

مطالعه تمایز ژنتیکی راشستان‌های خزری (*Fagus orientalis*) از جمعیت‌های راش (*Fagus spp.*) در آسیای صغیر و اروپا^۱

خسرو ثاقب طالبی^۳

پروین صالحی شانجانی^۲

چکیده

ساختار ژنتیکی ۱۴ جمعیت راش (*Fagus orientalis* Lipsky) در طول گسترشگاه راش در ناحیه خزری با بررسی ۱۲ لوکوس ایزوآنزیمی مطالعه و با نتایج حاصل از ساختار ژنتیکی ۱۶۰ جمعیت راش از گونه‌های فرضی *F. taurica* و *F. moesiaca* و راش اروپایی *F. sylvatica* مقایسه شد. میانگین فراوانی‌های آللی راش در ایران در مقایسه با سایر راش‌ها نشان داد که از میان لوکوس‌های مورد مطالعه، آلل‌های کمی به یک یا چند منطقه مجاور اختصاص دارند، به طوری که از میان آلل‌های موجود، آلل‌های 'GOT-B/A' و 'MDH-A/A' انحصاراً در ایران یافت شدند. در چندین لوکوس، برخی شیب‌های جغرافیایی مشاهده شد، چنانچه فراوانی آلل کندرونده MDH-A/E که تقریباً در غرب گستره پراکنش راش وجود نداشت، به طرف شرق تا بیش از ۴۰ درصد در رشته کوه البرز افزایش یافت. نتایج ارائه شده نشان دادند که توافقی بین شیب تنوع ژنتیکی و تکرر وجود ندارد. جنگل‌های خزری با وجود سطوح پایین تنوع ژنتیکی، از تمایز ژنتیکی بالایی برخوردار بودند. چنین تمایز ژنتیکی مشخص در جنگل‌های راش ایران ضرورت حفاظت از این جنگل‌های بی نظیر یا کم نظیر را نه تنها به عنوان تضمینی برای حفظ تنوع زیستی و مقاومت در برابر عوامل محیطی، بلکه به عنوان ذخیره گاه‌های ژنی برای احیای اکوسیستم‌های نابوده شده روشن می‌سازد، زیرا حفاظت از این جنگل‌ها، حفاظت از جریان تکاملی چندین هزار ساله است که در اثر سازگاری محیطی حاصل شده است.

واژه‌های کلیدی: راش، *Fagus orientalis* Lipsky، *Fagus sylvatica* L.، ایران و تمایز ژنتیکی.

۱- تاریخ دریافت: ۸۲/۹/۱۱، تاریخ پذیرش: ۸۳/۹/۲

۲- عضو هیأت علمی موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع (E-mail: psalehi@rifra-ac.ir)

۳- عضو هیأت علمی موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع

مقدمه

تأثیر مستقیم نگذاشته، راش در این جنگل‌ها تغییرات محیطی و جغرافیایی زیادی را تحمل کرده است (۱۶). مطالعات انجام‌شده روی تنوع و تمایز ژنتیکی راش، نشان داده که تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌های راش شرقی بیش از راش اروپایی است و جهت جریان راش شرقی به راش اروپایی بیش از حالت عکس است (۱۱). در این پژوهش، با بررسی ۱۲ لوکوس از ۱۰ سیستم آنزیمی در مجموعه گونه‌های *F. orientalis*، *F. sylvatica* L.، *F. moesiaca* و *F. taurica* Popl. Lipsky (Domin, Maly) Czeczott، سعی شده که ساختار ژنتیکی راش ایران به بحث گذارده شود.

مواد و روش‌ها

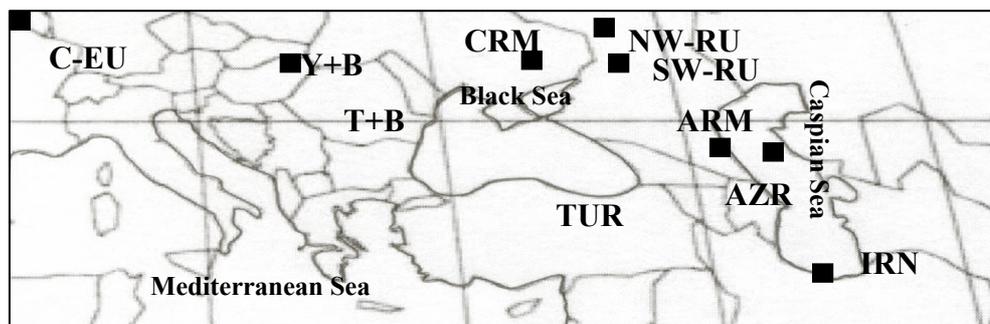
ویژگی‌های مناطق مورد مطالعه

نمونه‌های گیاهی با نمونه‌برداری از ۱۴ جمعیت طبیعی راش صورت گرفت که بخش وسیعی از گستره پراکنش راش (*Fagus orientalis* Lipsky) را در شمال ایران زیر پوشش قرار داد. جنگل‌های راش ایران روی شیب شمالی رشته کوه البرز در محدوده ارتفاعی ۵۰۰-۲۱۰۰ متر از سطح دریا واقع شده‌اند. آنها نوار جنگلی به طول ۷۰۰ کیلومتر را در سه استان گیلان، مازندران و گلستان تشکیل می‌دهند. برای مقایسه گوناگونی ژنتیکی راش شرقی در ایران با سایر راش‌ها در اروپا و آسیای غربی، از اطلاعات موجود در گروه اسلواکی مطالعه تنوع ژنتیکی در دانشگاه فنی زولن استفاده شد که در مورد جمعیت‌های *F. sylvatica* / *F. orientalis* در کشورهای ارمنستان، آذربایجان، روسیه، ترکیه، بلغارستان، کریمه، یوگسلاوی و اروپای مرکزی مطالعه کرده بودند (شکل ۱).

در سال ۱۷۳۵، لینه، جنس راش را *Fagus* نامید. جنس *Fagus* متعلق به خانواده Fagaceae است که نه فقط به علت تعداد زیاد گونه (تقریباً ۸۶۰ گونه) (۲۷)، بلکه به دلیل توزیع گسترده در جنگل‌های نیمکره شمالی و جنوبی از اهمیت خاصی برخوردار است (۲۱).

در نیمکره شمالی، ۲۰ گونه از جنس *Fagus* شناسایی شده است که به علت شباهت‌های زیاد گونه‌های واقع شده در اروپا و غرب آسیا (*Fagus sylvatica* L.)، *F. taurica* Popl.، *F. orientalis* Lipsky و *F. moesiaca* (Domin, Maly) Czeczott، وضعیت دقیق آنها مورد توافق پژوهشگران مختلف نیست (۷).

