

مروری بر مطالعات انجام شده بر روی تنوع ژنتیکی 30 گونه حیات وحش ایران با استفاده از نشانگر های مولکولی D-loop، 5، NADH، توالی ژن Cytb، بیواکوستیک و شناسایی گونه ها

محمدصادق کریمی، فاطمه طباطبایی یزدی

دانشجوی کارشناسی ارشد مدیریت و حفاظت تنوع زیستی، دانشگاه فردوسی مشهد
استادیار گروه علوم و مهندسی محیط زیست، دانشگاه فردوسی مشهد

Karimi.msadegh77@gmail.com

چکیده:

ایران کشوری پهناور که به دلیل تنوع توپوگرافی و اقلیمی از تنوع زیستی بالایی برخوردار است. یکی از سطوح تنوع زیستی، ژن می باشد که بررسی تنوع ژنی در امر حفاظت از گونه ها امری ضروری به شمار می رود. تنوع ژنتیکی از مهمترین خصوصیات تنوع زیستی است که از ملزومات برای سازگاری گونه ها در محیط های جغرافیایی می باشد. می توان از ژنتیک در کنار مطالعات مورفومتری و روش های ریخت شناسی تنوع گونه ها را مورد بررسی قرار داد. امروزه با پیشرفت بوم شناسی مولکولی و استفاده از نشانگر های مولکولی، تحلیل درخت فیلوژنتیکی می توان ساختار و تنوع ژنتیکی گونه های حیات وحش را بررسی کرد. در این مقاله به مرور مطالعات انجام شده بر روی ساختار و تنوع ژنتیکی گونه ها با استفاده از نشانگر های مولکولی، کاربرد روش بیواکوستیک در شناسایی گونه ها و همچنین وضعیت تنوع ژنتیکی ۳۰ گونه جانوری حیات وحش ایران اعم از بومی و غیر بومی در رده های پستانداران، پرندگان، ماهی ها و خزندگان پرداخته شده است.

کلمات کلیدی:

تنوع ژنتیکی - نشانگر های مولکولی - D-loop میتوکندریایی - حیات وحش ایران - آنالیز ND5

مقدمه:

امروزه جهت شناخت و درک درست وضعیت حفاظتی گونه های حیات وحش نیازمند اطلاعات کافی از تنوع ژنتیکی آن هستیم. علم ژنتیک که سرعت رشد بالایی داشته است می تواند به مثابه عصبای حفاظتی تنوع زیستی نقش بسیار مهمی در برنامه ریزی ها و اقدامات حفاظتی نقش ایفا کند. مهندسی ژنتیک می تواند گونه های در حال انقراض را حفاظت و همچنین شاید بوسیله آن بتوان گونه های منقرض شده را احیا نمود (رهنورد و نظری، ۱۴۰۰). داده های مولکولی مورد

استفاده در رده بندی ها می توانند به بررسی غنا و تنوع گونه های در حفاظت از تنوع زیستی کمک کنند (ایمانی هرسینی و همکاران، ۱۴۰۰). توالی سنجی ها در کنار روش هایی نظیر بررسی مورفومتری آناتومی مجمله و روده و همچنین روش های مورفولوژیکی مانند خز، رنگ پوشش، اندازه بدن قدرت تنوع سنجی را دقیق تر و قدرتمند تر خواهد کرد (پوستی و راگنی، ۱۹۹۶؛ دوپلارد و همکاران، ۲۰۱۳). با استفاده از بررسی های ژنتیکی می توان تنوع هاپلوتایپی بین توالی های نوکلئوتیدی نمونه های مطالعاتی را مورد سنجش قرار داد (خلیل زاده و همکاران، ۱۳۹۲). همچنین بر اساس پلی مورفیسم امکان بررسی شباهت ژنتیکی هاپلوتایپ ها بین گونه های مختلف در مناطق مختلف جغرافیایی هم وجود دارد (کفایی و رضایی، ۱۳۹۱). می توان با استفاده از بررسی وضعیت تاکسونومیکی و هیبریداسیون گونه ها تلاقی پراکنش میان آنها را تجزیه و تحلیل کرد (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹). همچنین بررسی تنوع ژنتیکی می تواند اطلاعاتی نظیر دچار شدن یا نشدن جمعیت به معضل گردن بطری را در اختیار کارشناسان قرار دهد. ابزار های ژنتیکی می توانند تعادل بین جهش و رانش های ژنتیکی را بر اساس تحلیل ساختار جمعیتی و آنالیز های دموگرافیک نشان دهند (نادری و همکاران، ۲۰۰۸). ژن سیتوکروم اکسیداز میتوکندری با ۶۰۰ تا ۸۰۰ جفت نوکلئوتید در ناحیه ژن میتوکندریایی ابزاری کارآمد برای تعیین تنوع زیستی در سطح جهانی معرفی شده است (روبینوف، ۲۰۰۶؛ علی آبادیان و همکاران، ۲۰۰۹). می توان با تکثیر قطعه های مورد نظر از ناحیه D-loop میتوکندریایی به کمک آغازگر ها و ترموسایکلر ها نمونه ها را توالی سنجی و در گام های بعد فاصله ژنتیکی آنها را محاسبه و درخت فیلوژنتیکی را ترسیم کرد. از معیار فاصله ژنتیکی می توان برای تمایز گونه ها از یکدیگر در مطالعات ژنتیکی استفاده کرد (تورستروم و همکاران، ۲۰۱۴). به منظور ترسیم درخت فیلوژنتیکی می توان نرم افزار MEG 5 استفاده نمود (خلیل زاده و همکاران، ۱۳۹۲). با بررسی پارامترهای نوکلئوتیدی توالی ناحیه کنترل ژنوم میتوکندریایی در بین گونه های مختلف و همچنین فراوانی باز های آلی توالی ها می توان تفاوت و تشابه میان آنها را مورد مطالعه قرار داد و وضعیت ژنتیکی و حفاظتی را گزارش داد (اسدی آقبلاغی و همکاران، ۱۳۹۳). در بررسی های توالی ژنتیکی تعیین نرخ هیبریداسیون و سنجش خلوص ژنتیکی برای حفاظت از گونه ها دارای اهمیت می باشد (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹). برای بررسی فرضیه های تکاملی و تبارشناسی گونه ها در کنار داده های میتوکندریایی می توان از ژن ها و ماکر های هسته ای استفاده کرد (پورسیو و همکاران، ۲۰۰۵). برای تعیین روابط فیلوژنتیکی گونه های حیات وحش علاوه بر روش توالی سنجشی سیتوکروم b و D-loop میتوکندریایی می توان از قطعه ND5 از ژنوم میتوکندری هم استفاده نمود (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹؛ اسدی و همکاران، ۱۳۹۲). وجود نواحی با تغییر پذیری بالا در بررسی D-loop به تشخیص گونه ها و مطالعات تکاملی گونه های وابسته و در نهایت ترسیم و تحلیل روابط تبار زایی کمک خواهد نمود (کیم و همکاران؛ کلومبو و همکاران، ۲۰۰۲؛ زدر و همکاران، ۲۰۰۶). قطعه ND5 از ژنوم میتوکندری در گوشتخواران نرخ جهش بالایی داشته و از آن میتوان برای ارزیابی تنوع ژنی و مطالعه ساختار ژنی استفاده کرد (دریسکول و همکاران، ۲۰۰۷؛ لویز و همکاران، ۱۹۹۷). برای استخراج توالی ها جهت آنالیز های تبار شناسی ND5 می توان به بانک ژنتیکی NCBI رجوع نمود. ژنوم میتوکندری و قطعات ND5-ND6 و CYTB برای تفکیک زیر گونه ها در مطالعات حیات وحش به کار می روند (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹). توالی ها در آنالیز های ترسیم درخت فیلوژنتیک استفاده می شوند که در آزمایشگاه نمونه ها را برای استخراج DNA در محلول اتانول ۹۶ درصد نگه داری و بعد در PCR و آماده سازی میکروتپ شاهد قطعه مورد نظر از ND5 را تکثیر خواهند کرد (اسدی و همکاران، ۱۳۹۹؛ کیچنر و همکاران، ۲۰۰۵؛ تامورا

