بررسی تنوع ژنتیکی درختان حرا در سواحل استان هرمزگان با استفاده از روش مولکولی RAPD

ایمان قنواتی ،حسین ذوالقرنین ،محمدقاسمی ، هدی خالدی

گروه زیست شناسی دریا، دانشکده علوم دربایی و اقیانوسی، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر

چکیده

به منظور بررسی تنوع ژنتیکی درختان حرا در سواحل استان هرمزگان با استفاده از روش مولکولی RAPD تعداد ۴۰ نمونه از برگ درختان حرا در ایستگاه های مختلف (بنادر جاسک، خمیر، تیاب و جزیره قشم) جمع آوری و به آزمایشگاه منتقل و پس از استخراج DNA بوسیله ۳۰ پرایمر در واکنش زنجیره ای پلیمراز مورد بررسی قرار گرفتند.

نتایج کار نشان داد که بیشترین میزان میانگین تنوع ژنتیکی در جمعیت قشم ۰/۴۵۸ با انحراف معیار ۰/۰۳۳ و کمترین میانگین میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت جاسک ۰/۴۲۳ با انحراف معیار ۰/۰۵۶ می باشد. همچنین با استفاده از نرم افزار PopGene میانگین شاخص اطلاعات شانون ۰/۶۴۳ برای چهار جمعیت بدست آمد.

مقدار شاخص Fst ۰/۰۱۱ ومیزان جریان ژنی ۲۵/۸۵۴ محاسبه گردید و دندروگرام UPGMA ترسیم شده براساس فاصله ژنتیکی Nei نیز جدایی واضحی را بین جمعیت‌ها نشان نداد. همچنین آنالیز واریانس مولکولی نشان داد که تنوع بالایی (۹۹٪) در درون جمعیت‌های مورد بررسی وجود دارد. نتایج حاصل از این تحقیق می‌تواند اطلاعات سودمندی جهت برنامه‌های حفاظتی و مدیریتی این گونه با ارزش بومی ایران فراهم سازد

واژگان کلیدی: حرا، RAPD، تنوع ژنتیکی، خلیج فارس

Archive of SID

www.SID.ir

۱. مقدمه

جنگل های دریایی که جنگلهای مانگرو (Mangrove) نامیده می شوند، اکوسیستم کاملا ویژه ای هستند که اجتماعات گیاهی و جانوری آنها در ارتباط با شرایط خاص شکل می گیرد. این اکوسیستم در زمره غنی ترین و حاصلخیزترین اکوسیستم های دنیا به حساب می آید، چرا که از اکسیژن مناسب که از رودخانه ها به آن وارد می شود و از مواد معدنی غنی که در دریاها به وفور یافت می شود برخوردارند.

جنگل‌های مانگرو با افزایش عرض جغرافیایی از یک سو و با حرکت به سمت غرب از سوی دیگر محدود می‌شوند. براین اساس جنگل‌های مانگرو ایران آخرین حد پراکنش جنگل‌ها در آسیای جنوب غربی به شمار می‌روند. بخش عمده اراضی جنگلی در محدوده مرکزی خلیج فارس و در سواحل استان هرمزگان و در رویشگاه‌های جزیره قشم، بندر خمیر، کولقان، تیاب و سیریک تا جاسک قرار دارد (دانه کار، ۱۳۸۱).

رویشگاه مانگروها در ایران پذیرای دو گونه مانگرو *Avicennia marina* و *Rhizophora mucronta* , است که برای گونه‌های مزبور منحصر به فرد است و سایر گونه های درختی و درختچه‌ای در بخش‌های اصلی جوامع مانگرو دیده نمی‌شود زیرا سایر گونه‌ها قابلیت رقابت با مانگروها را ندارند و از محیط حذف می‌شوند. بنابراین مانگروها حاکم مطلق اراضی خود در منطقه محسوب شده و به صورت غالب مستقر هستند .

