بررسی تنوع ژنتیکی سارگپه معمولی ایران (*Buteo Buteo*) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

مهدی طرح ساز[1]، ابوالقاسم لواف[1*]، طرلان فرهوش[2]

تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۰۸/۳۰
تاریخ تصویب: ۱۳۹۳/۱۱/۱۲

چکیده

در این مطالعه با بهره گیری از ۶ نشانگر ریز ماهواره‌ای (Bbu03, Bbu11, Bbu16, Bbu35, Bbu42, Bbu46) به بررسی تنوع ژنتیکی در سارگپه معمولی ایران ساکن در پارک طبیعت پردیسان تهران پرداخته شد. هر ۶ جایگاه به خوبی توسط PCR تکثیر شده و در این جمعیت ۱۰۰ درصد چند شکل بودند. پس از تعیین ژنوتیپها، آماره‌های مربوطه با استفاده ازنرم افزار POP GENE آنالیز شدند. در این تحقیق از بین نشانگرهای مورد مطالعه، جایگاه Bbu42 دارای بیشترین تعداد آلل مشاهده‌شده (۲۴آلل) و جایگاه Bbu35 دارای کمترین تعداد آلل (۶ آلل) بودند. بیشترین هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده و هتروزایگوسیتی مورد انتظار نااُریب نی در جایگاه Bbu42 (به‌ترتیب ۰/۹۶۱۵ و ۰/۹۲۴۴) و کمترین مقدار پارامترهای مذکوربه ترتیب در جایگاه‌های Bbu46 و Bbu35 (به ترتیب ۰/۶۱۵۴ و ۰/۷۳۲۴) مشاهده گردید. بیشترین و کمترین مقدار شاخص شانون نیز به‌ترتیب در جایگاه‌های Bbu42 (۲/۸۱۳۹) و Bbu35 (۱/۴۳۵۲) دیده شد. در این جمعیت، کلیه جایگاه‌ها در تعادل هاردی- وینبرگ بودند.

واژه‌های کلیدی: سارگپه، تنوع ژنتیکی، نشانگرهای ریزماهواره، چندشکلی

۱- گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران
۲- گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد شبستر، شبستر، ایران
* نویسنده مسوول : (aynm.lavvaf@yahoo.com)

مقدمه

حیات وحش به‌عنوان ذخایر ژنتیکی و سرمایه ملی نتیجه تکامل گونه‌های گیاهی، جانوری و میکروارگانیسم در طی میلیون‌ها سال است (۲). بهدلیل گسترش روند تخریب محیطزیست از سوی انسان در دهه‌های اخیر، حفظ ذخایر ژنتیکی بیش از پیش مورد توجه و اهمیت قرار گرفته است. ایران از نظر تنوع زیستی بسیار غنی است و گونه‌های جانوری و گیاهی متنوعی دارد که شاید بتوان گفت بیش از نیمی از آنها هنوز کشف و شناسایی نشدهاند. این سرزمین بهدلیل قرارگیری در فلات ایران و همجواری با اقلیم‌های مختلف آسیایی دارای پراکندگی جانوری منحصر به فردی است بهطوریکه آخرین حد پراکنش گونه‌های جانوری مختلف از اروپا گرفته تا هند و عربستان در ایران قرار دارد (۴).

