تبارشناسی آهوان فلات مرکزی ایران با تکیه بر ژن سیتوکروم b میتوکندری

راضیه محمدی[۱]، مرتضی نادری[۲*]

۱- گروه تنوع زیستی و زیستگاه‌ها، دانشکده محیط زیست، واحد علوم و تحقیقات تهران، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران
۲- دانشگاه اراک، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، گروه محیط زیست، کدپستی ۳۸۱۵۶-۸-۸۳۴۹
[*]مسئول مکاتبات: m-naderi@araku.ac.ir

تاریخ دریافت: ۹۵/۱/۲۳ تاریخ پذیرش: ۹۵/۴/۲۰

چکیده

توالی یابی ژنوم میتوکندریایی یکی از پرکاربردترین روش‌های مطالعه روابط تبارشناختی پستانداران محسوب می‌شود. این قبیل پژوهش‌ها در بررسی واگرایی درون گونه‌ای، اولویت بندی اقدامات حفاظتی، مطالعه منشاء پیدایش گونه ها، نظریه پناهگاه‌ها و مطالعات دیگری از این قبیل مورد بهره برداری قرار می‌گیرند. آهوها از نمونه گونه‌هایی محسوب می‌شوند که همواره مطالعات تاکسونومیک متعددی در دنیا و در ایران در مورد آنها انجام شده است. اغلب مطالعات بر وجود سه گونه از جنس *Gazella* اتفاق نظر دارند در عین حال هنوز بحث-های زیادی در خصوص جایگاه تبارشناختی جمعیت‌های مختلف و وجود یا عدم وجود زیرگونه‌ها در زیستگاه‌های مختلف وجود دارد. در این بررسی، تلاش گردید تا با توالی یابی ژن سیتوکروم b میتوکندری وضعیت تبارشناختی این گونه در فلات مرکزی شامل جمعیت-هایی از استان‌های یزد، اصفهان و کرمان مورد بررسی قرار گیرد. نتایج این پژوهش نشان داد که جمعیت متعلق به استان یزد بیشترین واگرایی تبارشناختی را نسبت به جمعیت‌های اصفهان و کرمان دارا می‌باشند. همچنین نتایج به دست آمده در این پژوهش حاکی از تنوع ژنتیکی نسبتا پایین آهوان فلات مرکزی ایران می‌باشد. بطوریکه تفاوت ژنتیکی بین آهوان فلات مرکزی ایران بیش از ۰/۰۰۲ نیست. البته با توجه به اندازه نمونه مورد استفاده در طرح آزمایشی لازم است این نتایج با احتیاط مورد تفسیر قرار گیرند.

کلمات کلیدی: آهوی ایرانی، تنوع ژنتیکی، ژن سیتوکروم *b*، فلات مرکزی ایران

مقدمه

به‌دلیل گسترش روند تخریب محیط‌زیست از سوی انسان در دهه‌های اخیر، حفظ ذخایر ژنتیکی بیش از پیش مورد توجه و اهمیت قرار گرفته است. ایران از نظر تنوع زیستی بسیار غنی است و گونه‌های جانوری و گیاهی متنوعی دارد که شاید بتوان گفت بیش از نیمی از آن‌ها هنوز کشف و شناسایی نشده‌اند. این سرزمین به دلیل قرارگیری در فلات ایران و هم‌جواری با اقلیم‌های مختلف آسیایی دارای پراکندگی جانوری منحصر به فردی است به‌طوری-که آخرین حد پراکنش گونه‌های جانوری مختلف از اروپا گرفته تا هند و عربستان در ایران قرار دارد. در ایران سه گونه، آهوی ایرانی (*Gazella subgutturosa*)، جبیر (*Gazella benettii*) و آهوی کوهی (*Gazella gazella*) وجود دارد. در حالی که در ایران این ۳ گونه شناسایی شده‌اند، اما آهوان ایرانی به عنوان گسترده‌ترین گونه در اکثر نقاط کشور زندگی می‌کنند [۸]. آهوان ایرانی تا یک مدت نه چندان دور، حتی در منطقه بسیار پرجمعیت بوده اند و در زیستگاه‌های مختلف خشک و نیمه خشک از شبه جزیره عربستان گرفته تا مغولستان پراکندگی داشته و جمعیت آن در نواحی مرکزی آسیا تا یک میلیون رأس برآورد شده بود، ولی هم اکنون جمعیت آن به علت شکار بی‌رویه و غیرقانونی و نیز از دست رفتن زیستگاه‌های مناسب به حد قابل توجهی کاهش یافته، به طوری که در کشورهای کویت، گرجستان و قرقیزستان منقرض شده و در حال حاضر به عنوان یک گونه آسیب پذیر در نظر گرفته می‌شود [۱۰]. در ایران، آهوان ایرانی پراکندگی وسیعی در زیستگاه‌های دشتی و نیمه‌صحرایی دارند و تنها

