تنوع ژنتیکی درون جمعیتی و بین جمعیتی جیرفتی (*Francolinus pondicerianus*) در جنوب کشور براساس توالی ژن D-LOOP میتوکندری

- **ندا غیاثی** *: گروه محیط زیست و انرژی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران، صندوق پستی: ١٤٥١٥-٧٧٥
- **حمیدرضا رضایی**: گروه محیطزیست، دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، صندوق پستی: ٤٨٧-٤٩١٧٥
- **محمد کابلی**: گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، صندوق پستی: ٤١١١

تاریخ دریافت: آبان ١٣٩٤ تاریخ پذیرش: بهمن ١٣٩٤

چکیده

در این پژوهش برای نخستین بار مطالعات ملکولی درخصوص بررسی و مقایسه تنوع‌ژنتیکی درون جمعیتی و بین جمعیتی گونه جیرفتی (*Francolinus pondicerianus*) از خانواده (Phasianidae)، در جنوب کشور صورت گرفت تا با مطالعه توالی قسمتی از ژنوم میتوکندریایی، تنوع‌ژنتیکی درون جمعیتی و بین جمعیتی در این گونه مشخص شود. به همین منظور، نمونه‌های بافت، خون و پر این پرنده از مناطق مختلف استان‌های هرمزگان و کرمان جمع‌آوری شد. DNA نمونه‌ها با روش فنل‌کلروفورم و روش نمکی استخراج و با کمک یک جفت آغازگر، بخشی از ژن دی- لوپ با کمک دستگاه ترموسایکلر تکثیر شد و تعیین توالی گردید. پس از تجزیه و تحلیل، نتایج نشان داد که این گونه در مناطق مورد مطالعه در این پژوهش دارای ٦ هاپلوتایپ مستقل در قالب دو جمعیت می‌باشد که باتوجه به موقعیت جغرافیایی مناطق پراکندگی این پرنده در جنوب کشور و ارتباط جغرافیایی میان آن‌ها و فاصله نسبتاً نزدیک این مناطق و با توجه به موارد موثر در تبادل ژنی در میان جانوران مانند تولیدمثل از طریق برون‌آمیزی، وجود فرا جمعیت‌ها و سایر عوامل موثر و نتایج حاصل از این تحقیق احتمال بالابودن تبادل ژنی در جیرفتی وجود دارد و می‌توان به این نتیجه دست یافت که موانع جغرافیایی موجود در طول زمان باعث جدایی جمعیت‌های جیرفتی نشده و جریان ژنی در این مناطق در زمان حال و گذشته وجود داشته باشد.

کلمات کلیدی: جیرفتی، DNAمیتوکندری، تنوع‌ژنتیکی، هرمزگان، کرمان

* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: nedaghiasi37@gmail.com

مقدمه

یکی از ویژگی‌های یک جمعیت، تنوع‌ژنتیکی آن است. محیط‌ها همواره در حال تغییرند و تنوع‌ژنتیکی برای تداوم و سازگاری گونه‌ها برای زیست در شرایط جدید لازم است. بنابراین ارزیابی تنوع‌ژنتیکی موجود در یک جمعیت از مهم‌ترین اهداف در مطالعه ژنتیک جمعیت‌هاست و کاربرد مهمی در زیست‌شناسی حفاظت دارد (Friland، ۲۰۰۵). در ایران نیز نیاز به مطالعات جامع پرندگان کشور با تکیه بر فنوتیپ پرنده و شکل ظاهری توام با ویژگی‌های ملکولی به‌شدت احساس می‌گردد به‌خصوص که ایران از مهم‌ترین نواحی برخورد یا تماس بسیاری از تاکسون‌های ناحیه شرقی و غربی منطقه پالئارکتیک در طول دوره‌های چندگانه پیشروی یخچال‌های قطبی بوده‌است این نواحی برخورد می‌تواند بالقوه عامل درهم آمیختگی و یا شکل‌گیری جدید و گونه‌زایی در کشور باشد (Aliabadianو همکاران، ۲۰۰۷).