شناسایی راش اروپایی در بخش غربی دامنه پراکنش آن (اروپای غربی و شرقی، کشورهای اسکاندیناوی، شبه‌جزیره آیینین) و نیز راش شرقی در بخش‌های جنوبی و شرقی دامنه پراکنش آن (ایران، قفقاز و Transcaucasia، رشته کوه Amanus در سوریه، ترکیه و شمال آسیای صغیر)، واضح و بدون ابهام است. در صورتی که جمعیت‌های مناطق برخورد دو گونه *F. moesiaca* (Domin, Maly) و *F. taurica* Popl. Czeczott (شبه جزیره بالکان، رومانی، کریمه) اغلب به صورت مبهمی تشریح شده و توسط محققان مختلف در گونه‌های مختلف طبقه‌بندی می‌شود (۷). در این میان، جنگل‌های راش خزری، متعلق به دوران سوم زمین‌شناسی است و از آنجا که دوران یخبندان بر روی جنگل‌های خزری



شکل ۱- توزیع جغرافیایی مناطق مورد مطالعه مجموعه *F. sylvatica* / *F. orientalis*

روش‌های بیوشیمیایی

ژنوتیپی به صورت جزئی بررسی شود، فقط فراوانی‌های آلی به‌طور وسیعی مطالعه شد. برای بررسی ماتریس‌های فاصله ژنتیکی (حاصل از نتایج تجزیه برنامه GENETOP Raymond و Rousset، ۱۹۹۵) (۲۳)، آزمون تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (۱۴) و آزمون خوشه‌ای با استفاده از روش UPGMA انجام شد. محاسبه تکثر ژنتیکی، تنوع، تمایز و ساختار با استفاده از برنامه‌های ۱-BIOSYS (۲۵) و GENETOP، آزمون خوشه‌ای و PCA و برنامه SYN-TAX III (۲۲) انجام شد.

نتایج

میانگین فراوانی‌های آلی راش در ایران در مقایسه با سایر راش‌ها در جدول (۱) نشان داده شده است. از میان لوکوس‌های مورد مطالعه، آل‌های کمی شناسایی شدند که به یک یا چند منطقه مجاور اختصاص داشتند (-PX، IDH-A/A، MDH-A/D، E/B، MNR-A/A، SKDH-A/E، A/A، D/P، GPGI-B/A). تمام این آل‌ها بسیار نادرند و فراوانی‌شان متجاوز از ۰/۰۳ در هر یک از جمعیت‌های منطقه‌ای نیست. بسیاری از آنها در تمام گونه‌های *F. taurica*، *F. sylvatica*، *F. orientalis* و *F. moesiaca* یافت شدند. در میان آنها، فقط یک آل (MDH-C/C) پیدا شد که به *F. moesiaca* اختصاص داشت. از میان آل‌های موجود، آل‌های GOT-B/A و MDH-A/A انحصاراً در ایران و آل‌های MNR-A/A و IDH-A/A در ترکیه یافت شدند.

در بسیاری از لوکوس‌ها، به استثنای چند مورد، آل‌های فراوان در تمام مناطق مورد بررسی مشابه بودند. در لوکوس PX-B، آل فراوان در گونه‌های *F. sylvatica*، *F. moesiaca* و راش شرقی پراکنده شده در آسیای صغیر آل PX-B/B بود، در حالی که در مناطق باقیمانده، PX-B/A است شکل (۲). آل MNR-A/A که آل نادری در جمعیت‌های غربی (اروپای مرکزی و بالکان) است، در سایر مناطق دارای فراوانی متجاوز از ۲۰ درصد (حتی در غرب گستره پراکنش راش در قفقاز تا ۵۰ درصد نیز می‌رسد) بود، یک مورد بسیار اختصاصی آل PX-A/A که در ارمنستان برخلاف سایر نقاط آل فراوان است.

در هر توده مواد رویشی (شاخه‌های حامل جوانه‌های خواب) در فصل زمستان از ۵۰ درخت غیر همجوار به صورت تصادفی در محیط همگن نمونه‌برداری شد. برای تجزیه آنزیمی، بافت جوانه خواب (۲-۳ جوانه از هر درخت) و بافت پوستی شاخه‌ها همگن شده و در تامپون استخراج با استفاده از هاون دستی عصاره‌گیری شدند. عصاره‌ها به وسیله دستگاه الکتروفورز افقی ژل نشاسته و سیستم‌های تامپونی اختصاصی آنزیمی مختلف، الکتروفورز شدند. ژل‌ها برای سیستم‌های آنزیمی مختلف رنگ‌آمیزی شدند (۲۴). غلظت ژل ۱۲ درصد و فاصله پل (ابتدا تا انتهای حرکت عصاره) ۱۲ سانتی‌متر بود.

گوناهگونی ژنتیکی جمعیت‌های راش با استفاده از ۱۰ سیستم آنزیمی رمزکننده ۱۶ لوکوس ژنی مطالعه شد. آزمون ژنی وراثت تک تک ایزوآنزیم‌ها و تفسیر زیموگرام‌ها با روش تی بت^۱ و همکاران (۱۹۸۲) (برای پراکسیداز: PX، مرزو^۲ و همکاران (۱۹۸۹) (برای منادیون ردوکتاز: MNR، ایزوسیترات دهیدروژناز: IDH، زون دوم فسفوجلوکز ایزومراز: PGI و مالات دهیدروژناز: MDH)، Müller-Starck و Starke (۱۹۹۳) (برای لوسین آمینوپیتیداز: LAP، آنزیم گلوتامات-اکسالواتات ترانس آمیناز: GOT و آنزیم شیکیمات دهیدروژناز: SKDH) انجام شد (۲۶، ۱۵ و ۱۷).

لوکوس‌ها با نام اختصاری آنزیم نامگذاری شده و براساس سرعت حرکت (کاتودی‌ترین زون به عنوان لوکوس A و دومین لوکس قبل آن B و غیره) حرف‌گذاری شدند. برخی آل‌های جدید بعد از آزمایش بسیاری از جمعیت‌های اروپایی و انتشار نتایج کشف شدند که برای حفظ ارتباط نتایج قبلی و جدید، این آل‌های جدید با حرف آل کندرونده‌تر با یک پریم A و B و غیره) مشخص شدند (۱).

روش‌های آماری

برای هر فرد، ژنوتیپ‌های دیپلوئید شماره‌گذاری شد. از آنجا که نمونه‌برداری به اندازه‌ای زیاد نبود که فراوانی‌های