در سال‌های اخیر، تکنیک‌های پیشرفتهٔ مولکولی که تفاوت بین افراد را در سطح مولکول DNA مشخص می‌نمایند، جهت مطالعهٔ تنوع ژنتیکی و روابط فیلوژنتیکی بین جمعیت‌ها و نژادهای مختلف، به یاری متخصصان آمده و به ابزار قابل‌اعتمادی در این راستا تبدیل گردیده‌اند زیرا با توجه به اطلاعات دقیقی که به‌دست می‌دهند، می‌توانند نتایج تجزیه و تحلیل رکوردها که با روش‌های پیشرفتهٔ آماری تعیین شده‌اند را تأیید و تکمیل نمایند (۵). از ابزارهای ژنتیکی کارآمد، که برای تعیین هویت حیوانات اهلی و غیراهلی، مشخص‌نمودن والدین آنها، روابط شجره‌ای بین افراد جمعیت، بررسی ساختار و تمایز جمعیت‌ها به‌کارگیری شده، می‌توان به نشانگرهای ریزماهواره و جایگاه‌های موجود در DNA میتوکندری (mtDNA) اشاره نمود که امروزه به‌طور گسترده از این جایگاه‌ها در راستای مطالعات ژنتیکی موجودات مختلف استفاده می‌شود (۶،۸ و ۱۱). با توجه به غنای زیستگاه‌های کشور از لحاظ تنوع جانوری و در معرض خطر انقراض قرارگرفتن تعدادی از گونه‌های موجود، بررسی‌های جمعیتی و حفظ این ذخایر از اهمیت بسیار بالایی برخوردار است. متأسفانه در ایران بررسی ساختار ژنتیکی و تعیین قرابت جمعیت‌های مختلف جانوران در سالیان اخیر آغاز شده و حتی تاکنون هیچ مطالعه ژنتیکی مدونی در برخی از گونه‌های جانوری حائز اهمیت، خصوصاً در حال انقراض انجام نپذیرفته است. در کشورهای پیشرفته، بیشترین توجه به نژادهای نادر معطوف بوده است ولی در مدیریت جهانی، منابع ژنتیکی حیوانی، نژادهای در معرض خطر و سایر نژادها تفاوتی اساسی نداشته و منظورنمودن حفظ حداکثر تنوع ژنتیکی در مخزن ژنی هر گونه از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (۵).

سارگپه (*Buteo buteo*) پرنده‌ای شکاری است از راسته شاهین سانان (*Falconi formes*) با پراکندگی جهانی که قدری به عقابهای کوچک شبیه‌اند ولی نسبت به عقابها سر و منقار کوچکتری دارند و خوراک آنها را جوندگان کوچک، پرنده‌ها و گاهی مردارها تشکیل می‌دهند. سار گپه معمولی (Common Buzzard) ۵۰ سانتیمتر طول دارد و دارای تنوع رنگی بسیار بالا از قهوه‌ای کمرنگ تا تیره میباشد. این پرنده، بومی نواحی جنوبی دریای خزر بوده ودر نواحی جنگلی با درختان پراکنده و کشتزارها زیست میکند و برروی صخره‌های ساحلی، اراضی ناهموار و

درختان آشیانه می‌سازد (۲).

متاسفانه بدلیل شکار بی‌رویه و تخریب زیستگاه‌های طبیعی در کشورمان، این پرنده در خطر انقراض قرار دارد. علی‌رغم اینکه این حیوان نقش عمده‌ای در چرخه زیستی اکوسیستم منطقه دارد، امروزه تعداد آنها رو به کاهش نهاده است و با توجه به روند کاهش تعداد، مقدار همخونی در آن‌ها افزایش یافته است. بنظر می‌رسد که بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت موجود و تلاش در جهت ثبت اطلاعات و ایجاد یک شجره اولیه، بتواند در دستیابی به اطلاعات دقیق از وضعیت ژنتیکی این پرنده مفید باشد و در مرحله بعد، بتوان از افت ناشی از همخونی و عوارض ناشی از آن جلوگیری نمود (۱).

متأسفانه در ایران بررسی ساختار ژنتیکی و تعیین نزدیکی جمعیت‌های مختلف جانوران در سالیان اخیر آغاز شده و حتی تاکنون هیچ مطالعه مدونی در راستای تعیین ساختار برخی از گونه‌های جانوری دارای اهمیت، به‌ویژه در حال انقراض انجام نپذیرفته است. اگرچه بسیاری از گونه‌های در معرض خطر تحت حمایت هستند اما متأسفانه ابزار و امکانات کافی برای حفاظت از آنها وجود ندارد و متاسفانه در مورد پرنده‌ای به نام سارگپه، هنوز تحقیقات ژنتیکی جامع و قابل ذکری در کشورمان صورت نگرفته است. با توجه به این که بررسی تنوع ژنتیکی سارگپه معمولی ایران (*Buteo Buteo*) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره کارهای مطالعاتی بر روی ژنتیک جمعیت سارگپه بسیار کم می‌باشد، لذا به اهم آنها اشاره می‌گردد. مارتین و همکاران (۲۰۰۳) در پژوهشی که برروی سارگپه‌های بومی اتریش انجام دادند با استفاده از ناحیه غیر تکراری CRΨ نتیجه گرفتند که سارگپه‌های متعددی که از لحاظ تاکسونومی باهم تفاوت دارند، در این کشور زیست می‌کنند (۹). هاول و همکاران (۲۰۱۰) در بررسی بر روی زیر گونه‌های مختلف سارگپه با استفاده از ۱۷ جایگاه ماکروستلایت و جایگاه‌های میتوکندریایی، نتیجه گرفتند که در بین برخی از زیرگونه‌های سارگپه، تفاوت ژنتیکی معنی‌داری وجود ندارد، که این امر نشات گرفته از جمعیت ژنی موجود است (۷). پاول و همکاران (۲۰۰۵) با مطالعه برروی سارگپه‌های آلمان (در منطقه فالیای شرقی) توانستند ۵۶ جایگاه مایکرو ستلایت را شناسایی نمایند، که این جایگاه‌ها بین ۲ تا ۷ الل داشته و میزان هتروزایگوسیتی آنها نیز در محدوده ۰/۱۱ تا۰/۹۳ بود. این تحقیق به خوبی نشان داد که جایگاه‌های ماکروستلایت می‌توانند با قدرت بالایی در بررسی تنوع ژنتیکی گونه سارگپه مورد استفاده قرار گیرند(۱۰).