گونه جیرفتی پرنده‌ای از خانواده (Phasianeda) است که در منطقه جنوب و جنوب‌شرقی ایران پراکندگی دارد. این پرنده در مناطق با پوشش بوته‌ای و درختان پراکنده، گزستان‌ها، بستر رودخانه‌ها، زمین‌های کشاورزی و فضاهای باز، خشک و نیمه‌خشک به‌سر می‌برد (منصوری، ۱۳۹۲). پراکندگی این پرنده در مناطق پراکنش آن تا کنون نگران‌کننده نبوده و در لیست Red List Threatened ۲۰۱۲IUCN ازجمله گونه‌های Least concern طبقه‌بندی شده‌است ولی جمعیت‌های جیرفتی در آسیا در حال کاهش است (Roberts، ۱۹۹۲). تاکنون تنها مطالعات انجام شده بر روی این گونه در بخش مرکزی پاکستان در منطقه سلیمان صورت گرفته است در این منطقه جیرفتی منبع درآمدی خوبی محسوب می‌شود ولی اطلاعاتی درخصوص جمعیت این گونه در دسترس نبوده است. این مطالعه بر روی ۲۹ عدد نمونه جیرفتی درمناطق غرب و شرق منطقه سلیمان و بر روی یک منطقه ۵۱۱ bp ژن‌های ناحیه کنترل انجام شده و ۹ جایگاه پلی‌مورفیک و ۷ نوع هاپلوتایپ مشخص گردیده و با توجه به تنوع نوکلئوتیدی اندازه جمعیت دراین منطقه بزرگ ارزیابی شده است (khaliq، ۲۰۱۰). از مطالعات انجام شده در رابطه با شناسایی ژن در ایران شناسایی و توالی‌یابی ژن در مرغ بومی خراسان است. هدف از انجام این پژوهش بررسی توالی نوکلئوتیدی ژن سیتوکروم اکسیداز ۱ در ژنوم میتوکندری مرغ بومی خراسان و شناسایی جهش‌های احتمالی در آن بود. نتایج هم‌ردیفی نوکلئوتیدی این توالی ۹۹ درصد شباهت با توالی مشابه در ژنوم نوکلئوتیدی مرجع را نشان داد. مقایسه این دو توالی وجود ۶ اختلاف نوکلئوتیدی را مشخص نمود. با این‌حال فقط سه جهش منجر به تولید اسیدهای آمینه غیرهمسان گردید. هم‌چنین نتایج حاصل از مقایسه پروتئینی، شباهت ۹۹ ٪ در ۱۰۰ ٪ طول را با ناحیه حفاظت شده، زیر واحد ۱ سیتوکروم C اکسیداز مرغ مرجع را نشان داد. به‌علاوه در این مطالعه مشخص گردید که مرغ بومی خراسان در توالی‌های پروتئینی ژن COX۱ با سایر نژادهای طیور بیش از ۹۶٪ شباهت دارد (آلبوشوکه، ۱۳۹۳). مطالعه بر روی رده‌بندی فیلوژنتیکی هم‌تافت گونهٔ جغد انباری از جمله موارد دیگر مورد بررسی ژن در ایران است. هم‌تافت گونهٔ جغد انباری (*Tyto alba*) گونه‌ای جهان گستر است و تغییرات ریختی قابل توجهی را نشان می‌دهد. این تغییرات زیاد ریختی و جغرافیایی سبب شده است که گونه جغد انباری دارای زیرگونه‌های متعددی در سرتاسر جهان باشد. در این مطالعه، تعیین توالی ژن میتوکندریایی غیرکدینه به طول ۵۶۹ نوکلئوتید برای ۴۰ نمونه از جغد انباری از سراسر جهان انجام شد. اطلاعات حاصل از تحلیل نشان‌دهنده وجود دو تبار مجزای دنیای قدیم با نام *Tyto alba* و دنیای جدید با نام *Tyto furcata* است . میزان تنوع ژنتیکی بین تبارهای دنیای قدیم و دنیای جدید، ۳/۸ درصد است. با توجه به نتایج به‌دست آمده، این احتمال وجود دارد که زیرگونه‌های دنیای جدید و قدیم از نظر ژنتیکی جدا بوده و فاقد تبادل ژنتیکی باشند که مبتنی بر حضور ۲ گونه جغرافیایی جدا در این هم‌تافت گونهٔ با زیرگونه‌های متعدد است (علی‌آبادیان و همکاران، ۱۳۹۰).

با توجه به عدم وجود هرگونه اطلاعات صحیح در مورد این گونه در ایران مدیریت و حفاظت از این پرنده در درازمدت با مشکلاتی روبه‌رو خواهد بود و از آن‌جاکه نمونه‌برداری، شناسایی و مطالعه نمونه‌های زیستی ازجمله گام‌های پایه در جهت حفاظت و بهره‌برداری پایدار از تنوع‌زیستی به‌شمار می‌رود یکی از بهترین روش‌هایی که در طی سال‌های اخیر امکان شناسایی و رده‌بندی جانوران و به‌ویژه پرندگان را به‌صورت سریع و قابل اعتماد فراهم آورده است استفاده از نشانگرهای ملکولی DNA است (Friland، ۲۰۰۵). لذا در این تحقیق با بررسی ساختار ژنتیکی بخشی از ژن D-loop در mtDNA گونه جیرفتی و مقایسه آن بین افراد، جمعیت‌ها و هاپلوتایپ‌های احتمالی این پرنده در استان هرمزگان و کرمان شناسایی شده و علاوه بر بررسی تنوع ژنتیکی این گونه به بررسی وضعیت