در ارزیابی ساختار ذخایر،تشخیص گونه ها، جمعیتها و نژادها با استفاده از صفات مرفومتریک ومریستیک مثل طول بدن صورت می گرفت. اما باتوجه به حساسیت بالای صفات مرفومتریک ومریستیک به تغییرات محیطی و اثرات منفی دستکاری در نشانه گذاری بر سلامت و بقای موجودات، از طرفی محدود بودن تفسیر داده های نشانه گذاری به زمان جمع آوری آنها (Adams, 2003)، پیشرفت علم استفاده از مارکرهای مولکولی مثلMicrosatellite، RAPD، AFLP، RFLP، Allozyme که متاثر از فاکتورهای محیطی نمی باشد را جهت شناسایی ساختار ژنتیکی ذخایر امکان پذیر کرده است (Reynolds, 1990). تعاریف متفاوتی از ذخایر در منابع مختلف ذکر شده است ولی بطور کلی می توان ذخایر را چنین تعریف کرد: ذخایر به مجموعه ای از افراد نزدیک به هم در یک گونه که در یک مکان خاص زیست کرده و از لحاظ ژنتیکی از سایر جمعیتهای متعلق به همان گونه قابل تشخیص هستند اطلاق می شود (پور کاظمی و همکاران، ۱۳۸۳).

تنوع ژنتیکی، هم تنوع درون نژادی و هم تنوع بین نژادی را شامل می شود. تنوع ژنتیکی (تغییر پذیری ژنتیکی) یک عضو از یک جمعیت به طور مستقیم به مدت زمان زیست شان وابسته است. فقدان تنوع قدرت انتخاب موجود برای رفع نیازهای غیرقابل پیش بینی آتی را محدود می سازد (سالاری، ۱۳۸۷).

نوع درون نژادی همواره با ورود تنوع جدید ناشی از جهش مواجه است ولی تنوع ژنتیکی بین نژادی را نمی توان به راحتی بازسازی نمود. ساختار ژنتیکی هر نژاد یا سویه، حاصل تقابل جهش، رانش ژنتیکی، تکامل و سازگاری مجزایی است که طی قرون متمادی حاصل گردیده است، بنابراین می توان گفت هر نژاد، مجموعه منحصر به فردی از ژنهاست که مخزن ژنی آن نژاد را می سازد (عطائی، ۱۳۸۱. وثوقی، ۱۳۷۶ و Hedric 1998). پس جمعیتها در حقیقت مجموعه متنوعی از ژنها هستند که عواملی همچون فاصله نسلها، صید بی رویه، شرایط نامناسب آب و هوائی و از بین رفتن زیستگاهها منجر به کاهش اندازه جمعیتهای موثر

Archive of SID

www.SID.ir

و در نتیجه کاهش تنوع ژنتیکی ذخایر می گرددکه این امر خطر انقراض را افزایش می دهد (Kamiab 2010h).

این مطالعه با هدف بررسی میزان کارائی روش مولکولی RAPD در ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت های حرا و بررسی میزان تنوع ژنتیکی در درون هر یک از جمعیت های مورد مطالعهانجام پذیرفت.

۲. مواد و روش ها

پس از مطالعات اولیه، مناطق و رویشگاه های اصلی حرا شناسایی و در هر ایستگاه به تعداد ۱۰نمونه از بافت برگ گیاه حرای *Avicennia marina*جمع آوری شد. قطعه ای از برگ هر نمونه گیاه، با ذکر محل نمونه برداری (شکل۱)، در الکل خالص تثبیت و به آزمایشگاه بیوتکنولوژی دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر منتقل گردید.

در ایـن پـروژه روش TAB) اسـتفاده گردیـد و بطورکلی می توان گفت اسـتخراج DNA گیـاهی یکی از سخت ترین استخراجها می باشد که دلیـل آن وجود دیواره در گیاهان است.