در این پژوهش نیز با توجه به عدم وجود اطلاعات از ماهیت ژنتیکی سارگپه ایران، میزان تنوع ژنتیکی موجود در این جمعیت، با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره بررسی می‌گردد.

مواد و روشها

در این پژوهش، به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی و پارامترهای تنوع درون‌جمعیتی سارگپه ایران، از ۶ نشانگر ریزماهوارهٔ با نام‌های Bbu03, Bbu11, Bbu16, Bbu35, Bbu42, Bbu46 استفاده گردید که در مطالعات قبلی بر

روی سارگپه تکثیر شده و چندشکلی نشان داده بودند (پاول و همکاران، ۲۰۰۵) (جدول ۱). پس از بهینه‌سازی شرایط PCR حاکم بر هر نشانگر از لحاظ غلظت مواد شرکت‌کننده در واکنش (جدول ۲) و چرخه‌های حرارتی (جدول۳)، محصولات PCR هر کدام به‌طور مجزا بر روی ژل پلی‌آکریل‌آمید ۸ درصد الکتروفورز گردیدند و دو چاهک هر ژل نیز به نشانگر وزن مولکولی اختصاص داده شد.

جدول ۱- توالی نوکلئوتیدی آغازگرهای هر جایگاه

جایگاه	توالی نوکلئوتیدی آغازگرها
Bbu 03	F: 5'– GATCAAAGTACTTGACAGTGTCC–3'
	R: 5'– CAGGTACATGCGTACATACTTC–3'
Bbu 11	F: 5'– ACTTCACTTATGAAAACAGACCAAATC–3'
	R: 5'– ACCAGGTTGCAGCTGAGTG–3'
Bbu 16	F: 5'– AGGTTTGCATCCTCATACTTTCTC–3'
	R: 5'– TTTCCCTAACATTTACTGACTCCTG–3'
Bbu 35	F: 5'– GGCAAGGTTGAGTGCGTATC–3'
	R: 5'– TTTGGGCAGCATTATAGGTG–3'
Bbu 42	F: 5'– GGGATAAGAATGCCAGAACTTG–3'
	R: 5'– TGGGTGGCTAAATCTTGAGG–3'
Bbu 46	F: 5'– TGAACCCTGGAGAAAGATGC–3'
	R: 5'– CAATTTGGGGAGACGTGATG–3'

جدول ۲- غلظت‌های مناسب شرایط PCR جایگاه‌ها

مواد مورد نیاز	غلظت مورد نیاز برای هر نمونه
بافر PCR	۱/۵X
$MgCl_2$	۰/۳Mm
پرایمر F	۰/۴ pmol
پرایمر R	۰/۴ pmol
dNTPs	۰/۳µM
Taq	۰/۱۵Unit
ddH_2O	-
DNA	۱ng

