

## ساختار جمعیتی و جایگاه تبارشناسی آهوی کوهی دره شوری (*Gazella gazelle*; Pallas, ۱۷۶۶) در منطقه حفاظت شده فارور با استفاده از DNA میتوکندری

- **مژده رام\***: اداره کل حفاظت محیط زیست استان هرمزگان، بندرعباس
- **حمید فرحمنند**: گروه شیلات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه تهران، صندوق پستی: ۱۴۱۵۵-۶۶۱۹
- **محمود کرمی**: گروه تنوع زیستی، دانشکده محیط زیست، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران، صندوق پستی: ۷۷۵-۱۴۵۱۵
- **جلیل ایمانی هرسینی**: گروه تنوع زیستی، دانشکده محیط زیست، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران، صندوق پستی: ۷۷۵-۱۴۵۱۵

تاریخ دریافت: خرداد ۱۳۹۵ تاریخ پذیرش: شهریور ۱۳۹۵

### چکیده

آهوی کوهی دره شوری متعلق به جنس آهو (*Gazella*) و گونه آهوی کوهی (*Gazella gazelle*) تاکنون تنها از منطقه حفاظت شده فارور واقع در خلیج فارس گزارش شده است. هدف از انجام این تحقیق، مطالعه تبارشناسی و تنوع ژنتیکی این آهوان با استفاده از ژن سیتوکروم b بوده است. ۱۰ نمونه بافت از تلفات ناشی از سیل از جزیره فارور در اسفند ماه سال ۱۳۸۹ جمع‌آوری شد و پس از استخراج DNA از نمونه‌ها، بخشی از ژن سیتوکروم b به طول ۴۱۴ جفت باز با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز تکثیر و توالی‌یابی شد. پس از ویرایش، عوامل ژنتیکی بین و درون جمعیتی مانند تنوع نوکلئوتیدی، تنوع هاپلوتایپی و فاصله ژنتیکی محاسبه شد و در نهایت درخت تبارشناسی و شبکه هاپلوتایپی این نمونه‌ها ترسیم شد. براساس نتایج درخت تبارشناسی و شبکه هاپلوتایپی آهوان جزیره فارور- آهوی کوهی دره شوری- یک کلاد مجزا از آهوی کوهی است و وجود تنها یک هاپلوتایپ در ۱۰ نمونه مورد مطالعه حاکی از تنوع ژنتیکی بسیار پایین این آهوان است که این امر می‌تواند نشانه‌ای از تنوع ژنتیکی کم یا به عبارتی یکنواختی ژنتیکی این جمعیت جزیره‌ای کوچک باشد.

**کلمات کلیدی:** آهوی کوهی، تبارشناسی، تنوع ژنتیکی، جزیره فارور، سیتوکروم b



## مقدمه

تنوع‌زیستی بر روی کره زمین به دلیل پیامدهای مستقیم و غیرمستقیم فعالیت انسان به سرعت در حال انقراض است. همان‌گونه که اندازه جمعیت‌های گیاهی و جانوری کاهش می‌یابد، کاهش تنوع ژنتیکی توانایی آن‌ها را برای سازش با تغییرات محیطی کاهش می‌دهد، بنابراین درون‌آمیزی و کاهش قدرت سازش‌پذیری پیامدهای غیرقابل اجتنابی برای اغلب گونه‌ها به دنبال دارد (Frankham و همکاران، ۲۰۱۰). مدیریت و حفاظت جمعیت‌های کوچک یکی از چالش‌های مهم در زمینه حفاظت از زیست‌مندان است. تنوع ژنتیکی، تولیدمثل موفق و توانایی رشد و نمو مجدد در جمعیت‌های کوچک کاهش می‌یابد و سطوح بالاتری از درون‌آمیزی را تجربه می‌کنند. جمعیت‌های کوچک نه تنها با مشکلات و محدودیت‌های ژنتیکی مندرج در سطور بالا مواجه می‌شوند و آسیب می‌بینند و بیش‌تر در معرض خطر انقراض قرار می‌گیرند، بلکه فرآیندهای تکاملی در جمعیت‌های کوچک به‌طور اساسی از جمعیت‌های بزرگ متفاوت است. تاکنون سه گونه آهو از ایران شامل آهوی ایرانی (*Gazella subgutturosa*، آهوی هندی (جبیر) *Gazella bennettii* و آهوی کوهی *Gazella gazelle* گزارش شده است (همامی، ۱۳۷۳). آهوان جزیره فارور متعلق به گونه *Gazella gazelle* هستند و نر و ماده آن‌ها کاملاً متمایز از یکدیگرند. آهوی کوهی دره شوروی، در سال ۱۹۸۶ تنها از جزیره فارور - زیستگاه انحصاری آن - واقع در خلیج فارس گزارش شده است (Karami و همکاران، ۱۹۹۲). مقایسه اندازه‌ها نشان داد که ابعاد جمجمه آهوان نر جزیره فارور ایران بسیار نزدیک به ابعاد جمجمه آهوان نر دو زیرگونه آهوی مسقطی (*Gzella gazelle muscatensis* و آهوی عربی (*Gzella gazelle dorca*) است. اما ابعاد جمجمه آهوان ماده فارور بسیار متفاوت از آهوان ماده این دو زیرگونه است (کرمی، ۱۳۷۲).