جمعیت‌های و جریان ژنی در میان این گونه در استان‌های ذکر شده نیز پرداخته شد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های جمع‌آوری شده: در این مطالعه در سال ۱۳۹۱ از ده نمونه متفاوت از سه نوع نمونه خون، بافت و پر جیرفتی استفاده گردید. این نمونه‌ها از پرندگانی که از افراد محلی به‌صورت غیرقانونی زنده‌گیری و یا توسط شکارچیان صید شده بودند و به‌وسیله اداره کل حفاظت محیط‌زیست هرمزگان و کرمان بازداشت گردیده بودند تهیه شد. نمونه‌های خون عمدتاً مربوط به منطقه میناب و باغ‌های اطراف بندرعباس بودند. در این روش با کمک سرنگ مخصوص انسولین از رگ زیربال پرنده خون‌گیری شد و خون به‌سرعت در تیوپ‌های حاوی EDTA نگه‌داری گردید. نمونه‌های بافت با رعایت کامل نکات بهداشتی از قسمت عضله سینه تهیه شده که این نمونه‌ها عمدتاً مربوط به منطقه رودان در استان هرمزگان بودند ولی بیش‌تر نمونه‌های تهیه شده نمونه‌های پر بودند که عموما" از پرندگان زنده صید شده توسط متخلفان و افراد محلی با همکاری سازمان محیط زیست به دست آمد. پرها در ظروف حاوی سیلیکاژل که جاذب رطوبت است قرار داده می‌شد تا از نفوذ هوا نیز جلوگیری به‌عمل آید. کلیه نمونه‌های پر از مناطق رودان، میناب، اطراف بندرعباس در استان هرمزگان و جیرفت و کهنوج از استان کرمان جمع‌آوری گردیدند (جدول۱).

جدول ۱: تعداد، محل و نوع نمونه جمع‌آوری شده از استان‌های هرمزگان و کرمان

ردیف	استان	محل جمع‌آوری	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی	ارتفاع (متر)	نوع نمونه	تعداد نمونه
۱	هرمزگان	رودان	۵۷° ۲۵′ ۱۷/۷۰″ شرقی	۲۷° ۱۳′ ۴۰/۱۱″ شمالی	۲۳۱/۸۹ متر	بافت	۴
۲		میناب	۵۷° ۳′ ۴۱/۱۸″ شرقی	۲۷° ۱۱′ ۳۶/۴۵″ شمالی	۴۰/۶۰ متر	خون	۱
۳		بندرعباس	۵۶° ۱۲′ ۴۸/۳۵″ شرقی	۲۷° ۱۰′ ۱۶/۱۹″ شمالی	۹/۷۴ متر	خون	۱
۴						پر	۱
۵	کرمان	جیرفت	۵۷° ۴۲′ ۱۳/۶۶″ شرقی	۲۸° ۴۰′ ۴۱/۸۰″ شمالی	۷۲۰/۱۷ متر	پر	۲
۶		کهنوج	۵۷° ۴۳′ ۲۱/۶۴″ شرقی	۲۸° ۰′ ۲۲/۵۵″ شمالی	۵۰۴/۲۳ متر	پر	۱

روش استخراج DNA: پس از تهیه نمونه، DNA آن‌ها بسته به نوع نمونه به روش‌های مختلفی استخراج گردید. برای استخراج DNA از بافت از روش Salt method یا روش نمکی و برای استخراج DNA از خون و پر از روش فنل‌کلروفورم استفاده شد (علی‌آبادیان و همکاران، ۱۳۹۱).

انجام عملیات PCR: پس از استخراج DNA از نمونه‌ها نوبت به مرحله PCR یا واکنش‌زنجیره‌ای پلی‌مراز است. در این مرحله محصول یا DNA استخراج شده با کمک پرایمرهای اختصاصی زیر که مطابق پرایمر طراحی شده در مقاله تنوع DNA میتوکندریایی در جیرفتی در پاکستان می‌باشد (Khaliq و همکاران، ۲۰۱۱) و با استفاده از مواد مورد نیاز توسط دستگاه ترموسایکلر وارد واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز یا PCR با شرایط ذکر شده و تکثیر گردید.