جدول ۳- دما و زمان چرخه‌های حرارتی PCR

ردیف	نوع سیکل	دما	زمان
۱	**درپوش دستگاه**	۱۰۵c°	-
۲	**واسرشته‌سازی اولیه**	۹۵c°	۵ دقیقه
۳	**واسرشته‌سازی**	۹۴c°	۳۰ ثانیه
۴	**اتصال آغازگر**	۶۲-۵۵C°	۳۰ ثانیه
۵	**بسط آغازگر**	۷۲c°	۳۵ ثانیه
۶	**تکرار مرحلهٔ ۲ الی ۴ (۳۵ مرتبه)**	-	-
۷	**بسط نهایی آغازگر**	۷۲c°	۷ دقیقه
۸	**نگهداری محصول**	۴c°	-

پس از رنگ‌آمیزی و اسکن‌نمودن ژل‌ها، با استفاده از برنامهٔ Analyzer 3.1 Gel-Pro، وزن مولکولی آلل‌ها براساس جفت‌باز اندازه‌گیری و سپس ژنوتیپ افراد تعیین گردید.

تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها در راستای تعیین فاکتورهایی همچون معیارهای چندشکلی، هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار نااُریب نی، شاخص شانون و تعادل هاردی–وینبرگ (توسط آزمون مربع کای و نسبت درست‌نمایی) با استفاده از نرم‌افزار POPGENE 1.31 برآورد گردید (۱۲).

نتایج

ارزیابی‌های کمی و کیفی DNA حاصله توسط دستگاه اسپکتروفتومتر، نشان داد که جذب نوری نمونه‌های DNA بین ۲–۱/۸ است که نشان‌دهندهٔ عدم آلودگی پروتئینی و RNA نمونه‌ها بوده و مشاهدات بر روی ژل آگارز نیز، نتایج حاصله از فقدان آلودگی نمونه‌ها که توسط دستگاه اسپکتروفتومتر ارزیابی شد را تأیید نمود.

در این پژوهش، ۶ جایگاه Bbu03 Bbu11, Bbu16, Bbu35, Bbu42, Bbu46, در واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز مورد آزمایش تکثیر قرار گرفت که با نتایج پاول و همکاران (۲۰۰۵) مطابقت داشت (جدول ۴).

جدول۴– دامنه آللی

نام جایگاه	دامنه آللی (bp)
Bbu03	۲۰۵ – ۲۲۱
Bbu11	۱۲۲ – ۱۳۱
Bbu16	۱۲۰ – ۱۳۳
Bbu35	۱۳۵ – ۱۴۲
Bbu42	۸۵ – ۱۳۷
Bbu46	۱۰۳ – ۱۲۴

جایگاه Bbu42 با ۲۴ آلل بیشترین و جایگاه Bbu35 با ۶ آلل کمترین تعداد آلل در هر جایگاه را دارا بودند (جدول ۵).

جدول ۵- تعداد آلل (n)، تعداد آلل مورد انتظار(ne)

جایگاه	n	ne
Bbu03	۱۳	۶/۱۳۸۵
Bbu11	۹	۵/۲۴۵۴
Bbu16	۱۲	۸/۸۳۶۶
Bbu35	۶	۳/۷۳۶۹
Bbu42	۲۴	۱۳/۲۲۲۵
Bbu46	۱۳	۹/۳۴۰۲
میانگین	**۱۲/۸۳۳۳**	**۷/۷۵۳۴**
انحراف معیار	**۶/۱۱۲۸**	**۳/۴۲۴۴**

جهت آزمون نمودن تعادل هاردی–واینبرگ از دو آماره مربع کای (X2) و نسبت درست نمایی (G2) (P<۰/۰۵)، استفاده گردید که از هر دو آزمون نتایج یکسانی به دست آمد. تمامی جایگاه‌ها در تعادل هاردی- واینبرگ بودند و انحراف معنی‌داری از این تعادل را نشان ندادند. ازآنجاکه یکی از اهداف این تحقیق تعیین میزان چندشکلی جایگاه‌های ریز ماهواره‌ای در سارگپه‌های ایران بود، تمامی جایگاه‌های بکار رفته در این تحقیق چندشکلی نشان داده و از هتروزایگوسیتی بالایی در این توده خبر دادند.