www.SID.ir
Archive of SID

در نواحی کوهستانی، نواحی جنوبی و اطراف دریای مازندران یافت نمی‌شود [۹]. در حالی که تا نیمه دهه ۱۹۷۰ هزاران رأس آهوان ایرانی در ایران وجود داشته ولی شکار بی رویه و تبدیل زیستگاه‌ها به باغات و اراضی کشاورزی سبب شده در نواحی خارج از مناطق حفاظت شده، تقریبا ریشه کن شده باشد و هم‌اکنون تنها در مناطق تحت حفاظت وجود دارد [۷]. در حال حاضر بیشترین جمعیت در استان‌های اصفهان، زنجان و خراسان رضوی وجود دارد. طبیعی است که با کم شدن تعداد آهوان و زیستگاه‌های آنها، تاثیر شگرفی در تنوع ژنتیکی این موجود بوجود می‌آید. جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی از دیرباز روش‌های متعددی مانند روش‌های صحرایی پیشنهاد می‌شده که این روش‌ها با پیچیدگی و خطاهای متعددی همراه می‌باشد، چون وقتی یک یا دو نفر در محیط طبیعی کار می‌کنند و تنها بر اساس مشاهدات نتیجه‌گیری می کنند بدون شک این نتایج همراه با خطا می‌باشد. در بیشتر تحقیقات صورت گرفته برای آنالیز فیلوژنتیکی و رده‌بندی گونه‌های جانوری و بررسی تفاوت‌های ژنتیکی از DNA میتوکندری استفاده شده است. ویژگی‌هایی همچون نسخه‌های زیاد میتوکندری در هر سلول، وراثت مادری آن و تغییرپذیری زیاد در توالی-های آن mtDNA را به ابزاری قدرتمند برای شناسایی گونه‌ها تبدیل کرده است. ژن cytb مارکر مناسب در سطح جنس و گونه است و مشابه ژن COXI تغییرات درون و بین گونه ای را نشان می‌دهد و فاقد تغییرات حذف، الحاق و واژگونی است. این ژن توانایی نشان دادن واگرایی‌های قدیمی‌تر از ۲۰ میلیون سال را ندارد [۱۱]. تغییرات توالی در cyt*b* باعث شده است که به ابزاری مفید برای مقایسه گونه‌ها در جنس‌های مشابه و یا در خانواده‌های مشابه تبدیل گردد. نتایج بدست آمده از بسیاری از مطالعات که در آن از cytb استفاده شده است منجر به طرح طبقه‌بندی جدید شده است که روابط فیلوژنتیک میان گونه‌های مورد مطالعه را بهتر نشان می-دهد و علاوه بر این فیلوژنی cytb می‌تواند به جایگزینی گونه‌هایی که جدید توصیف شده‌اند کمک کند [٦]. متاسفانه مطالعات ژنتیکی اندکی بر روی آهوان ایرانی انجام شده است. آئینی و همکاران (۱۳۸٦)، با تحقیقی بر آهوان ایرانی منطقه سهرین، نشان دادند که آهوان ایرانی منطقه سهرین در مقایسه با آهوان مغولی و آهوان گرانت، تنوع ژنتیکی کمتری دارند [۱]. کرمی و همکاران (۱۳۸۱)، در مطالعه خود به وضعیت آهوان کشور پرداخته و آنها را از نظر رده‌بندی، پراکندگی و بوم شناختی بررسی نمودند [۳]. در این مطالعه مشخص گردید سلسله جبال زاگرس همانند یک سد طبیعی آهوان ایرانی را در دو طرف خود جدا کرده و امکان وجود یک زیرگونه جدید در غرب زاگرس وجود دارد. محمدزاده و همکاران (۱۳۹۲)، در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی آهوان استان‌های خراسان و یزد با استفاده از جایگاه D-loop، نتیجه گرفتند که تنوع ژنتیکی در مناطق مورد مطالعه بسیار اندک است [٤]. لذا در این مطالعه سعی بر آن است که با بررسی تنوع ژنتیکی آهوان مرکزی ایران بتوان نمای مناسبی را در راستای برنامه‌های مدیریتی و احیای گونه ایجاد نمود. اینگونه اطلاعات می‌تواند در زمینه تعیین گونه و الویت‌بندی آنها و همچنین تعیین مناطق حفاظتی بسیار مفید باشد.