و همکاران، ۲۰۱۳). درخت فیلوژنتیک بر اساس تحلیل بایزین با کارهای نرم افزاری و چرخه رنجیره مارکوف با چند اجرای در زمان های برابر ترسیم خواهد شد که در نهایت برای تشخیص قابل اطمینان بودن درخت از قانون اکثریت استفاده خواهد شد (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹). برای توالی یابی نمونه ها می توان از دستگاه XLABI 3730 به روش اتوماتیک سانگر استفاده کرد و در پایگاه داده NCBI آنها را BLAST و همولوژی توالی ها را بررسی نمود. برای دریافت نمونه ژنتیکی از جانوران می توان به بانک ژن موزه تاریخ طبیعی و ذخایر ژنتیک سازمان حفاظت محیط زیست رجوع و یا به صورت مستقیم از بافت جانوران گیر افتاده، صدمه دیده نمونه برداری کرد (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹). در انتها می توان فاصله ژنتیکی بین زیر کلادها را با استفاده از مدل های Kimura2P و Jukes-Cantor در محیط نرم افزاری MEGA 6 را محاسبه کرد. بررسی هاپلوتایپ های متعلق به کلاد ها حائز اهمیت می باشد زیرا از تحلیل گسترش آنها می توان پراکنش گونه ها را هم بررسی نمود. گستره هاپلوگروپ ها را می توان پس از ترسیم نقشه هاپلوتایپ های متعلق به کلاد های مختلف بررسی کرد (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹). به طور کلی در انتهای فرآیند بررسی های ژنتیکی می توان با تحلیل شبکه هاپلوتایپی می توان پیشروی گونه ها را در موقعیت های جغرافیایی مختلف در پراکنش، همپوشانی ها و شارش ژنی میان آنها را بررسی نمود. همچنین استفاده از نشانگر های مولکولی و میکروستلایت ها در بررسی های ژنتیکی تنوع سنجی میان جمعیت گونه ها نسبت به روش های مورفولوژیکی و مورفومتری برتری خواهد داشت (قلیچ پور و میرفانده، ۱۳۹۶).

بررسی پیامد های تغییر اقلیم در سطح ژن

ابزارهای ژنتیکی بوم شناسی مولکولی می توانند اطلاعات مفیدی در خصوص شناخت صفات و مبانی ژنی در اختیار محققان قرار دهند. ژن هایی که در گونه های مختلف در کنترل ظهور صفت های مربوط به تنش خشکی، گرما، طول دوره روشنایی و میزان کربن دی اکسید می باشند تحت تاثیر تغییرات اقلیمی قرار خواهند گرفت. می توان در شرایط آزمایشگاهی، صحرایی و گلخانه ای اثرات و ردپای تغییرات اقلیمی در تغییرات تکاملی را مورد بررسی قرار داد که البته این گونه تغییرات باید در چند نسل در نظر گرفته شود (ملکیان، ۱۳۹۲).

امکان سنجی روش بیواکوستیک در بررسی فراوانی و تنوع گونه های حیات وحش

از آنجایی که تنوع از شاخص های بسیار مهم بیولوژیکی در اکوسیستم ها می باشند برآورد آن برای سلامت اکوسیستم ها یک اولویت به شمار می رود. روش آکوستیک یا زیست صوت شناسی برای برآورد پارامتر های بیولوژیکی جامعه زیستی می تواند موثر باشد (پیروی لطیف و همکاران، ۱۴۰۰). روش زیست صوت شناسی با استفاده از فرکانس های دریافتی صدای گونه ها در زیستگاه هایشان برای تولیدمثل و یا بر طرف کردن نیاز غذایی بوده با این روش می توان فراوانی و تنوع گونه را در محدود جغرافیایی مطالعاتی بررسی کرد. پیروی لطیف و همکاران (۱۴۰۰) در پژوهشی بر روی بررسی تنوع و فراوانی جامعه زیستی خفاش ها در استان گیلان توانستند ۲۰ گونه خفاش از سه خانواده و هشت جنس را شناسایی کرده و دلیل انتخاب این روش را سهولت کارآیی در نمونه برداری میدانی عنوان کردند.

کاربرد نشانگر های میکروستلایت در بررسی ژنتیک جمعیت ماهیان

برای بررسی تنوع ژنتیکی گونه ها در علم ژنتیک از نشانگر های مختلفی استفاده می شود. نشانگر های مولکولی DNA به مراتب قدرتمند تر از نشانگر های مورفولوژیکی و سیتوژنتیکی خواهند بود. نشانگر های میکروستلایتی تنوع هتروزیگوتی را به خوبی نشان می دهند (قلیچ پور و میرقائد، ۱۳۹۶). نشانگر های میکروستیلالات مبتنی بر PCR بوده و کاربرد فراوانی در بررسی های فیلوژنتیکی و تنوع سنجی در جمعیت ماهیان دارد. قلیچ پور و میرقائد (۱۳۹۶) در مطالعه ای بر روی کاربرد نشانگر های میکروستلایت در بررسی های فیلوژنتیکی ماهیان به این نتیجه دست یافتند که از بین نشانگر های مولکولی در سطح mtDNA، ژن SrRNA16 و همچنین میکروستلایت ها در سنجش تنوع ژنتیکی درون و میان جمعیت گونه ها کارآمد عمل خواهند کرد. به طور کلی ویژگی وراثت پذیری مادری و تغییر پذیری بالای mtDNA آن را به ابزاری قدرتمند برای شناسایی گونه ها تبدیل کرده است (تاب و همکاران، رستوگی و همکاران؛ ۲۰۰۷).

پتانسیل سنجی توالی COI در بررسی میانگین واگرایی ژنتیکی و محدوده یابی فاصله ژنتیکی

به کمک داده های مولکولی و مطالعات رده بندی می توان غنا و تنوع گونه ای را مورد بررسی دقیق در امر حفاظت از تنوع زیستی قرار داد. توالی نوکلئوتیدی COI حاصل از استخراج ژن از بافت نمونه ها و اعمال واکنش زنجیره ای پلی مرز تکثیر و توالی یابی آن می تواند در برآورد میانگین واگرایی ژنتیکی بین گونه ای و همچنین تعیین محدوده فاصله ژنتیکی گونه ها مورد استفاده قرار گرفته و هر کلاد را به صورت یک واحد تکاملی معرفی کرد که در نهایت در مدیریت حفاظتی گونه ها بسیار موثر خواهد بود (ایمانی هرسینی و همکاران، ۱۴۰۰). وقوع فرآیند های تکاملی در مدت زمان طولانی باعث بالارفتن واگرایی در بین گونه ها خواهد شد (کر و همکاران، ۲۰۱۰). ژن میتوکندریایی COI اهمیت های زیادی در تحلیل روابط فیلوژنتیکی دارد که می توان به جداسازی، آنالیز آسان و طراحی پرایمر های قوی، نرخ تکاملی بالا آن اشاره کرد (برتولزی و همکاران، ۲۰۰۹؛ هبرت و همکاران، ۲۰۰۳). همچنین از این ژن می توان برای بررسی تفاوت بین تاکسون های با خویشاوندی نزدیک استفاده نمود (ایمانی هرسینی و همکاران، ۱۴۰۰).