بیشترین هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده در جایگاه Bbu42. (۰/۹۶۱۵) و کمترین هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده در جایگاه Bbu46 (۰/۶۱۵۴) بود که در تحقیقات پاول و همکاران (۲۰۰۵) به‌ترتیب در جایگاه‌های Bbu35 و Bbu11 (۰/۹۹۴) و (۰/۱۳) مشاهده گردیده است. بیشترین هتروزایگوسیتی مورد انتظار نااُریب نی نیز در جایگاه Bbu42 (۰/۹۶۱۵) و کمترین هتروزایگوسیتی مورد انتظار نااُریب نی در جایگاه Bbu46 (۰/۶۱۵۴) مشاهده گردید (جدول ۶). پاول و همکاران (۲۰۰۵) بیشترین و کمترین مقدار هتروزایگوسیتی مورد انتظار نااُریب نی، در جایگاه‌های Bbu16 و Bbu42 به ترتیب با ۰/۳۰ و ۰/۹۳ گزارش نمودند.

جدول ۶- شاخص اطلاعات شانون (I) و هترو زایگوسیتی مورد انتظار نا اریب(He)

جایگاه	I	He
Bbu03	۲/۰۶۱۵	۰/8371
Bbu11	۱/۸۳۴۵	۰/8094
Bbu16	۲/۲۹۲۸	۰/8868
Bbu35	۱/۴۳۵۲	۰/7324
Bbu42	۲/۸۱۳۹	۰/9244
Bbu46	۲/۳۴۹۷	۰/8929
میانگین	۲/۱۳۱۳	۰/8472
انحراف معیار	۰/۴۷۲۷	۰/0698

با توجه به نتایج حاصله، میزان هتروزایگوسیتی در جمعیت سارگپه ایران معنی‌دار بوده (۰/۸۵۸۴) که این امر بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در جمعیت مورد مطالعه است.

در این پژوهش شاخص اطلاعات شانون (I) نیز مورد محاسبه قرار گرفت که جایگاه‌های Bbu35 و Bbu42 به ترتیب با ۱/۴۳۵۲ و ۲/۸۱۳۹ دارای کمترین و بیشترین مقدار (I) بودند (جدول ۶) و این مقادیر با توجه به تعداد آللهای این دو جایگاه، منطقی به نظر می‌رسد.

با آزمون مربع کای و حداکثر نسبت درست‌نمایی (P<۰/۰۵)، جمعیت مورد بررسی دارای تعادل هاردی-وینبرگ بود.

بحث

منابع ژنتیکی دست مایهٔ اصلی پژوهشگران برای تولید فرآورده‌های زیستی هستند که بدون وجود آنها فرآورده‌های زیستی تولید نخواهد شد. به موازات گسترش فنون بیوتکنولوژی، حفاظت از ذخایر ژنتیکی را نیز باید بهعنوان سرمایه و ثروتی که روز به روز ارزش بیشتری پیدا می‌کند مورد توجه قرار داد، چرا که تنوع ژنتیکی موجودات طی هزاره‌ها و اعصار متوالی و از تأثیر متقابل موجود زنده و محیط پدید آمده و در زمان

حاضر از آن دوران به ارث رسیده است و اگر چه زیست فن‌آوری جدید می‌تواند در اصلاح نژاد گونه‌ها مؤثر باشد امّا به هیچ وجه قادر به جایگزین کردن آنها و ایجاد تنوع از دست رفته نیست.

نتایج این پژوهش بیانگر آن بود که تمامی جایگاه‌های بکار رفته چند شکلی نشان داده و از هترو زایگوسیتی بالایی برخوردارندو همچنین داده‌های این تحقیق به خوبی قادر به تعیین تنوع ژنتیکی در سارگپه‌های ایران بود. در بررسی که (هاول و همکاران،۲۰۱۰) بر روی زیر گونه‌های مختلف سارگپه با استفاده از ۱۷ جایگاه مایکرو ستلایت و جایگاه‌های میتو کندریایی انجام دادند، نتیجه گرفتند که در بین برخی از زیرگونه‌های سارگپه، تفاوت

ژنتیکی معنی‌داری وجود ندارد، که این امر نشات گرفته از جمعیت ژنی موجود است (Hull et al.,2010). و میتوان باتوجه به شباهت این تحقیق با نتیجه تحقیقی که برروی جمعیتی محدود از سارگپه‌های ایران صورت گرفته، نتیجه تحقیق فوق را در مورد جمعیت مورد بررسیمان نیز تکرار نمود.