مواد و روش کار

در این پژوهش، ۱۸ نمونه شامل خون، بافت عضله، پوست و مو و سرگین از آهوی ایرانی مناطق یزد، اصفهان و کرمان اخذ گردید (جدول ۱). نمونه بافت‌های به‌دست‌آمده به آزمایشگاه منتقل شده و DNA با استفاده از کیت کیامپ شرکت کیاژن استخراج گردید. در این پژوهش، به‌منظور بررسی تنوع نوکلئوتیدی آهوی ایرانی، آغازگرهای عمومی برای ژن سیتوکروم *b* میتوکندری به کار برده شد (جدول ۲). در این پژوهش، حجم واکنش PCR ۲۵ میکرولیتر شامل ۱۰۰ نانوگرم DNA، بافر PCR ۱X، ۰/٤ میکرومولار از هر پرایمر، ۲۰۰ میکرومولار dNTP، ۱واحد آنزیمTaq DNApolymerase و آب مقطر استریل تا رسیدن به حجم بود. پس از بهینه‌سازی شرایط PCR حاکم بر هر جایگاه از لحاظ چرخه‌های حرارتی

www.SID.ir

(جدول ۳)، محصولات PCR بر روی ژل آگارز ۱/۲ درصد الکتروفورز گردیدند. پس از رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید و حصول اطمینان از خلوص باندی، نمونه‌ها توسط شرکت بایونیر کره جنوبی توالی‌یابی گردیدند.

در این پژوهش، کلیه آنالیزهای مولکولی و پارامترهای آماری مربوطه شامل ماتریس فواصل ژنتیکی، تنوع درون و بین جمعیتی، تعداد و تنوع هاپلوتیپی، فیلوژنی و ... با استفاده از نرم افزار MEGA 5.0 محاسبه گردید.

جدول۱- تعداد نمونه‌های تعیین توالی شده محل جمع‌آوری آن‌ها

تعداد	محل جمع‌آوری نمونه
۷	یزد
٦	کرمان
٥	اصفهان

جدول۲- آغازگرهای ناحیه سیتوکروم b

F	5'– CCTTCCACTTCATTCTCCCA –3'
R	5'– AATAGGCATTGGCTGATTGG –3'

جدول ۳- دما و زمان چرخه‌های حرارتی PCR

ردیف	مراحل PCR	درجه حرارت (سانتی‌گراد)	زمان
۱	واسرشته‌سازی اولیه	۹٥	٥ دقیقه
۲	واسرشته‌سازی	۹٥	۳٥ ثانیه
۳	اتصال آغازگر	٥۸	٤٠ ثانیه
٤	بسط آغازگر	۷۲	٤٥ ثانیه
٥	تکرار مرحلهٔ ۲ الی ٤ (۳٥ مرتبه)	–	–
٦	بسط نهایی آغازگر	۷۲	٤ دقیقه

Archive of SID

www.SID.ir

نتایج

در حال حاضر بسیاری از گونه‌های مختلف جانوری در معرض تهدید قرار داشته، تخریب و تکه‌تکه شدن زیستگاه‌های اصلی این جانوران، شکار و صید بی رویه آنها و خشکسالی‌های متوالی کشور، از جمله عوامل اصلی تهدید آنها به شمار می‌آید. اگرچه بسیاری از گونه‌های در معرض خطر تحت حمایت هستند اما متأسفانه ابزار و امکانات کافی برای حفاظت از آنها وجود ندارد.. در این پژوهش، در کلیه جمعیت‌ها ۵ هاپلوتیپ مشاهده گردید که در این بین، اصفهان دارای کمترین تعداد هاپلوتیپ و یزد دارای بیشترین هاپلوتیپ بود (جدول ٤).