تحلیل تبارشناسی با مدل تکاملی، رسم درخت بایزین و حداکثر درست نمایی هاپلوتایپ ها

تحلیل تبار شناسی را می توان با استفاده از مدل تکاملی، رسم درخت بایزین و بیشترین درست نمایی و ارتباط میان هاپلوتایپ ها با استفاده از منطق پاریمونی انجام داد و سپس تعلق تباری جغرافیایی را تفسیر نمود (کاظمی و همکاران، ۱۴۰۰). می توان با محاسبه تنوع ژنی سیتوکروم b در نمونه ها و همچنین تنوع هاپلوتایپی معنی داری تمایز ژنتیکی را بین جمعیت های گونه های مختلف در محدود های جغرافیایی تشخیص داد و آنها را به عنوان واحد های تکاملی معرفی نمود (کاظمی و همکاران، ۱۴۰۰؛ آمیلز و همکاران، ۲۰۰۴).

کاربرد نرم افزار های بیوانفورماتیکی در آنالیز تنوع ژنی و معرفی هاپلوگروپ

با استفاده از نرم افزار های بیوانفورماتیکی که براساس داده های نوکلئوتیدی و کدون های پروتئینی می باشند می توان پس از فرآیند تکثیر ژنی از روش PCR تنوع ژنتیکی را مورد بررسی و تفسیر قرار داد. با استفاده از این نرم افزار ها می

توان جایگاه های پلی مورفیک را در توالی نمونه ها شناسایی و سپس بر اساس آنها هاپلوگروپ معرفی نمود که در نهایت تنوع ژنتیکی برای مطالعات حفاظتی بررسی خواهد شد (افشاریان و همکاران، ۱۳۹۷).

آنالیز آماری ND5 با روش واریانس مولکولی AMOVA

تحلیل های آماری ژنتیکی ND5 به صورت میانگین تفاوت نوکلئوتیدی در زیر کلاد ها استفاده شده و سنجش اختلاف ژنتیکی در بین زیر کلاد ها به صورت تحلیل آنالیز واریانس مولکولی AMOVA در محیط نرم افزاری انجام خواهد شد (موسوی و همکاران، ۱۳۹۹؛ لیبردادو و روزاس، ۲۰۰۹). نتایج تحلیل آماری AMOVA دارای درجه آزادی، مجموع مربعات و درصد تغییر منابع تغییر در سطوح زیر کلادها، درون زیر کلادها و در نهایت کل جمعیت می باشد که خود نیز دارای آزمون معنی داری و P-value می باشد. موسوی و همکاران (۱۳۹۹) در مطالعه روابط فیلوژنتیکی گربه وحشی در ایران، برای سنجش معنی داری اختلاف بین زیر کلاد ها می توان از آماره Fst استفاده کردند.

نقش اندازه بازه توالی در بررسی تفاوت ژنتیکی

اندازه بازه توالی مورد مطالعه از حیث داشتن تعداد ژن های مختلف دارای اهمیت است. احتمال وجود تنوع ژنتیکی در بازه توالی های کوتاه کاهش یافته و هرچه طول توالی بلندتر و تعداد ژن های آن بیشتر باشد، بررسی توالی برای سنجش تنوع ژنتیکی گونه ها دقیق تر و بهتر خواهد بود (حیدری و همکاران، ۱۳۹۷).

طراحی کریدور های زیستگاهی برای برقراری جریان ژنتیکی و مدل های حداقل هزینه

ایجاد کریدور های ارتباطی بین زیستگاه ها با مطالعات دقیق علمی می تواند ارتباط ژنتیکی بالقوه بین جمعیت های گونه های مختلف برقرار کند (شبابی و همکاران، ۱۳۹۶). قطعه قطعه شدن زیستگاه ها یکی از مهمترین دلایل آشفستگی های زیستگاهی به شمار می رود که می تواند ارتباطات ژنتیکی بین لکه های زیستگاهی را مسدود و یا به شدت کاهش دهد. طراحی کریدور های زیستگاهی با مدل سازی بر اساس داده های حضور و در نظر گرفتن معیار های زیستی می تواند عامل بسیار موثری در برقراری این نوع از ارتباطات حیاتی باشد (شبابی و همکاران، ۱۳۹۶). مدل های حداقل هزینه از رایج ترین شیوه های طراحی کریدور ها به شمار می روند که از آنها برای گونه های کانونی استفاده می کنند (ولیزادگان و رضانی، ۱۳۹۲). در این نوع از مدل ها با آنالیز مسیر با حداقل هزینه احتمال جابجایی جمعیت ها را در زمینه سیمای سرزمین مورد ارزیابی قرار می دهند تا از انزوای جمعیت ها جلوگیری شود.

بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه های جانوری ایران

رده پستانداران

۱. تنوع ژنتیکی گونه پلنگ ایرانی (*Panthera pardus saxicolor*)

کشور ایران از مهمترین زیستگاه های پلنگ ایرانی در غرب آسیا به شمار می رود. پلنگ ایرانی در سرتاسر کشور انتشار داشته است و عوامل مختلفی لکه های زیستگاهی گونه را تهدید می کنند. فرهادی نیا و همکاران (۱۳۹۷) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه پلنگ ایرانی با استفاده از ژنوم NADH5 به این نتیجه دست یافتند که این گونه در مقایسه با سایر گوشتخواران بزرگ جثه ایران تنوع ژنتیکی پایین تری داشته و باید گونه در اولویت حفاظتی قرار داشته باشد.

۲. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه یوزپلنگ (*Acinonyx jubatus*) در ایران

جمعیت یوزپلنگ آسیایی در کشور به شدت کاهش داشته است و از این رو بررسی تنوع ژنتیکی و تبار زایی آن از اولویت های حفاظتی در کشور تلقی می شود. در مطالعه بهزادی و همکاران (۱۳۹۵) به این نتیجه دست یافتند که وجود تبار های این گونه حاصل میلیون ها سال تکامل بوده و تنوع ژنتیکی باقی مانده این گونه در کشور فقط باید در اولویت حفاظتی بالا قرار گیرد. زیر گونه آسیایی حدود ۳۲ تا ۹۷ هزار سال قبل از زیر گونه آفریقایی تمایز یافته است.

۳. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه کاراکال (*Caracal caracal*) در ایران

در مطالعه بهزادی و همکاران (۱۳۹۵) بر روی بررسی تنوع ژنتیکی گربه سانان ایران با استفاده از توالی سیتوکروم b و NADH5 به این نتیجه رسیدند که تنوع ژنتیکی گونه کاراکال پایین بوده و تنها یک هاپلوتایپ در بررسی تبار شناسی نمونه ها یافت شد.

۴. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه سیاه گوش (*Lynx lunx*) در ایران

جمعیت گونه سیاه گوش در کشور در سال های اخیر بر خلاف پراکنش آن از غرب تا شرق کشور به دلیل کاهش طعمه و تخریب زیستگاه کاهش داشته است. در مطالعه بهزادی و ملکیان (۱۳۹۳) بر روی بررسی تنوع ژنتیکی گونه سیاه گوش در ایران با استفاده از مطالعه روابط فیلوژنتیکی و ناحیه کنترلی میتوکندریایی به این نتیجه دست یافتند که تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتایپی این گونه پایین بوده و باید اقدامات موثری برای حفاظت و مدیریت جمعیت های گونه انجام شود.

۵. تنوع ژنتیکی گونه کل و بز (*Capra aegagrus*) در ایران

در سال های اخیر جمعیت گونه کل و بز در کشور کاهش داشته و در طبقه حفاظتی آسیب پذیر قرار گرفته است. حسینی حیدری و همکاران (۱۳۹۷) با استفاده از توالی ژنوم میتوکندریایی و ترسیم درخت فیلوژنتیکی هاپلوتایپ های گونه کل و بز را در استان مازندران مورد مطالعه قرار دادند و نتایج نشان داد که در مناطق مختلف کشور تفاوت معنی داری در کلادهای هاپلوگروپ ها وجود داشته است و تفاوت ژنتیکی بالایی بین کلادهای گونه کل و بز در کشور وجود دارد.