در تحقیقی دیگر (پاول و همکاران، ۲۰۰۵) با مطالعه برروی سارگپه‌های آلمان (در منطقه فالیای شرقی) توانستند ۵۶ جایگاه مایکروستلایت را شناسایی نمایند، که این جایگاه‌ها بین ۲ تا ۱۷ الل داشته و میزان هترو زایگوسیتی آنها نیز در محدوده ۰/۱۱ تا۰/۹۳ بود. این تحقیق به خوبی نشان داد که جایگاه‌های مایکرو ستلایت میتوانند با قدرت بالایی در بررسی تنوع ژنتیکی گونه سارگپه مورد استفاده قرار گیرندو این در حالیست که در جمعیت سارگپه ایرانی مورد نظر، در ۶ جایگاه مورد مطالعه ۶ تا ۲۴ آلل وجود داشت و میزان هتروزایگوسیتی در محدوده ۰/۶۱۵۴–۰/۹۶۱۵ بدست آمد که این اختلاف بین دو نتیجه را میتوان ناشی از تفاوت جغرافیایی بین دو ناحیه مورد مطالعه دانست.

همچنین در تحقیق (پاول و همکاران، ۲۰۰۵) تمامی جایگاه‌های مورد مطالعه در تعادل هاردی– وینبرگ بودند، که این تعادل در تمامی جایگاه‌های مورد مطالعه در سارگپه‌های ایران نیز برقرار بود و انحراف معنی‌داری از این تعادل را نشان ندادند. دلیل مشابه بودن این نتیجه در دو تحقیق فوق با توجه به اینکه دو جمعیت مورد بررسی در دو منطقه‌ی جغرافیایی کاملا متفاوت بودند را میتوان اینچنین تفسیر نمود که، علت تعادل هاردی – وینبرگ در جایگاه‌های مورد مطالعه به سبب انتخاب طبیعی نمی‌تواند باشد.چرا که جایگاه‌های ریز ماهواره جایگاه‌های خنثی هستند وانتخاب طبیعی نقش زیادی در برهم زدن تعادل این جایگاه‌ها ندارد بنابراین

مهمترین دلیل این تعادل عدم انتخاب مصنوعی توسط انسان برای انجام تحقیقات می‌باشد. بنابراین مهمترین دلیل این تعادل، جریان ژنی بالا در بین زیر گونه‌ها و آمیزشهایی که بصورت تصادفی صورت گرفته، میباشد.

همچنین(بانهاوس و همکاران، ۲۰۰۵) باتحقیق برروی جایگاه‌های مایکرو ستلایت عقاب نشان دادندکه این جایگاه‌ها به خوبی میتوانند در زمینه‌های حفاظتی و مدیریتی، به کار آیند (Aureo Banhos et al., 2008). پس ما نیز میتوانیم با بهره گیری از نتایج حاصل از تحقیق انجام شده برروی سارگپه‌های ایران پایه‌ای کارآمد را برای مطالعات حفاظتی فراهم نموده و بستری مناسب را برای محافظت و مدیریت ژنتیکی این گونه ارزشمند در کشور فراهم سازیم.

در خاتمه باید اذعان نمود که غنای گونه‌ای جانوری ایران نباید موجب غرور شود چرا که امروزه از گونه‌هایی همچون شیر ایرانی و ببر مازندران جز نامی باقی نمانده است و اگر برنامه مدون و جامعی برای حفظ و صیانت از گونه‌های ارزشمند دیگر وجود نداشته باشد، در آینده نزدیک، این گونه‌های نادر و ذخایر ژنتیکی ارزشمند کشور نابود خواهند شد. اگرچه بسیاری از گونه‌های در معرض خطر تحت حمایت هستند اما متأسفانه ابزار و امکانات کافی برای حفاظت از آنها وجود ندارد. از دیدگاه متخصصین ژنتیک جمعیت، تمایز ژنتیکی بین جمعیت‌ها همزمان

با یک تعادل و توازن بین رانش و جریان ژنی شروع شده و هر جمعیت متحمل نرخ جهش و رانش ژنتیکی خود خواهد شد که تمایل به متمایزکردن جمعیتها از یکدیگر دارد. سارگپه یکی از گونه‌های ارزشمند کشور است که حفاظت و مدیریت جمعیت موجود، می‌تواند آنرا از فرسایش ژنتیکی بیشتر و نابودی در زیستگاه‌های موجود حفظ نماید.