شکل ۱. منطقه مورد مطالعه

در ادامه در این مطالعه از ۳۰ پرایمر ۱۰ نوکلئوتیدی RADP استفاده شد که به شرکتCopenhagen TAG سفارش داده شد در بین پرایمرهای مورد استفاده فقط ۱۰ عدد از آنها بطور موفقیت جایگاه هایی را در روی ژنوم تکثیر دادندکه مشخصات عمومی پرایمرهایی که جواب بهتری دادند در جدول ۱آمده است.

برای انجام PCR نیاز به دانستن مقدار مواد مورد نیاز بود و اول با دادن دامنه های حرارتی مختلف، بهترین دمای اتصال برای هر آغازگر جهت اتصال به DNA الگو، به دست آمد، سپس میزان غلظت MgCl2، DNA ژنومی، آغازگر، آنزیم DNA پلیمراز Taq و dNTP برای هر آغازگر بهینه شد و واکنش زنجیره ای پلیمراز در حجم ۲۰ میکرولیتر و میزان مواد مصرفی در هر واکنش PCR شامل : dNTPs ،۱میکرولیتر ؛ پرایمر ۲/۵ میکرولیتر؛ DNA ۲ میکرولیتر؛ ۰/۵ واحد از تگ DNA پلی مراز ، PCR بافر ۲/۵ میکرولیتر ؛ کلرید منیزیم ۱/۵ میکرولیتر ، آب مقطر دیونیزه برای رساندن به حجم مورد نظر ۱۵ میکرولیتر. شرایط چرخه دمایی برای واکنش زنجیره ای پلی مراز به ترتیب مرحله جدا سازی اولیه ۹۴ درجه سانتیگراد ۵ دقیقه و جداسازی در ۹۴ درجه سانتیگراد ۱/۳۰ دقیقه، مرحله اتصال پرایمرها به هدف از ۳۶ تا ۳۸ درجه سانتیگراد به مدت ۱/۳۰ دقیقه و ۴۴ چرخه، مرحله بسط پرایمر ۷۲ درجه سانتیگراد ۲ دقیقه و بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتیگراد ۷ دقیقه بهینه سازی گردید.

محصولات PCR ابتدا بـرای تعیـین صـحت انجـام واکنش بر روی ژل آگارز۲٪ و پـس از اطمینـان از مناسب بـودن محصـول PCR جهـت آنـالیز هـای آماری بر روی ژل اکریل آمید ۶٪ به کمـک رنـگ آمیزی نیترات نقره (Pourkazemi, 1996)ظـاهر سازی شدند. از ژل های اکریل آمیـد در دسـتگاه Gel document ساخت شـرکت Herolab در زیـر

Archive of SID

www.SID.ir

نور سفید و همچنین با کمک دوربین دیجیتال Canon عکس برداری شد و ماتریس اعداد بر حسب وجود یا عدم وجود باند امتیاز دهی شد. که وجود باند با عدد ۱ و عدم وجود باند با عدد ۰ نشان داده شد سپس نمونه ها(عکس ها) بوسیله نرم افزارهای GeneALEx6 وPopGene مورد آنالیز آماری قرار گرفتند .

شکل۱. محل نمونه برداری

جدول ۱. مشخصات پرایمرهای RAPD مورد استفاده

پرایمر	دمای ذوب (Tm)	درصدCG
5´-CATCCGTGCT-3´	۳۸	۶۰
5´-GAGAGCCAAC-3´	۳۶	۶۰
5´-GAACGGACTC-3´	۳۸	۶۰
5´-CCCACAACCC-3´	۳۶	۷۰
5´-CAATCGCCGT-3´	۳۸	۶۰
5´-GTGTCCCCCA-3´	۳۸	۷۰
5´-GACCGACCCA-3´	۳۶	۷۰
5´-AGGGGTCTTG-3´	۳۸	۶۰
5´-TCTGTGCTGG-3´	۳۸	۶۰

۳. نتایج

در تجزیه داده های RAPD بر اساس وجود یا عدم وجود نواربندی خاص در نمونه ها با اعداد ۱ و صفر امتیاز دهی می گردند که عدد ۱ بیانگر وجود باند و عدد صفر بیانگر عدم وجود باند می باشد. بعبارت دیگر عدد ۰ بیانگر عدم وجود تشابه ژنتیکی و عدد ۱ بیانگر وجود تشابه ژنتیکی می باشد.