۱-Thiebaut

۲-merzeau

جدول ۱- فراوانی آللی در ۱۲ لوکوس گونه‌های راش از اروپا تا غرب آسیا

	IRN	ARM	AZR	N-RU	W-RU	CRM	TUR	T+B	Y+B	C-EU
PX-A										
N	۶۴۹	۳۳	۸۲	۴۱	۸۶	۳۷۴	۱۹۰	۴۴۲	۱۵۳۶	۴۷۹۸
A	۰/۱۸۶	۰/۸۹۴	۰/۲۸۰	۰/۲۸۰	۰/۴۲۴	۰/۳۵۳	۰/۱۸۴	۰/۲۸۳	۰/۳۸۲	۰/۰۳۳۲
B	۰/۸۱۴	۰/۱۰۶	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۵۷۶	۰/۶۴۷	۰/۸۱۶	۰/۷۱۷	۰/۶۱۸	۰/۶۶۸
PX-B										
N	۶۵۳	۴۰	۱۰۰	۴۵	۱۱۱	۴۵۴	۲۰۰	۴۹۰	۱۵۲۸	۴۸۰۹
A	-	-	-	-	۰/۰۰۵	-	-	-	۰/۰۰۴	-
A	۰/۷۵	۰/۸۵۰	۰/۳۴۵	۰/۶۷۸	۰/۵۹۰	۰/۴۸۸	۰/۱۴۵	۰/۲۱۴	۰/۱۸۵	۰/۱۷۲
B	۰/۲۴۵	۰/۱۵۰	۰/۵۵۵	۰/۲۸۹	۰/۳۳۳	۰/۴۸۲	۰/۷۴۳	۰/۶۵۴	۰/۷۶۳	۰/۷۱۷
C	۰/۰۰۵	-	۰/۱۰۰	۰/۰۳۳	۰/۰۷۲	۰/۰۳۰	۰/۱۱۲	۰/۱۳۲	۰/۰۴۸	۰/۱۱۱
LAP-A										
N	۶۷۱	۴۰	۹۹	۴۵	۱۱۲	۴۸۸	۲۰۷	۵۰۲	۱۵۱۱	۴۸۶۴
A	۰/۰۱۰	-	-	-	۰/۰۰۹	۰/۰۳۸	۰/۰۱۷	۰/۰۱۴	۰/۰۲۵	۰/۰۱۸
B	۰/۸۹۳	۰/۱۵۰	۰/۳۲۳	۰/۲۰۰	۰/۲۴۱	۰/۵۷۰	۰/۵۶۰	۰/۸۵۵	۰/۵۶۱	۰/۵۰۸
C	۰/۰۹۳	۰/۳۸۷	۰/۴۴۴	۰/۳۵۶	۰/۴۲۴	۰/۲۶۷	۰/۳۰۷	۰/۱۰۰	۰/۲۷۷	۰/۳۱۳
D	۰/۰۰۳	۰/۴۶۳	۰/۲۳۲	۰/۴۴۴	۰/۳۲۶	۰/۱۲۵	۰/۱۱۶	۰/۰۳۲	۰/۱۳۷	۰/۱۶۱
GOT-B										
N	۶۷۱	۴۰	۹۳	۴۴	۱۱۳	۴۰۶	۲۰۹	۵۰۳	۱۴۴۹	۴۷۲۲
A'	۰/۰۰۱	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A	۰/۰۰۶	-	۰/۰۷۵	۰/۰۱۱	۰/۰۰۹	۰/۱۹۰	۰/۰۱۷	۰/۰۵۸	۰/۲۴۶	۰/۳۷۹
B	۰/۹۹۰	۱/۰۰۰	۰/۹۲۵	۰/۹۸۹	۰/۹۹۱	۰/۸۱۰	۰/۹۷۸	۰/۹۴۲	۰/۷۵۴	۰/۶۲۱
C	۰/۰۰۲	-	-	-	-	-	۰/۰۰۵	-	-	-
MNR-A										
N	۶۶۷	۴۰	۱۰۰	۴۶	۱۱۳	۴۶۳	۲۰۹	۴۹۰	۱۵۴۵	۴۹۶۹
A'	-	-	-	-	-	-	۰/۰۰۵	-	-	-
A	۰/۲۲۰	۰/۳۱۳	۰/۲۸۰	۰/۵۹۸	۰/۵۱۳	۰/۱۸۴	۰/۲۲۰	۰/۰۵۶	۰/۰۲۳	۰/۰۲۲
B'	-	-	-	-	-	-	۰/۰۰۵	-	-	-
B	۰/۷۸۰	۰/۶۷۵	۰/۷۲۰	۰/۳۹۱	۰/۴۸۲	۰/۷۷۱	۰/۷۶۱	۰/۹۰۶	۰/۹۲۲	۰/۹۰۲
C	۰/۰۰۱	۰/۰۱۳	-	۰/۰۱۱	-	۰/۰۱۷	۰/۰۰۲	۰/۰۲۶	۰/۰۰۳	۰/۰۰۶
D	-	-	-	-	۰/۰۰۴	۰/۰۲۸	۰/۰۰۷	۰/۰۱۲	۰/۰۵۲	۰/۰۷۰
E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
IDH-A										
N	۶۷۲	۴۰	۹۹	۴۵	۱۰۹	۴۴۱	۲۰۸	۵۰۸	۱۵۰۹	۴۹۵۹
A'	-	-	-	-	-	-	۰/۰۰۲	-	-	-
A	۰/۰۲۱	۰/۲۸۷	۰/۲۵۳	۰/۳۵۶	۰/۲۸۰	۰/۳۲۹	۰/۴۲۱	۰/۳۴۳	۰/۲۰۸	۰/۳۰۲
B	۰/۹۷۸	۰/۷۱۲	۰/۷۴۷	۰/۶۴۴	۰/۷۲۰	۰/۶۷۱	۰/۵۷۷	۰/۶۵۷	۰/۷۸۵	۰/۶۹۲
C	۰/۰۰۱	-	-	-	-	-	-	-	۰/۰۰۸	۰/۰۰۶
MDH-A										
N	۶۶۹	۴۰	۱۰۰	۴۶	۱۱۲	۴۵۶	۲۰۹	۵۰۹	۱۵۳۷	۵۰۰۳
A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
B	۰/۰۰۳	-	-	-	۰/۰۰۹	۰/۰۰۲	۰/۰۰۵	۰/۱۲۱	۰/۰۱۵	۰/۰۰۲
C	۰/۲۶۵	۰/۸۲۵	۰/۸۴۰	۰/۸۷۰	۰/۸۶۶	۰/۹۲۰	۰/۹۴۰	۰/۸۷۵	۰/۹۸۴	۰/۹۹۸
D	۰/۰۰۰	-	۰/۰۰۵	-	-	۰/۰۰۸	۰/۰۰۲	-	-	-
E	۰/۴۳۵	۰/۱۷۵	۰/۱۴۵	۰/۱۳۰	۰/۱۲۵	۰/۰۶۸	۰/۰۵۳	۰/۰۰۴	-	-
F	-	-	۰/۰۱۰	-	-	۰/۰۰۲	-	-	-	-

