جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مقاله پژوهشی

بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های گون سفید (Astragalus gossypinus Fisher) در استان اصفهان

زهرا دهدشتیان[۱]، محمدرضا وهابی[۱]، محمد فضیلتی[۲]، کامران قائدی[۳و۴]*، احمد سلامیان[۴]

۱- گروه مرتع و آبخیزداری، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان
۲- گروه بیوشیمی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران
۳- گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان، اصفهان
۴- گروه مهندسی ژنتیک، مرکز تحقیقات علوم سلولی، پژوهشکده زیست فناوری جهاد دانشگاهی، پژوهشگاه رویان، اصفهان

چکیده

کشور ایران خاستگاه اصلی و یکی از مراکز مهم تنوع گونه‌های گون می باشد. گونه گون سفید (Astragalus gossypinus)، که مولد کتیرا است به خانواده پروانه‌آسا (Papilionaceae) تعلق دارد و عمدتا در قاره آسیا انتشار دارد. ارتفاعات البرز و زاگرس مهمترین رویشگاه‌های گون‌های مولد کتیرا در ایران هستند. رویشگاه‌های گون در استان اصفهان حدود ۳۱/۳ درصد از سطح این استان را تشکیل می‌دهند. گون سفید از نظر ریخت شناسی و اکولوژیکی بررسی شده است. در این تحقیق خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌های گون سفید در گون زارهای غرب استان اصفهان بررسی و مقایسه می‌شود، از این مقایسه می توان در اصلاح نژاد، تولید و افزایش پایه‌های گون با کیفیت کتیرای بالا، احیای رویشگاه‌های تخریب شده یا توسعه رویشگاه‌های گون استفاده کرد. به این منظور نمونه‌های گون سفید از شش مکان در گون زارهای استان اصفهان جمع‌آوری شد و ژنوم گیاهی با روش CTAB استخراج و کیفیت DNA استخراج شده بر روی ژل الکتروفورز بررسی شد. پس از انجام واکنش PCR بر روی قسمتی از ژن CNGC۴، محصولات PCR سکانس شد. نتایج حاصل از ترادف بین نوکلئوتیدها و باندهای نوکلئوتیدی بر روی الکتروفورز، تشابه ژنتیکی بین جمعیت‌های گون سفید را نشان داد. با توجه به تشابه ژنتیکی، جمعیت‌های گون سفید به عنوان یک ژنوتیپ معرفی می‌شوند. بنابراین بروز هر گونه تغییر درصفات کمی و کیفی محصول کتیرای گون سفید را می‌توان به تغییرات شرایط زیستی گونه مورد مطالعه نسبت داد.

واژگان کلیدی: گون سفید؛ تنوع ژنتیکی؛ واکنش زنجیره پلیمراز؛ ترادف یابی DNA.

مقدمه:

کشور ایران با دارا بودن تنوع آب و هوایی گسترده و ذخایر ژنتیکی گیاهی فراوان به عنوان یکی ازغنی‌ترین کشورها از نظر امکانات و استعدادهای طبیعی بشمار می‌رود. به دلیل از دست رفتن بسیاری از ژن‌های مفید و کاهش ذخایر ژنتیکی آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی اهمیت زیادی دارد[۱]. تنوع ژنتیکی بیانگر تفاوتها و تنوع ژنها در درون یک گونه است. تنوع در سایر سطوح از تنوع ژنتیکی آغاز می‌شود که از جهش‌های تصادفی که درسطح مولکول‌ها اتفاق می‌افتد، منشأ می‌گیرد و به معنی تنوع در ترکیب ژنتیکی موجود در درون جمعیت‌ها یا گونه‌های گیاهان و جانوران است. بررسی تنوع ژنتیکی نقش مهمی در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود گیاهان ایفا می‌کند و کمک شایانی به پیشبرد برنامه‌های تحقیقاتی خواهد کرد(۱).

از آنجا که ایران خاستگاه اصلی و یکی از مراکز مهم تنوع گونه‌های گون می‌باشد، بررسی تنوع ژنتیکی گون نیز امر بسیار مهمی است(۲).