با توجه به تفاوت‌های ظاهری که در بین آهوهای موجود ایران مشاهده می‌شود و با توجه به نرخ کاهش و کوچکی اندازه اکثر این جمعیت‌ها، انجام مطالعات ژنتیکی و مورفولوژیکی به منظور شناسایی دقیق آن‌ها و اتخاذ صحیح اقدامات حفاظتی ضروری به نظر می‌رسد. در خصوص این گونه، مطالعات محدودی در ایران صورت گرفته است. همامی (۱۳۷۳)، وضعیت آرایه‌شناختی و انتشار آهوان ایران را مورد بررسی قرار داد. در این بررسی تعدادی از صفات زیست‌شناختی جمجمه‌های آهوی ایرانی و جبیر (طول جمجمه، طول شاخ، شکل استخوان‌های بینی و عرض کاسه سر) اندازه‌گیری گردید. براساس

نتایج گستره پراکندگی آهوی کوهی محدود به جزیره فارور در خلیج فارس است و از کویر مرکزی ایران به این جزیره منتقل نشده است و حداقل اندازه جمعیت پاینده برای آهوی ایرانی، ۲۰۰ رأس برآورد گردید. Karami و همکاران (۲۰۰۲)، به دلیل وجود ابهامات و اخبار نادرستی که در مورد سه گونه آهوی موجود در ایران وجود داشت، وضعیت رده‌بندی، توزیع، اکولوژی، تولیدمثل و حفاظت آهوهای ایرانی را مجدداً مورد بررسی قرار دادند و به این نتیجه رسیدند که آهوان ایرانی (*Gazella subgutturosa*) موجود در غرب رشته کوه زاگرس متفاوت از جمعیت شرقی است. جبیر (*Gazella benettii*) محدوده پراکنش کم‌تری داشته و سه زیرگونه کاملاً متمایز را شامل می‌شود. آهوی کوهی (*Gazella gazelle*) تنها از جزیره فارور در خلیج فارس گزارش شده است.

در بررسی تنوع ژنتیکی، داده‌های فنوتیپی با محدودیت‌هایی مواجه است هر چند با توجه به خصوصیات فنوتیپی می‌توان به ساختار و تنوع ژنتیکی یک جمعیت تا حدودی پی برد، اما با توجه به پیشرفت‌های جدید، ژنتیک حفاظت از اهمیت و کاربرد زیادی برای حفظ تنوع زیستی با شناخت روابط آرایه شناسی (Avisé، ۱۹۸۹) و تعیین ذخایر و گونه‌های حاصل از برنامه‌های تکثیر در اسارت برای معرفی مجدد در آینده دارد (DeSalle و Vogler، ۱۹۹۴). آهوان گروه بسیار متنوعی از پستانداران هستند که روابط تبارشناسی در این گروه بسیار ناشناخته است (Wacher و همکاران، ۲۰۱۱؛ Groves، ۱۹۹۷، ۱۹۸۹) و مطالعات ژنتیکی اندکی بر روی آن‌ها صورت گرفته است که تلاش‌های حفاظتی را مختل و با مشکل روبرو کرده است (Wacher و همکاران، ۲۰۱۱؛ Hammond و همکاران، ۲۰۰۱). لذا در این مطالعه سعی بر این است که ساختار جمعیتی و جایگاه تبارشناسی آهوان جزیره فارور برای اولین بار با استفاده از تعیین توالی نشانگر مولکولی میتوکندریایی سیتوکروم b مشخص گردد.

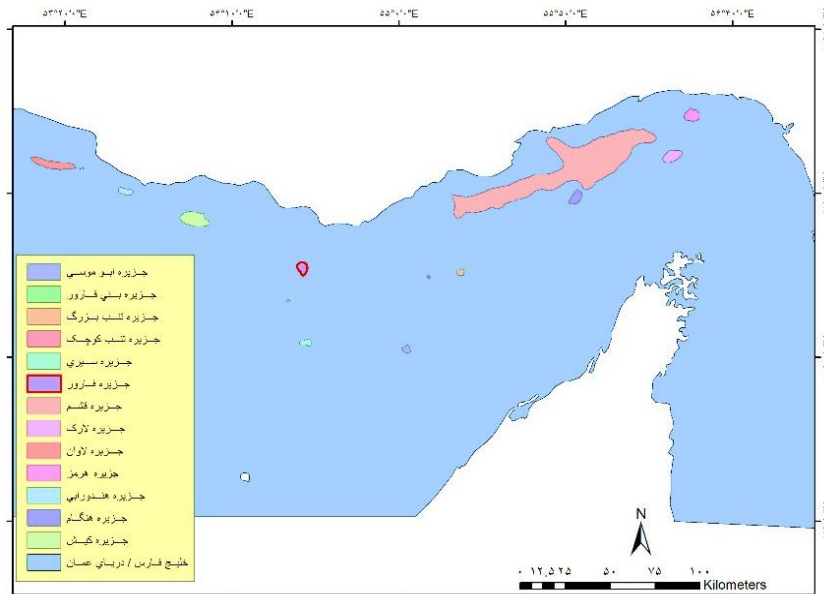
## مواد و روش‌ها

**منطقه مورد مطالعه:** جزیره فارور واقع در استان هرمزگان، تابع شهرستان ابوموسی و دهستان تنب است (شکل ۱). این جزیره در فاصله ۳۶ مایلی (۶۷ کیلومتر) شهرستان ابوموسی در فاصله ۱۴۱ مایلی (۲۶۲ کیلومتر) بندرعباس و ۵۷/۵ کیلومتری جزیره کیش و ۲۴ مایلی (۴۵ کیلومتر) شهر بندرلنگه قرار گرفته است. فاصله آن تا نزدیک‌ترین نقطه پهنه خشکی کشور (رأس بستانه) در حدود ۲۲ کیلومتر است. این جزیره ارزشمند و زیبا با ۲۸۴۸ هکتار مساحت در



منطقه حفاظت‌شده تحت مدیریت سازمان حفاظت محیط زیست قرار گرفت. هم‌چنین این منطقه توسط سازمان بین‌المللی حیات پرندگان (Birdlife international) به‌عنوان یکی از مناطق مهم تجمع پرندگان (IBA) شناسایی شده است.