MITOCF: 5’-GGCTTGAAAAGCCATTGTTG-3’
MITOCR: 5’-CCCCAAAGAGAAAAGGAACC-3’

مواد و میزان ترکیبات مورد نیاز جهت عملیات PCR: جهت انجام عملیات PCR در این مطالعه از بافر PCR به‌میزان ۱۸/۵ میکرولیتر، $dntp_s$: ۲/۵ میکرولیتر، $mgcl_2$: ۰/۵ میکرولیتر، پرایمرF: ۰/۷۵ میکرولیتر و پرایمر R: ۱ میکرولیتر، Taq pol: ۱ میکرولیتر، ddh_2o: ۰/۳ میکرولیتر و DNA: ۱ میکرولیتر استفاده گردید.

شرایط چرخه‌های PCR: مرحله آغاز چرخه‌های PCR با دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد و به‌مدت ۵ دقیقه شروع می‌گردد و در مرحله دناتوراسیون با همان دما و زمان ۴۵ ثانیه ادامه می‌یابد. مرحله بعدی یا مرحله اتصال دما ۵۸ درجه و زمان آن ۴۰ثانیه و مرحله گسترش یا طویل شدن دما ۷۲ درجه سانتی‌گراد و زمان ۸۰ ثانیه است، در آخرین مرحله که مرحله طویل شدن نهایی است دما ۷۲ درجه باقی می‌ماند ولی زمان آن ۵ دقیقه به‌طول می‌انجامد.

پس از تکثیر DNA، با روش الکتروفورز که توسط دستگاه الکتروفورز افقی انجام می‌شود محصول واکنش زنجیره‌ای

پلی‌مراز بر روی ژل آگارز ۲٪ قابل مشاهده می‌گردد. پس از مشاهده باند مورد نظر و آگاهی از درست بودن مراحل استخراج و PCR، محصولات تکثیر برای تعیین توالی ارسال گردیدند. در ابتدا با کمک نرم‌افزار SEQSCAPE توالی‌ها مورد ویرایش قرار گرفتند و با استفاده از اطلاعات ذخیره شده و نرم‌افزار MEGA۵ (یوسفی سیاه‌کلرودی، ۱۳۹۰) توالی‌ها هم‌آرایی گردیده و درخت هاپلوتایپی و جداول فاصله ژنتیکی ترسیم گردید. تعداد هاپلوتایپ‌ها مشخص و هاپلوتایپ‌های متداول‌تر را در منطقه شناسایی شدند. پس از ترسیم درخت هاپلوتایپی برای بررسی وضعیت و فراوانی هاپلوتایپ‌ها و هم‌چنین تایید نتایج قبل با کمک نرم‌افزار NETWORK به ترسیم یک شبکه هاپلوتایپی در میان نمونه‌ها شد (van Someren و همکاران، ۲۰۰۲).

بحث

براساس کار پژوهش کنونی برای اولین‌بار در ایران، توالی یک قسمت ۴۳۹ bp در قسمتی از ژن میتوکندری ناحیه D-LOOP در گونه جیرفتی (*Francolinus pondicerianus*) شناسایی گردیده و تنوع ژنتیکی آن مورد بررسی قرار گرفت.

این توالی از ۱۰ نمونه جیرفتی از ۲ استان هرمزگان و کرمان به‌دست آمد. در میان این ۱۰ نمونه مورد مطالعه با کمک نرم‌افزار MEGA۵ و NETWORK، ۶ هاپلوتایپ مشاهده شد که فرکانس هاپلوتایپ‌های مشاهده شده نیز در میان هاپلوتایپ‌ها متفاوت می‌باشد (جدول۲).

جدول۲ : تعداد، فراوانی و فرکانس هاپلوتایپ‌ها و مناطق پراکندگی آن

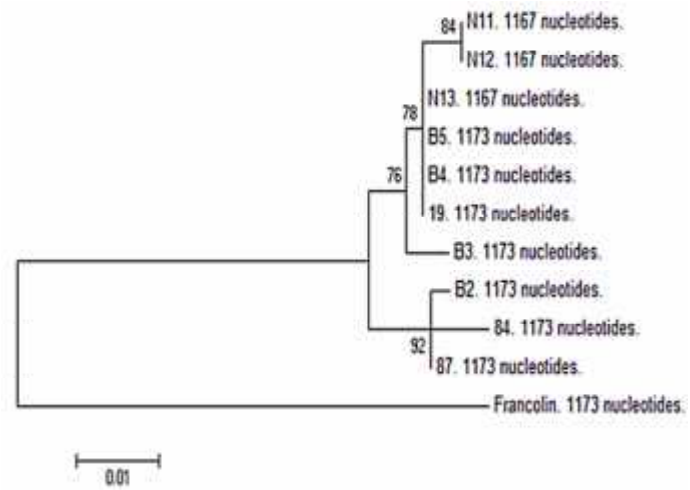
مناطق	نمونه H۱	فرکانس H۱	نمونه H۲	فرکانس H۲	نمونه H۳	فرکانس H۳	نمونه H۴	فرکانس H۴	نمونه H۵	فرکانس H۵	نمونه H۶	فرکانس H۶
بندر عباس					۸۴	٪۱۰	۸۷	٪۱۰				
میناب	۱۹	٪۱۰										
رودان	B۴ B۵	٪۲۰							B۲	٪۱۰	B۳	٪۱۰
جیرفت			N۱۱ N۱۲	٪۲۰								
کهنوج	N۱۳	٪۱۰										