۶. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه آهو گواتر دار ایرانی (*Gazella subgutturosa*) در دو منطقه استان

بوشهر

جمعیت آهوسانان در کشور دارای نرخ بالای کاهش بوده است و ارزیابی تنوع ژنتیکی این گونه ها برای حفاظت ضروری می باشد. یوسفی سیاه کلرودی (۱۳۹۰) در مطالعه ای بر روی تنوع ژنتیکی آهوی گواتر دار ایرانی با استفاده از تکثیر ژن و تعیین ژنوتیپ به این نتیجه دست یافت که فاصله ژنتیکی بین دو جمعیت منطقه حفاظت شده مند بوشهر و دیمه رامهرمز برابر ۰,۷۵۲ برآورد گردید که دو جمعیت در تعادل هاردی واینبرگ بودند.

۷. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه جبیر (*Gazella bennetti*) در سایت بهرام گور استان فارس

آهوسانان در ایران در معرض خطر قرار داشته و جمعیت آنها با نرخ بالایی در حال کاهش است و حفاظت از آنها یک اولویت مهم به شمار می رود. محمدی گرجی و همکاران (۱۳۹۴) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی آهو و جبیر در استان فارس با استفاده از بررسی ژن سیتوکروم b و تحلیل درخت فیلوژنتیکی به این نتیجه رسیدند که نمونه های جبیر بهرام گور دارای هاپلوتایپ مشترک بوده و نمونه های هرمود لار هاپلوتایپ جداگانه ای را تشکیل دادند.

۸. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه گراز وحشی (*Sus scrofa*) در ایران

اشرف زاده (۱۳۹۷)، در مطالعه تنوع هاپلوتایپی و تنوع نوکلئوتیدی گراز های وحشی در ایران بر اساس تحلیل AMOVA اختلاف ژنتیکی بین کلادها را بر اساس تحلیل AMOVA و نمایه FST با استفاده از ۲۰ هاپلوتایپ در ۱۰۴ توالی از جمعیت ها در ایران اختلاف ژنتیکی بین کلادها را ۸۴,۸۲ درصد بیش از اختلاف ژنتیکی داخل کلادها را محاسبه کرد و گسترش جمعیت شناختی ناگهانی در کلادهای گراز وحشی ایران تایید نشد. حضور هم جای کلادها در مناطق مختلف کشور از مهم ترین دلایل هدف این پژوهش بود.

۹. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه قوچ و میش لارستان (*Ovis orientalis laristanica*) و مقایسه آن با سایر قوچ و میش های کشور

نتایج پژوهش کفایی و رضایی (۱۳۹۱) بر روی تنوع ژنتیکی قوچ و میش لارستان و قیاس آنها با سایر قوچ های کشور نشان داد که بر اساس پلی مورفیسم هاپلوتایپ اورپال با نمونه های پارک گلستان و هاپلوتایپ شهرکرد و همچنین هاپلوتایپ مراکان استان آذربایجان شباهت ژنتیکی داشته و جریان ژنی از شمال تا جنوب ایران مشهود بود. همچنین هاپلوتایپ های پارک گلستان و شهرکرد بر خلاف اورپال دارای گستردگی وسیع در ایران نبود. مهاجرت و تشابه ژنتیکی از عمده ترین هدف های این پژوهش بود.

۱۰. بررسی وضعیت تنوع ژنتیکی گونه کفتار راه راه ایرانی (*Hyaena hyaena Linnaeus*) در ایران

اطلاعات در خصوص کفتار راه راه ایرانی قدری محدود می باشد و برای برنامه های حفاظتی گونه نیازمند بررسی های ژنتیکی می باشد. در پژوهش حیدری و همکاران (۱۳۹۷) تنوع ژنتیکی کفتار راه راه ایرانی را با استفاده از ژن میتوکندریایی ND2A، مدل های تکاملی و در نهایت فاصله ژنتیکی مورد بررسی قرار دادند و نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی این گونه کاهش داشته است و در عین حال حساسیت گونه نسبت به استرس های محیطی کم بوده است.

۱۱. تنوع ژنتیکی گونه خرس قهوه ای (*Ursus arctos*) در ایران

در پژوهش اشرف زاده و همکاران (۱۳۹۶) بر روی تنوع ژنتیکی خرس قهوه ای در ایران با استفاده از بررسی ناحیه میتوکندریایی و تنوع سنجی هاپلوتایپ ها بوسیله تحلیل AMOVA به این نتیجه دست یافتند که ساختار ژنتیکی معنی داری بین زیر کلاد های خرس قهوه ای در ایران مشهود است و تفسیر آنها بیانگر تنوع هاپلوتایپی به نسبت زیاد در جمعیت این گونه در کشور می باشد. تهدید جمعیت خرس قهوه ای در منطقه خاورمیانه از عمده ترین دلایل این پژوهش عنوان گردیده بود.

۱۲. تنوع ژنتیکی گونه گوزن مرال ایران (*Cervus elaphus*)

در طی چند دهه اخیر به دلایلی نظیر از بین رفتن پوشش گیاهی و شکار غیر قانونی جمعیت مرال های کشور به شدت کاهش یافته است. مسعودی و همکاران (۱۳۹۵) در پژوهشی بر روی بررسی ساختار و تنوع ژنتیکی مرال شمال کشور با استفاده از بررسی ژنوم میتوکندریایی و آنالیز آماری Fst به این نتیجه دست یافتند که میزان شباهت ژنتیکی در داخل جمعیت ها بیش از ۹۰ درصد بوده است و ۱۰ درصد از تنوع ژنتیکی در بین جمعیت ها برآورد گردید.

۱۳. تنوع ژنتیکی گونه گوزن زرد ایرانی (*Dama dama mesopotamica*)

قطعه قطعه شدن زیستگاه و شیوع بیماری از عوامل مهم تهدید گونه گوزن زرد ایرانی به شمار می رود. حقی و همکاران (۱۳۹۱) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه گوزن زرد ایرانی با استفاده از توالی یابی و بررسی ناحیه D-loop میتوکندریایی به این نتیجه دست یافتند که جمعیت گوزن زرد ایرانی فاقد تنوع ژنتیکی بوده است و کاهش افراد جمعیت سبب از بین رفتن صفات مطلوب در جمعیت ها خواهد شد.

۱۴. تنوع ژنتیکی گونه روباه معمولی (*Vulpes vulpes*) در مرکز ایران

برنامه ریزی برای حفاظت از جمعیت های گونه هایی که با پدیده گردن بطری مواجه شدند امری ضروری به شمار می رود. ایمانی هرسینی و همکاران (۱۳۹۵) در پژوهشی بر روی ساختار ژنتیکی روباه معمولی در مرکز ایران با استفاده از ژنوم میتوکندریایی و توالی یابی به این نتیجه رسیدند که تفاوت درون جمعیتی با بررسی واریانس بیشتر از تفاوت بین جمعیتی در نمونه ها بوده و جمعیت روباه معمولی در مرکز کشور با مشکل گردن بطری مواجه گردیده است.

۱۵. تنوع ژنتیکی گونه گرگ (*Canis lupus*) در ایران

سنجش تنوع ژنتیکی مجزا بین جمعیت گرگ های ایرانی و سگ های اهلی یکی از اولویت های حفاظتی حیات وحش ایران به شمار می رود. تنوع زیستگاهی و نرخ مهاجرت گونه گرگ در کشور می تواند از دلایل تنوع ژنتیکی بالای این گونه در کشور تلقی شود. مطالعه خسروی و همکاران (۱۳۹۲) بر روی تنوع ژنتیکی گونه گرگ ایرانی و سگ های اهلی با استفاده از بررسی فیلوژنتیکی و شاخص فاصله ژنتیکی به این نتیجه رسیدند که جمعیت های گرگ ایرانی در سطح قابل قبولی قرار داشته و با وجود ارتباط با سگ های اهلی و بلاصاحب همچنان ساختار ژنتیکی مجزایی مشهود بود.