مختصات جغرافیایی (۲۹° ۵۴' تا ۳۳° ۵۴') طول شرقی و (۱۵° ۲۶' تا ۱۹° ۲۶') عرض شمالی در فاصله ۲۲ کیلومتری کرانه جنوبی ایران و بین جزیره کیش در غرب، جزیره تنب در شرق، بندرستانه در شمال و جزایر سیری و ابوموسی در جنوب و جنوب‌شرقی واقع شده است. این جزیره از سال (۱۹۷۹ میلادی) ۱۳۵۸ شمسی به‌عنوان



شکل ۱: نقشه جزیره فارور، تنها زیستگاه آهوی کوهی دره شوری و مکان نمونه‌برداری

ثانیه، مرحله بسط در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۶۰ ثانیه و در پایان مرحله بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد. حجم واکنش ۲۵ میکرولیتر و ترکیب آن شامل یک میکرولیتر DNA، ۰/۵ واحد آنزیم Taq پلی‌مراز، ۰/۷ میکرولیتر dNTPs ۱۰ میلی مولار، ۱/۳ میکرولیتر  $MgCl_2$  ۲۵ میلی مولار، یک میکرولیتر از هر آغازگر ۱۰ پیکومولار، ۲/۵ میکرولیتر بافر  $10\times$  و ۱۸ میکرولیتر آب دو بار تقطیر بود. به‌منظور تأیید تکثیر ناحیه موردنظر طی واکنش‌های PCR الکتروفورز محصولات به‌دست آمده روی ژل آگارز ۲٪ با رنگ‌آمیزی GEL RED صورت گرفت و توسط دستگاه مستندساز تصویر آن ثبت شد. پس از اطمینان از تکثیر و عدم وجود آلودگی، مقدار ۲۰ میکرولیتر از محصول PCR به‌منظور خالص‌سازی و تعیین توالی تمام نمونه‌ها به آزمایشگاه Source Bio Science کشور انگلستان ارسال شد. نمونه‌ها با استفاده از دستگاه PEQLAB ۷۰۲۱۰E به‌روش خودکار توالی‌یابی شد. فاصله ژنتیکی آهوان جزیره فارور با برخی دیگر از آهوان براساس مدل (Kiamura-۲-parameter) محاسبه شد.

#### جمع‌آوری نمونه، استخراج DNA، چرخه PCR و توالی‌یابی:

۱۰ نمونه بافت از پوست آهوان تلف شده بر اثر سیل در جزیره فارور جمع‌آوری و در الکل ۹۶٪ تثبیت شد (جدول ۱). DNA نمونه‌ها پس از انتقال به آزمایشگاه ژنتیک مرکز منطقه‌ای خلیج فارس و دریای عمان با استفاده از روش فنل-کلروفرم استخراج شد. پس از تأیید کیفیت DNA استخراجی با روش باندگیری در ژل آگارز ۱٪ با الکتروفورز افقی قسمتی از ژن سیتوکروم b به طول ۴۱۴ جفت‌باز توسط پرایمرهای (۳'-CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG-۵') و (۳'-AAACTGCAGCCCTCAGAATGATATTGTCTCA-۵') (Irwin و همکاران، ۱۹۹۱؛ Kocher و همکاران، ۱۹۸۹) تکثیر شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) در دستگاه ترموسایکلر PEQLAB ۷۲۱۰E به‌شرح زیر انجام گرفت:

واشرشت‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، واشرشت‌سازی در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۶۰ ثانیه، اتصال آغازگرها در دمای ۵۳ درجه سانتی‌گراد و به مدت ۶۰



بین هاپلوتایپ‌ها و ترسیم شبکه هاپلوتایپی با استفاده از منطق اتصال میانه و نرم‌افزار Network ۴/۶/۱/۳ انجام گرفت (Bandelt و همکاران، ۱۹۹۹).

## نتایج

تحلیل داده‌ها با استفاده از توالی ۴۱۴ جفت باز ژن سیتوکروم b نشان داد که تمامی جایگاه‌های موجود جایگاه حفاظت شده بوده و جایگاه چندشکلی<sup>۹</sup> در این نمونه‌ها شناسایی نشد. فراوانی هر کدام از نوکلئوتیدها مطابق جدول ۲ برآورد گردید. آدنین (۳۱/۶۴٪) و سیتوزین (۱۴/۴۹٪) به ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین فراوانی نوکلئوتیدها تشکیل دادند. میزان جانشینی نوع اول (جانشینی بازهای پورین A-G با یکدیگر و جانشینی بازهای پیریمیدین C-T با یکدیگر) و جانشینی نوع دوم (جانشینی بازهای پورین و پیریمیدین با یکدیگر) در جدول ۳ ارائه شده است.

