نشریه فیزیولوژی محیطی گیاهی، سال دوازدهم، شماره ۴۷، پاییز ۱۳۹۶ / صفحات: ۷۵-۶۶

تاثیر جهت دامنه بر تنوع ژنتیکی درختان ارس (*Juniperus polycarpos* C.Koch) رویشگاه چهارباغ استان گلستان با استفاده از نشانگرهای بیوشیمیایی

یسنا جلیلی سه بردان*، داوود آزادفر، زهره سعیدی

گروه جنگل‌شناسی و اکولوژی جنگل، دانشکده علوم جنگل،
دانشگاه پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، گرگان، ایران.

تاریخ دریافت: ۹۶/۷/٤ تاریخ پذیرش:۹۶/۹/۱۳

چکیده

این تحقیق با هدف مطالعه تنوع ژنتیکی درختان ارس منطقه چهار باغ استان گلستان با استفاده از فعالیت آنزیم پراکسیداز و استراز در دو جهت دامنه صورت گرفت. برای بررسی تنوع ژنتیکی گونه ارس بر اساس فعالیت کیفی آنزیم پراکسیداز و استراز، ٤٨ پایه درختی از دو جهت دامنه رو به شرق و رو به غرب رویشگاه چهارباغ استان گلستان، انتخاب و نمونه‌های فلس از یک جهت تاج درخت و ارتفاع یکسان از سطح زمین، برداشت شد. پس از عصاره‌گیری از نمونه‌ها، بررسی کیفی آنزیم آن با استفاده از روش پلی اکریل‌آمید ژل الکتروفورز (*PAGE*) انجام شد. تجزیه خوشه‌ای داده‌های کیفی، تنوع درون جمعیتی پایه‌های مورد بررسی را در دامنه رو به شرق در ٦ گروه و دامنه رو به غرب در ٥ گروه و تنوع بین جمعیتی را ٦ گروه نشان داد. نتایج فعالیت کیفی آنزیم پراکسیداز و استراز فلس در بین کل پایه‌های دو جهت دامنه نشان داد که میانگین تعداد آلل در هر جایگاه ژنی، میانگین تعداد آلل موثر، میانگین هتروزیگوتی قابل انتظار، میانگین شاخص اطلاعات شانون، تعداد باندهای دارای پلی مورفیسم و درصد پلی مورفیسم در دامنه رو به شرق بیشتر از دامنه رو به غرب است. در مقایسه تنوع درون و بین جمعیتی گونه ارس در سطح جهت دامنه، نتایج نشان داد که تنوع درون و بین جمعیتی تقریبا با هم مشابه است نتایج این تحقیق لزوم حفاظت و بکارگیری روش‌های مؤثر برای بهبود تنوع ژنتیکی این گونه را یادآور می‌شود.

واژه‌های کلیدی: ارس، تنوع ژنتیکی، جهت دامنه، چهارباغ، نشانگرایزوآنزیمی.

مقدمه

ارس از معدود سوزنی‌برگان با ارزش ایران است و رویشگاه‌های طبیعی آن در مناطق وسیعی از کشور شامل شمال، جنوب، شرق، غرب و حتی نواحی مرکزی مجاور به کویر ایران است. ارس و دیگر گونه‌های خانواده آن، از جنبه‌های مختلف گیاهی، ژنتیکی، صنعتی، چشم‌انداز و حفظ آب و خاک بسیار با ارزش هستند. بردباری و سازگاری آن نسبت به عوامل نامساعد طبیعی و غیر طبیعی بسیار بالاست، به‌طوری که به ندرت می‌توان درختی را یافت که به دلیل ضعف فیزیولوژیک و یا آفت زدگی خشکیده باشد (Ali Ahmad Korori et al., 2011). تعیین کمیت و ارزیابی تنوع ژنتیکی درون جمعیت و بین جمعیت‌های یک گونه این امکان را فراهم می‌کند تا بهترین روش‌های حفظ و نگهدار ی تنوع جمعیت‌ها را شناخت (Hafezi Shahrodian, 2009). در