۱۶. بررسی وضعیت فیلوژنتیکی گونه رودک عسلخوار (*Mellivora capensis*) در ایران

جمعیت رودک عسل خوار در کشور به دلیل کاهش طعمه و تخریب زیستگاه کاهش یافته است. در مطالعه شریفی و همکاران (۱۳۹۸) بر روی تنوع ژنتیکی گونه رودک عسل خوار با استفاده از بررسی سیتوکروم b به این نتیجه دست یافتند که اختلاف معنی داری بین نمونه های رودک عسل خوار ایران و شاخه خواری آفریقایی اش وجود داشته و دو هاپلوتایپ در این پژوهش شناسایی شد.

۱۷. تنوع ژنتیکی گونه سنجاب زمینی زرد (*Spermophilus fulvus*) در ایران

سنجاب زرد ایرانی از گونه های ارزشمند حیات وحش کشور به شمار می رود که بررسی تنوع ژنتیکی این گونه برای حفاظت امری ضروری تلقی می شود. اصغر زاده و همکاران (۱۳۹۹) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی سنجاب زمینی زرد در کشور با استفاده از توالی سیتوکروم b، بررسی توزیع جغرافیایی و همچنین تجزیه واریانس مولکولی گونه به این نتیجه دست یافتند که تنوع هاپلوتایپی و ژنتیکی بالایی در بین جمعیت های گونه مشاهده گردید.

۱۸. بررسی ساختار ژنتیکی گونه سنجاب بلوچی (*Funambulus pennantii*) در ایران

گونه سنجاب بلوچی که از جوندگان ایران است، جثه ای کوچک تر از سنجاب ایرانی دارد. یوسفی و همکاران (۱۳۸۹) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه سنجاب بلوچی در کشور با استفاده از نشانگر های ریز ماهواره ای به این نتیجه دست یافتند که بیشترین تعداد ال برابر ۳ و کمترین تعداد برابر ۲ بوده و بیشترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده برابر ۰,۲۵۰ دیده شد.

۱۹. بررسی ساختار ژنتیکی پایکای افغانی (*Ochotona rufecens*) در خراسان شمالی

خلیلی پور و همکاران (۱۳۹۳) در پژوهشی بر روی بررسی ساختار ژنتیکی پایکای افغانی در چهار منطقه حفاظت شده خراسان شمالی با استفاده از توالی D-loop و میتوکندریایی، تنوع هاپلوتایپی بر اساس آماره F و فاصله جغرافیایی (IBD) به این نتیجه رسیدند که ۱۰ هاپلوتایپ از این گونه وجود داشته و جمعیت در گذشته گسترش ناگهانی نداشته است.

رده پرندهگان

۱. تنوع ژنتیکی اردک سیاه کاکل (*Aythya fuligula*) در خلیج گرگان

بررسی فاصله ژنتیکی و جریان ژنتیکی بین جمعیت ها در برنامه ریزی و انجام اقدامات در راستای حفاظت از گونه های حیات وحش موثر می باشد. اردک سیاه کاکل در سطح جهانی از گونه های فراوان و با پراکندگی بالا می باشد. شعاعی و همکاران (۱۳۹۶) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی اردک سیاه کاکل در منطقه خلیج گرگان با استفاده از تجزیه و تحلیل هاپلوتایپی و ژن سیتوکروم b به این نتیجه دست یافتند که جریان ژنتیکی بین جمعیت های این گونه در خلیج گرگان با

جمعیت های آسیایی و اروپایی آن برقرار بوده است و البته با این مطالعه احتمال مهاجرت این پرنده از دو منطقه شرق آسیا و اروپا به ایران وجود دارد.

۲. تنوع ژنتیکی مرغ جیرفتی (*Francolinus pondicerianus*) در جنوب ایران

مرغ جیرفتی بومی مناطق جنوب شرقی ایران جیرفت می باشد. گیائی و همکاران (۱۳۹۵) برای نخستین بار در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی درون جمعیتی و بین جمعیتی مرغ جیرفتی بر اساس بررسی توالی ژن D-loop میتوکندریایی نمونه هایی از مناطق مختلف استان های هرمزگان و کرمان به این نتیجه دست یافتند که این گونه در مناطق مطالعاتی دارای ۶ هاپلوتایپ مستقل در دو جمعیت بوده و تبادل ژنی بالایی حتی با وجود موانع جغرافیایی در گذشته و حال وجود داشته است.

۳. تنوع ژنتیکی سیاه خروس قفقازی (*Tetrao mlokosiewiczzi*) در منطقه ارسباران ایران

سیاه خروس قفقازی از گونه های بومی کانون تنوع زیستی قفقاز به شمار می رود که پراکنش آن در ایران فقط محدود به ارسباران می باشد. مستاجران و همکاران (۱۳۹۵) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه سیاه خروس قفقازی در ایران با استفاده از بررسی تنوع هاپلوتایپی و درخت فیلوژنتیکی گونه به این نتیجه رسیدند که این گونه در ایران دارای ۳ هاپلوتایپ و همچنین ۳ هاپلوتایپ دیگر هم در قفقاز از ساختار ژنتیکی خوبی بر اساس تمایز هاپلوتایپ ها برخوردار می باشد.

رده خزندگان

۱. تنوع ژنتیکی گونه کروکودیل پوزه کوتاه ایرانی (*Crocodylus palustris*) در شهرستان چابهار

کروکودیل پوزه کوتاه ایرانی بومی کشور های ایران و پاکستان می باشد. بررسی تنوع ژنتیکی گونه کروکودیل پوزه کوتاه ایرانی نقش مهمی در برنامه ریزی های حفاظتی این گونه خزنده با ارزش کشور دارد. افشاریان و همکاران (۱۳۹۷) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی کروکودیل پوزه کوتاه ایرانی در چابهار با روش استفاده از توالی یابی D-loop و CYT B به این نتیجه رسیدند که تمامی نمونه های مطالعاتی دارای توالی نوکلوتیدی یکسان بوده و تنوع ژنتیکی در بین نمونه ها یافت نشد. با توجه به عدم تنوع ژنتیکی این گونه باید در اولویت بسیار بالای حفاظتی قرار داشته باشد.

۲. تنوع ژنتیکی گونه کفچه مار (*Naja oxiana*) در ایران

کفچه مار ایران در غربی ترین نقطه پراکندگی مار کبرا آسیایی قرار دارد و در ایران هم در سیستان بلوچستان، خراسان جنوبی، خراسان رضوی، خراسان شمالی تا سمنان و استان های شمالی کشور پراکنش دارد. شورایی و همکاران (۱۳۹۳) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه کفچه مار در ایران با استفاده از ژنوم میتوکندریایی به این نتیجه رسیدند که تنوع ژنتیکی پایین در کفچه مار های ایران مشهود است و تفاوت های ریختی در بین برخی جمعیت ها به دلیل سازگاری با زیستگاه های مختلف عنوان گردید.

۳. تنوع ژنتیکی گونه مار کبرای خزری (*Naja oxiana*) در ایران

از گسترش جمعیت های مختلف گونه مار کبرای خزری در شرق و شمال کشور مدت زمان زیادی نمی گذرد و بررسی روابط تکاملی و تغییرات ژنتیکی این گونه در حفاظت از آن موثر می باشد. شورایی و همکاران (۱۳۹۶) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه مار کبرای خزری با استفاده از نشانگر میتوکندریایی D-loop به این نتیجه دست یافتند که تغییرات ژنتیکی بین جمعیت های کبرای خزری در شمال و شمال شرقی کشور بسیار اندک بوده اما در عین حال با جمعیت چینی آن تغییر ژنتیکی با سنجش معنی داری ($P < 0.01$) نشان داد.