متداول‌ترین هاپلوتایپ در میان این ۶ هاپلوتایپ H۱ می‌باشد که ۴ نمونه و هاپلوتایپ H۲ دو نمونه از کل۱۰ نمونه را شامل می‌شوند درحالی‌که از سایر هاپلوتایپ‌ها (H۳، H۴، H۵، H۶) تنها یک نمونه بیش‌تر مشاهده نگردید.

سه نمونه از نمونه‌های استان هرمزگان که در H۱ قرار گرفته‌اند از مناطق میناب و رودان و یک نمونه هم از استان کرمان از منطقه کهنوج به‌دست آمده‌اند. دو نمونه از نمونه‌های H۲ از استان کرمان از منطقه جیرفت تهیه گردیدند و سایر هاپلوتایپ‌ها از استان هرمزگان و از شهرستان‌های بندرعباس و رودان جمع‌آوری گردیدند. در میان جمعیت‌های مورد مطالعه در استان‌های کرمان و هرمزگان تنوع هاپلوتایپی نسبتاً بالایی مشاهده می‌شود که این بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در این مناطق است.

در این مطالعه برای بررسی جمعیت‌ها در میان نمونه‌ها درخت هاپلوتایپی حداکثر احتمال ترسیم شد (شکل۱). درخت حداکثر احتمال نشان می‌دهد که در این تحقیق ۲ جمعیت در منطقه دیده می‌شودکه نمونه‌های B۴، B۵، ۱۹، N۱۳، N۱۱،N۱۲ و B۳ با حداکثر احتمال ۷۶ از نمونه‌هایB۲، ۸۴ و ۸۷ با حداکثر احتمال ۹۲ از یکدیگر جدا شده‌اند. پس می‌توان نتیجه‌گیری کرد که جمعیت دوم فراوانی بیش‌تری را در مناطق نمونه‌برداری دارد. این درخت در بازسازی تاریخچه تکاملی تبارها به‌کار می‌رود و در این تحقیق نشان می‌دهد که نمونه‌های N۱۱، N۱۲ و B۳ افرادی هستند که از یک جد مشترک از

نمونه‌های B۴، B۵، ۱۹و N۱۳ منشعب شده‌اند و زمان این جدایی ژنتیکی مشخص نمی‌باشد. در خصوص جمعیت دیگر که شامل نمونه‌های ۸۴، ۸۷ و B۲ نیز می‌توان گفت که احتمال این وجود دارد که نمونه ۸۴ به تازگی دچار کمی تغییرات ژنتیکی شده و کمی از دو نمونه دیگر فاصله گرفته باشد ولی در کل این سه نمونه یک جمعیت مجزا را نشان داده که از جمعیت قبلی از یک جد مشترک منشاء یافته‌اند لیکن زمان این جدایی نسبتاً طولانی است.