در بیشتر گزارشهای حاصل از روش RAPD از شدت نواربندی صرف نظر می گردد.

شایان ذکر است هیچ آلل اختصاصی در این پژوهش بدست نیامد.

باندهای مشاهده شده با اعداد ۰ و ۱ در نظر گرفته شده و وارد نرم افزار Popgeneگردیدند و نتایج زیر بدست آمد: (جداول ۲ و ۳)

میزان FST برای جمعیت های مختلف به صورت دو به دو و بر اساس آزمون AMOVA در جدول۳-۵ نمایش داده شده است. بر اساس داده های این جدول بیشترین میزان FST میان جمعیت های خمیر و تیاب با ۰/۱۰۰ و کمترین میزان FST میان جمعیت خمیر و قشم با ۰/۰۲۱ بدست آمد همچنین بیشترین جریان ژنی Nm در بین جمعیت های خمیر وقشم با ۱۱/۴۴۸ و کمترین میزان جریان ژنی Nm بین خمیر و تیاب ۲/۲۵۲ اندازه گیری شد.

دندوگرام فاصله ژنتیکی

بر اساس نمودار رسم شده بر مبنای(Nei,1972) دو کلاستر تشکیل شد که هرکدام به دو گروه تقسیم شدند(شکل ۲). جمعیت های قشم و خمیر در یک کلاستر و در دو گروه با فاصله ژنتیکی

Archive of SID

www.SID.ir

۰/۱۷۰۳ قرار گرفتند و جمعیت های تیاب و جاسک در کلاستری متفاوت با آنها و در دو گروه با فاصله ژنتیکی ۰/۲۵۵۳رسم گردید. میزان اختلاف ژنتیکی بین دو کلاستر بر اساس درخت فیلوژنی برابر با ۰/۳۱۱۷ محاسبه شد. این نمودار ها با توجه به فاصله ژنتیکی محاسبه شده رسم می گردند و می توان همان دلایل عنوان شده برای شباهت ها و تفاوت های ژنتیکی را برای آنها عنوان نمود. می توان بیان نمود که با توجه به شباهتها و فواصل ژنتکی :قشم و خمیر در یک کلاستر و تیاب و جاسک در یک کلاستر قرار می گیرند که بیانگر این است که هر کلاستر دارای شباهت ژنتیکی زایاد و فاصله ژنتیکی کم از یکدیگرند و با کلاستر دیگر فاصله ژنتیکی بیتر و شباهت کمتری دارند. با توجه به شباهت ژنتیکی بدست آمده برای گیاهان این مناطق باید بیان داشت که می توان گفت این گیاهان بسیار بهم مرتبط می باشند مانند خمیر و قشم که شباهت فوق العاده ای بهم دارند.

شکل ۲. درخت فیلوژنی حاصل از معیار ژنتیکی (Nei (1972

جدول۲. میزان تنوع ژنتیکی در جمعیتهای مناطق مختلف

مناطق	میانگین تنوع ژنتیکی	انحراف معیار
قشم	۰/۴۵۸	۰/۰۳۳
خمیر	۰/۴۳۸	۰/۰۷۳
جاسک	۰/۴۲۳	۰/۰۵۶
تیاب	۰/۴۳۲	۰/۰۹۷

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۳. محاسبه F_{ST} جریان ژنی Nm بر اساس آزمون AMOVA