۴. تنوع ژنتیکی گونه افعی زنجانی (*Montivipera albicornuta*)

افعی زنجانی از گونه های با ارزش بومی کشور به شمار می رود و پراکنش آن محدود به استان های گیلان، زنجان، آذربایجان شرقی و قزوین می باشد. به دلیل بومی بودن این گونه برای حفاظت از آن انجام پژوهش های مولکولی حائز اهمیت می باشد. فخارمنش و همکاران (۱۳۹۳) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی و بررسی روابط خویشاوندی گونه افعی زنجانی در ایران با استفاده از توالی یابی ژن DNA میتوکندریایی به این نتیجه دست یافتند که جمعیت های مختلف این گونه در ایران از نظر ژن CO1 کاملاً همگن و یک نواخت هستند و تقریباً بین آنها تفاوت ژنتیکی مشاهده نگردید و میانگین تفاوت در بین گروه ها ناچیز و ۰/۰۰۵ محاسبه گردید.

۵. تنوع ژنتیکی گونه لاک پشت برکه ای خزری (*Mauremys caspica*) در چهار محال و بختیاری

حدود ۴۰ درصد از لاک پشت ها در فهرست سرخ IUCN به عنوان گونه های در معرض تهدید معرفی شده اند. گونه لاک پشت برکه ای خزری از گونه های در معرض تهدید در کشور می باشد که تخریب زیستگاه و انتشار آلودگی در زیستگاه این گونه از عمده ترین عوامل آن می باشد. جزایری و همکاران (۱۳۹۸) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی لاک پشت برکه ای خزری در چهار محال و بختیاری با استفاده از بررسی توالی ژن سیتوکروم b به این نتیجه دست یافتند که اختلاف ژنتیکی بین دو کلاد شرقی و غربی بیشتر از اختلاف ژنتیکی داخل کلاد ها بوده و لاک پشت برکه ای خزری در استان چهار محال بختیاری متعلق به یک واحد حفاظتی می باشند.

رده ماهیان

۱. تنوع ژنتیکی گونه ماهی کور غار ایرانی (*Iranocypris typhlops*) در لرستان

ماهی کور غار ایرانی از گونه های منحصر به فرد کشور می باشد که تنها در غاری در استان لرستان پراکنش دارد. بنابراین حفاظت از آن به عنوان ذخیره ژنتیکی ارزشمند کشور بسیار دارای اهمیت می باشد. یوسفی سیاه کلرودی و همکاران (۱۳۹۳) در مطالعه ای بر روی تنوع ژنتیکی گونه ماهی کور غار ایرانی با استفاده از بررسی ناحیه ژنی Rrna 12S میتوکندری و الگوی توالی یابی ژنی به این نتیجه دست یافتند که گونه ماهی کور غار ایرانی دارای یک هاپلوتایپ بوده و نمونه ها با یکدیگر دارای تشابه ژنتیکی بودند.

۲. تنوع ژنتیکی گونه ماهی کپور معمولی (*Cyprinus carpio*) در استان های شمالی ایران

نوع وحشی ماهی کپور معمولی در فهرست قرمز IUCN قرار داشته و در معرض انقراض می باشد و هیبریداسیون دستکاری بر روی گونه جمعیت وحشی آن را مورد تهدید قرار داده است (بانک اطلاعات ماهیان ایران). لالویی و همکاران (۱۳۹۳) در پژوهشی بر روی بررسی تنوع ژنتیکی گونه ماهی کپور معمولی در استان های شمالی کشور با استفاده از سنجش هتروزیگوسیتی و تحلیل آزمون AMOVA و محاسبه Fst به این نتیجه دست یافتند که جمعیت واحدی از کپور معمولی وجود نداشته و سه گروه ژنتیکی متفاوت به طور حداقل از کپور معمولی وجود دارد.

۳. تنوع ژنتیکی گونه ماهی راشگو معمولی (*Eleutheronema tetradactylum*) در آبهای جنوب کشور

ماهی راشگو پس از حلوا سفید از مرغوب ترین ماهیان جنوب کشور به شمار می رود و دارای بافتی لطیف با چربی کم می باشد. این ماهی دارای ارزش اقتصادی بالایی می باشد و وضعیت آن در IUCN نامشخص می باشد (بانک اطلاعات ماهیان ایران). بنابراین مطالعه تنوع ژنتیکی گونه می تواند در برنامه ریزی های شیلات کشور موثر باشد. خالدی و همکاران (۱۳۹۱) در پژوهشی بر روی تنوع ژنتیکی گونه ماهی راشگو معمولی با استفاده از بررسی های هاپلوتایپی و نوکلئوتیدی و همچنین توالی یابی rRNA 25S به این نتیجه دست یافتند که بیشترین مقدار تنوع هاپلوتایپی بین جمیت های خوزستان و بندرعباس و کمترین تنوع بین بوشهر و چابهار مشاهده گردید.

بحث و نتیجه گیری:

کاهش اندازه جمعیت به واسطه تخریب و قطعه قطعه کردن زیستگاه، بهره برداری بی رویه و شکار غیر قانونی سبب تغییرات تصادفی ژنتیکی شده و یا بر جریان ژنتیکی بین جمعیت ها اثراتی نظیر منزوی شدن خواهد گذاشت. تنوع ژنتیکی در یک جامعه بیولوژیکی از مهمترین خصوصیات آن بوده و حفاظت از تنوع زیستی در سطح ژن بسیار حائز اهمیت می باشد. مطالعه تنوع ژنتیکی برای بررسی اثر انتخاب طبیعی، شارش ژنی، جهش، رانش ژنتیکی و پویایی های دموگرافیک جمعیت ها ضروری بوده و می توان با استفاده از این تحلیل ها از کاهش شدید جمعیت و انقراض گونه ها جلوگیری کرد. بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی و روابط تکاملی می تواند در اتخاذ تصمیم گیری های حفاظتی گونه ها نقش بسیار مهمی ایفا کند. تحلیل روابط تبارشناسی، با استفاده از بهترین مدل تکاملی و رسم درخت بایزین با حداکثر درست نمایی انجام خواهد شد و در نهایت می توان بر اساس منطق پارسیمونی روابط بین هاپلوتایپ ها را مورد بررسی دقیق قرار داد. پس از تحلیل روابط هاپلوتایپ و تعداد هاپلوتایپ های شناسایی شده در نمونه ها می توان سیستم های حفاظتی را برای جمعیت ها در نظر گرفت. بررسی ساختار و تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگر های مولکولی و همچنین روش زیست صدا سنجی برای شناسایی گونه ها می تواند نسبت به روش های مورفومتری و ریخت شناسی برتری داشته باشد. با استفاده از مروری مطالعات انجام شده بر روی تنوع و ساختار ژنتیکی گونه های حیات وحش جانوری ایران مشخص شد که تاکنون در رده ماهیان تنوع سنجی ها غالباً بر روی گونه های با ارزش تجاری انجام شده است و همچنین تحقیقات ژنتیکی بر روی گونه های پستاندار کشور اطلاعات مفیدی را برای حفاظت از آنان در اختیار کارشناسان قرار می دهد. بررسی تنوع ژنتیکی رده

خزندگان نسبت به پستانداران و پرندگان کمتر مورد توجه قرار گرفته است. به طور کلی مطالعه ساختار و تنوع ژنتیکی گونه های حیات وحش کشور در حفاظت از آنها نقشی بسیار پر اهمیت ایفا کرده و می توان با توجه به میزان تنوع و تعداد هاپلوتایپ های شناسایی شده آنها را در سطوح مختلف اولویت حفاظتی قرار داد.