جدول ۲: فراوانی نوکلئوتیدها در نمونه‌های آهوی کوهی دره شوری

فراوانی نوکلئوتید (برحسب درصد)	نوکلئوتید
۲۶/۵۷	تیمین
۱۴/۴۹	سیتوزین
۳۱/۶۴	آدنین
۲۷/۲۹	گوانین

جدول ۳: تخمین الگوی جانشینی نوکلئوتیدی در نمونه‌های آهوی کوهی دره شوری

کوهی دره شوری				
نوکلئوتید	A	T	C	G
A	-	۸/۸۶	۹/۱	۴/۸۳
T	۱۰/۵۵	-	۹/۱	۴/۸۳
C	۱۰/۵۵	۸/۸۶	-	۴/۸۳
G	۱۰/۵۵	۸/۸۶	۹/۱	-

اعداد پررنگ نشان‌دهنده نرخ جانشینی نوع اول و سایر اعداد نشان‌دهنده نرخ جانشینی نوع دوم هستند.

جدول ۱: مشخصات نمونه‌های به‌دست آمده

کد موزه‌ای نمونه	شماره دسترسی در NCBI
G-gda ۲۵۰۰۶	KF۴۲۰۶۹ *
G-gda ۲۵۰۰۷	KF۴۲۰۷۰ *
G-gda ۲۵۰۰۸	KF۴۲۰۷۱ *
G-gda ۲۵۰۲۱	KF۴۲۰۷۲ *
G-gda ۲۵۰۲۴	KF۴۲۰۷۳ *
G-gda ۲۵۰۲۶	KF۴۲۰۷۴
G-gda ۲۵۰۲۷	KF۴۲۰۷۵
G-gda ۲۵۰۲۸	KF۴۲۰۷۶
G-gda ۲۵۰۲۹	KF۴۲۰۷۷
G-gda ۲۵۰۴۷	KF۴۲۰۷۸

## تجزیه و تحلیل داده‌ها: توالی‌های دریافت شده در ابتدا توسط

SeqScape ۲/۶ بررسی و خطاهای موجود اصلاح گردید (Applied Biosystems). سپس با استفاده از نرم‌افزار ۵/۲/۷ BioEdit و الگوریتم Clustalw توالی‌ها هم‌ردیف شدند (Thompson و همکاران، ۱۹۹۴). برای تعیین فاصله ژنتیکی بین نمونه‌ها، فراوانی بازهای مختلف و تعیین میزان جانشینی‌های نوع اول و دوم توسط نرم‌افزار MEGA ۵/۳ و با ۱۰۰۰۰ تکرار انجام گردید (Tamura و همکاران، ۲۰۱۱). تعیین تعداد هاپلوتایپ‌ها، جایگاه‌های چندشکلی با استفاده از نرم‌افزار DNAsp ۵/۰۱ تخمین زده شد (Librado و Rozas، ۲۰۰۹).

پس از اضافه کردن نمونه‌های مربوط به سایر گونه‌های جنس غزال، برای تعیین بهترین مدل جانشینی نوکلئوتیدی از نرم‌افزار JModelTest ۲/۱/۵ و دو آماره<sup>۱</sup> AIC و<sup>۲</sup> BIC استفاده شد (Posada، ۲۰۰۸). سپس با توجه به مدل انتخاب شده از نرم‌افزار ۳،۱ Phylm برای ترسیم درخت حداکثر درست‌نمایی<sup>۳</sup> (Guindon و Gascuel، ۲۰۰۳) و از نرم‌افزار ۳،۲،۲ MrBayes برای ترسیم درخت بی‌زین استفاده شد (Huelsenbeck و Ronquist، ۲۰۰۱). تحلیل‌های بی‌زین براساس چرخه زنجیره مارکوف<sup>۴</sup> با ۵ میلیون تکرار و فراوانی نمونه<sup>۵</sup> ۱۰۰ انجام شد. درخت‌های بی‌زین و حداکثر درست‌نمایی به‌وسیله برون‌گروه<sup>۶</sup> *Ovis vignei* ریشه‌دار شدند. در نهایت درخت‌های ترسیم شده به‌وسیله قانون اکثریت<sup>۷</sup> یک‌پارچه<sup>۸</sup> شدند. برای بررسی ارتباط