*نویسنده مسئول: yasna_jalili_88@yahoo.com

Archive of SID
www.SID.ir

مطالعاتShabani و همکاران (۲۰۱۰)، نتایج نشان داد که در بررسی جهات جغرافیایی، در مجموع جهت دامنه شرقی، بیشترین مقادیر شاخص‌های تنوع را به خود اختصاص می‌دهد. Calagari و همکاران (۲۰۰۷)، با بررسی ایزوآنزیمی آنزیم پراکسیداز، تغییرات ژنتیکی جوامع پده را به روش ژل پلی‌اکریل‌آمید بررسی نمود. نتایج حاصل از فعالیت کیفی آنزیم پراکسیداز در ۱۱۰ درخت از ۱۱ رویشگاه و ظهور باندها، الگوهای ایزوآنزیمی متفاوتی را نشان داد. Karimi و Azadfar (۲۰۰۹)، تنوع ژنتیکی را در گونه سرخدار توسط دو نشانگر پراکسیداز و استراز و به کمک دو اندام شاخه و برگ مطالعه نموده و به معرفی بهترین اندام و نشانگر در تعیین تنوع پرداخته است. نتایج بررسی تنوع ژنتیکی بین جمعیتی را بالاتر از تنوع درون جمعیتی بیان کرده است. همچنان که Shah و همکاران (۲۰۰۸)، در بررسی ژنتیکی جمعیت‌هایی از *Taxus* با استفاده از روش *RAPD* در پاکستان، سطوح پائینی از تنوع ژنتیکی را در درون جمعیت‌ها نشان دادند. این تحقیق با هدف مطالعه تنوع ژنتیکی درختان ارس منطقه چهار باغ استان گلستان با استفاده از آنزیم پراکسیداز و استراز در دو جهت دامنه و بررسی میزان فعالیت آنزیم در دو اندام شاخه و فلس صورت گرفت.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری: پس از انتخاب ذخیره‌گاه ارس در رویشگاه چهارباغ، دو جهت دامنه رو به شرق و رو به غرب انتخاب شد و از هر جهت دامنه ۲۴ پایه انتخاب گردید و ویژگی‌های رویشی و مورفولوژیکی شامل قطر برابر سینه و ارتفاع کل پایه‌ها تا حد امکان مشابه در نظر گرفته شد. نمونه‌برداری از سرشاخه‌های جوان و ظاهراً سالم دو ساله هر پایه، از یک جهت نسبت به تابش نور (جنوبی) و از ارتفاع یکسانی از تاج انجام گرفت. جهت انجام مطالعات الکتروفورز عمودی و تعیین تنوع با نشانگرهای بیوشیمیایی استراز و پراکسیداز از هر درخت تعدادی فلس و شاخه تازه جمع آوری گردید و در پاکت مربوط به هر نمونه قرار گرفت و در بین لایه‌های یخ خشک قرار داده شد. پس از اتمام نمونه برداری از هر منطقه، نمونه‌ها به آزمایشگاه انتقال داده شد.

شکل ۱: موقعیت جغرافیایی منطقه مورد مطالعه

www.SID.ir

عصاره‌گیری: جهت عصاره‌گیری نیم گرم از شاخه‌های یکساله با قیچی باغبانی خرد و یک گرم از فلس‌های جوان با ترازویی به دقت ۰/۰۱ گرم وزن شدند. نمونه‌ها درهاون چینی استریل کاملاً کوبیده شدند و داخل لوله آزمایش قرار گرفتند و محلول عصاره‌گیری به آنها اضافه شد (به ازای هر گرم ماده، ۳ میلی‌لیتر محلول عصاره‌گیری) و درب لوله‌ها با پارافیلم بسته شد. نمونه‌های عصاره‌گیری شده به‌مدت ٤٨ ساعت داخل یخچال با دمای ٤ درجه سانتی گراد نگهداری گردیدند تا محلول عصاره‌گیری در دیواره سلول‌ها نفوذ نماید و سپس در دستگاه سانتریفیوژ با سرعت ۳۰۰۰ دور در دقیقه به مدت ۲۰ دقیقه سانتریفیوژ شدند (Ali Ahmad Korori et al., 2011)

روش بررسی کیفی آنزیم پراکسیداز: مطالعات کیفی نشانگرها با استفاده از الکتروفورز عمودی *PAGE* (پلی‌اکریل‌آمید ژل الکتروفورز) صورت گرفت. از هر نمونه ٤٠ میکرولیتر از عصاره تهیه شده داخل چاهک‌ها تزریق شد. دستگاه با شدت جریان ۵۰ میلی آمپر تنظیم و زمان جداسازی ایزوآنزیم‌ها حدود ۱۰ ساعت در نظر گرفته شد. بعد از ظهور ژل‌ها، از آنها عکس گرفته شد و تمامی باندهای ظاهر شده در نرم افزار اکسل ترسیم شدند.

روش‌های آماری

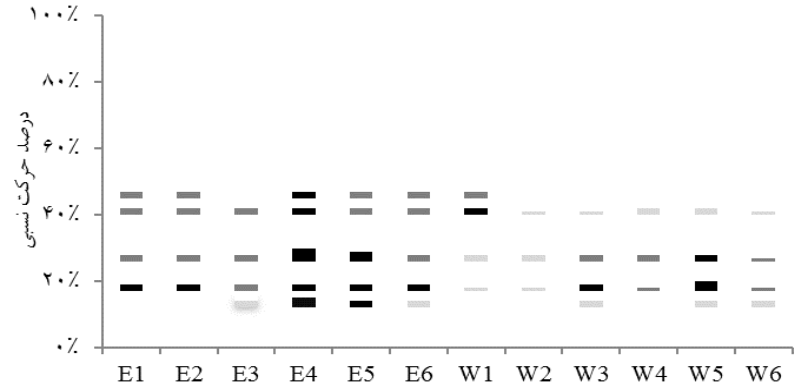
بررسی فعالیت کیفی آنزیم به روش ژل الکتروفورز و تفسیر الگوهای ایزوآنزیمی انجام گرفت. در این راستا باندهای ایزوآنزیمی با توجه به فاصله ابتدا و انتهای حرکت عصاره و بر اساس میزان حرکت بر روی ژل و محل قرارگیری بررسی شدند. همچنین براساس وجود و عدم وجود باندهای ایزوآنزیمی در هر جمعیت تجزیه خوشه‌ای انجام شد. تجزیه خوشه‌ای با ترسیم خوشه به روش UPGMA و با استفاده از نرم‌افزار NTSYS pc 2.02 مبتنی بر ضریب تشابه Nei انجام گردید.