منابع و مآخذ:

افشاریان، ا و نصری، م، ر و ابراهیمی، ا و جوادمنش، ع. ۱۳۹۷. بررسی تنوع ژنتیکی گاندو کروکودیل پوزه کوتاه ایرانی با استفاده از توالی یابی D-loop و CYTb میتوکندری. فصلنامه بیوتکنولوژی کشاورزی. دوره ۹. شماره ۴.

اشرف زاده، م، ر و کابلی، م و ادیبی، م، ع و یوسفی، ا و امیری، م و مسعود، م، ر. ۱۳۹۶. جایگاه تبارشناختی و تنوع ژنتیکی خرس های قهوه ای ایران (*Ursus arctos*) بر اساس ناحیه کنترل میتوکندری. نشریه محط زیست جانوری. دوره ۹. شماره ۳.

اشرف زاده، م، ر. ۱۳۹۷. بررسی تنوع ژنتیکی گراز های وحشی ایران بر اساس توالی های ناحیه کنترل میتوکندری. تاکسونومی و بیوسیستماتیک. دوره ۱۰. شماره ۳۵.

بهبزادی، ف، ملکیان، م و فداکار، د و ادیبی، م، ع. ۱۳۹۵. مروری بر تنوع ژنتیکی گربه سانان ایران و لزوم حفاظت آنها. دومین کنفرانس بین المللی اکولوژی سیمای سرزمین.

خلیلی پور، ا و علیزاده شبانی، ا و رضایی، ح، ر و کابلی، م و اشرفی، س. ۱۳۹۳. مطالعه ساختار ژنتیکی پایکای افغانی (*Ochotona rufescens*) با استفاده از توالی ناحیه D-LOOP ژنوم میتوکندریایی در خراسان شمالی. تاکسونومی و بیوسیستماتیک ایران. دوره ۶. شماره ۲۰.

شعاعی، ا و رضایی، ح، ر و ایمانی هرسینی، ج. ۱۳۹۶. ساختار و تنوع ژنتیکی اردک سیاه کاکل (*Aythya fuligula* Linnaeus, 1758) با استفاده از ژن میتوکندریایی سیتوکروم ب در منطقه خلیج گرگان. فصلنامه محیط زیست جانوری. دوره ۹. شماره ۱.

مستاجران، م و ملکیان، م و فاخران اصفهانی، س و همای، م، ر و دارفشان، س. ۱۳۹۵. مقایسه تنوع ژنتیکی سیاه خروس قفقازی (*Tetrao mlkosiewiczzi*) در ایران و گرجستان. دانشگاه صنعتی اصفهان، دانشکده منابع طبیعی

غیاثی، ن و رضایی، ح، ر و کابلی، م. ۱۳۹۵. تنوع ژنتیکی درون جمعیتی و بین جمعیتی مرغ جیرفتی در جنوب کشور بر اساس توالی ژن D-loop میتوکندریایی. فصلنامه محیط زیست جانوری. سال هشتم. شماره ۴.

فرهادی نیا، م، ص و اشرفی، س و فرهمند، ح و اشرف زاده، م، ر و کابلی، م. ۱۳۹۷. تنوع ژنتیکی پایین پلنگ ایرانی (*Panthera pardus saxicolor*) بر اساس ژنوم NADH5 میتوکندری. محیط زیست طبیعی ایران. دوره ۷۱. شماره ۱.

یوسفی سیاهکلرودی، س. ۱۳۹۰. بررسی تنوع ژنتیکی آهوی گواتردار ایرانی (*Gazella subgutturosa*) مناطق حفاظت شده مند بوشهر و دیمه رامهرمز با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره. محیط زیست جانوری. دوره ۳. شماره ۴.

یوسفی سیاهکلرودی، س و خدرزاده، ص و عیدی، م و ایزدیان، م. ۱۳۸۹. بررسی ساختار ژنتیکی سنجاب بلوچی (*Funambulus pennantii*) با استفاده از آنالیز ریزماهوره. نشریه محیط زیست جانوری. دوره ۲. شماره ۳.

فخارمنش، ز و رستگار پویانی، ا و قلمی کمی، ح. ۱۳۹۳. بررسی تنوع ژنتیکی در میان جمعیت های مختلف افعی زنجانی (*Montivipera albicornuta*) در حوزه پراکنش آن با استفاده از توالی یابی ژن DNA میتوکندری. زیست شناسی جانوری. دوره ۷. شماره ۱.

جزایری، ب و اشرف زاده، م، ر و رحیمی، ر و هاشم زاده، ا. ۱۳۹۸. تبارشناسی و تنوع ژنتیکی لاک پشت برکه ای خزری (*Mauremys caspica* Gmelin, 1774) در استان چهارمحال و بختیاری. محیط زیست طبیعی. دوره ۷۲. شماره ۴.

خالدی، ه و رضوانی گیل کلایی، س و ذوالقرنین، ح، سواری، ا و صفاهیه، ع. ۱۳۹۱. مطالعه تنوع ژنتیکی جمعیت ماهی راشگو معمولی (*Eleutheronema tetradactylum*) در خلیج فارس و دریای عمان به روش توالی یابی ژن S ۲۸ rRNA. نشریه دامپزشکی ایران. دوره ۸. شماره ۱.

شریفی، ح و ملکیان، م و ادیبی، م، ع. بررسی وضعیت فیلوژنتیکی رودک عسل خوار در ایران. چهارمین همایش بین المللی پژوهش های کاربردی در علوم کشاورزی، منابع طبیعی و محیط زیست.

پیروی لطیف، ش و حجازی، ر و اشرفی، س و جوزی، س، ع. ۱۴۰۰. بررسی تنوع و فراوانی جامعه خفاش ها با استفاده از روش زیست صوت شناسی در اکوسیستم کوهستانی- جنگلی محدوده شهرستان رودبار گیلان. فصلنامه محیط زیست جانوری. دوره ۱۳. شماره ۱.

خسروی، ر و کابلی، م، ر و رضایی، ح، ر و منتظمی، ش. ۱۳۹۲. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت های گرگ ایرانی و سگ های اهلی و ولگرد با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره. نشریه ژنتیک نوین. دوره ۸. شماره ۳.

محمدی گرچی، ف و رضایی، ح، ر و قوامی، ش. ۱۳۹۴. تنوع ژنتیکی جمعیت های آهو و جبیر در استان فارس براساس ژن سیتوکروم b. فصلنامه محیط زیست جانوری. سال دوم. شماره ۲.

حقی، ح و ملکیان، م و منتظمی، ش و خدرزاده، ص. ۱۳۹۱. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت های گوزن زرد ایران با استفاده از توالی یابی ناحیه کنترلی D-loop. دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران.

مسعودی، ع، ا و واعظ ترشیزی، ر و رضایی، ح، ر و تولایی، م و فرهوش، ط. ۱۳۹۵. مطالعه ساختار ژنتیکی جمعیت های گوزن مرال شمال ایران (*Cervus elaphus maral*) و تعیین الگوی مناسب تلاقی جمعیت های موجود. پایان نامه دانشگاه تربیت مدرس.

موسوی، س.م و رضایی، ح.ر و نادری، س. ۱۳۹۹. روابط فیلوژنتیکی گربه وحشی در ایران با استفاده از ژن میتوکندریایی NADH5 و امکان سنجی شناسایی گربه وحشی آسیایی به وسیله این نشانگر. فصلنامه محیط زیست جانوری. سال دوازدهم. شماره ۲.

یوسفی سیاه کلرودی، س و خدرزاده، ص و علمی، ا.م. ۱۳۹۳. بررسی تنوع نوکلئوتیدی ماهی کور غار ایرانی (*Iranocypris Typhlops*) با استفاده از توالی یابی ژن rRNA 12S. فصلنامه محیط زیست جانوری. دوره ۶. شماره ۱.

