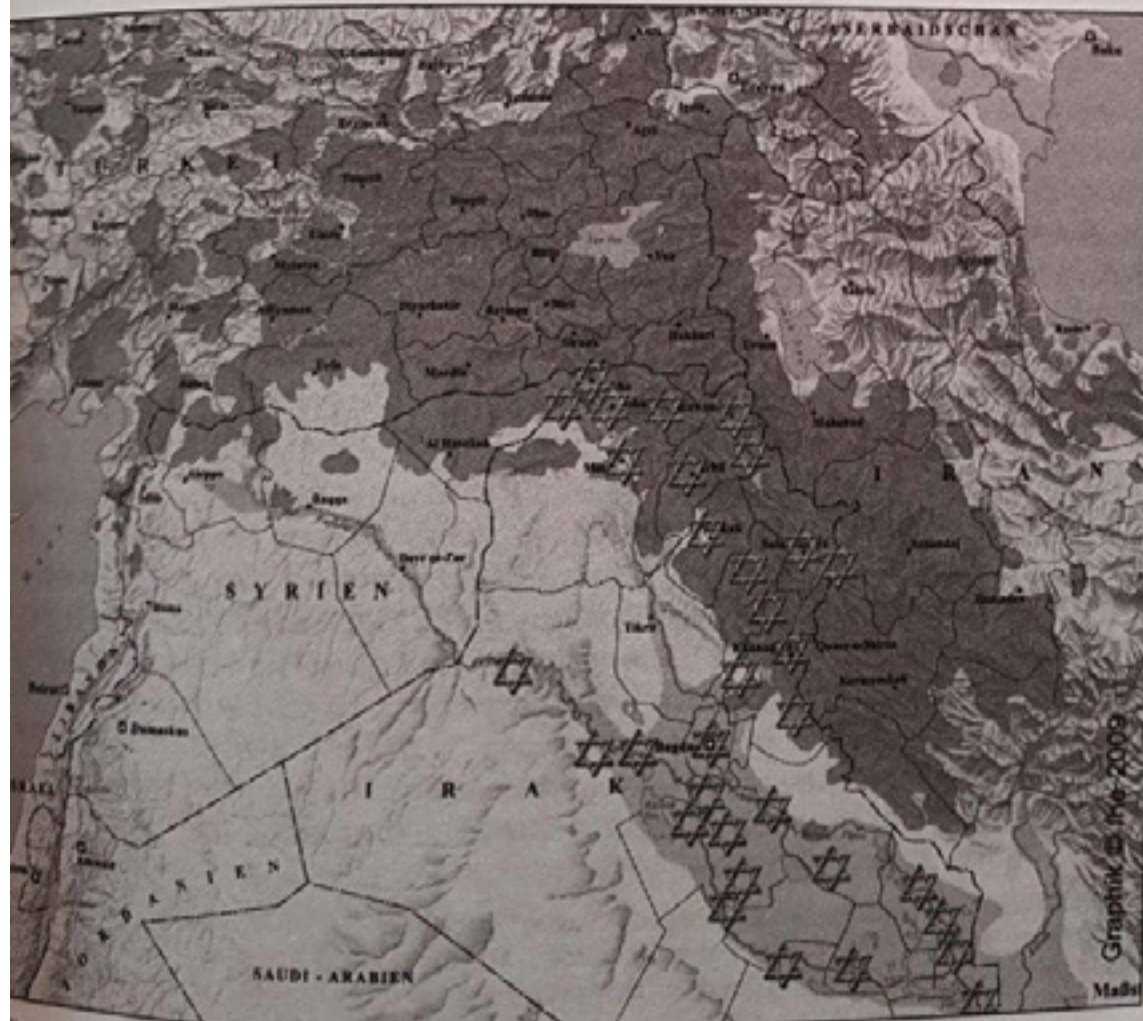




# Erstes und ältestes Exil von Juden in Kurdistan 732-722 BC



## Jüdische Gemeinden Anfang des 20. Jhs. im Irak



Historischer Verlauf: Hennerbichler, F. Die Kurden, 2004; Juden: 255-261, 578-586. Christen: 262-276.