نتایج نشان می‌دهد که تنوع ژنتیکی کمی بین این سه جمعیت وجود دارد. بیشترین تفاوت در بین جمعیت‌های کرمان و یزد و کمترین تفاوت بین جمعیت‌های اصفهان و کرمان مشاهده گردید (جدول ۵). همچنین، براساس روش فاصله مولکولی (Kimura-2-parameter) میانگین فاصله ژنتیکی بین جمعیت های یزد، کرمان و اصفهان ۰/۰۰۲ محاسبه گردید. فاصله ژنتیکی اصلاح شده بین جمعیت‌های مختلف آهوی ایرانی (*Gazella subgutturosa*)در ژن Cyt*b* در ذیل نشان داده شده است (جدول ٦). با عنایت به نتایج حاصل از تحلیل درخت مولکولی پیوند همجواری (Neighbor-Joining) که براساس ٦۳۰ داده توالی ژن سیتوکروم b با بوت استرپ ۱۰۰۰ بدست آمده است (شکل ۱).

آنچه که به وضوح از مطالعه روابط خویشاوند میان جمعیت‌های آهوی ایرانی در درخت مولکولی پیوند همجواری (Neighbor-Joining) مشاهده می‌شود این است که این سه جمعیت با هم تفاوت ندارند. این مسئله به راحتی با مشاهده جدول فواصل ژنتیکی میان جمعیت‌ها نیز قابل مشاهده است. اساساً اطلاعات موجود در ژن سیتوکروم b مورد مطالعه برای ترسیم درخت فیلوژنتیکی نشان‌دهنده روابط بین جمعیت‌های کافی نبوده و درخت به شکل شانه مانندی در آمده است و فاقد ساختار منطقی و مورد انتظار در یک درخت تکاملی است.

این واقعیت که با وجود فاصله جغرافیایی قابل ملاحظه بین جمعیت‌ها تفاوت ژنتیکی آنهابسیار اندک است و به عبارت دیگر دارای یکنواختی بالایی هستند یا به دلیل جدایی بسیار اخیر آن‌ها است یا وجود جریان قوی ژن میان این جمعیت‌ها و وجود فشارهای اکولوژیکی تقریبا یکسان در تمام زیستگاه‌های موجود این گونه و به عبارت دیگر پردازه‌های اکولوژیکی یکسان ولو با فواصل جغرافیایی زیاد و زمان جدایی طولانی توانسته یکسانی ژنتیکی جمعیت‌ها را تضمین کند. همه عوامل قابل درک دست‌اندرکار در این پدیده به خوبی قابل آزمایش هستند. برای بررسی وجود احتمالی و میزان شدت جریان ژن میان جمعیت‌های این گونه در ایران مطالعه جامعی لازم است که در آن وجود جمعیت‌های بینابینی را که می‌تواند دو جمعیت فعلی را به هم وصل نماید مشخص و اعلام نماید و با استفاده از مارکرهای مولکولی مناسب روند و جهت جریان ژن در بین جمعیت‌ها را مشخص کند.

برای مطالعه پردازه‌های اکولوژیکی یکسان در محیط‌های زیست جمعیت‌ها و مشخص نمودن میزان یکسانی فشارهای اکولوژیکی وارد شده به جمعیت‌ها امروزه ابزارها و متدهای مختلفی وجود دارد و شیوه‌ای جا افتاده در مطالعات اکولوژیکی گونه‌های مختلف جانوری است. آنالیز محتمل‌ترین درخت توسط نرم‌افزار Mega صورت گرفت. درخت حداکثر احتمال با بوت استراپ ۱۰۰۰ مرتبه تکرار، ترسیم شد. نتایج به دست آمده از درخت ML با نتایج درخت MP و NJ هم‌خوانی دارد (شکل ۲).