جدول ۱ - ادامه

لوکوس و آل	IRN	ARM	AZR	N-RU	W-RU	CRM	TUR	T+B	Y+B	C-EU
MDH-B										
N	۶۶۹	۴۰	۱۰۰	۴۵	۱۱۲	۴۵۵	۲۰۹	۵۰۹	۱۵۳۴	۴۹۸۳
A	۰/۰۴۶	-	۰/۰۸۵	۰/۰۲۲	۰/۰۷۱	۰/۰۳۲	۰/۰۱۲	۰/۰۱۲	۰/۰۸۰	۰/۰۵۴
B	۰/۰۰۱	-	-	-	-	-	۰/۰۰۵	۰/۰۰۲	-	۰/۰۰۴
C	۰/۸۹۲	۰/۹۲۵	۰/۸۶۵	۰/۹۲۲	۰/۹۱۱	۰/۹۶۵	۰/۹۶۲	۰/۹۵۳	۰/۹۱۶	۰/۹۴۱
D	۰/۰۶۱	۰/۰۷۵	۰/۰۱۵	۰/۰۵۶	۰/۰۱۸	۰/۰۰۳	۰/۰۱۹	۰/۰۲۱	۰/۰۰۴	۰/۰۰۱
E	-	-	۰/۰۳۵	-	-	-	۰/۰۰۲	۰/۰۱۳	-	-
MDH-C										
N	۶۷۲	۴۰	۹۲	۴۵	۱۰۵	۴۵۲	۲۰۹	۵۰۷	۱۵۵۳	۴۹۱۶
A	۰/۰۰۶	۰	۰/۰۰۵	-	۰/۰۱۰	۰/۱۰۱	۰/۰۰۲	۰/۰۰۲	۰/۱۰۸	۰/۲۶۱
B	۰/۹۹۴	۱/۰۰۰	۰/۹۹۵	۱/۰۰۰	۰/۹۹۰	۰/۸۹۹	۰/۹۹۸	۰/۹۹۸	۰/۸۹۱	۰/۷۳۹
C	-	-	-	-	-	-	-	-	۰/۰۰۱	-
PGI-B										
N	۶۷۲	۴۰	۱۰۰	۴۵	۱۱۳	۴۶۵	۲۰۸	۵۰۴	۱۵۴۵	۴۹۳۵
A'	۰/۰۰۱	-	۰/۰۰۵	-	-	-	-	-	-	-
A	۰/۰۱۰	-	۰/۰۲۰	-	۰/۰۳۵	۰/۱۰۰	۰/۱۰۸	۰/۱۸۰	۰/۰۲۵	۰/۰۰۳
B	۰/۹۶۲	۰/۸۶۳	۰/۹۷۵	۰/۹۸۹	۰/۹۳۸	۰/۸۷۶	۰/۸۸۷	۰/۸۲۰	۰/۹۵۷	۰/۹۸۶
C	۰/۰۰۳	۰/۱۳۸	-	۰/۰۱۱	۰/۰۲۷	۰/۰۲۰	۰/۰۰۵	-	۰/۰۱۸	۰/۰۱۱
D	۰/۰۲۴	-	-	-	-	۰/۰۰۳	-	-	-	-
PGM-A										
N	۶۷۲	۴۰	۱۰۰	۴۵	۱۱۳	۴۶۵	۲۰۹	۵۰۸	۱۵۶۰	۴۸۸۶
A	۰/۰۳۵	-	۰/۰۲۵	۰/۰۱۱	۰/۰۳۱	۰/۰۱۶	۰/۰۱۹	۰/۰۴۹	۰/۰۰۱	۰/۰۰۳
B	۰/۹۶۴	۱/۰۰۰	۰/۹۷۰	۰/۹۸۹	۰/۹۶۹	۰/۹۳۸	۰/۹۷۴	۰/۹۵۱	۰/۹۹۵	۰/۹۹۵
C	۰/۰۰۱	-	۰/۰۰۵	-	-	۰/۰۰۱	۰/۰۰۷	-	۰/۰۰۴	۰/۰۰۲
SKDH-A										
N	۶۶۶	۴۰	۹۹	۴۴	۱۱۱	۳۸۱	۱۹۷	۴۹۱	۱۵۲۳	۴۹۱۴
A	۰/۰۰۶	۰/۰۵۰	-	۰/۰۱۱	-	۰/۰۱۲	-	-	۰/۰۰۳	۰/۰۰۴
B	۰/۹۱۲	۰/۸۲۵	۰/۵۸۶	۰/۶۳۶	۰/۸۹۲	۰/۸۵۲	۰/۶۰۹	۰/۵۹۱	۰/۹۳۴	۰/۹۷۷
C	۰/۰۴۹	۰/۰۵۰	-	۰/۰۳۴	۰/۰۰۵	۰/۰۰۷	۰/۰۶۱	۰/۰۱۰	۰/۰۰۸	۰/۰۱۵
D	۰/۰۲۳	۰/۰۷۵	۰/۴۱۴	۰/۳۱۸	۰/۱۰۴	۰/۱۳۰	۰/۳۲۷	۰/۳۹۳	۰/۰۵۵	۰/۰۰۴
E	-	-	-	-	-	-	۰/۰۰۳	۰/۰۰۱	-	-

بیش از ۴۰ درصد در رشته کوه البرز افزایش یافت. در چندین لوکوس، برخی شیب‌های جغرافیایی مشاهده می‌شود به طوری که در لوکوس LAP-A، گوناگونی جزئی در شرقی‌ترین و غربی‌ترین جمعیت‌های راش شرقی جایی که آلل LAP-A/B غالب بود مشاهده شد. این در حالی است که در جمعیت‌های قفقاز، آلل LAP-A/C و LAP-A/D با فراوانی‌های بسیار زیادی وجود داشتند. در لوکوس PGI-B، آلل A به فراوانی بالایی (۱۰-۲۳ درصد) در اروپا و آسیای صغیر می‌رسد در حالی که آلل C در جمعیت‌های ارمنستان در فراوانی بسیار زیادی مشاهده

طرح‌های آلی راش شرقی در میان مناطق به‌طور چشمگیری متغیر بوده و فراوانی آلی به استثنای لوکوس MDH-C، در میان جمعیت‌های محلی و منطقه‌ای بسیار ناهمگون است. علاوه بر لوکوس PX-B که در بالا نیز ذکر شد، فقط در لوکوس MDH-A گوناگونی جغرافیایی مشاهده شد (شکل ۲)، به طوری که آلل تندرونده MDH-A/B موجود در *F. moesiaca*، *F. sylvatica* و *F. taurica* و نیز بخش غربی و گستره پراکنش راش شرقی، تقریباً یا کاملاً در سایر نقاط وجود نداشت. از طرف دیگر، فراوانی آلل کندرونده MDH-A/E که تقریباً در غرب گستره پراکنش راش وجود نداشت، به طرف شرق تا

بخش مرکزی گستره پراکنش در آذربایجان، شمال و غرب روسیه وجود دارد، در حالی که جمعیت‌های حاشیه‌ای (اروپا، غرب آسیای صغیر و رشته کوه البرز) تنوع کمتری (در هتروزیگوسیتی مورد انتظار و تعداد مؤثر آلل) نشان دادند. در هیچ کدام از جمعیت‌های مورد مطالعه، نقص مهمی از هتروزیگوسیتی مشاهده نشد که ناشی از وجود تعادل در جهش و رانده شدگی ژنتیکی بود (مشورت حضوری با Gömöry).

طرح چند لوکوسی تمایز ژنتیکی به وسیله فاصله ژنتیکی تشریح شد. برآوردهای نا اریب^۱ فاصله ژنتیکی (۱۸) بین جمعیت‌های منطقه‌ای در جدول (۳) نشان داده شده است. نمایش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (شکل ۳)، گروه‌بندی متمایزی از جمعیت‌ها را ارائه داد که در مناطق متفاوت قرار داشتند (به استثنای ترکیه و بلغارستان). هر دو جمعیت‌های منطقه‌ای غرب قفقاز، شباهت زیادی به هم داشتند که ممکن است ناشی از کم بودن نمونه‌های مورد مطالعه باشد که به این دلیل نمی‌توان نتیجه‌گیری مشخصی ارائه داد. تمایز مشخص مشاهده شده در منطقه ارمنستان نیز ممکن است به علت کم بودن نمونه‌های مورد مطالعه (فقط مطالعه یک جمعیت) باشد. دندروگرام ارایه شده (شکل ۴) به وسیله روش خوشه‌بندی UPGMA طرح جغرافیایی مشابهی از تمایز ژنتیکی را نشان داد.