<sup>۱</sup> Outgroups

<sup>۲</sup> Majority- rule

<sup>۳</sup> Consensus

<sup>۴</sup> Polymorphic site

<sup>۱</sup> Akaike information criterion

<sup>۲</sup> Bayesian information criterion

<sup>۳</sup> Maximum Likelihood

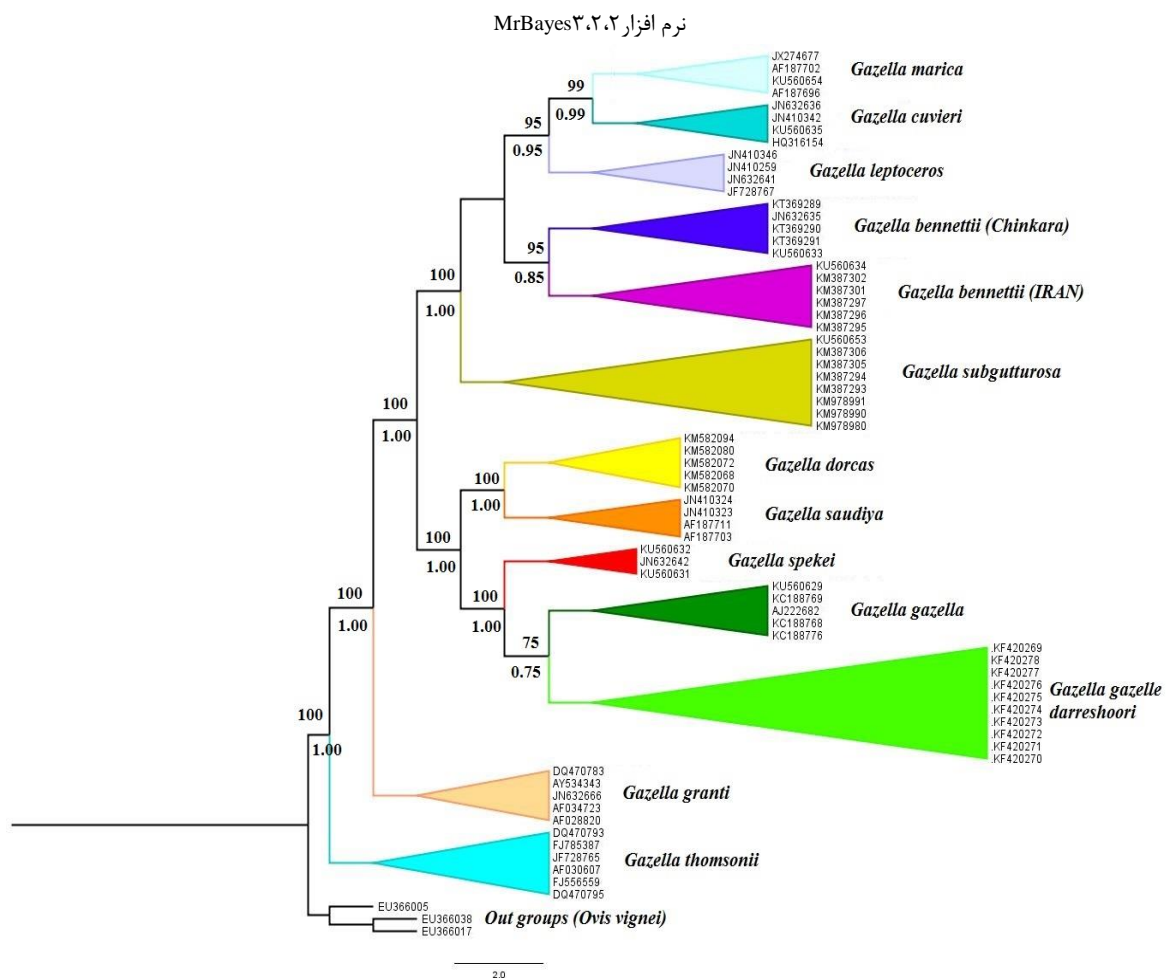
<sup>۴</sup> Markov chain Monte Carlo

<sup>۵</sup> Sample frequency



جزیره فارور از سایر جمعیت‌های این گونه با احتمال پسین<sup>۱۲</sup> برابر ۰/۷۵ و بیشینه درست نمائی ۷۵ از یکدیگر جدا شدند (شکل ۲). هم‌چنین نمونه‌های مورد مطالعه از سایر گونه‌ها با بیشینه درست نمائی ۱۰۰ و احتمال پسین برابر با یک جدا شده و به‌خوبی از سایر گونه‌ها متمایز شدند. هم‌چنین نتایج تحلیل شبکه هاپلوتایپی جدایی نمونه‌های آهوی کوهی فارور از سایر نمونه‌های موجود از این جنس را تأیید نمود و نشان داد که تمامی نمونه‌های جزیره فارور مربوط به یک هاپلوتایپ بوده و از سایر هاپلوتایپ‌های این گونه با ۷ جهش از یکدیگر جدا می‌شوند (شکل ۳).

آهوان جزیره فارور بیش‌ترین فاصله را با آهوی گرنت (*G. granti*) معادل ۰/۰۸۸ و کم‌ترین فاصله را با آهوی کوهی (*Gazella gazelle*) معادل ۰/۰۱۸ دارد که بیانگر نزدیکی این جمعیت از آهوان به گونه آهوی کوهی است (جدول ۴).  
براساس نتایج آزمون معیارهای اطلاعات بیزین (BIC)<sup>۱۱</sup> و اطلاعات آکایکه (AIC)<sup>۱۱</sup>، مدل HKY+G ( $G = 0.20$ ) به‌عنوان بهترین مدل تکاملی نوکلئوتیدی برای توالی‌های مورد نظر شناسایی شد. توپولوژی درخت‌های تبارشناسی بیزین و تحلیل محتمل‌ترین درخت بر مبنای مدل تکاملی یکسان بوده و نشان داد که آهوان کوهی



شکل ۲: درخت تبارشناسی آهوی کوهی دره شوری در بین سایر گونه‌های آهو با استفاده از دو روش بیزین و تحلیل محتمل‌ترین درخت (توپولوژی یکسان)

اعداد پایین نمایانگر احتمال پسین حاصل از درخت بیزین و اعداد بالا مربوط به شاخص بیشینه درست نمائی حاصل از تحلیل محتمل‌ترین درخت است.