جمعیت ۱	جمعیت ۲	F_{ST} (بر اساس AMOVA)	جریان ژنی Nm	تعداد جمعیت ۱	تعداد جمعیت ۲	احتمال	No. PW Pm
قشم	خمیر	۰/۰۲۱	۱۱/۴۴۸	۱۱	۱۰	۰/۱۹۰	۹۹
قشم	تیاب	۰/۰۲۸	۸/۵۲۵	۱۱	۱۱	۰/۱۰۰	۹۹
خمیر	تیاب	۰/۱۰۰	۲/۲۵۲	۱۰	۱۱	۰/۰۱۰	۹۹
قشم	جاسک	۰/۰۳۴	۷/۱۷۹	۱۱	۱۰	۰/۰۸۰	۹۹
خمیر	جاسک	۰/۰۴۳	۵/۵۴۷	۱۰	۱۰	۰/۰۴۰	۹۹
تیاب	جاسک	۰/۰۳۸	۶/۳۲۰	۱۱	۱۰	۰/۰۵۰	۹۹

۴. بحث و نتیجه گیری

فراوانی اللی برای توضیح دادن و آشکار کردن روابط تکاملی جمعیت های نزدیک به هم ابزار مناسبی است (Nei & Takezaki., 1996).

از آنجا که روش RAPD بر مبنای تکثیر قطعه های تصادفی DNA انجام می گیرد نیازی به آگاهی از ردیف DNA نمی باشد و این از مزیت های این روش می باشد اما عدم بیان توارث غالبیت، عدم وضوح کافی نوارها و عدم تکرار پذیری بعضی از نوارها از معایب می باشد (Chawla, 2000).

بطور کلی می توان گفت خلیج فارس یک محیط بسیار بسته و محدود می باشد. در تحقیقی که توسط Maguire در سال ۲۰۰۰ بر روی درختان حرا *Avicennia marina* در سرتاسر جهان انجام داد او برای جمعیت حرا امارت متحده عربی تعداد ۸ آلل اختصاصی را شناسایی نمود و این امر را به ویژگی های منطقه خلیج فارس و بسته بودن آن و جریان ژنی بسیار پایین با دیگر رویشگاه های در سرتاسر جهان مرتبط دانست. برای جمعیت های حرا در ایران نیز در صورت انجام مقایسه ای مشابه با دیگر نقاط جهان انتظار وجود تعداد آلل اختصاصی بالا وجود دارد اما در مقایسه میان خود جمعیت های حرای در استان هرمزگان نمی توان چنین انتظاری داشت. از سوی دیگر باید به این نکته توجه داشت که سیکل جریان آب در خلیج فارس به نحوی است که از دریای عمان و از تنگه هرمز وارد خلیج فارس شده و به سمت سواحل ایران حرکت می کند و سپس در انتهای خلیج فارس به سمت سواحل جنوبی گردش می کند (Johns *et al.*, 2003). این امر سبب محدودتر شدن ارتباط ژنتیکی میان جمعیت های حرای امارات نسبت به جمعیت های حرای ایران می شودو طبیعتاً آلل های اختصاصی آن را نیز بیشتر می سازد در بررسی ما نیز آلل اختصاصی بدست نیامد که این نیز خود موید این موضوع می باشد و می توان گفت ارتباط ژنتیکی بسیار بالا در این منطقه می باشد..

در بررسی حاضر بیشتر تنوع ژنتیکی در منطقه قشم بدست آمد و شاید دلیل آنرا بتوان در موقعیت جغرافیایی جزیره قشم دانست و بیان

Archive of SID

www.SID.ir

نمود که جمعیت بهتر و سالن تری می باشد و فرصت بیشتری برای تولید مثل و شانس بقای بالاتری خواهند داشت. و کمترین آن در جاسک به دست آمد.

بطور کلی می توان گفت تنوع ژنتیکی بدست آمده در این تحقیق برای مناطق مختلف پایین می باشد که این با بسته بودن منطقه رابطه مستقیمی دارد.

اما در این مناطق یکی از عوامل بسیار مخرب حرا بغیر از آلودگی قطع آن بوسیله انسان می باشد که بسیار خطرناک می باشد. بطوریکه می توان گفت متاسفانه سازمان محیط زیست دقت مناسبی جهت جلوگیری از این عمل نمی نماید.