Archive of SID

www.SID.ir

جدول٤- تعداد هاپلوتایپ‌ها و میزان مشاهده در جمعیت‌ها

نوع هاپلوتایپ	تعداد هاپلوتایپ	جمعیت
۱	۱	اصفهان
۲	۲	کرمان
۳ و ٤ و ٥	۳	یزد

جدول ٥- میانگین فاصله ژنتیکی بین جمعیتی

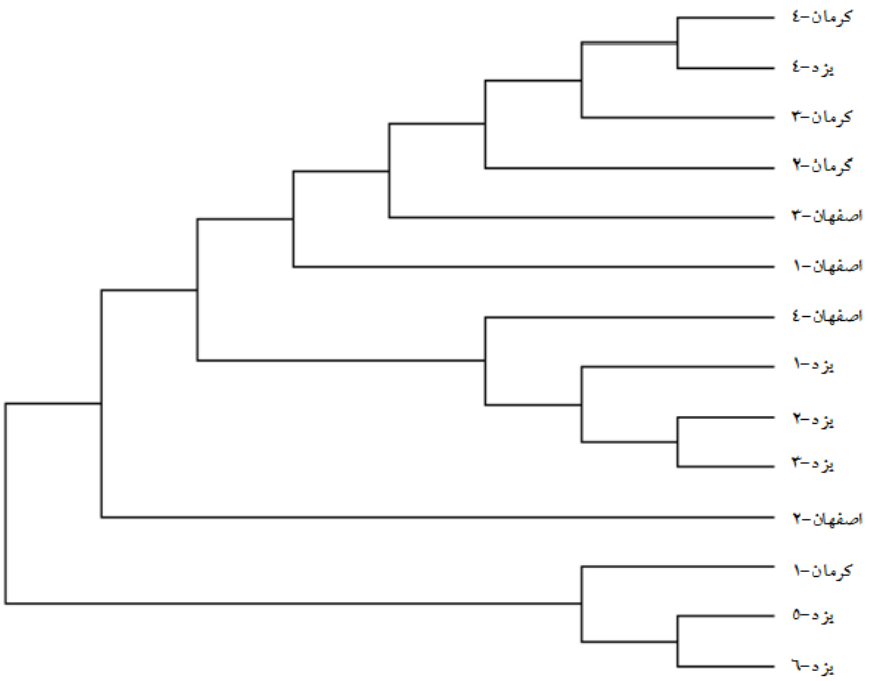
جمعیت	۱	۲	۳
اصفهان (۱)	***		
کرمان (۲)	۰/۰۰۱	***	
یزد (۳)	۰/۰۰۲	۰/۰۰۳	***

جدول ٦- فاصله ژنتیکی اصلاح شده بین جمعیت‌های مختلف آهوی ایرانی در ژن Cyt *b*

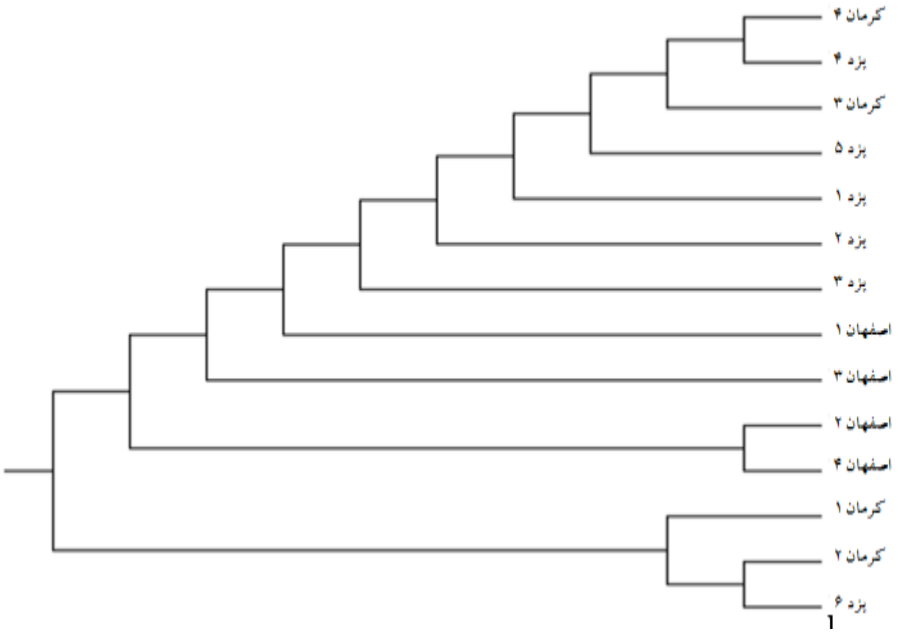
	۱	۲	۳	٤	٥	٦	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱٤
۱.اصفهان ۱	***													
۲.اصفهان ۲	۰/۰۰۰	***												
۳.اصفهان ۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	***											
٤.اصفهان ٤	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	***										
٥. کرمان ۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	***									
٦.کرمان ۲	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	***								
۷. کرمان ۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	***							
۸. کرمان ٤	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	***						
۹. یزد ۱	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	***					
۱۰. یزد ۲	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰٥	۰/۰۰٥	۰/۰۰۳	***				
۱۱. یزد ۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰٥	۰/۰۰٥	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	***			
۱۲. یزد٤	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰٥	۰/۰۰٥	***		
۱۳. یزد٥	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	***	
۱٤. یزد ٦	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰٥	۰/۰۰٥	۰/۰۰۳	۰/۰۰٥	۰/۰۰٥	۰/۰۰٥	۰/۰۰۳	***