<sup>۱۲</sup> posterior probability

<sup>۱۱</sup> Bayesian information criterion

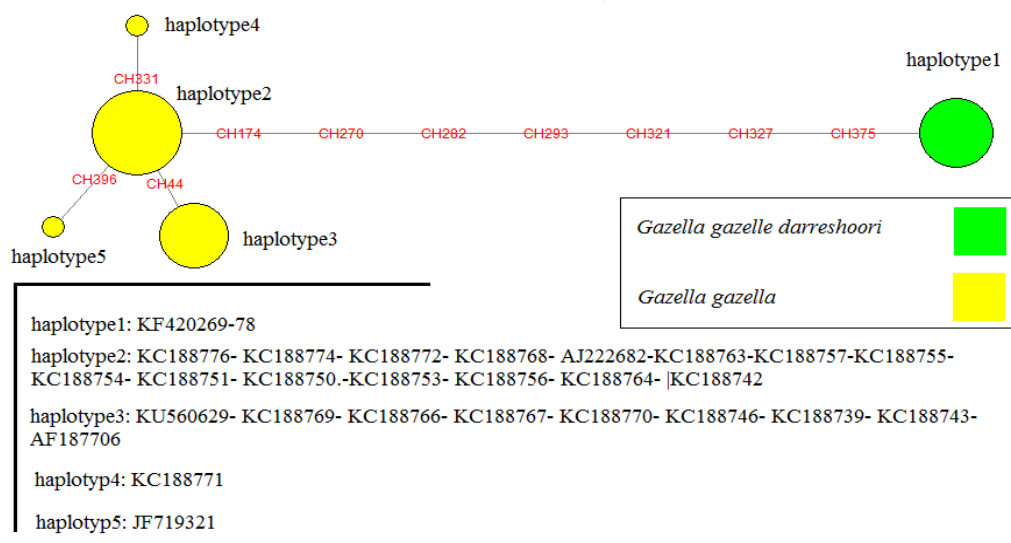
<sup>۱۱</sup> Akaike information criterion



جدول ۴: فاصله ژنتیکی بین آهوی کوهی دره شوری و سایر گونه‌های آهو/MEGA.۵

<i>G. thomsoni</i>	<i>G. leptoceros</i>	<i>G. granti</i>	<i>G. spekei</i>	<i>G. cuvieri</i>	<i>G. dorcas</i>	<i>G. saudiya</i>	<i>G. bennettii</i>	<i>G. marica</i>	<i>G. subgutturosa</i>	<i>G. g. darreshoori</i>	<i>G. gazella</i>
۰/۰۱۵	۰/۰۱۱	۰/۰۱۴	۰/۰۰۶	۰/۰۱۲	۰/۰۱۰	۰/۰۱۰	۰/۰۱۰	۰/۰۱۴	۰/۰۱۲	۰/۰۰۰۷	<i>G. gazella</i>
۰/۰۱۵	۰/۰۱۲	۰/۰۱۶	۰/۰۰۷	۰/۰۱۲	۰/۰۱۱	۰/۰۱۱	۰/۰۱۰	۰/۰۱۴	۰/۰۱۲		۰/۰۱۸ <i>G. g. darreshoori</i>
۰/۰۱۴	۰/۰۱۲	۰/۰۱۴	۰/۰۰۹	۰/۰۱۱	۰/۰۱۳	۰/۰۱۲	۰/۰۰۹	۰/۰۱۲		۰/۰۴۸	۰/۰۵۲ <i>G. subgutturosa</i>
۰/۰۱۷	۰/۰۰۶	۰/۰۱۶	۰/۰۱۲	۰/۰۰۵	۰/۰۱۱	۰/۰۱۳	۰/۰۱۰		۰/۰۵۳	۰/۰۶۵	۰/۰۶۱ <i>G. marica</i>
۰/۰۱۵	۰/۰۰۹	۰/۰۱۳	۰/۰۰۸	۰/۰۰۸	۰/۰۱۰	۰/۰۱۲		۰/۰۳۵	۰/۰۳۰	۰/۰۴۳	۰/۰۳۹ <i>G. bennettii</i>
۰/۰۱۴	۰/۰۱۲	۰/۰۱۵	۰/۰۰۹	۰/۰۱۲	۰/۰۰۶		۰/۰۴۹	۰/۰۶۳	۰/۰۵۷	۰/۰۴۴	۰/۰۴۲ <i>G. saudiya</i>
۰/۰۱۳	۰/۰۱۱	۰/۰۱۵	۰/۰۰۸	۰/۰۱۱		۰/۰۱۵	۰/۰۴۸	۰/۰۶۰	۰/۰۶۲	۰/۰۴۶	۰/۰۴۴ <i>G. dorcas</i>
۰/۰۱۶	۰/۰۰۳	۰/۰۱۴	۰/۰۱۰		۰/۰۵۲	۰/۰۵۵	۰/۰۲۵	۰/۰۱۳	۰/۰۴۱	۰/۰۵۲	۰/۰۴۷ <i>G. cuvieri</i>
۰/۰۱۴	۰/۰۰۹	۰/۰۱۵		۰/۰۳۷	۰/۰۳۱	۰/۰۳۴	۰/۰۳۱	۰/۰۵۰	۰/۰۳۶	۰/۰۲۱	۰/۰۱۹ <i>G. spekei</i>
۰/۰۱۴	۰/۰۱۴		۰/۰۸۹	۰/۰۹۳	۰/۰۹۳	۰/۰۹۱	۰/۰۸۸	۰/۰۹۸	۰/۰۹۱	۰/۰۸۸	۰/۰۷۹ <i>G. granti</i>
۰/۰۱۶		۰/۰۹۳	۰/۰۳۸	۰/۰۰۸	۰/۰۵۳	۰/۰۵۷	۰/۰۳۲	۰/۰۲۰	۰/۰۴۸	۰/۰۵۴	۰/۰۴۹ <i>G. leptoceros</i>
	۰/۱۰۲	۰/۰۸۶	۰/۰۷۳	۰/۱۰۱	۰/۰۸۲	۰/۰۸۱	۰	۰/۱۱۱	۰/۰۸۲	۰/۰۷۲	۰/۰۷۶ <i>G. thomsonii</i>

نرم افزار ۴.۶.۱.۳ Network



شکل ۳: شبکه هاپلوتایپی نمونه‌های آهوی کوهی دره شوری و سایر نمونه‌های آهوی کوهی موجود در ژن بانک



## بحث

حفاظتی مناسب، جهت تأمین بقاء این آهوان پیش‌بینی، طراحی و اجرا گردد.