نتایج

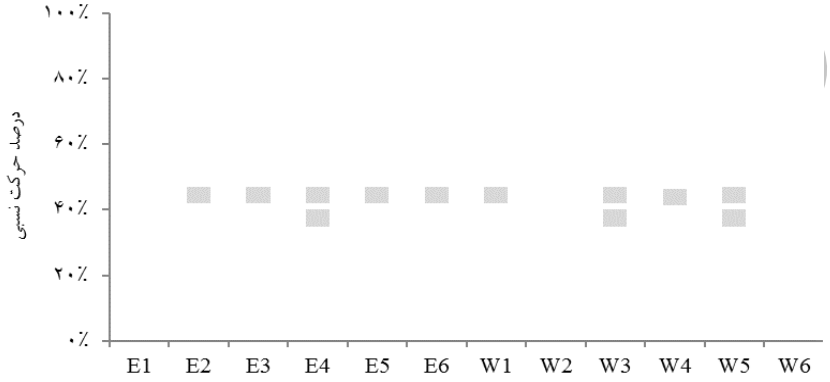
مطالعه فعالیت کیفی پراکسیداز و استراز شاخه و فلس: مقایسه الگوهای ایزوآنزیمی پراکسیداز و استراز در دو اندام شاخه و برگ در ۲ جمعیت مورد مطالعه تنوع نسبتا ضعیفی را نشان داد. تعداد باندهای ایزوآنزیمی در نمونه‌های برگ ۱۰ باند بود، در حالی که این تعداد در نمونه‌های شاخه ۹ باند بود. باندها در تمامی الگوهای ایزوآنزیمی در ۳ ناحیه حرکتی سبک، متوسط و سنگین قرار گرفتند. در شاخه بیشتر باندها در ناحیه حرکتی سنگین و متوسط و در برگ هم باندها در سه ناحیه سبک، متوسط و سنگین واقع شدند (شکل ۲). همچنین ، بررسی الگوها جهت تعیین باندهای عامل تنوع نشان داد که برگ با ۱۰ باند نسبت به شاخه با ۹ باند دارای تعداد باندهای بیشتری جهت ایجاد تنوع در پایه‌ها هستند. علاوه بر این، با توجه به الگوهای ایزوآنزیمی، هر پایه از نظر فعالیت کیفی شاخه و برگ دارای الگوی باندی مختص به خود است. در بررسی جمعیت دامنه رو به شرق برای نشانگر پراکسیداز باندهای ۱۸ و ٤٣ (جدول ۳) و رای نشانگر استراز باند ٤١ به ترتیب دارای بیشترین محتوی اطلاعات چند شکلی (*PIC*) می‌باشند (جدول ٤) و همچنین برای نشانگر پراکسیداز باندهای ۲۹ و ۳٦ به عنوان باندهای پایه معرفی شدند (جدول ۳) و در بررسی جمعیت دامنه رو به غرب برای نشانگر پراکسیداز باندهای ۱۸ و ٤٣ (جدول ۳) و برای نشانگر استراز باند ٤١ به‌ترتیب دارای بیشترین محتوی اطلاعات چند شکلی(*PIC*) می‌باشند (جدول ٤) و همچنین برای نشانگر پراکسیداز باندهای ۲۹، ۵۷ و ۵۸ به‌عنوان باندهای پایه معرفی شدند (جدول ۳).

Archive of SID

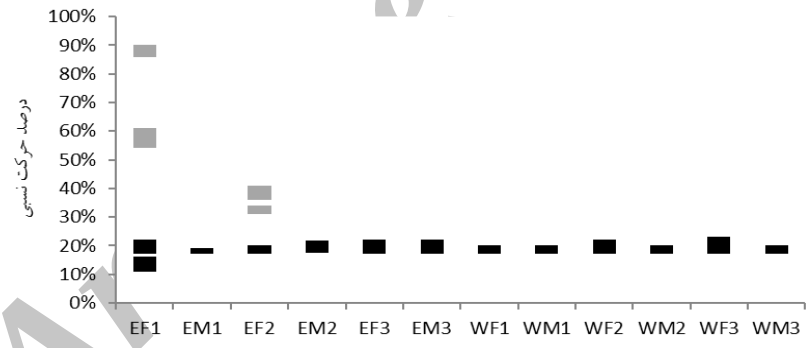
www.SID.ir



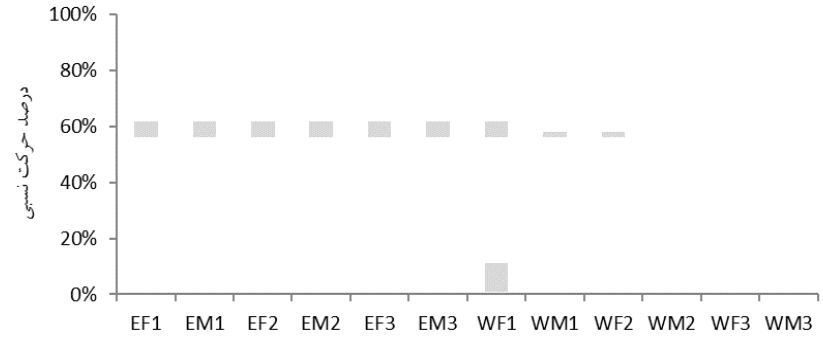
شکل ۲: الگوی ایزوآنزیمی پراکسیداز فلس جمعیت چهار باغ (Eدامنه رو به شرق و W دامنه رو به غرب)