## Geographische Herkunft: Nördlicher Fruchtbarer Halbmond



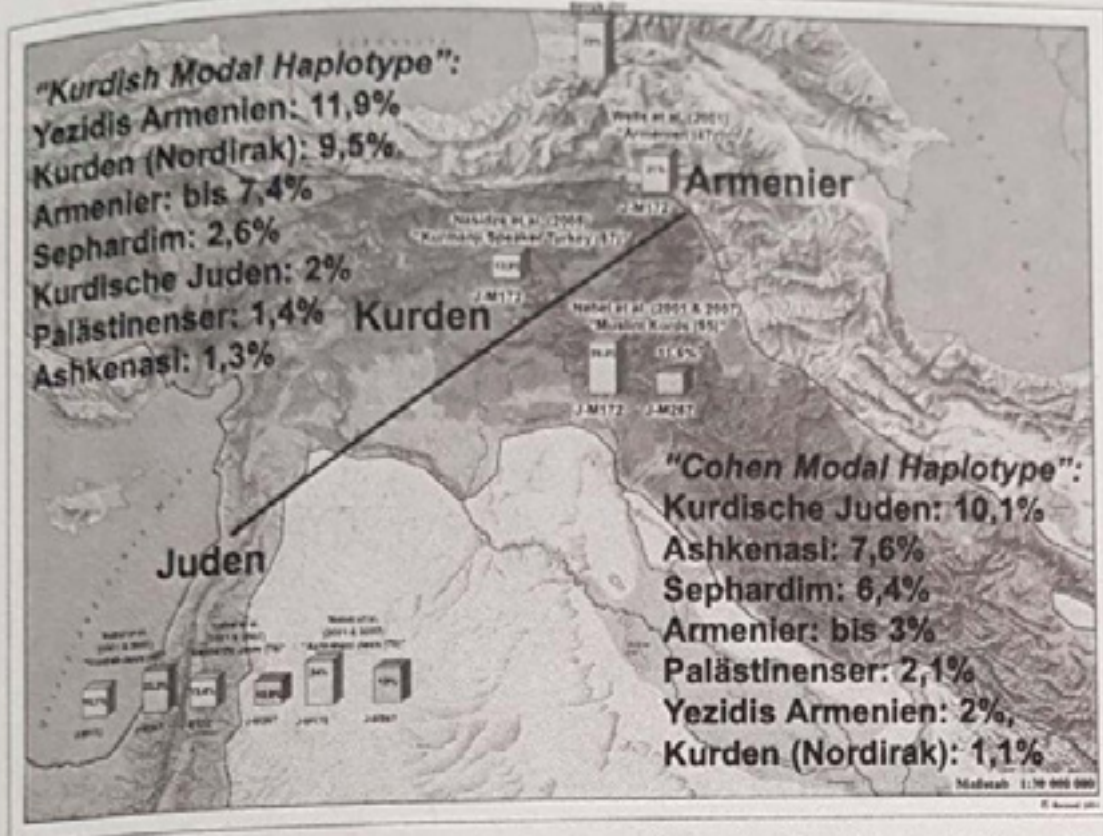
Kurden entstammen ethno-genetisch einer multikulturellen Urbevölkerung des nördlichen Fruchtbaren Halbmondes. Zu genetisch nahen Verwandten von Kurden zählen in diesem Raum vor allem Armenier.

## Nächste genetische Verwandte von Kurden: Juden



Als nächste genetische Verwandte von Kurden wurden Juden ermittelt. Die genetische Nähe zwischen Juden und Kurden ist enger als jene zwischen Juden und Arabern, die einander geographisch näher sind.