براساس نتایج درخت تبارشناسی و شبکه هاپلوتایپی وجود تنها یک هاپلوتایپ در ۱۰ نمونه مورد مطالعه حاکی از تنوع ژنتیکی بسیار پایین این آهوان است که با توجه به جزیره‌ای بودن زیستگاه انحصاری آهوان مذکور، امکان تبادل ژنی با سایر جمعیت‌ها وجود ندارد. افزون بر این، با واگذاری این جزیره به منطقه آزاد و حضور نیروی دریایی سپاه که منجر به توسعه ساخت و ساز و کاهش وسعت زیستگاه طبیعی این گونه خواهد شد؛ پیشنهاد می‌گردد ضمن انجام مطالعه برای یافتن زیستگاه طبیعی دیگر، اقدام لازم به منظور تکثیر در اسارت آن نیز به عمل آید.

## تشکر و قدردانی

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند که از تمام بزرگوارانی که امکان انجام این مطالعه در تمام مراحل نمونه‌برداری، آزمایشگاهی و نگارش را فراهم نمودند سپاسگزاری نمایند.

## منابع

۱. احمدی، ف.، ۱۳۸۷. مدیریت و نگهداری و پرورش آهو در محیط‌های طبیعی، نیمه‌طبیعی، محصور و باغ وحش‌ها. انتشارات پرتو واقعه. ۲۱۷ صفحه.
۲. رام، م.، ۱۳۹۱. بررسی ساختار جمعیتی آهوی کوهی (*Gazella gazella*) در منطقه حفاظت شده فارور با استفاده از mtDNA پان-نامه کارشناسی‌ارشد. دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران. ۹۱ صفحه.
۳. ضیایی، ه.، ۱۳۸۸. راهنمای صحرایی پستانداران ایران. انتشارات کانون آشنایی با حیات وحش. تهران. ۴۳۲ صفحه.
۴. کرمی، م.، ۱۳۷۲. تجزیه و تحلیل چندوردایی و آمار توصیفی ابعاد مجمله آهوی کوهی (*Gazella gazella*) جزیره فارور ایران. مجله منابع طبیعی ایران. شماره ۴۶. صفحات ۹۵ تا ۱۰۰.
۵. همای، م.، ۱۳۷۳. بررسی وضعیت آرایه شناختی و انتشار آهوان ایران. پایان‌نامه کارشناسی‌ارشد. دانشگاه تهران. ۷۵ صفحه.
۶. Avise, J.C., ۱۹۸۹. A role for molecular genetics in the recognition and conservation of endangered species. Trends in Ecology & Evolution. Vol. ۴ No. ۹, pp: ۲۷۹-۲۸۱.
۷. Bandelt, H.J.; Forster, P. and Röhl, A., ۱۹۹۹. Median joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular biology and evolution. Vol. ۱۶, No. ۱, pp: ۳۷-۴۸.
۸. Fadakar, D.; Rezaei, H.; Naseri, M.; Mirzakhah, M.; Naderi, S. and Zamani, W., ۲۰۱۳. Phylogenetic analysis of Persian Gazella, *Gazella subgutturosa* (Artiodactyla: Bovidae)

در این مطالعه قطعه‌ای به طول ۴۱۴ جفت باز از نشانگر مولکولی میتوکندریایی سیتوکروم b مورد بررسی قرار گرفت و مشاهده شد این جمعیت یک کلاد از آهوی کوهی است. وجود ۱ هاپلوتایپ در ۱۰ نمونه از -۲۳۰ رأس- این آهوان مبین تنوع ژنتیکی کم یا به عبارتی یکنواختی ژنتیکی این جمعیت است.

براساس نتایج به دست آمده فاصله ژنتیکی بین آهوان جزیره فارور با جبیر، آهوی گواتردار و آهوی کوهی به ترتیب معادل ۰/۰۴۳، ۰/۰۴۸ و ۰/۰۱۸ است و این فواصل نشان‌دهنده نزدیکی بیش‌تر این آهوان به گونه آهوی کوهی است. فاصله ژنتیکی آهوان فارور با گونه‌های آهو موجود در ایران موید نتایج مطالعه همایی و همکاران (۱۳۷۳) است که نشان داده‌اند گستره پراکندگی آهوی کوهی محدود به جزیره فارور در خلیج فارس است و از کویر مرکزی ایران به این جزیره منتقل نشده است.

مطالعه ژنتیکی بر روی این گونه از آهوان ایران و تحقیقات ژنتیکی انجام شده بر روی آهوان جزایر خلیج فارس و دشت‌های شمالی آن و بخش‌های داخلی ایران نشان دادند تنها آهوی کوهی ایران در جزیره فارور دیده می‌شود و از دیگر جزایر خلیج فارس یا بخش‌های داخلی ایران به منطقه حفاظت‌شده فارور منتقل نشده است (Fadakar و همکاران، ۲۰۱۳؛ رام، ۱۳۹۱).