شاخص شانون

مقدار شاخص شانون نیز در این مناطق پایین بدست آمد که این بیانگر تنوع ژنتیکی پایین در میان جمعیتهای منطقه است که این با ویژگیهای اکولوژیکی خلیج فارس کا ملا مطابقت دارد واز داده های بدست آمده برای شاخص شانون می توان این گونه بیان داشت که این پارامتر توانایی چندانی در بیان تفاوت ها به ویژه اختلافات ژنتیکی میان جمعیت ها ندارد و می بایست از شاخص های دیگری استفاده نمود. کما اینکه در مطالعات صورت گرفته توسط دیگر محققین از این شاخص چندان جهت بیان تفاوت های ژنتیکی استفاده ننموده اند و در اینجا نیز صرفاً به عنوان بخشی از نتایج عنوان شده است.

میزان جریان ژنی و Gst، شباهت و فاصله ژنتیکی:

در پروژه انجام شده میزان جریان ژنی برای نمونه ها بر اساس نرم افزار Popgene بدست آمده است.

برای تعیین اختلاف بین نواحی (گروهها) و مناطق هر ناحیه و نمونه های هر منطقه از شاخص همچون FST، RST وFIS استفاده می شود. از آنجایی که FST زمانی بیشتر از ۰/۲۵ باشد نشان دهنده جدایی کامل جمعیتها از یکدیگر می باشد در هیچ یک از نتایج بدست آمده FST به عدد مذکور نمی رسد. که این بیانگر این است که این گیاهان از یکدیگر جدا نیستند.

در این تحقیق بیشترین میزان شباهت ژنتکی بین خمیر با قشم برابر با ۰/۹۸۴ بدست آمد که این با نزدیکی فوق العاده این دو منطقه به هم نیز کاملا همخوانی دارد بطوریکه صفیاری (۱۳۸۱) این دو منطقه را بسیار نزدیک هم بیان نموده و می گوید مانگرو قشم و خمیر از بسیاری جهات شبیه یکدیگرند و به نظر می رسد جوامعی پیوسته بوده اند که بنا به شرایط طبیعی به وسیله ترعه(کانال) بزرگ خوران از یکدیگر جدا شده اند. همچنین بر اساس مشاهدات صورت گرفته بخش بیشتر جوامع حرا در بندر خمیر در حواشی راه های آبی منشعب از خور اصلی خوران که هرکدام نیز از انشعاب های فرعی تری تشکیل شده اند گسترده اند(صفیاری، ۱۳۸۱) این امر نیز می تواند دلیلی محکم برای وجود ارتباط و جریان ژنی بسیار میان جمعیت های های مانگرو بندر خمیر با جوامع نزدیک به آن یعنی حرای قشم باشد و توجیه ای است برای شباهت ژنتیکی زیاد میان این دو جمیعت و کمترین مربوط به خمیر و تیاب با ۹۱۸/ بدست آمد۰.

همچنین zolgharnein و همکاران در سال ۲۰۱۰ در مورد فاصله ژنتیکی جمعیت های مختلف نیز این پارامتر بر اساس معیار Nei, 1972 محاسبه کردند که بر اساس نتایج بیشترین فاصله ژنتیکی و کمترین شباهت بین جمعیت های تیاب و خمیر به ترتیب با ۰/۴۸۲ و ۰/۶۱۸ و کمترین فاصله

Archive of SID

www.SID.ir

ژنتیکی و بیشترین شباهت بین جمعیت های قشم و خمیر به ترتیب با ۰/۱۸۹ و ۰/۸۲۷ محاسبه گردید