بحث و نتیجه گیری

مطالعات محدودی در مورد گوناگونی ژنتیکی در راش شرقی با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی انجام شده (۷، ۱۱، ۲۰ و ۲۷)، در حالی که راش اروپایی *F. sylvatica* در تمام دامنه پراکنش به خوبی بررسی شده است. تفاوت در فراوانی‌های آللی لوکوس‌های آلوزیمی در راش اروپایی در تمام مناطق جغرافیایی متجاوز از ۲۰ درصد نیست، اگرچه گوناگونی در میان تک‌تک نمونه‌های جمعیت‌ها ممکن است بزرگ‌تر باشد (۲، ۳، ۴، ۱۲، ۱۳ و

شدند و در باقی جمعیت‌ها دارای پلی‌مورفیسم بسیار کمی بودند.

طرح‌های آللی تاکسون فرضی *F. moesiaca* بیش از راش شرقی به راش اروپایی شباهت دارد. این در حالی است که از نظر بعد مکانی، شرقی‌ترین جمعیت‌های راش بالکان (شبه جزیره Stara و رشته کوه Rodopi) و از نظر جغرافیایی به گستره پراکنش راش شرقی بسیار نزدیک‌اند.

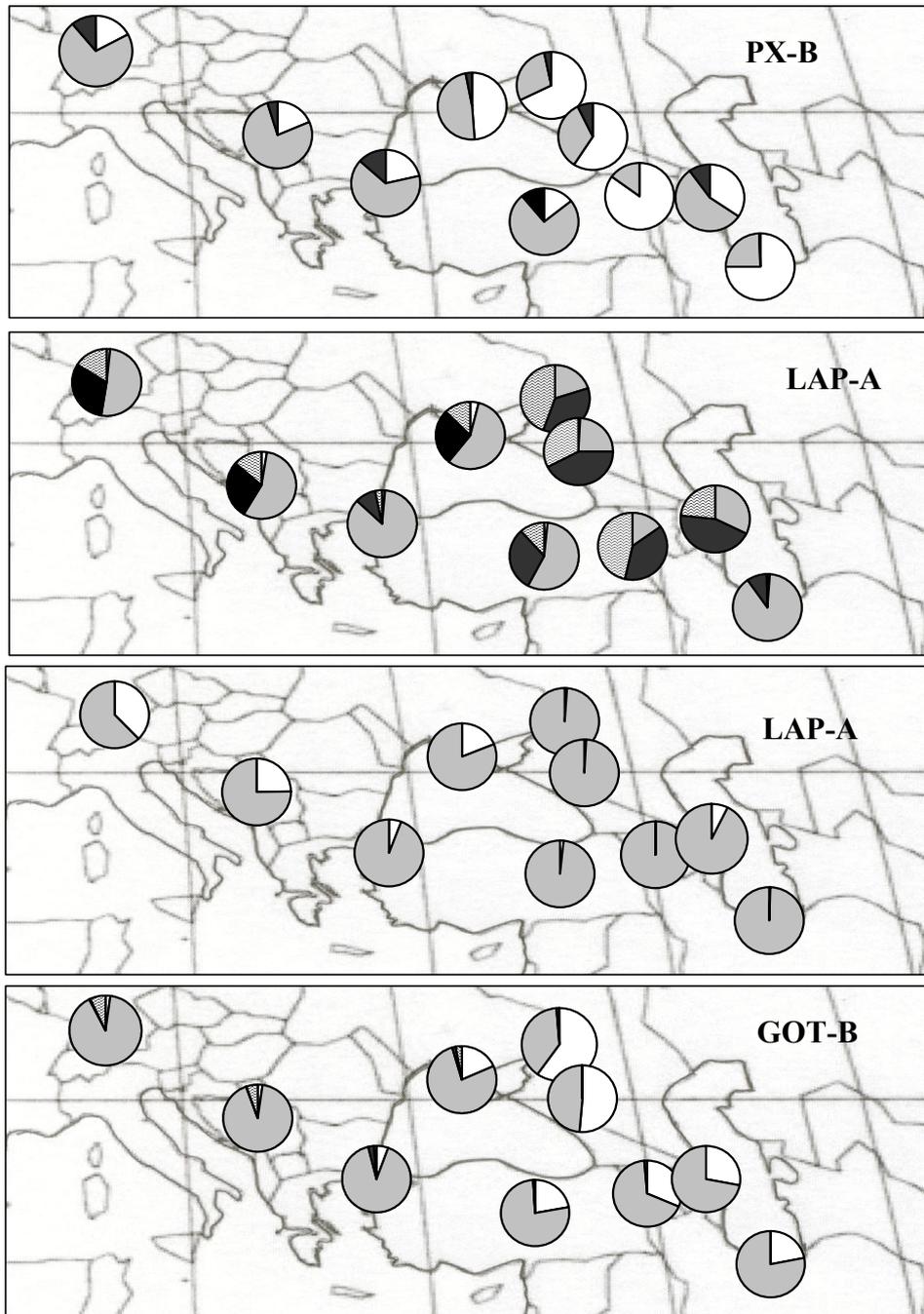
در میان طرح‌های آللی، چندین آلل مشاهده شد که دارای فراوانی آلل مشابهی در *F. taurica*، *F. sylvatica* و *F. orientalis* (GOT-PX-B/A، SKDH-MDH-C/A، /B، MNR-A/A، B، B/A، A/D) بودند، در حالی که فراوانی‌های آللی راش کریمه در سایر موارد مشابهت بیشتری با *F. orientalis* نشان داد (MDH-A/C، PGI-A/A، /B، PGM-A/A، /B). برخی آلل‌ها که در *F. sylvatica* وجود ندارند و یا در فراوانی‌های بسیار پایین یافت می‌شوند، در هر دو جمعیت‌های راش شرقی و راش کریمه حاضر بودند (MDH-B/B، MDH-A/E). از سوی دیگر، آلل SKDH-A/A در هر دو راش اروپایی و کریمه وجود دارد، ولی در راش شرقی یافت نشدند.

تکثر ژنتیکی^۱ به وسیله میانگین تعداد آلل در لوکوس محاسبه شد (جدول ۲). از آنجا که مقدار مذکور به میزان نمونه‌برداری حساس است، بنابراین تعداد نسبتاً زیاد آلل‌های مشاهده شده تعجب‌آور نیست. تعداد تصحیح شده به وسیله روش Rarefaction آلل‌ها تصویر روشن‌تری از توزیع جغرافیایی غنای آللی ارائه می‌کند. این معیار نشان داد که مناطق بسیار متمایز رشته کوه البرز و ارمنستان غنای آللی زیادی ندارند، در حالی که جمعیت‌های شرق ترکیه بیشترین تعداد آلل‌ها را نشان دادند.