براساس نتایج حاصل از این مطالعه و نتایج مطالعه محققان دیگر بر روی آهوان بخش‌های مختلف ایران، نظریه Karami و Groves (۱۹۹۳) که جمعیت آهوان جزیره فارور یک زیرگونه مجزا از گونه آهوی کوهی با نام آهوی کوهی دره‌شوری، *Gazella gazella dareshourii* می‌دانستند تأیید می‌شود (Karami و همکاران، ۱۹۹۲). شاید این تنوع کم ژنتیکی ناشی از مرگ و میر حدود ۳۰۰ رأس از ۳۵۰ رأس این آهوان در سال ۱۳۶۲ باشد (ضیایی، ۱۳۸۷). آخرین آمار این آهوان حدود ۶۳۵ رأس برآورد شده است (آمار سرشماری اداره کل حفاظت محیط زیست هرمزگان، ۱۳۹۴). این آهوان به دلیل قرار گرفتن در جزیره و مرگ و میر بیش از سه چهارم جمعیت و وضعیت کنونی پدیده "گردنه بطری" را تجربه کرده‌اند. شاید بتوان گفت تنوع ژنتیکی جمعیت در سال ۱۳۶۲ و قبل از آن رضایت‌بخش بوده که این جمعیت توانسته‌اند دوباره احیاء شوند. اما نکته بسیار مهم تنوع ژنتیکی بسیار کم آن در حال حاضر است که احتمالاً ناشی از درون آمیزی و جزیره‌ای بودن این جمعیت باشد. بنابراین ضروری است که مطالعه ژنتیکی براساس طول قطعه بلندتر این ژن و ژن‌های دیگر صورت گیرد و براساس مطالعات ژنتیکی تکمیلی اقدامات



- based on cytochrome b in central Iran. *Molecular Biology Research Communications*. Vol. ۲, No. ۴, pp: ۱۵۱-۱۵۹.
۹. **Frankham, R.; Ballou, J.D. and Briscoe, D.A., ۲۰۱۰.** Introduction to Conservation Genetics: Cambridge University Press. ۱۳۸ p.
  ۱۰. **Guindon, S. and Gascuel, O., ۲۰۰۳.** A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic biology*. Vol. ۵۲, No. ۵, pp: ۶۹۶-۷۰۴.
  ۱۱. **Hammond, R.L.; Macasero, W.; Flores, B.; Mohammed, O.B.; Wachter, T. and Bruford, M.W., ۲۰۰۱.** Phylogenetic reanalysis of the Saudi gazelle and its implications for conservation. *Conservation Biology*. Vol. ۱۵, No. ۴, pp: ۱۱۲۳-۱۱۳۳.
  ۱۲. **Huelsenbeck, J.P. and Ronquist, F., ۲۰۰۱.** MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*. Vol. ۱۷, No. ۸, pp: ۷۵۴-۷۵۵.
  ۱۳. **Irwin, D.M.; Kocher, T.D. and Wilson, A.C., ۱۹۹۱.** Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal of molecular evolution*. Vol. ۳۲, No. ۲, pp: ۱۲۸-۱۴۴.
  ۱۴. **Karami, M.; Groves, C.; Spitz, F.; Janeau, G.; Gonzalez, G. and Aulagnier, S., ۱۹۹۲.** A mammal species new for Iran: *Gazella gazella* Pallas, ۱۷۶۶ (Artiodactyla, Bovidae). *Ongulés/Ungulates*. Vol. ۹۱, pp: ۳۶۱-۳۶۴.
  ۱۵. **Karami, M.; Hemami, M.R. and Groves, C.P., ۲۰۰۲.** Taxonomic, distributional and ecological data on gazelles in Iran. *Zoology in the Middle East*. Vol. ۲۶, No. ۱, pp: ۲۹-۳۶.
  ۱۶. **Kocher, T.D.; Thomas, W.K.; Meyer, A.; Edwards, S.V.; Pääbo, S.; Villablanca, F.X. and Wilson, A.C., ۱۹۸۹.** Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. Vol. ۸۶, No. ۱۶, pp: ۶۱۹۶-۶۲۰۰.
  ۱۷. **Librado, P. and Rozas, J., ۲۰۰۹.** DnaSP v۵: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*. Vol. ۲۵, No. ۱۱, pp: ۱۴۵۱-۱۴۵۲.
  ۱۸. **Posada, D., ۲۰۰۸.** J Model Test: phylogenetic model averaging. *Molecular biology and evolution*. Vol. ۲۵, No. ۷, pp: ۱۲۵۳-۱۲۵۶.
  ۱۹. **Tamura, K.; Peterson, D.; Peterson, N.; Stecher, G.; Nei, M. and Kumar, S., ۲۰۱۱.** MEGA۵: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular biology and evolution*. Vol. ۲۸, No. ۱۰, pp: ۲۷۳۱-۲۷۳۹.
  ۲۰. **Thompson, J.D.; Higgins, D.G. and Gibson, T.J., ۱۹۹۴.** CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research*. Vol. ۲۲, No. ۲۲, pp: ۴۶۷۳-۴۶۸۰.
  ۲۱. **Vogler, A.P. and Desalle, R., ۱۹۹۴.** Diagnosing units of conservation management. *Conservation Biology*. Vol. ۸, No. ۲, pp: ۳۵۴-۳۶۳.
  ۲۲. **Wachter, T.; Wronski, T.; Hammond, R.L.; Winney, B.; Blacket, M.J.; Hundertmark, K.J.; Mohammed, O.B.; Omer, S.A.; Macasero, W. and Lerp, H., ۲۰۱۱.** Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA sequences reveals polyphyly in the goitred gazelle (*Gazella subgutturosa*). *Conservation Genetics*. Vol. ۱۲, No. ۳, pp: ۸۲۷-