Archive of SID

www.SID.ir



شکل ۱- درخت MP همراه با آزمون تاییدی بوت استرپ با ۱۰۰۰ بار تکرار



۲- درخت حاصل از آنالیز UPGMA بر اساس داده‌های ژن سیتوکروم b همراه با آزمون بوت استرپ (۱۰۰۰ مرتبه تکرار)

www.SID.ir

بحث

نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که علی‌رغم مشکلات حفاظتی گسترده‌ای که آهوهای ایران با آن روبرو هستند و هر ساله جمعیت‌های آنها کوچک‌تر و کوچک‌تر می‌شوند اما خوشبختانه بنظر می‌رسد آهوهای ایران هنوز در وضعیت تنگنا (Battle neck) قرار نگرفته‌اند.

در مواردی که جمعیت‌های یک گونه از لحاظ ژنتیکی یکسان شده و تنوع ژنتیکی بین افراد تاحد زیادی کاهش پیدا کند، اصطلاحاً گونه در وضعیت گردن بطری قرار خواهد گرفت که وضعیتی کاملاً خطرناک از لحاظ ژنتیکی و آینده بقای گونه است. از جمله مشکلات ناشی از این وضعیت می‌توان به اثرات زیان‌آوری همچون افزایش درون‌آمیزی خویشاوندهای نزدیک باهم و در نتیجه تولد نوزادان با مشکلات و نارسایی‌های ژنتیکی و کاهش توانایی گونه در پاسخگویی در مقابل تغییرات زیست محیطی اشاره کرد. از طرف دیگر تفاوت ژنتیکی بسیار اندک نمونه‌های فلات مرکزی ایران علی‌رغم گستره جغرافیایی وسیع آهوهای مورد مطالعه زنگ خطری جدی برای توجه بیش‌تر به حفاظت این گونه بسیار ارزشمند را دو چندان می‌کند. درخت فیلوژنتیک به دست آمده از روش آماری NJ نشان داد که نمونه‌های آهوی ایرانی (*G. subgutturosa*) به خوبی از یکدیگر جدا شده‌اند. بین جمعیت آهوهای ایرانی در استان اصفهان و یزد اختلاف چندانی دیده نشد (۰/۰۰۱) و بیشترین اختلاف بین جمعیت آهوهای ایرانی استان کرمان و یزد با ۰/۰۰۳ اختلاف مشاهده شد. بر اساس درخت فیلوژنی ترسیم شده آهوی ایرانی به صورت مونو فیلتیک است، یعنی از یک جد مشترک مشتق شده‌اند که با نتایج فداکار (۱۳۹۱) همخوانی دارد و با نتایج Wacher در سال ۲۰۱۰ همخوانی ندارد، واچر آهوی ایرانی را پلی فیلتیک در نظر گرفته بود.

در پژوهش انجام شده در سال ۹۳ بر روی آهوی استان فارس، جمعیت منطقه حفاظت شده بهرام گور دارای یک هاپلوتایپ بود و همچنین میزان تنوع ژنتیکی برابر صفر و هیچ پلی‌مورفیسمی در این جمعیت دیده نشد. در جمعیت‌های بمو، آباده و هرمود میزان تنوع ژنتیکی بالا و برخلاف جمعیت بهرام گور، در این جمعیت‌ها چند شکلی دیده شد. میزان بالای تنوع ژنتیکی و پلی‌مورفیسم در این جمعیت‌ها با توجه به بزرگ بودن این جمعیت‌ها و امکان ارتباط با هر جمعیت دیگر که سبب افزایش برون-آمیزی در آن‌ها می‌شود، قابل توجیه است.