بر اساس نتایج به دست آمده در این تحقیق نیز می توان بیان داشت که خمیر و قشم شباهت زیادی و فاصله ژنتیکی کمی از یکدیگر دارند. و تیاب فاصله ژنتیکی با خمیر و قشم را دارا می باشد و با جاسک شباهت ژنتیکی بیشتری دارد. فهم الگو های پراکنش ژنتیکی جوامع مانگرو برای برنامه های حفاظت و طرح های احیا و جنگل کاری بسیار مورد نیاز است، دانستن اطلاعاتی در مورد جریان ژنی ، تفاوت های ژنتیکی، و سطوح خویش آمیزی به ویژه در مورد جمعیت های جدا شده برای حفاظت از ذخایر ژنتیکی که هر روز در معرض تحدید و تخریب هستند اهمیت بسزایی دارد (Maguire *et al.*, 2002). نتایج این بررسی توانستند پلی مورفیسم بالایی را برای گونه *Avicennia marina* در سواحل استان هرمزگان شناسایی کنند. جنگل های حرای هرمزگان علی رغم قرار گیری در حاشیه غربی دامنه رویشی درختان مانگرو در جهان و همچنین حضور در محیط نیمه بسته ای مانند خلیج فارس، نسبت به اکوسیستم های مشابه مانند جنگل های حرای ویتنام و فیلیپین و درختان حرای ژاپن که فاقد تنوع ژنتیکی بودند (Arnou*d et al.*, 2006) وضعیت مناسب تری را دارا می باشند (Kamiab 2010). همچنین این موضوع با نتایج Valipour در مورد تنوع ژنتیکی جوامع *Avicennia marina* در استان بوشهر و پیش بینی او در مورد وضعیت بهتر جوامع حرا در مناطق مرکزی حاشیه خلیج فارس (هرمزگان)نیز سازگاری دارد (Valipour *et al.*, 2008). اما باید توجه داشت محدودیت های زیست محیطی مانند دما ، رطوبت، تأمین آب تازه، به خوبی فاکتور های اکولوژیکی مانند سیستم جفت گیری، اندازه جمعیت، برقرار نمودن زیستگاه مناسب برای جوانه ها و دانه ها و جدا سازی به وسیله مرز های محیطی، ممکن است تأثیر معنی داری بر روی سطوح هتروزیگوسیتی ، خویش آمیزی، و ساختار جمعیت داشته باشند (Tomlinson, 1986). Parani گزارش داد که جمعیت های *A.marina* تحت فشار هایی که به علت استفاده مداوم از شاخ و برگ آنها به عنوان علوفه و چرا قرار می گیرند وهمچنین آلودگی های زیست محیطی، دچار کاهش در سطوح پلی مورفیسم می شوند (Parani *et al.*,1997). این موضوع برای جنگل های حرای ایران نیز در استان بوشهر – منطقه دیر و عسلویه- توسط Valipour عنوان گردید(Valipour *et al.*,2008). نتایج بدست آمده نیز صحت این موضوع را برای جمعیت های استان هرمزگان نیز نشان داد و می توان از آن به عنوان یکی از دلایل مهم کاهش سطح هتروزیگوسیتی در جمعیت منطقه خمیر نام برد. برداشت بی رویه از جنگل های حرا به عنوان منبع چوب در منطقه، و مهمتر از آن آلودگی های موجود در خلیج فارس مانند وجود سکو های عظیم نفتی و همچنین پر تردد ترین مسیر کشتی های عظیم الجثه نفتکش که آن را جزء یکی از آلوده ترین مناطق دریایی جهان ساخته است (Mora *et al.*, 2004) اکوسیستم های منطقه به ویژه جنگل های حرا را در معرض نابودی قرار داده است هر چند این موضوع نیازمند بررسی های بیشتر و مطالعات دقیقتر در طی سالیان متمادی است تا بتوان روند تغییرات را در جمعیت های منطقه تعیین نمود (Kamiab 2010)

منابع

پاداش، ا.، و رزاقی، ت. ۱۳۸۴. جنگل های مانگرو، نشریه موج سبز شماره ۱۴، ۲۶-۳۱.