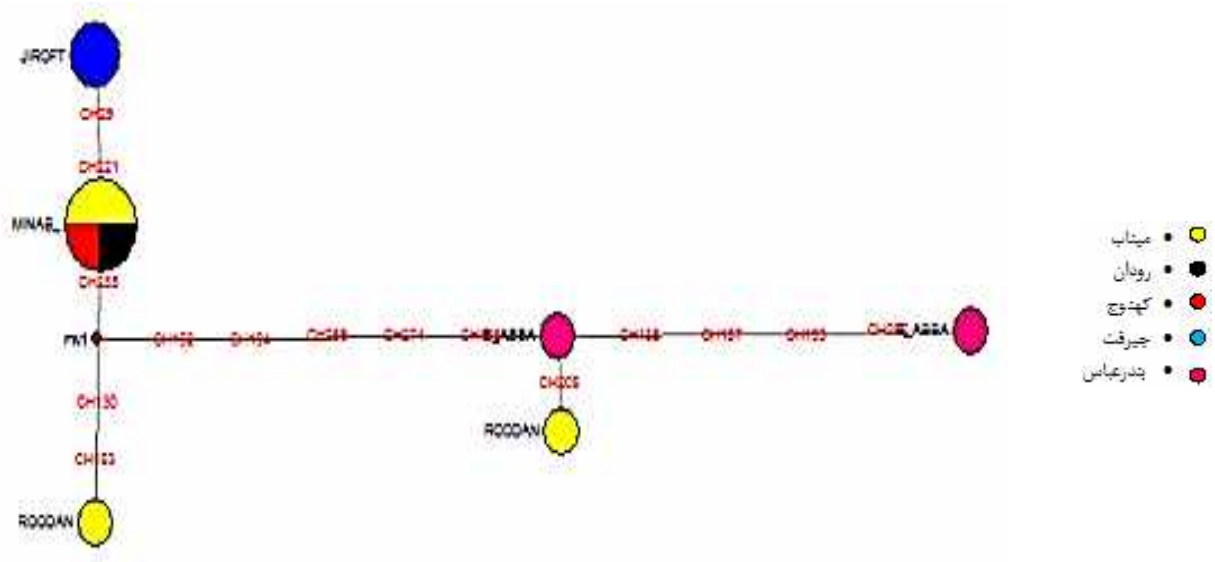
شکل۱: درخت هاپلوتایپی حداکثر احتمال در میان نمونه‌ها

پس از ترسیم درخت هاپلوتایپی فوق برای بررسی و مقایسه جمعیت‌ها در میان نمونه‌های موجود در کشور و سایر نمونه‌های توالی‌یابی شده در پاکستان و یا سایر کشورها که در سایت NCBI موجود است درخت هاپلوتایپی دیگری با روش حداکثر احتمال ترسیم گردید (شکل۲).

شکل۲: درخت هاپلوتایپی بررسی جایگاه نمونه‌ها با نمونه‌های جیرفتی پاکستان

در شکل فوق نمونه‌های این تحقیق با دایره‌های سبز رنگ در میان سایر نمونه‌های توالی‌یابی شده در پاکستان مشخص شده است. همان‌گونه که در شکل فوق مشخص است همه نمونه‌ها همانند نمونه‌های مورد مطالعه در ۲ جمعیت مستقل رده‌بندی شده‌اند که یکی از این جمعیت‌ها فراوانی بسیار بیش‌تری دارد و نمونه‌های این تحقیق در میان نمونه‌های پاکستان پراکنده است ولی هیچ‌گونه هاپلوتایپ مشترکی بین آن‌ها دیده نمی‌شود.

پس از ترسیم درخت هاپلوتایپی برای بررسی وضعیت و فراوانی هاپلوتایپ‌ها و هم‌چنین تایید نتایج قبل با کمک نرم-افزار NETWORK اقدام به ترسیم یک شبکه هاپلوتایپی در میان نمونه‌ها گردید (شکل۳).



شکل۳: شبکه هاپلوتایپی میان نمونه‌های مورد مطالعه

با کمک شبکه هاپلوتایپی فوق تعداد هاپلوتایپ‌ها و فراوانی آن در منطقه مورد مطالعه مشخص می‌گردد. در شبکه فوق تعداد دایره‌ها بیانگر تعداد هاپلوتایپ‌ها می‌باشد پس ۶ هاپلویید مشاهده می‌شود که هاپلوتایپ۱ یا H۱ شامل۴۰ درصد از کل هاپلوتایپ‌ها و هاپلوتایپ۲ یاH۲ شامل ۲۰ درصد از کل هاپلوتایپ‌ها بوده و سایر هاپلوتایپ‌ها یا H۳، H۴، H۵ و H۶ هر کدام ۱۰ درصد از کل هاپلوتایپ‌ها می‌باشند. پراکندگی H۱ مناطق میناب، رودان و کهنوج، پراکندگی H۲ منطقه جیرفت، H۳، H۴ بندر عباس و H۵ و H۶ شهرستان رودان می‌باشد.

مطالعات mtDNA توصیف مقدماتی ارزشمندی را از ساختار جمعیت تاریخچه جمعیت ارائه می‌دهد قسمتی از ناحیه D-LOOP که در این مطالعه ارزیابی گردید معمولاً برای ارزیابی تنوع و ساختار فیلوژنی DNA میتوکندریایی در ماکیان مورد استفاده قرار می‌گیرد (Mwacharo و همکاران، ۲۰۱۱؛ Muchadeyi و همکاران، ۲۰۰۸).

تعداد نمونه‌ها در این مطالعه به‌دلیل محدود بودن زمان نمونه‌برداری بسیار محدود بود و از طرفی دور از دسترس بودن محل پراکندگی این پرنده باعث گردید نمونه‌ها تنها از نمونه‌های صید شده توسط شکارچیان یا نمونه‌های زنده‌گیری شده توسط افراد محلی تهیه شود. عدم وجود آمار کافی از تعداد این پرندگان، تخمین جمعیت این پرنده را در نقاط مورد نمونه‌برداری مشکل نموده است.