نتایج حاکی از این بود که در جمعیت‌هایی که دارای گونه‌ی مشابهی هستند، میزان تفاوت کم‌تر و در جمعیت-هایی که گونه‌های متفاوتی دارند، تفاوت بیش‌تر است. به عنوان مثال جمعیت منطقه حفاظت‌شده آباده با گونه‌ی *G. subgutturosa* با جمعیت پارک ملی بمو که دارای گونه‌ی آهوی ایرانی است دارای تفاوت ۰/۰۸۵ هستند و میزان تفاوت آن با منطقه حفاظت‌شده بهرام گور و هرمود که دارای گونه‌ی جبیر *G. bennettii* هستند به ترتیب ۰/۹۷۵ و ۰/۹۰۲ است.

میزان تفاوت جمعیت منطقه حفاظت‌شده بهرام گور با منطقه حفاظت‌شده هرمود ۰/۲۵ است و این تفاوت بسیار کم است. در مجموع تنوع هاپلوتایپی گونه‌ی آهوی ایرانی در این مناطق بالاست. در هر جمعیت هم تنوع هاپلوتایپی خوب است و به این معنی است که درون‌آمیزی در هر جمعیت کم است. با توجه به مطالعاتی که نصیری و مهدوی (۱۳۹۰) بر روی ناحیه سیتوکروم *b* از DNA میتوکندریایی ۵ نمونه بیولوژیک از جبیرهای پناهگاه حیات وحش شیراحمد انجام دادند به این نتیجه رسیدند که در بین گونه‌های مختلف آهو، جبیر کم‌ترین فاصله ژنتیکی، که معادل ۰/۰۰۳ است را با گونه *G. bennetti* دارد. همچنین Zachos و همکاران (۲۰۰۹) اولین مطالعه ژنتیکی را بر روی گونه‌ی آهو در معرض خطر ایران (*G. subgutturosa*) انجام دادند. آن‌ها در این بررسی ٦٥ فرد از آهوان دشت سهرین واقع در منطقه حفاظت‌شده سرخ-آباد در استان زنجان را مورد مطالعه قرار دادند. در این بررسی دو نشانگر mtDNA (ناحیه کنترل) و ریزماهواره

www.SID.ir

(در هفت جایگاه) مورد استفاده قرار گرفتند. هدف از این مطالعه تخمین تنوع ژنتیکی جهت ارزیابی این مسئله بود که آیا نرخ کاهش در جمعیت این آهوان می‌تواند به دلیل تنوع ژنتیکی باشد. نتایج نشان داد که بر خلاف آنچه در مطالعات گذشته در سایر آهوان مشاهده شده است، آهوان دشت سهرین دارای تنوع ژنتیکی پایینی با تنها هفت هاپلوتیپ در ناحیه کنترل mtDNA در ۵۷ نمونه و سطح بسیار پایینی از تنوع هسته‌ای بودند. بنابراین نتیجه گرفتند که احتمالاً آهوان دشت سهرین یک کاهش قابل توجه در اندازه جمعیت مؤثر در گذشته تجربه کرده باشند و احتمال عبور از گردنه‌ی بطری در گذشته‌ی نه چندان دور برای آن‌ها دور از ذهن نیست.

آیینی و همکاران در سال ۱۳۸۵ تنوع ژنتیکی را در آهوی ایرانی در سهرین زنجان بررسی کردند [۱]. تعیین توالی در ناحیه کنترل mtDNA به وسیله‌ی تکنیک PCR تنوع پایینی از هاپلوتیپ‌ها و نوکلئوتیدها را در آهوی سهرین آشکار می‌کند. ۷۲ درصد از جمعیت‌های این گونه شامل همسانی هاپلوتیپ‌ها بودند. نتایج این مطالعه تنوع ژنتیکی پایینی در D-loop نشان دادند.

فداکار در سال ۱۳۹۱ تنوع ژنتیکی غزال‌های مناطق مرکزی ایران را با استفاده از توالی‌یابی ژن سیتوکروم *b* بررسی کردند.