Archive of SID

www.SID.ir

پورکاظمی، م.، بردران نویری، ش.و نوروز فشخامی، م.ر. ۱۳۸۳. مروری برشناسایی جمعیت ونژادهای تاسماهیان دریای خزر.موج سبز.صفحه۲۵-۲۱

جعفری مفید آبادی، ع.، و عقرابی، س. ر. ۱۳۸۰. بیوتکنولوژی گیاهی، روش ها و کاربرد ها، انتشارات مؤسسه تحقیقات جنگل ها و مراتع، چاپ اول، ۱۴۰ ص .

دانه کار، ا. ۱۳۸۱. ناحیه بندی جنگل های مانگرو در تالاب بین المللی دلتای رود گز و رود حرا، نشریه محیط زیست شماره ۳۵ (بهار) ۴۳-۴۹.

سالاری علی آبادی، م. ۱۳۸۷. بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت های ماهی سوکلا *Rachycentron canadum* در خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش مولکولی میکروساتلایت. پایان نامه دوره دکتری، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر. ۱۹۱ص.

صفیاری، ش. ۱۳۸۱. جنگل های مانگرو، جلد دوم، جنگل های مانگرو در ایران، انتشارات مؤسسه تحقیقات جنگل ها و مراتع، چاپ اول، ۵۴۰ ص.

عطائی، ف. ۱۳۸۱. بررسی تنوع ژنتیکی تاس ماهی ایران در رودخانه سفیدرود با استفاده از روش مولکول PCR-RFLP روی mtDNA و اطلاعات مورفولوژیکی. پایان نامه کارشناسی ارشد علوم جانوری، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهید بهشتی، ۱۵۷ ص.

وثوقی، غ.، و مستجیر، ب. ۱۳۷۶. ماهیان آب شیرین. ۳۱۷ ص.

ولی پور کهرود، ح.، علی احمد کروری، س.، دانه کار، ا.، و شیروانی ا. ۱۳۸۶. تغییرات ایزوآنزیم های پراکسیداز درختان حرا Avicennia marina تحت تأثیر تنش آلاینده های نفتی و فلزات سنگین، مجله زست شناسی ایران، جلد ۲۰ شماره ۲ (تابستان) ۲۵۷-۲۶۸.

Hamrick, J. L. and Godt, M. J. W. 1996. Conservation genetics of endemic plant species. In: Conservation Genetics: Case Histories from Nature, 45: 281-304.

Maguire, T. L., Edwards, K. J., Saenger, P. and Henry, R. 2000a. Characterisation and analysis of microsatellite loci in a mangrove species *Avicennia marina (Forsk.) Vierh.(Avicenniaceae).* Theor. Appl. Genet. 101, 279–285.

Maguire, T. L., Peakall, R. and Seanger, P. 2002. Comparative analysis of genetic diversity in the mangrove species *Avicennia marina (Forsk.) Vierh. (Avicenniaceae)* detected by AFLPs and SSRs. Theor. Appl. Genet. 104, 388–398.

Maguire, T. L., Edwards, K. J., Saenger, P. and Henry, R., 2000b. Characterization and analysis of microsatellite loci in a mangrove species *Avicennia marina (Forsk.) Vierh. (Avicenniaceae).* Theor. Appl. Genet. 101, 279–285.

Nei, M. 1972. Genetic distance between population. AM. Nat. 106: 283-292.

Reynolds, J., Weir, B. S. and Cockerham, C. C. 1990. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. Gen.105: 767-779.

Tomlinson, P. B. 1986. The Botany of Mangroves. Cambridge University Press, Cambridge inGiang LH, Hong PN, Tuan MS, Harada K 2003. Genetic variation of Avicennia marina (Forsk.) Vierh. (Avicenniaceae) in Vietnam revealed by microsatellite and AFLP markers. Gen. Sys. 78, 399–407

Takezaki, N. and Nei, M. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Gen. 144:389-399.

Valipour- Kahrood H., Korori, A. A., Pirseyedi M., Shirvany A. and Danehkar A.,2008. Genetic variation of mangrove species *Avicennia marina* in Iran revealed by microsatellite markers. Afr. J. of Biotech. Vol. 7 (17), pp. 3017-3021

Archive of SID

www.SID.ir