شکل ۳: الگوی ایزوآنزیمی استراز فلس پایه‌های جمعیت چهار باغ (E دامنه رو به شرق و W نشان دهنده دامنه رو به غرب)



شکل ٤: الگوی ایزوآنزیمی پراکسیداز شاخه پایه‌های جمعیت چهار باغ (E دامنه رو به شرق، W دامنه رو به غرب، F پایه ماده و M پایه نر)



شکل ۵: الگوی ایزوآنزیمی استراز شاخه پایه‌های جمعیت چهار باغ (E دامنه رو به شرق، W دامنه رو به غرب، F پایه ماده و M پایه نر)

www.SID.ir

فعالیت کیفی آنزیم پراکسیداز و استراز شاخه در بین کل درخت‌های جهت دامنه مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که در مقایسه دو دامنه رو به شرق و رو به غرب میانگین تعداد آلل در هر جایگاه ژنی (۱/۸۳۳)، میانگین تعداد آلل موثر(۱/۳۳) ، میانگین هتروزیگوتی قابل انتظار(نئی) (۰/۲۲)، میانگین شاخص اطلاعات شانون (۰/۳٦)، تعداد باندهای دارای پلی‌مورفیسم (۱۰) و درصد پلی مورفیسم (۸۳/۳۳٪) در جمعیت دامنه رو به شرق بیشتر است و در مقایسه دو اندام شاخه و فلس میانگین تعداد آلل در هر جایگاه ژنی (۱/۷۸۵)، میانگین تعداد آلل موثر(۱/۲۳۱) ، میانگین هتروزیگوتی قابل انتظار (نئی) (۱/۱۵۷)، میانگین شاخص اطلاعات شانون (۰/۲٦۳)، تعداد باندهای دارای پلی‌مورفیسم (۱٤) ، درصد پلی مورفیسم (۷۸/۵۷٪) و میانگین محتوای اطلاعات چند شکلی (*PIC*) (۱/۱۷۲) در اندام فلس بالاتر بوده و میزان تنوع بیشتری را نشان داده است (جدول۱ و ۲). بنابراین برای مقایسه دو جهت دامنه فلس اندام بهتر است.

جدول ۱: خصوصیات آلل‌های مشاهده شده اندام فلس در جایگاه‌های ژنی هر دو نشانگر در جمعیت‌های مورد مطالعه

	دامنه رو به شرق	دامنه رو به غرب	دو دامنه
میانگین تعداد آلل در هر جایگاه ژنی	۱/۸۳۳	۱/۷۵	۰/۲۰۷
میانگین تعداد آلل موثر	۱/۳۳	۱/۲۷	۰/۲۰۵
میانگین هتروزیگوتی قابل انتظار(نئی)	۰/۲۲	۰/۱۸	۰/۰۱۱
میانگین شاخص اطلاعات شانون	۰/۳٦	۰/۲۹	٤۱/۵۷۰
تعداد باندهای دارای پلی‌مورفیسم	۱۰	۹	۱۲
درصد پلی مورفیسم	٪ ۸۳/۳۳	٪۷۵	٪ ۹۱/٦۷
تعداد کل باندها	۱۲	۱۲	۱۲

جدول۲: خصوصیات آلل‌های مشاهده شده اندام شاخه در جایگاه‌های ژنی جمعیت جهت‌های جهت دامنه

	دامنه رو به شرق	دامنه رو به غرب	هر دو دامنه
میانگین تعداد آلل در هر جایگاه ژنی	۱/۷۸۵	۱/۵۷۱	۰/۱۳٦
میانگین تعداد آلل موثر	۱/۲۳۱	۱/۱٦۳	۰/۱۳۱
میانگین هتروزیگوتی قابل انتظار(نئی)	۰/۱۵۷	۰/۱۰٤	۰/۳٤۰
میانگین شاخص اطلاعات شانون	۰/۲٦۳	۰/۱۷۵	۱٤/۲۲۱
تعداد باندهای دارای پلی‌مورفیسم	۸	٦	۱۰
درصد پلی مورفیسم	٪۷۸/۵۷	٪۵۷/۱٤	٪۸۱/۱۲
تعداد باندها	۱٤	۱٤	۱٤

جدول ۳: محتوای اطلاعات چندشکلی (*PIC*) باندهای ایزوآنزیمی پراکسیداز فلس جمعیت دامنه رو به شرق و رو به غرب

نام باند	PL۱۲	PL۱۸	PL۲۹	PL۳٦	PL٤۳	PL٤۷	PL۵۷	PL۵۸	میانگین
میزان PIC در دامنه رو به غرب	۰,۳۱	۰,٤۲	۰	۰,۰۹	۰,٤۲	۰,۰۹	۰	۰	۰,۱٦
میزان PIC در دامنه رو به شرق	۰,۳۱	۰,٤۲	۰	۰	۰,٤۲	۰,۳۷	۰,۱٦	۰,۱٦	۰,۲۳