همان‌طورکه در نتایج مشخص است این نمونه‌ها از مناطق میناب، رودان و بندرعباس از استان هرمزگان و کهنوج و جیرفت از استان کرمان به‌دست آمد و با توجه به تنوع بالای هاپلوتایپ‌ها میزان تنوع ژنتیکی نسبتاً بالا تخمین زده می‌شود گرچه با توجه به پایین بودن تنوع نوکلوتیدها هاپلوتایپ‌ها بسیار به‌هم نزدیک می‌باشند. براساس Avise (۱۹۹۸) اندازه جمعیت این گونه با توجه به بالا بودن تعداد هاپلوتایپ‌ها بزرگ ارزیابی می‌شود. میزان بالای هاپلوتایپ‌ها در میان نمونه‌ها مورد مطالعه بیانگر آن است که این پرندگان در معرض کاهش چشمگیر

جمعیت مانند اردک کله‌سفید (*Oxyura leucocephala*) نمی‌باشند (Munoz-Fuentes و همکاران، ۲۰۰۸).

نکته دیگری که از درخت هاپلوتایپی ترسیم شده می‌توان نتیجه‌گیری کرد این است که در بین این دو جمعیت در گذشته جریان ژنی وجود داشته است و هم‌اکنون نیز در منطقه رودان این دو جمعیت کنار هم دیده می‌شوند که می‌توان به این نکته پی برد که احتمال می‌رود در حال حاضر نیز جریان ژنی در میان این دو جمعیت وجود داشته باشد. ولی گونه جیرفتی به‌دلیل اهمیت خاصی که در منطقه دارد و به‌دلیل صدای زیبا و دست‌آموز بودن این پرنده در میان افراد محلی بسیار پرطرفدار است و در نتیجه بسیار توسط آن‌ها زنده‌گیری شده و در منطقه جابه‌جا می‌شود پس این احتمال که وجود دو جمعیت در کنار هم در منطقه رودان به‌دلیل جابه‌جایی‌های بشری باشد دور از ذهن نمی‌باشد.

به‌هر حال نزدیک بودن مناطق پراکندگی این گونه و عدم وجود منابع‌طبیعی صعب‌العبور احتمال وجود جریان ژنی را در میان این پرندگان تقویت می‌کند به‌هرحال جهت تایید و نتیجه‌گیری قطعی نیاز به مطالعات بیش‌تری در آینده می‌باشد.

این پرنده در ایران جزء گونه‌های حفاظت شده است و تا به امروز تعداد پرندگان صید شده توسط شکارچیان و افراد محلی توسط اداره کل حفاظت محیط‌زیست جهت تثبیت جمعیت تحت کنترل می‌باشد ولی افزایش شکارهای غیرمجاز می‌تواند باعث نگرانی درخصوص کاهش جمعیت گردد. بنابراین قوانین حفاظتی سختگیرانه‌تر جهت پیشگیری از این کاهش جمعیت در سالیان آتی مورد نیاز به‌نظر می‌رسد. ولی قبل از این‌که هر تصمیم حفاظتی بر روی گونه‌ای شروع شود باید اطلاعات پایه روی ساختار اصلی جمعیت در میان گونه موجود مشخص شود تا بهترین اثر را بر روی جمعیت گونه‌ها داشته باشد (Khaliq و همکاران، ۲۰۱۱).

مدیریت و حفاظت جمعیت‌های وحشی موجود در طبیعت باید براساس اطلاعات ساختار ژنتیکی آن‌ها صورت پذیرد (Allendorf و همکاران، ۲۰۰۷؛ Moritz، ۱۹۹۹) و از طرفی حفاظت جمعیت‌های مجزای یک گونه مشابه، میزان تنوع زیستی را بالا می‌برد و خطر انقراض را کاهش می‌دهد (Martin و همکاران، ۲۰۰۷؛ Waples، ۱۹۹۱). نابودی تنوع‌ژنتیکی بسیار برای گونه‌ها خطرناک می‌باشد زیراکه باعث کاهش توانایی گونه برای تطابق با تغییرات محیط‌زیست می‌شود (Frankham و همکاران، ۲۰۰۲).

نتیجه این تحقیق و تحقیقات مشابه می‌تواند پایه فهم بهتری از این گروه مهم از پرندگان(ماکیان) ایجاد کند و بر روی جمعیت آن‌ها با کنترل عواملی چون محدود کردن شکار یا جابه‌جایی‌های بی‌مورد در آینده تاثیرگذار باشد.