نتایج این تحقیق نشان داد تعداد و فراوانی هاپلوتایپ‌ها قابل توجه بوده و هر کدام از توالی‌ها به عنوان یک هاپلوتایپ در نرم‌افزار آرلکویین در نظر گرفته شده است که نشان‌دهنده تنوع بالا در این مناطق است. شبکه هاپلوتایپی این پژوهش نشان می‌دهد که در ۱۸ نمونه، ۵ هاپلوتایپ جداگانه را تشکیل دادند که با نتایج Zachos و آیینی همخوانی دارد و با نتایج فداکار سازگار نیست.

نتیجه‌گیری

با این وجود آهوسانان گونه‌های در معرض خطری هستند که جمعیت آن‌ها با نرخ بالایی در حال کاهش بوده و حفاظت از آن‌ها باید در اولویت برنامه‌های حفاظتی قرار گیرد که شامل شناسایی جمعیت‌های مختلف این گونه در ایران و تعیین وضعیت آن‌ها، عوامل کاهش آهوسانان هر منطقه و جلوگیری از آن می‌باشد.

منابع

۱. آیینی، ب.، فرحمند، ح.، کرمی، م. ۱۳۸۵. بررسی توالی منطقه D-Loop میتوکندری گونه آهوی ایرانی (*Gazella subgutturosa*) با نگرش جمعیتی. علوم و تکنولوژی محیط زیست، دوره دهم، شماره یک، صفحات ۱۸۴-۱۸۰.

۲. فداکار، د.، رضایی، ح.ر.، وارسته مرادی، ح و منتظمی، ش. ۱۳۹۱. مطالعه ژنتیکی و فیلوژنتیکی ناحیه سیتوکرم b آهوی ایرانی در استان اصفهان. بیوتکنولوژی در محیط-زیست. سومین همایش ملی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران (گیاهی، دامی و صنعتی)

۳. کرمی، م. ۱۳۸۱. جایگاه آهوان هندی در میان آهوان. محیط زیست، فصل نامه علمی سازمان حفاظت محیط زیست، جلد سوم، شماره اول.

٤. محمدزاده، م.، رضایی، ح. ۱۳۹۲. تنوع ژنتیکی آهوان استانهای خراسان و یزد با استفاده از mtDNA جایگاه-D loop پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران.

۵. نصیری، م.ر. و مهدوی، م. ۱۳۹۰. تجزیه و تحلیل ژنتیکی و فیلوژنتیکی ناحیه سیتوکروم b در جبیر ایران. مجله بیوتکنولوژی کشاورزی، دوره ۳، شماره ۱، صفحات ۱۰٤-۹۱.

6. Castresana J., Feldmaier-Fuchs G.S. (2001), A molecular phylogeny of two extinct sloths. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 18: 94-103

7. Firouz S. (2005), The Complete Fauna of Iran. I.B. Tauris, London, New York.

8. Karami M., Groves C.P. (1993), A mammal species new for Iran: Gazellagazella pallas,1766 (Artiodactyla, Bovidae). Journal of Sciences of the *Islamic Republic of Iran, 4: 81-89.*

Archive of SID

www.SID.ir

9. Karami *M*., Hemami M.R., Groves C.P. (2002), Taxonomy distribution and ecology of the gazelles in Iran, Zoology in Middle East, 26: 29-*36*.

10. Kingswood and Blank. (1996), Gazella subgutturosa. Mammalian Species. Species No.518, American Society of Mammoalogists.

11.Konig S., Hoffmann M., Mosblech A., Heilmann I. (2008), Determination of content and fatty acid composition of unlabeled phosphoinositide species by thin-layer chromatography and gas chromatography. Anal Biochem, 378(2):197-201.

12. Wacher T., Wronski T., Hammond R., Winney B., Blacket M., Hundertmark K., Mohammed O.B., Omer S.A., Macasero W., Lerp H., Plath M., Bleidorn C. (2010), Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA sequences reveals polyphyly in the goitred gazelle (Gazella subgutturosa). Conservation Genetics, 12(3): 827-831.

13. Zachos F.E., Karami M., Ibennouazi Z., Hartl, G.B., Eckert, I. and Kirschning, J. (2010), First Genetic analysis of a free-living population of the threatened goitered gazella (*Gazella subgutturosa*). *Mammalian Biology*, 75: 277-282.

Archive of SID

www.SID.ir