نتایج ارائه شده نشان دادند که توافقی بین شیب تنوع ژنتیکی و تکثر وجود ندارد. بیشترین سطوح تنوع در

۲- Unbiased Estimates

۱- Genetic Multiplicity



شکل ۲ - توزیع جغرافیایی فراوانی‌های برخی آللهای ذکر شده در شکل A: □ ، B: ■ ، C: ● ، D: MNR-A و مجموعه گونه‌ای *Fagus sylvatica/F. orientalis*

جدول ۲ - تکثر ژنتیکی (میانگین تعداد آلل در هر لوکوس، درصد لوکوس‌های پلی‌مورفیک) و تنوع ژنتیکی (تعداد آلل مؤثر آلل و میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار) در میان مجموعه گونه‌های *F.*

sylvatica / *F. orientalis* از اروپا تا غرب آسیا

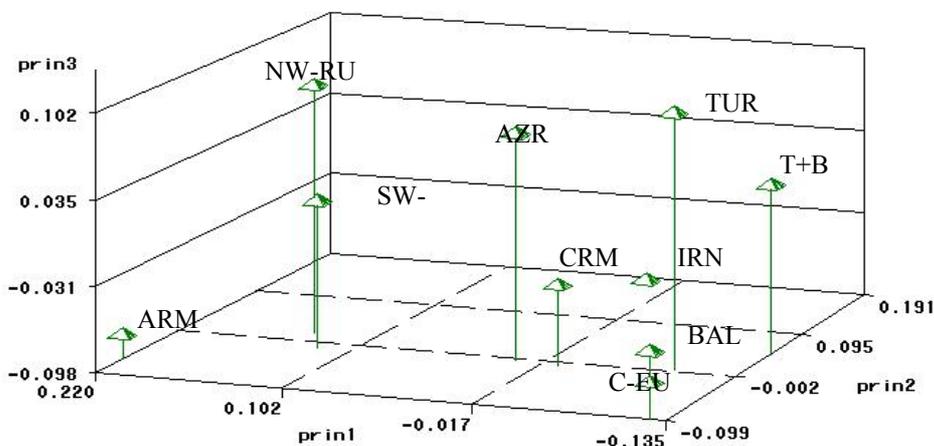
محل	حرف اختصاری	میانگین اندازه نمونه	میانگین تعداد آلل در هر لوکوس	میانگین تعداد مؤثر آلل	تعداد آلل تعدیل شده به ۴۰ فرد	درصد لوکوس‌های پلی‌مورفیک	هتروزیگوسیتی مشاهده شده	هتروزیگوسیتی مورد انتظار
رشته کوه البرز (ایران) †	IRN	۶۶۶/۹ (۲/۲)	۳/۳ (۰/۳)	۱/۲۸۸	۲/۰۳۶	۱۰۰	۰/۱۷۴ (۰/۰۴۳)	۰/۱۹۱ (۰/۰۴۶)
قفقاز کوچک (ارمنستان) †	ARM	۳۹/۴ (۰/۶)	۲/۱ (۰/۳)	۱/۳۹۷	۲/۰۱۹	۷۵	۰/۲۸۲ (۰/۰۷۳)	۰/۲۴۴ (۰/۰۵۶)
شرق قفقاز بزرگ (آذربایجان) †	AZR	۹۷ (۱/۶)	۲/۷ (۰/۲)	۱/۵۸۲	۲/۲۲۳	۱۰۰	۰/۲۶۴ (۰/۰۵)	۰/۳۰۶ (۰/۰۶۱)
شمال غربی قفقاز بزرگ (روسیه) †	NW-RU	۴۴/۷ (۰/۴)	۲/۴ (۰/۲)	۱/۵۴۸	۲/۱۲۹	۹۱/۷	۰/۲۶۱ (۰/۰۶۶)	۰/۲۸۴ (۰/۰۶۸)
جنوب غربی قفقاز بزرگ (روسیه) †	SW-RV	۱۰۹/۲ (۲/۲)	۲/۸ (۰/۲)	۱/۵۵۷	۲/۲۱۳	۱۰۰	۰/۲۷۶ (۰/۰۶۵)	۰/۲۸۴ (۰/۰۶۵)
شرق آسیا صغیر (ترکیه) †	TUR	۲۰۵/۳ (۱/۸)	۳/۵ (۰/۳)	۱/۴۷۵	۲/۲۹۴	۱۰۰	۰/۲۲۳ (۰/۰۴۹)	۰/۲۶۴ (۰/۰۶۰)
غرب آسیا صغیر (ترکیه و بلغارستان) †	T+B	۴۹۶/۹ (۵/۴)	۲/۹ (۰/۳)	۱/۴۳۴	۲/۲۲۴	۱۰۰	۰/۲۱۲ (۰/۰۳۸)	۰/۲۵۹ (۰/۰۵۰)
شبه جزیره کریمه ††	CRM	۴۸۳/۳ (۹/۴)	۳/۲ (۰/۳)	-	-	۱۰۰	۰/۲۶۶ (۰/۰۴۶)	۰/۳۰۱ (۰/۰۵۲)
شبه جزیره بالکان †††	BAL	۱۵۲۷/۵ (۸/۴)	۳/۶ (۰/۳)	-	-	۱۰۰	۰/۲۲۷ (۰/۰۵۱)	۰/۲۴۲ (۰/۰۵۳)
مرکز اروپا ††††	C-EU	۴۸۹۶/۵ (۲۴/۵)	۳/۶ (۰/۲)	-	-	۱۰۰	۰/۲۵۲ (۰/۰۶۱)	۰/۲۶۴ (۰/۰۶۴)

† *Fagus orientalis* Lipsky, †† *F. taurica*, ††† *F. moesiaca*, †††† *F. sylvatica*

جدول ۳ - ماتریس برآورد نا اریب فاصله ژنتیکی در میان مجموعه گونه‌های *F. sylvatica* / *F. orientalis* از اروپا تا غرب آسیا

محل	IRN	ARM	AZR	NW-RU	SW-RU	CRM	TUR	T+B	Y+B	C-EU
IRN	۰/۰۰۰									
ARM	۰/۱۲۳	۰/۰۰۰								
AZR	۰/۰۷۳	۰/۰۸۶	۰/۰۰۰							
NW-RU	۰/۰۸۹	۰/۰۶۰	۰/۰۲۸	۰/۰۰۰						
SW-RU	۰/۰۷۱	۰/۰۳۷	۰/۰۲۷	۰/۰۱۰	۰/۰۰۰					
CRM	۰/۰۴۹	۰/۰۷۵	۰/۰۲۳	۰/۰۴۹	۰/۰۳۰	۰/۰۰۰				
TUR	۰/۰۸۹	۰/۱۴۱	۰/۰۱۶	۰/۰۶۱	۰/۰۵۸	۰/۰۲۶	۰/۰۰۰			
T+B	۰/۰۷۳	۰/۱۵۳	۰/۰۳۸	۰/۰۹۹	۰/۰۸۹	۰/۰۲۹	۰/۰۱۵	۰/۰۰۰		
Y+B	۰/۰۸۱	۰/۱۱۷	۰/۰۳۷	۰/۰۹۹	۰/۰۶۴	۰/۰۱۶	۰/۰۳۲	۰/۰۳۴	۰/۰۰۰	
C-EU	۰/۱۰۴	۰/۱۳۸	۰/۰۵۴	۰/۱۱۲	۰/۰۷۹	۰/۰۲۳	۰/۰۴۶	۰/۰۵۴	۰/۰۰۷	۰/۰۰۰

Scattering pattern of individual beech population



شکل ۳- نمودار سه بعدی موقعیت جغرافیایی مناطق مورد مطالعه براساس فاصله ژنتیکی (Nie ۱۹۷۸)، ترسیم شده توسط داده‌های آزمون تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

IRN	-----									
-										
AZR	-----									

TUR	-----									

T+B	-----									
-										
CRM	-----									

BAL	-									

C-EU	-									
-										
ARM	-----									

SW-RU	----									

SW-RU	----									

شکل ۴ - دندروگرام فاصله ژنتیکی بین مناطق مورد مطالعه، به دست آمده با روش UPGMA.