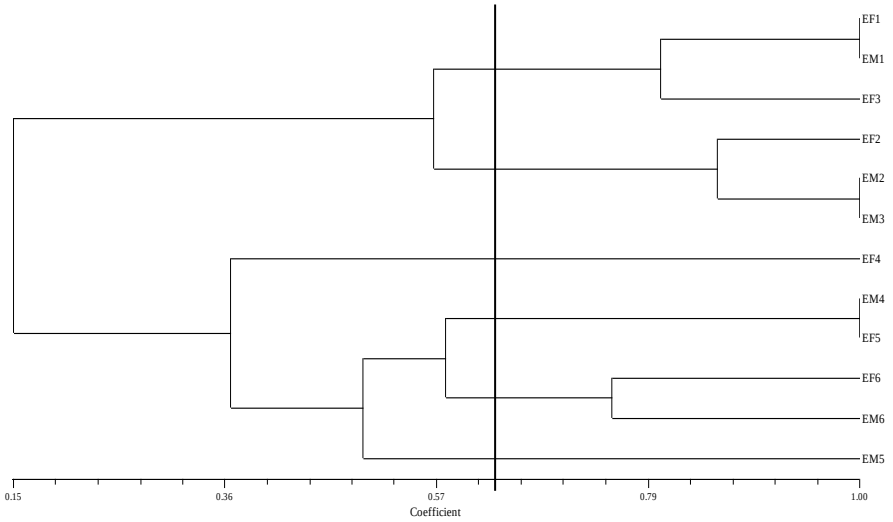
Archive of SID

www.SID.ir

جدول ٤: محتوای اطلاعات چندشکلی (*PIC*) باندهای ایزوآنزیمی استراز فلس جمعیت دامنه رو به شرق و رو به غرب

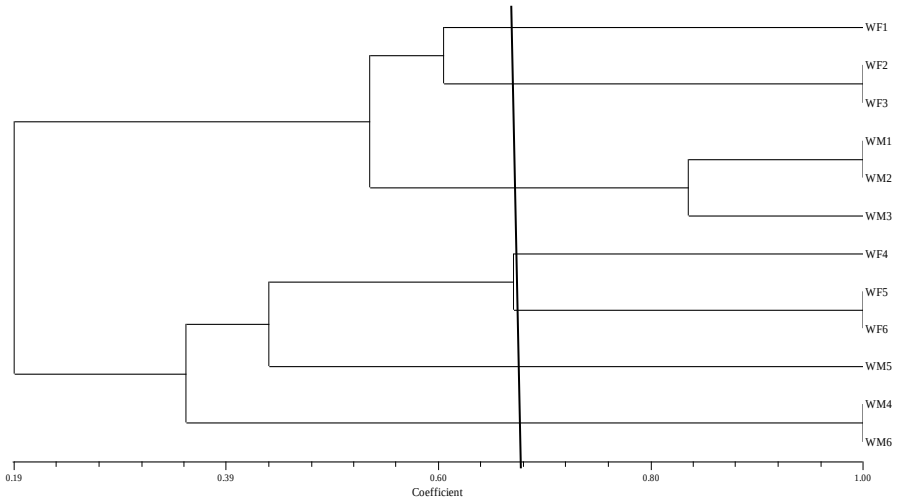
نام باند	EL٣٥	EL٤١	EL٥٣	EL٥٨	میانگین
میزان PIC در دامنه رو به غرب	۰/۱٦	۰/۳۱	۰/۲٤	۰/۲٤	۰/۲٤
میزان PIC در دامنه رو به شرق	۰/۰۸	۰/۳۷	۰/۲٤	۰/۲٤	۰/۲۳

گروه‌بندی درختان ارس در دو جمعیت رویشگاه مورد مطالعه را بر اساس شکل ۵ بر اساس آنالیز خوشه‌ای به روش Ward's در جمعیت دامنه رو به شرق، بر اساس بهترین ضریب کوفنتیک و خط برش ترسیم شده، پایه‌های نر و ماده مورد مطالعه را به ٦ گروه تقسم بندی کرد پایه‌های EF۱، EM۱ و EF ۳ در گروه یک، پایه‌های EF ۲، E ۲, و EM ۳ در گروه دو، پایه EF ٤ در گروه ۳، پایه‌های EM ٤ و EF ۵ در گروه چهار، پایه‌های EF ٦ و EM ٦ در گروه پنج و پایهEM۵ در گروه شش جای گرفتند. همان‌طور که مشاهده می‌شود پایه‌های نر و ماده از این جمعیت هر کدام در یک گروه مستقل و چهار گروه بین آنها مشترک بوده است. بر اساس شکل ٦ دامنه رو به غرب را به ۵ گروه مجزا تفکیک نمود. پایه‌های WF۲، WF۱ و WF۳ در گروه یک، پایه‌های WM۱,WM ۲ و۳ WM در گروه دو، پایه‌های۵ WF٤,WM و٦ WF در گروه سه، پایه۵ WM در گروه چهار و پایه‌های ٤WM و ٦ WM در گروه پنج جای گرفتند. همان‌طور که مشاهده می‌شود پایه‌های نر در سه گروه مستقل، پایه‌های ماده در یک گروه مستقل و یک گروه متشکل از پایه‌های نر و ماده جای گرفتند. تنوع درخت‌های نر در این جهت دامنه بیشتر است.