سپاس و قدردانی:

از تمامی همکاران و دوستان، بخصوص آقایان مهندس حبیب حقی و مهندس صابرخدرزاده که با راهنماییهای ارزنده و انتخاب نشانگرهای مناسب، در انجام و به نتیجه رسیدن هرچه بهتر این پژوهش کمک نمودند مراتب سپاسگذاری خود را اعلام میدارم.

منابع

۱. اعتماد، ا(۱۳۶۴). پستانداران ایران. جلد دوم.انتشارات سازمان حفاظت محیط زیست،ص ۲۳۵.

۲. دستجردی،س(۱۳۸۷).هیات مولفان، زیست شناسی عمومی- چاپ دوم، مرکز نشر دانشگاهی- تهران- ص ۱۰.

۳. نقوی، م. ر.، قره‌یاضی، ب. و حسینی‌سالکده، ق. ۱۳۸۶. نشانگرهای مولکولی، چاپ دوم، انتشارات دانشگاه تهران، ۳۳۴ صفحه.

۴. یوسفی سیاهکلرودی، س.، خدرزاده، ص. و علمی، ا. ۱۳۹۳. بررسی تنوع نوکلئوتیدی ماهی کور غار ایرانی (Iranocypris Typhlops) با استفاده از توالی‌یابی ژن rRNA 12S. فصلنامه علمی-پژوهشی محیط زیست جانوری، سال ششم، شماره ۱: ۷۷-۸۱.

5. Frankham, R., Ballou, J. D. and Brisco, D. A. 2002. Introd uction to conservation genetics. First published, Cambridge unipress.
6. Goldstein, D. B. and Schlotterer, C. 2000. Microsatellite evolution and applications. Oxford university press, Oxford. 76:368-369.
7. Hull et al. BMC Evolutionary Biology. 2010. http://www.biomedcentral.com/1471-2148/10/224
8. Litt, M. and Lutty, J. A. 1989. A hypervariable microsatellite revealed by invitro amplification of dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. Am. J. Hum. Genet. 44:397-401.
9. Martin J. Riesing, Luise Kruckenhauser, Anita Gamauf, and Elisabet Haring. (2003). Molecolar Phylogenetics and Evolution. 27, 328-342.
10. PAUL C. D. JOHANSON, MARTIN K. FOWLIE, and WILLIAM AMOS. (2005). Molecolar Ecology Notes. 5, 208-211.
11. Schlotterer, C. and Pemberton, J. 1998. The use of microsatellites for genetic analysis of natural populations. A critical review. Basel, pp. 71-86.
12. 12- Yeh F.C., 1999. POPGENE.Version 1.31. University of Alberta. Edmonton, AB, Canada.

Genetic diversity of Iranian common buzzard (Buteo Buteo) using microsatellite markers

M.Tarhsaz[1], A.Lavvaf [*1]and T.Farahvash [2]

Received Date: 21/11/2014

Accepted Date: 01/02/2015

Abstract

In this study used six microsatellite markers (Bbu03, Bbu11, Bbu16, Bbu35, Bbu42, Bbu46) to investigate the genetic diversity of Iranian common buzzards residing in Pardisan Eco-park, Tehran. All of the six loci were well-duplicated by PCR and they were 100 percent polymorphs in this population. Genotypes were determined and then the corresponding statistics were analyzed by POP GENE. Out of the understudy markers, Bbu42 had the highest observed alleles (24) and Bbu35 the lased (6). The greatest observed heterozygosity and the highest Nei's unbiased expected heterozygosity were observed at Bbu42 (0.9615 and 0.9244, respectively) and the lowest at Bbu46 (0.6154) and Bbu35 (0.7324), respectively. The highest and lowest levels of Shannon index were observed at Bbu42 (2.8139) and Bbu35 (1.4352). In this population, all of the loci were in the Hardy-Weinberg equilibrium.

Key words: Common buzzard, Genetic diversity, Microsatellite markers, polymorphism

1- Department of Animal Science, Islamic Azad University, Karaj Branch, Karaj, Iran

2- Department of Animal Science, Islamic Azad University, Shabestar Branch, Shabestar, Iran

* Corresponding author: (aynm.lavvaf@yahoo.com)