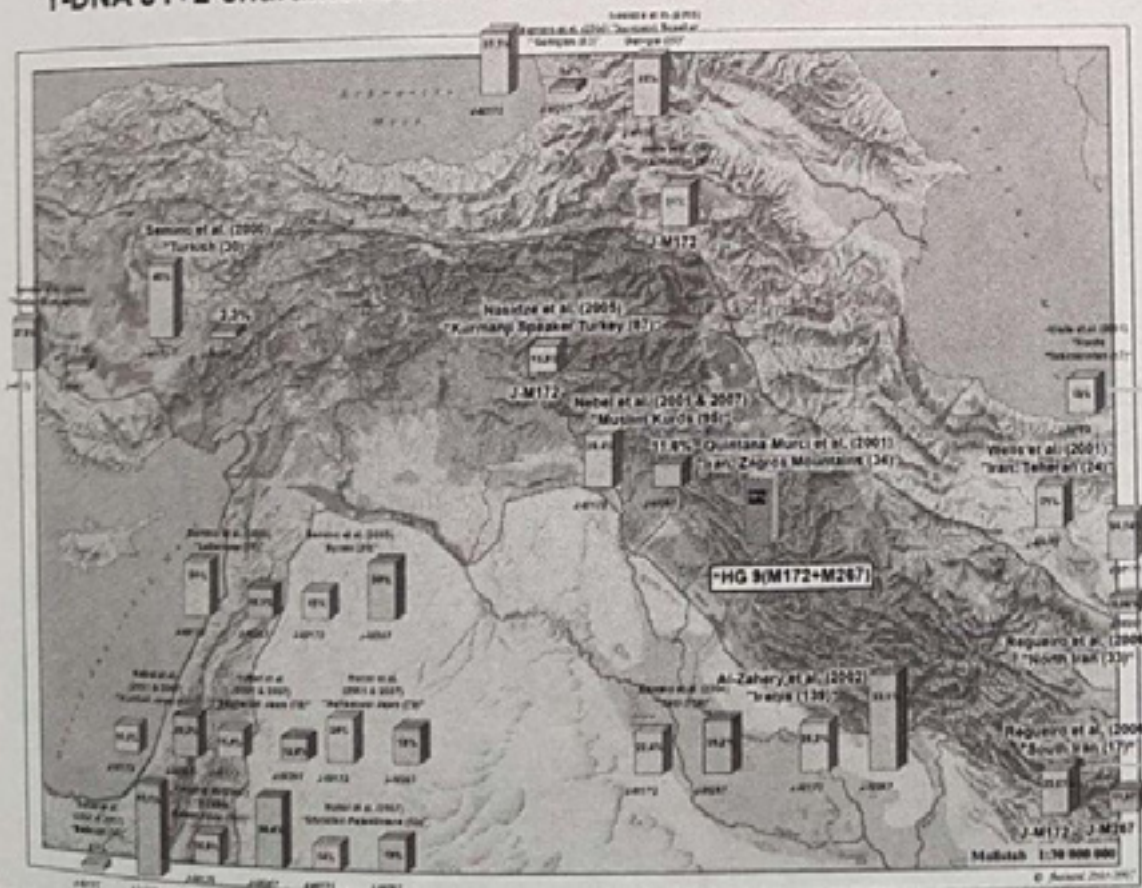
## Ethnogenetische Achse Juden-Kurden-Armenier quer durch Nahost



Graphik © fine 2009

In ihrer ethnogenetischen Abstammung aus nördlichen Gebieten des Fruchtbaren Halbmondes zeigen Kurden auch geographisch zuortbare spezifische Nähe zu Juden und Armeniern südlich und nördlich.

## Y-DNA J1+2 charakteristisch für älteste Zivilisationskulturen Nahost



Graphik © fine 2009

Anteile an Y-DNA Linien J1+2 (J-M267+J-M172) sind in Kurden und Juden etwa proportional umgekehrt groß: Juden zeigen hohe Anteile an J1, Kurden größere an J2. Armenier sind dabei noch weitgehend unbestimmt.

کوردستان ایران نیست

# گوردها ایرانی نیستند

ترجمه و تدوین  
بهزاد خوشحالی