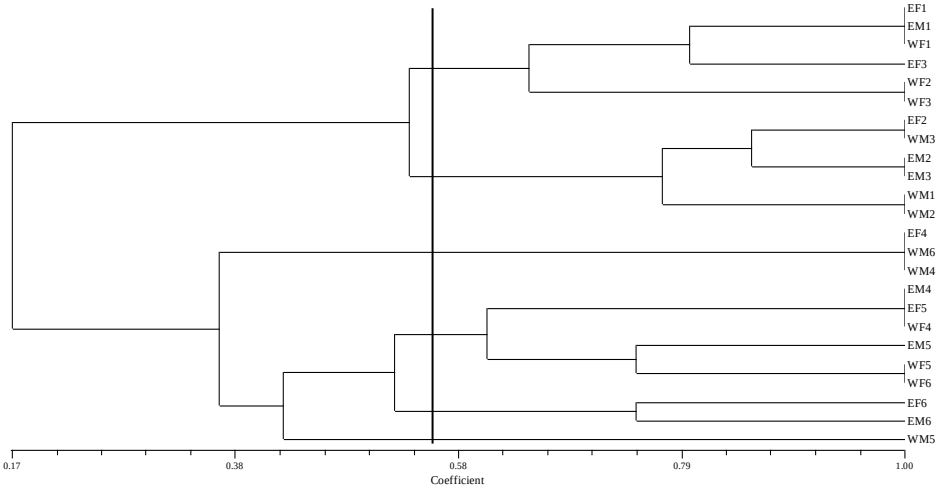
شکل ۵: دندروگرام فعالیت کیفی پراکسیداز و استراز فلس دامنه رو به شرق

www.SID.ir



شکل ٦: دندروگرام فعالیت کیفی پراکسیداز و استراز فلس دامنه رو به غرب

و بر اساس شکل ۷ در بررسی تنوع بین جمغیتی، پایه‌های مورد مطالعه در دو جهت دامنه را به ٦ گروه مجزا تفکیک نمود. پایه‌های EF1, EM1,WF1, EF3,WF2 و WF3 در گروه یک، پایه‌های EF2, WM3, EM2, EM3, EM1و WM2 در گروه دو، پایه‌های EF4,WM6 و WM4 در گروه سه، EM4, EF5, WF4, EM5, WF5 و WF6 در گروه چهار و EF6, EM6 و WM5 در گروه شش قرار گرفتند.



شکل ۷: دندروگرام فعالیت کیفی پراکسیداز و استراز فلس جمعیت دامنه رو به شرق و رو به غرب

بحث

می‌دانیم قسمت‌های مختلف گیاه دارای الگوهای پروتئینی ثابت نیستند، بلکه هر قسمت گیاه دارای الگوهای پروتئینی خاص خود است که این الگو می‌تواند معرف سیستم فیزیولوژیک آن قسمت از گیاه باشد. معمولا در گونه‌های پهن‌برگ نمونه شاخه در درختان معرف قسمت پایدار گیاهی و نمونه برگ معرف قسمت ناپایدار و تولید کننده غذا است (Ali Ahmad Korori et al, 2011) که این نکته تأکیدی بر این امر است که اندام شاخه با توجه به پایداری بیشتر

www.SID.ir

اندام مناسب‌تری جهت مطالعات آنزیمی می‌باشد. نتایج حاصل از محتوای اطلاعات چند شکلی و فعالیت کیفی آنزیم پراکسیداز و استراز این تحقیق نشان داد که میانگین تعداد آلل در هر جایگاه ژنی، میانگین تعداد آلل موثر، میانگین هتروزیگوتی قابل انتظار، میانگین شاخص اطلاعات شانون، تعداد باند و درصد پلی مورفیسم پایه‌ها در جهت دامنه رو به شرق و رو به غرب برای اندام فلس متنوع‌تر از شاخه بوده و بالاترین میزان تنوع را نشان داده است. که این نتایج با تحقیقات مربوط به گونه‌های پهن برگ متفاوت است که احتمالا به دلیل تفاوت در سوزنی‌برگ و همیشه‌سبز بودن ارس در مقایسه با پهن برگان خزان کننده مورد مطالعه است. مطالعه محققینی مانند Alami و همکاران (۲۰۰۳)، در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام و گونه‌های پسته ایرانی بیشترین پلی‌مورفیسم را مربوط به اندام برگ بیان کرد بیشتر با نتایج این تحقیق همسو است. همچنین محققین بسیاری در بررسی تنوع ژنتیکی گونه‌های پهن‌برگ و سوزنی‌برگ مورد مطالعه خود از پلی‌مورفیسم ایزوآنزیم پراکسیداز برگ استفاده نموده و نتایج بسیار خوبی ارائه نمودند (Calagari et al., 2007). به نظر می‌رسد که علت کمتر بودن فعالیت آنزیمی نمونه‌های شاخه نسبت به فلس ناشی از فصل نمونه برداری است در این پژوهش برداشت نمونه در فصل پائیز بوده و این فصل از جهت‌های مختلف برای نمونه برداری حائز اهمیت است چون در این زمان آماده‌سازی متابولیکی گیاهان در برابر سرما شروع شده، فصل رویش گیاهی رو به پایان است و درختان به خواب خود نزدیک می‌شوند و به عبارتی تحت تنش قرار می‌گیرند و معمولاً گیاهان در شرایط شروع سرما نیازمند به افزایش پروتئین‌های خاصی هستند بنابراین چون اندام فلس بر اساس ساختار درونی اش حساس تر نسبت به شاخه است دارای فعالیت آنزیمی بیشتری است. بنابراین به طور کلی مشاهده می‌شود که فعالیت کمی و کیفی نشانگرهای مورد استفاده در اندام فلس بیشتر بوده و در چنین مطالعاتی اندام فلس توصیه می‌گردد.