با وضعیت راش اروپایی است که شیب‌ها و تمایل‌های متضادی از هتروزیگوسیتی و غنای آلی در مقیاس‌های جهانی و منطقه‌ای دارد (۲ و ۸).

طرح‌های جغرافیایی تمایز و توزیع تنوع و غنای آلی بیشتر متأثر از فیلوژنی گونه است. با وجود اینکه گونه راش غرب اوراسیا در مقالات و منابع دیرینه‌شناسی گیاهی به گروه *F. sylvatica* نسبت داده می‌شود، ولی اخیراً اعتقاد به قدیمی‌تر بودن راش شرقی در این مجموعه قوت پیدا کرده است. نتایج این بررسی این عقیده را تأیید می‌کند. در پلیستوسن^۱ تقریباً کل گستره راش در بخش قاره‌ای اروپا به وسیله یخچال‌ها پوشانده شده بود. بنابراین راش فقط در چند پناهگاه باقیمانده بود. در طول هولوسن، راش مجدداً به بخش عمده دامنه پراکنش خود از یک پناهگاه منفرد که احتمالاً در شبه جزیره بالکان قرار دارد، انتشار پیدا کرد و فقط منشا راش شبه جزیره Apennine از یک پناهگاه محلی است. راش اروپا، گونه غالب جنگل‌های پهن‌برگ است و دامنه پراکنش تقریباً پیوسته‌ای دارد. بررسی‌هایی که به وسیله نشانگرهای آنزیمی، cpDNA انجام شده، نشان می‌دهد که در نتیجه جریان ژن تمایز بین جمعیت‌های راش اروپایی بسیار کم است (۲، ۳ و ۵). از سوی دیگر، دامنه پراکنش راش شرقی تا حدود زیادی از یخبندان‌های متعدد محفوظ مانده است، به طوری که منشا بسیاری از جمعیت‌های محلی دوران سوم زمین‌شناسی است. دامنه پراکنش راش شرقی به علت وجود عوارض طبیعی به چند جمعیت منطقه‌ای تقسیم شده که می‌توان به جدادگی جمعیت‌های قفقاز، قفقاز بزرگ و کوچک (ارمنستان) از جمعیت‌های ترکیه توسط دریای سیاه و نیز جمعیت‌های هیرکانی توسط رشته کوه البرز اشاره کرد. وجود چنین عوارض طبیعی به افزایش تمایز ژنتیکی بین (و نیز درون) جمعیت‌های منطقه‌ای راش شرقی منجر می‌شود.

تقدیر و تشکر

به این وسیله از پروفسور لادیسلاو پائوله رئیس و دکتر دوشان گومری عضو هیات علمی دپارتمان فیتولوژی،

۱۹). تاکسون‌های بینابینی *F. moesiaca* (شبه جزیره بالکان) و *F. taurica* (شبه جزیره کریمه / اوکراین)، تمایز بیشتری نسبت به هر دو راش شرقی و اروپایی نشان می‌دهند (۸، ۹ و ۱۰). با وجود این اختلافات آنها بیشتر از اختلافات موجود در میان جمعیت‌های منطقه‌ای راش شرقی نیست.

هیچ شیب یا تمایل جغرافیایی در میان جمعیت‌های راش شرقی شناخته نشده است. بر اساس نمونه‌های در دسترس، متمایزترین جمعیت منطقه‌ای ارمنستان / کوچک است. قابل ذکر است که فقط یک جمعیت در منطقه مذکور بررسی شد. تمایز بین بخش شرقی و غربی جمعیت‌های راش قفقاز بزرگ به علت عدم پیوستگی در دامنه پراکنش راش در این منطقه و نیز نقش جدادگی به وسیله فاصله تعجب‌آور نیست. در صورتی که کمربند راش پیوسته در سواحل جنوب دریای سیاه به دو بخش بسیار متمایز در چندین جایگاه (MNR-A, LAP-A, MDH-A) تقسیم می‌شوند. نقطه تقسیم احتمالاً در اطراف طول جغرافیایی 35° شرقی قرار دارد (Gömöry، انتشار نیافته).

سطوح تکثر و تنوع ژنتیکی در تک‌تک جمعیت‌های هر دو گونه قابل مقایسه است (۲، ۵ و ۸). در هر صورت، راش شرقی به عنوان یک گونه، غنای آلی بسیار بیشتری از راش اروپایی دارد. چندین شکل آلی که مختص راش شرقی یا تاکسون‌های بینابینی است، مشاهده شد (آلل‌های نادر MHD-A، آلل‌های کندرونده MDH-B)، ولی آلی که به راش اروپایی اختصاص داشته باشد، یافت نشد. از سوی دیگر، تنوع (اندازه‌گیری شده به وسیله تعداد مؤثر آلل‌ها یا هتروزیگوسیتی مورد انتظار) در هر دو گونه تقریباً مشابه است. چندین لوکوس با سطوح متضادی از پلی‌مورفیسم مشاهده شد. برای مثال MDH-A و SKDH-A که تقریباً در *F. sylvatica* نومورفیک بودند، در بیشتر جمعیت‌های منطقه‌ای راش شرقی پلی‌مورفیک‌تر شدند. وضعیت کاملاً متضادی در مورد MDH-C یا GOT-B وجود دارد. هیچ توافقی بین سطوح تنوع و تکثر ژنتیکی ملاحظه نشد. این حالت مشابه