شورابی، م و کابلی، م. ۱۳۹۳. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت های کفچه مار، *Naja oxiana nilson&andren* ۱۹۸۵ در ایران با استفاده از نشانگر mtDNA. مهندسی منابع طبیعی و محیط زیست دانشگاه تهران.

پایان نامه کارشناسی ارشد.

رهنورد، ا و نظری، ز. ۱۴۰۰. اهمیت مطالعه ژنتیک در حفاظت از گونه ها. سیزدهمین کنفرانس ملی شهرسازی، معماری، عمران و محیط زیست.

حیدری، ل و کیودوند پور، ش و غفاری، ه و ادیبی، م، ع و قادری، ا. ۱۳۹۷. بررسی تنوع ژنتیکی گونه کفتار راه راه ایرانی با استفاده از ژن میتوکندریایی ND2 در ایران. تاکسونومی و بیوسیستماتیک. دوره ۱۰. شماره ۳۶.

کاظمی، ا و کابلی، م و خراسانی، ن. ۱۴۰۰. بررسی ساختار و تنوع ژنتیکی کبرای خزری در ایران با استفاده از نشانگر میتوکندریایی سیتوکروم b. فصلنامه محیط زیست جانوری. دوره ۱۳. شماره ۱.

قلیچ پور، ع و طاهری میرقاند، ع. ۱۳۹۶. کاربرد نشانگر های ریز ماهواره ای و ژنوم میتوکندریایی در بررسی های ژنتیک جمعیت ماهیان. مجله بهره برداری و پرورش آبزیان. دوره ۶. شماره ۴.

شبابی، ا و حبیب زاده، ن و حسینی قمی، م.ح. ۱۳۹۶. تعیین اولویت کریدور های حیات وحش بین مناطق حفاظت شده استان آذربایجان شرقی. نشریه جغرافیا و پایداری محیط. دوره ۷. شماره ۳۳.

لالویی، ف و رضوانب گیل کلایی، س و تقوی، م.ج. ۱۳۹۳. بررسی تنوع ژنتیکی ماهی کپور معمولی *Cyprinus carpio* در استانهای شمالی کشور با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره ای. کنگره ژنتیک ایران.

حسینی حیدری، س.م و نادری، س و رجبی مهم، ح و رضایی، ح.ر. ۱۳۹۷. فیلوژنی و تنوع ژنتیکی کل و بز *Capra* *aegagrus* Erxleben, 1777 در استان مازندران بر اساس ژن ناحیه ی D-Loop میتوکندریایی. نشریه محیط زیست طبیعی ایران. دوره ۷۱. شماره ۳.

ولیزادگان، ن و رضانی، م. ۱۳۹۲. کریدور های حیات وحش و نحوه تشخیص بهترین مکان برای ایجاد کریدور ها در مناطق حفاظت شده. اولین همایش ملی برنامه ریزی، حفاظت و حمایت از محیط زیست و توسعه پایدار.

ایمانی هرسینی، ج و نظری زاده، م و رضایی، ح، ر و اسدی، ع و کابلی، م. ۱۴۰۰. DNA بارکدینگ پرنندگان شکاری استان مازندران. فصلنامه محیط زیست جانوری. دوره ۱۳. شماره ۱.

کفایی، س و رضایی، ح.ر. ۱۳۹۱. بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت قوچ و میش لارستان و مقایسه آن ها با سایر قوچ و میش های ایران. کنفرانس زیست شناسی ایران وزارت علوم، تحقیقات و فناوری.

ملکیان، م. ۱۳۹۲. مطالعه پیامد های تغییر اقلیم در سطح ژن. نخستین کنفرانس بین المللی اکولوژی سیمای سرزمین.

Aliabadian, M; Kaboli, M; Nijman, V. and Vences, M; 2009. Molecular Identification of Birds: Performance of Distance-Based DNA Barcoding in Three Genes to Delimit Parapatric Species. Plos One. Vol, 4, pp: 1-8.

Amillset al., 2004. Strong phylogeographic relationships among three goat breeds from the Canary Islands. J. Dairy Res. 71(3):257–262.

Bertolazzi, P.; Felici, G. and Weitschek, E., 2009. Learning to classify species with barcodes. BMC Bioinformatics. Vol. 10, No. 14, pp: S7.

Devillard, S.; Jombart, T.H.; Léger, F.; Pontier, D.; Say, L. and Ruetten, S., 2013. How reliable are morphological and anatomical characters to distinguish European wildcats, domestic cats and their hybrids in France? Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, Vol. 52, pp: 154-162.

Driscoll, C.A.; Menotti-Raymond, M.; Roca, A.L.; Hupe, K.; Johnson, W.E.; Geffen, E.; Harley, E.; Delibes, M.; Pontier, D.; Kitchener, A.C.; Yamaguchi, N.; O'Brien, S.J. and MacDonald, D., 2007. The near eastern origin of cat domestication. Science. Vol. 317, pp: 519-523.

Purvis, A.; Gittleman, J.L. and Brooks, T.H., 2005. Phylogeny and Conservation. Cambridge University Press.

<https://fishbase.ir/species/caspiansea/Cyprinus-carpio.html>

http://fishbase.ir/species/persiangulf_gulf_of_oman/Elleutheronema-tetradactylum.html

Kim, K. H, and J. H. Lee. 2002. Phylogenetic relationships of Asian and European Pig breeds determined by mitochondrial DNA D-LOOP sequence polymorphism. J. Anim. Genet. 33:19-25.

Rubinoff, D., 2006. DNA barcoding evolution into the familiar. Conservation Biology. Vol. 5, pp: 1548-1589.

Tobe, S. S. and Linacre, A. 2007. A method to identify a large number of mammalian species in the UK from trace samples and mixtures without the use of sequencing. Forensic Science International, 1: 625-627.

- Naderiet al., 2008. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals, PNAS. 105: 17659-17664.
- Kerr, K.C.R.; 2010. Exploring the efficacy, utility, and limitations of DNA barcoding within the class Aves. 148 p.
- Kitchener, A.C.; Yamaguchi, N.; Ward, J.M. and Macdonald, D.W., 2005. A diagnosis for the Scottish wildcat (*Felis silvestris*): a tool for conservation action for a critically-endangered felid. *Animal Conservation*. Vol. 8, pp: 223-237.
- Lopez, J.V.; Culver, M.; Stephens, J.C.; Johnson, W.E. and O'Brien, S.J., 1997. Rates of nuclear and cytoplasmic mitochondrial DNA sequence divergence in mammals. *Molecular Biology and Evolution*. Vol. 14, pp: 277-286.
- Hebert, P.D.N.; Cywinska, A.; Ball, S.L. and deWaard, J.R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*. Vol. 270, pp: 313-321.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452.
- Rastogiet al., 2007. Species identification and authentication of tissues of animal origin using mitochondrial and nuclear markers. *Meat Science*, 76: 666-674.
- Colombo et al., 2002. Identification of the goose species (*Anseranser*) inItalian "Mortara" salami by DNA sequencing and a polymerase chain reaction with an original primer pair. *J. MeatSci*. 61:261- 294.
- Ragni, B. and Possenti, M., 1996. Variability of coat-colour and markings system in *Felis silvestris*. *Italian Journal of Zoology*. Vol. 63, pp: 285-292.
- Tamura, K.; Stecher, G.; Peterson, D.; Filipski, A. and Kumar, S., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. Vol. 30, pp: 2725-2729.
- Torstrom, S.M.; Pangle, K.L. and Swanson, B.J., 2014. Shedding subspecies: The influence of genetics on reptile subspecies taxonomy. *Mol. Phylogenet. Evol.* Vol. 76, pp: 134-143.
- Zederet al., 2006. Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *Trends Genet.* 22:139-155.