ایزوپروتئین‌ها و ایزوآنزیم‌ها حساسترین عامل برای جداسازی و تفکیک تاگزونومی گیاهان محسوب می‌شوند و مثل اثر انگشت معرف شناسایی جنس، گونه و زیر گونه هستند (Mandal et al., 2000) بنابراین در بسیاری از تحقیقات، فعالیت کمی و کیفی ایزوآنزیم پراکسیداز در گیاهان مبنای طبقه بندی ژنتیکی قرار داده شده است (Iran manesh et al., 2006). بررسی تنوع ژنتیکی به وسیله نشانگرهای ایزوآنزیمی پراکسیداز و استراز فلس در جهت دامنه، با توجه به نتایج حاصل از ترسیم دندروگرام و نتایج حاصل از اطلاعات کمی باندها نشان داد که پایه‌های موجود در جهت دامنه رو به شرق دارای میزان تنوع بالاتری نسبت به دامنه رو به غرب هستند. نتایج مطالعات کیفی دو جمعیت مورد مطالعه در دو دامنه رو به شرق و رو به غرب در این تحقیق با استفاده از نشانگرپراکسیداز، تفاوت‌هایی را از نظر ژنتیکی بین پایه‌های جمعیت‌های مختلف نشان داد. نتایج مطالعات و بررسی‌های الگوهای ایزوآنزیمی و دندروگرام‌های رسم شده براساس جهت دامنه در دامنه رو به شرق حاکی از وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین درختان بود. در بررسی و مقایسه تنوع موجود در دو جهت دامنه، نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی به دست آمده در کل رویشگاه و در هریک از جمعیت‌ها در دامنه رو به شرق بیشتر از دامنه رو به غرب بود. همچنین دامنه رو به شرق با ایجاد ۱۰ باند ایزوآنزیمی نسبت به دامنه رو به غرب با ۹ باند دارای پلی‌مورفیسم بالاتری بود. جهت جغرافیایی از عوامل مهم در استقرار گونه‌های گیاهی است. در نیمکرهٔ شمالی دامنه رو به شرق از شرایط بهتری نسبت به دامنه رو به غرب برخوردار است. دامنه رو به غرب به‌علت دریافت نور بیشتر و قرار گرفتن در معرض بیشتر تابش خورشید گرم تر بوده و با رطوبت کم خاک، شرایط نامطلوبتری

Archive of SID

www.SID.ir

را برای تجدید حیات کلی گونه اُرس مهیا ساخته و به همین دلیل تنوع ژنتیکی در آنها کمتر است. در مطالعه Shabani و همکاران (۲۰۱۰)، نتایج نشان داد که در مجموع جهت دامنه رو به شرق، بیشترین مقادیر شاخص‌های تنوع را به خود اختصاص داد. نتایج تحقیقات Abdolah zade و همکاران (۲۰۰۳)، نشان می‌دهد که شیب، فقط به روی قطر برابر سینه جهت جغرافیایی و ارتفاع اثر می‌گذارد و تاثیر توام جهت و شیب فقط روی ارتفاع معنی دار است. بدون در نظر گرفتن شیب، بلندترین درختان در جهت شرقی و قطورترین درختان در جهات شرقی و جنوبی قرار دارند. به طور کلی از این تحقیق می‌توان استنتاج کرد که در جهت شرقی وضعیت رویشی درختان مساعدتر بوده و بذر بیشتری قابلیت جوانه زنی و استقرار در عرصه دارد. بنابراین مشاهده می‌شود که در تحقیقات فوق جهت دامنه رو به شرق به عنوان جهتی که بالاترین تنوع را دارد معرفی می‌شود.

در مقایسه تنوع درون و بین جمعیتی گونه ارس در سطح جهت دامنه، نتایج نشان می‌دهد که تنوع درون و بین جمعیتی تقریبا با هم مشابه است این مطلب با تئوری بالاتر بودن تنوع درون جمعیتی نسبت به تنوع بین جمعیتی در سوزنی برگان مغایرت دارد. با توجه به نتایج به دست آمده بر اساس سوزنی برگان دو پایه و دیر زیست، سطوح تنوع ژنتیکی به‌طور نظر بایستی در درون جمعیت‌ها بالاتر از بین جمعیت‌ها باشد (Hawkins and sweet, 2017) همچنان که Shah و همکاران (۲۰۰۸)، در بررسی ژنتیکی جمعیت‌هایی از *Taxus* با استفاده از روش *RAPD* در پاکستان، سطوح پائینی از تنوع ژنتیکی را در درون جمعیت‌ها نشان دادند. همچنین Karimi و Azadfar (۲۰۱۰) در بررسی تنوع ژنتیکی گونه سرخدار به کمک مطالعه همزمان دو نشانگر و دو اندام، در برخی مناطق مورد مطالعه تنوع ژنتیکی بین جمعیتی را بالاتر از تنوع درون جمعیتی بیان کرده است.