^۱-Pleistocene

منابع

- ۱- صالحی شانجانی، پروین، ۱۳۸۱. تنوع ژنتیکی راش شرقی و ارتباط آن با برخی ویژگی‌های فیزیولوژیکی، بیوشیمیایی و مورفولوژیکی راش در راشستان‌های ایران. رساله دکتری، دانشکده علوم، دانشگاه تربیت معلم تهران.
- 2-Comps, B., D. Gömöry, J. Letouzey, B. Thiebaut & J. Petit, 2001. Diverging Trends Between Heterozygosity and Allelic Richness During Postglacial Colonization in European Beech. *Genetics*, 157: 389-397.
- 3-Comps, B., J. Letouzey & J. M. Savoie, 1987. Phenologie du Couvert Arorescent Dans une Chênaie-Hêtraie d' Aquitaine. *Ann. Sci. For.* 44: 153-170.
- 4-Comps, B., B. Thiebaut, L. Paule, D. Merzeau & J. Letouzey, 1990. Allozymic Variability in Beech Woods (*Fagus sylvatica* L.) Over Central Europe: Spatial Differentiation Among and Within Populations. *Heredity*, 65: 407-417.
- 5-Comps, B., B. Thiebaut & D. Merzeau, 1991. Genetic Variation in European Beech Stands (*Fagus sylvatica* L.). In: Müller-Starck, G. and M. J. D. Ziehe (Eds) Genetic Variation in European Populations of Forest Trees. Sauerlander's Verlag, Frankfurt, Germany: 110-124.
- 6-Demesure, B., B. Comps & R. J. Petit. 1996, Chloroplast DNA Phylogeography of the European Beech (*Fagus sylvatica* L.) in Europe. *Evolution*, 50(6): 2515-2520.
- 7-Gömöry, D., L. Paule & J. Vyšny, 1993. Isozyme Polymorphism of Beech Populations in the Transition Zone Between *Fagus sylvatica* L. and *Fagus orientalis* Lipsky. EC Workshop on the Evolution of Genetic Resources of Beech, Grosshansdorf.
- 8-Gömöry, D., L. Paule, R. Brus, P. Zhelev, Z. Tomovic & J. Gracan, 1999. Genetic Structure and Taxonomy of Beech on Balkan Peninsula. *J. Evol. Biol.* 12: 746-754.
- 9-Gömöry, D., I. Shvadchak, L. Paule & J. Vyšny, 1998b. Genetic Diversity and Differentiation of Beech Populations In Crimea. *Russian Journal of Forestry*, 34(1): 63-70.
- 10-Gömöry, D., Z. Tomović & L. Paule, 1998a. Genetic Structure of Beech-woods in Serbia as Revealed by Isozyme Gene Markers. *Russian Journal of Forestry*, 2: 15-25.
- 11-Gömöry, D., J. Vyšny & L. Paule, 1995. Genetic Differentiation of Populations in the Transition Zone Between *Fagus sylvatica* L. and *Fagus orientalis* Lipsky. In: Madsen, S. (Ed.) Genetic and Silviculture of Beech. Proceeding of the 5th Beech Symposium of the IUFRO Project Group P 1.10.00, 19-24 September 1994, Mogenstrup, Denmark. *Frskningsserien*, 11: 238-244.
- 12-Gömöry, D., J. Vyšny, B. Comps & B. Thiébaut, 1992a. Geographical Patterns of Genetic Differentiation and Diversity in European beech (*Fagus sylvatica* L.) Populations in France. *Biología (Bratislava)*, 47: 571-579.
- 13-Gömöry, D., J. Vyšny, L. Paule & B. Comps, 1992b. Genetic Structure of European beech (*Fagus sylvatica* L.) Populations in Czecho-Slovakia. In: Proceedings of the International Conference "Fytotechnika a Hospodarska Uprava Lesov v Sucasnych Ekologickych Podmienkach, Technicka Univerzita, Zvolen. 27-33.
- 14-Gower, J. C. 1960. Some Distance Properties of Latent Root and Wector Methods Used in Multivariate Analysis. *Biometrika*, 53: 325-338.
- 15-Merzeau, D., F. Di Giusto, B. Comps, B. Theibaut, J. Letouzey & J. Cuguen, 1989. The Allozyme Variants of Beech (*Fagus Sylvatica* L.): Inheritance and Application to a Study of the Mating System. *Silvae Genetica*, 38: 195-201.
- 16-Mobayen, S. & V. Tregubov, 1970. The Vegetative Map of Iran. Publication of Tehran University, No. 14, 50 p.

- 17-Müller-Starck, G. & R. Starke, 1993. Inheritance of Isoenzymes in European beech (*Fagus sylvatica* L.). J. Hered. 84: 291-296.
- 18-Nei, M. 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance From a Small Number of Individuals. Genetics, 89: 583-590.
- 19-Paule, L., D. Gömöry & J. Vyšny, 1995. Genetic Diversity and Differentiation of Beech Populations in Eastern Europe. In: Madsen, S. (Eds). Genetics and Silviculture of Beech. Forskningsserien, Copenhagen, 11: 159-167.
- 20-Paule, L. & D. Gömöry, 1997. Genetic Diversity of Beech Populations in Europe. First EUFORGEN Meeting on Social Broadleaves, France.
- 21-Peters, R. 1992. Ecology of beech Forests in the Northern Hemispher. (Ph.D. thesis). Land bouwuniversiteit Wageningen III. 125 p.
- 22-Podani, J. 1988. Syn-TAX III. Abstract Botanica, 12: 183 p.
- 23-Raymond, M. & F. Rousset, 1995. GENEPOP (Version 1.2): Population Genetics Software for Exact Tests and Ecumenicism. J. Hered. 86: 248-249.
- 24-Salehi Shanjani, P., Paule, L., Khavari-Nejad, R. A., Gömöry, D. and Sagheb-Talebi, K. 2002. Allozymic Variability in beech (*Fagus orientalis* Lipsky) Forests Over Hyrcanian zone. Journal of Forest Genetics, 9(4): 297-297.
- 25-Swofford, D. L. & R. B. Selender, 1981. BIOSYS-1: A Forstran Program for the Comprehensive Analysis of Electrophoretic Data in Population Genetics and systematics. J. Hered. 72: 281-283.
- 26-Thiébaud, B., R. Lumaret & P. H. Vernet, 1982. The Bud Enzymes of Beech (*Fagus sylvatica* L.) Genetic Distinction and Analysis of Polymorphism in Several French Populations. Silvea Genetica, (31): 51-60.
- 27-Vyšny, J. 1997. Genetic Diversity and Differentiation of Beech Populations in the Eastern Europe. Kandidátska dizertačná práca Tachniká Univerzita vo Zvolene. 154 p.

Genetic Differentiation of Caspian Beech (*Fagus orientalis*) Forests from European and Asian Minor Beech (*Fagus spp.*) Stands

P. Salehi Shanjani¹ Kh. Sagheb-Talebi²

Abstract

Genetic structure of *Fagus orientalis* Lipsky was investigated in 14 populations along the distribution range of this species in Hyrcanian zone through 12 Isozyme loci. Results were compared with 160 beech populations from potative species *F. taurica*, *F. moesiaca*, and Eurupian beech *F. sylvatica*.

Mean allelic frequencies in oriental beech of Iran, in comparison with other beeches indicated that there were very few alleles, which are specific for one or few adjacent regions, so that alleles MDH-A/A and GOT-B/A' were observed just in Iran. There were some clinal variations found in allelic profiles. The frequency of the slowly migrating allele, MDH-a/E, almost absent in the west, increases towards the East up to more than 40% in Alborz Mts.

There is no concordance between the trends of genetic diversity and multiplicity. Alborz Mts., in spite of low diversity is the most diffrentiated region. Considerable genetic differentiation in Iran beech forests, originated from tertiary, emphasised the fact that conservation of these unique forest types is not only important as a guarantee for biological diversity, resistance against climate changes, but also as gene reserves for revival of the degraded ecosystems. Conservation of these forests amounts to the conservation of thousands of years in evolutionary processes of environmental adaptability

Keywords: Beech, *Fagus sylvatica*, *Fagus orientalis*, Iran, Genetic differentiation.

¹ -Scientific Staff Member, Research Institute of Forests and Rangelands (E-mail: Psalehi@rifr-ac.ir)

² - Scientific Staff Member, Research Institute of Forests and Rangelands