منابع

۱. **آلبوشوکه، س؛ طهمورث‌پور، م. و نصیری، م.، ۱۳۹۳.** شناسایی و توالی یابی ژن MT-COX1 در مرغ بومی خراسان. ژنتیک در هزاره سوم. سال ۱۲، شماره ۲، صفحات ۳۵ تا ۲۱.

۲. **علی‌آبادیان، م؛ علایی‌کاخکی، ن. و درویش، ج.، ۱۳۹۰.** رده بندی فیلوژنتیکی هم‌تافت گونهٔ جغد انباری (*Tyto alba* Scopoli, 1769) با استفاده از ژن میتوکندریایی (16S rRNA) : ارزیابی آرایه شناختی. تاکسونومی و بیوسیستماتیک. سال ۴، شماره ۱۱، صفحات ۱ تا ۱۲.

۳. **علی‌آبادیان، م؛ میرشمسی، ا. و یزدانی‌مقدم، ف.، ۱۳۹۱.** کارگاه آموزشی کاربرد مطالعات مولکولی DNA بارکدینگ در شناخت تنوع زیستی کشور. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد. صفحه ۲۴.

۴. **منصوری، ج.، ۱۳۹۲.** راهنمای پرندگان ایران. انتشارات کتاب فرزانه. تهران. ایران. ۵۲۸ صفحه.

۵. **یوسفی سیاه‌کلرودی، س.، ۱۳۹۰.** بررسی تنوع ژنتیکی آهوی گواتردار ایرانی (*Gazella subgutturosa*) مناطق حفاظت شده مند بوشهر و دیمه رامهرمز با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. فصلنامه محیط زیست جانوری. دوره ۳، شماره ۴، صفحات ۴۳ تا ۴۶.

6. **Aliabadian, M.; Kaboli, M.; Prodon, R.; Najman, V. and Vences, M., 2007.** Phylogeny of palaearctic wheatears (genus *oenanthe*) congruence between morphometric and molecular data. Molecular Phylogenetics and Evolution. Vol. 42, pp: 665-675.
7. **Allendorf, F.W. and Luikart, G., 2007**. Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing. pp: 13-15.
8. **Avise, J., 1998**. Phylogeography. HarvardUni.Press. pp: 332-333
9. **Frankham, R.; Ballou, B.D. and Briscoe, D.A., 2002.** Introduction to conservation genetics. Cambridge university press. 257 p.
10. **Friland, J., 2005.** Molocular ecology .Jahad university publishers, Mashhad .Iran. pp:67-44
11. **Khaliq, I.; Teresatejedor, M.; Monteagudo, L.V.; Riaz, M. and Khan, A., 2011**. Mitochondrial DNA diversity in Francolinus pondicerianus interpositus (greyfrancolin Grey Francolin, Galliformes) from Pakistan. Hereditas, Vol. 148, pp: 70-76
12. **Martin, J.; Kitchens, W. M. and Hines, J.E., 2007.** Importance of well designed monitoring programs for the conservation of endangered species: case study of the Snail Kite. Conserv. Biol. Vol. 21, pp: 472-481.

13. **Moritz, C., 1999**. Conservation units and translocation: strategies for conservation evolutionary process. Hereditas. Vol. 130, pp: 217-228.
14. **Muchadeyi, F.C.; Ending, H. and Simianer, H., 2008.** Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. Anim. Genet. Vol. 39, pp: 615-622
15. **Munoz-Fuentes, V.; Green, A.J. and Sorenson, M.D., 2008.** Comparing the genetics of wild and captive population of white-headed ducks *Oxyura leucocephala*: consequences for recovery programmes. Ibis.Vol. 150, pp: 807-815
16. **Mwacharo, J.M.; Bjqrnstad, G.; Mobegi, V.; Nomura, K.; Hanada, H.; AmanoJianlin, H. and Hanotte, O., 2011.** Mitochondrial DNA reveals multiple introductions of domestic chicken in East Africa. Molecular phylogenetics and Evolution. Vol. 58, pp: 374-382.
17. **Roberts, T.J., 1992**. The birds of Pakistan. Vol. I (Non-passerines). Oxford Univ. Press. 207 p.
18. **Van Someren, E; Wessels, L; Backer, E. and Reinders, M., 2002**. Genetic network modeling. Pharmaco genomics. Vol. 3, No. 4, pp: 507-25.
19. **Waples, R.S., 1991**. Pacific Salmon Oncorhynchus spp. And the definition of "Species" under the Endangered Species Act. Mar. Fish. Rev. Vol. 53, pp: 11-22.