با توجه به برابر بودن تنوع درون و بین جمعیتی در دو جهت دامنه، توصیه می‌شود جهت افزایش تنوع درون جمعیتی ابتدا تعیین محدوده و ارزیابی اکوسیستم صورت بگیرد و مشخص شود که در مدیریت احیای منطقه کدام روش کاربرد دارد. در صورتی که تنها قرق و انجام مطالعات پایش، به احیای ارسستان منتهی شود، مدیریت باید در آن سمت و سو هدایت شده و هر گونه حضور در عرصه مانند انسان و دام ممنوع شود. با برقراری سیستم قرق در یک دوره زمانی و کنترل عوامل تخریب، جنگل روند تخریب را طی کند و به سمت تکامل حرکت کند. حفاظت باید بر حسب زمان اجرای طرح قرق و شدت آن تعیین گردد و در رویشگاه‌ها باید مطالعات پایش قرق بر اکوسیستم هر پنج سال اعمال شود. همچنین در مناطقی که تنوع ژنتیکی کمتر است از طریق بذرکاری یا نهال کاری یا کمک در احیاء بستر خاک به کمک پایه‌های شاخص به افزایش تنوع درون جمعیتی کمک نمود.

نتیجه‌گیری نهایی

به‌طورکلی با توجه به نتایج به‌دست آمده در این تحقیق و همچنین بررسی منابع موجود، چنین بر می آید که باید افزایش تنوع ژنتیکی درون جمعیتی هر دو جهت مورد مطالعه به ویژه جهت دامنه رو به غرب به کمک تجدید حیات مصنوعی حاصل از بذور پایه‌های شاخص صورت بگیرد، میزان تنوع ژنتیکی درون و برون جمعیتی گونه ارس در رویشگاه ارس چهار باغ به کمک نشانگرهای مولکولی *DNA* انجام شود و همچنین اینکه تاثیر سایر عوامل توپوگرافی بر میزان تنوع ژنتیکی پایه‌های ارس بررسی شود و در نهایت مطالعات این تحیق در سایر رویشگاه‌های ارس کشور هم صورت بگیرد.

Archive of SID

www.SID.ir

References

Abdollah Zadeh, B., Sagheb Talebi, Kh. and Zobiri, M. (2003). Response of diameter and height of Pinus eldarica Medw to slope and aspect variations in Lavizan Forest Park. Pajouhesh va Sazandegi In Natural Sciences (60): 30-35.

Alami, E., Taeb, M., Lotfi, E. and Sadeghian Motahar, I. (2003). Study of polymorphic esterase isosymes, peroxidase and mallat dehydrogenase in Iranian pistachio cultivars and species. Agricultural and environmental science and technology 7: 107 – 113.

Ali Ahmad Korori, S., Khoshnevis, M. and Matinzadeh, M. (2011). Comprehensive studies of Junipereus spises in Iran. Introduction. 1. Forest, Range and Watershed Management Organization, Tehran, 549p.

Calagari, M., Jafari Mofidabadi, A., Tabari, M. and Hoseini, S.M. (2007). Genetical variation on natural populations of *Populus euphratica* Oliv by peroxidase isoenzym. Iranian Journal of Forest and Poplar. (15):115-122.

Hafezi shahrodian, S., Azadfar, D. (2011). Consideration and comparison of genetic diversity of English yew species (*Taxus baccata* L.) by using branch and leaf peroxidase. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research. 18(2): 227-238.

Hawkins, B.J. and Sweet, G.B. (2011). Genetic variation in rimu an investigation using isoanzyme analysis. New Zealand Journal of Botany. (27): 82-90.

Iran manesh, Y., Ali ahmad korrori, S., Emadian, S., Azadfar, D. and Espahbodi, K. (1385). Role of enzymatic studies in classification of wild service (*Sorbus torminalis* L.) ecotypes. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research. 14:292-305.

Karimi, L. and Azadfar, D. (2010). Consideration and comparison of genetic diversity of English yew species (Taxus baccata) by using branch and leaf peroxidase. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research. 18: 227-238.

Mandal, A.B., Maiti, A., Chowdhury, B. and Elanchezhian, R. (2000). Isozyme Markers in Varietal Identification of Banana. In Vitro Cellular and Developmental Biology-Plant, 37: 599-604.

Shah, A., Li, D.Z., Gao, L.M., Li, H.E. and Moller, M. (2008). Genetic diversity within and among population of the endangered species Taxus fauna from Pakistan and implication for its conservation. Biochemical systematic and Ecology, 36: 183-193.

Shabani, S., Akbari nia, M., Jalali, Q. and Ali arab, A. (1389). The Effect of Physiographic Factors in Forest Gaps (Case study: Lalis forest, Chalous). Iranian Journal of Biology.23:418-42.

Archive of SID

www.SID.ir