* کامران قائدی، PhD
گروه مهندسی ژنتیک، مرکز تحقیقات علوم سلولی، پژوهشکده زیست فناوری جهاد دانشگاهی، پژوهشگاه رویان،
اصفهان، خیابان سلمان فارسی، خیابان مهر، کوچه شهید علیخانی، شماره ۳۷۱
تلفن: ۰۳۱۱-۲۶۱۲۹۰۰
پست الکترونیک: kamranghaedi@royaninstitute.org
تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۵/۱۸
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۷/۹

1. http://hortscience.blogfa.com/8902.aspx

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مطالعات زیادی در سال‌های اخیر در ارتباط با خصوصیات ژنتیکی گون‌ها در ایران و نقاط مختلف دنیا صورت گرفته که به برخی از آنها اشاره می‌شود:

زارع و همکاران(۲۰۰۴) تنوع ایزوزیم‌های[2] آنزیم‌های مالات دهیدروژناز، پراکسیداز، سوپر اکسید دیسموتاز را در بعضی از جمعیت‌های گونه بومی Astragalus submitis در ایران مطالعه کردند. در این بررسی افراد متعلق به ۹ جمعیت این گونه بررسی شد و نتیجه گرفتند که گونه Astragalus submitis subsp.massoumii را می‌توان به عنوان یک Taxon جداگانه در نظر گرفت که این یافته با داده‌های مرفولوژیکی نیز مطابقت داشت(۱۱).

الکساندراندرو(۲۰۰۴)تنوع ژنتیکی گونه Astragalusoniciformis را با استفاده از نشانگر ISSR بررسی کرد. نتایج نشان داد که خطرات موجود برای این گونه مثل تغییر الگوی آتش سوزی و کاهش رویشگاه این گونه در اثر چرا، روی تنوع ژنتیکی گونه ها تاثیری ندارد. حفاظت جمعیت های بزرگ و کوچکتر، مداخله کردن و پراکنده کردن لکه‌های گیاهی، تنوع ژنتیکی و یکپارچگی ژنتیکی را در گونه Astragalus oniciformis حفظ خواهد کرد(۴).

میکاییل ساندرسون و همکاران (۲۰۰۵) فیلوژنی گون‌های جهان جدید(آمریکا و کانادا) را بررسی کردند. در این مطالعه روش‌هایی را برای استفاده از اطلاعات جمع‌آوری شده از تکنولوژی‌های ژنتیکی برای درک ارتباط تکاملی در لگومها به خصوص گون‌های جدید کشف کردند. برای اینکار مکان‌های ژنی جدید را برای نوسازی فیلوژنی در سطوح تاگزونومی آزمایش کردند و پی بردند که از بین ۱۰ مکان ژنی آزمایش شده یکی از آنها به نام[3] CNGC۴ تنها یکبار کپی می‌شود و می‌تواند به طور مستقیم برای آنالیزهای فیلوژنتیک استفاده شود(۷).

زارع و همکاران(۲۰۰۷) با توجه به تنوع ایزوآنزیم‌های آنزیم‌های پراکسیداز، سوپر اکسید دیسموتاز در دو گونه Astragalus gossypinus و Astragalus persicus در ایران بر اساس روش خوشه بندی UPGMA، دو خوشه جداگانه را برای هر دو گونه در نظر گرفتند که نشان دهنده جمعیت‌های موجود این دو گونه در دو رشته کوه البرز و زاگرس بود. هم چنین نتیجه گرفتند که این دو گونه تنوع بالایی را در بین گونه‌های گون (بر اساس شاخص تنوع شانون و ویور یا H') نشان می‌دهند(۱۰).

کارول و همکاران (۲۰۰۹) ژنتیک جمعیت‌های Astragalus bibullatus را با استفاده از تکنیک AFLP بررسی کردند. نتایج این مطالعه نشان داد که مارکرهای DNA مورد استفاده برای مطالعات ژنتیکی در گونه های کمیاب جهت آشکار کردن سطوح دست یافتنی زیربنای ژنتیکی آنها با گونه‌های نسبتا مشابه مفید هستند(۵).

جنس گون[4] از خانواده پروانه‌آسا[5] جزء بزرگترین جنس‌های گیاهان گلدار با دارا بودن حدود ۲۵۰۰ گونه است(۲). از میان گونه‌های مختلف گون، گونه گون سفید[6] که مولد کتیرا است به زیرجنس تراگاکانت[7] تعلق دارد. گون سفید در کشورهای ایران، عراق، ترکیه، لبنان و سوریه درقاره آسیا انتشار دارد. مهمترین رویشگاه‌های گونه‌های گون مولد کتیرا در مناطق کوهستانی منطقه ایران و توران (مثل ارتفاعات البرز و زاگرس) واقع است(۳).

رویشگاه‌های گون در استان اصفهان حدود ۳۱/۳ درصد از سطح این استان و حدود ۵۱/۳ درصد از سطح مراتع آنرا تشکیل می‌دهد(۲). گونه‌های گیاهی دارویی وصنعتی با تولید ترکیبات شیمیایی آلکالوئیدها، اسانسهای فرار، صمغها و مانهای گیاهی بخش مهمی از فلور ایران را تشکیل می‌دهند که متاسفانه بسیاری از این گونه‌ها بر اثر چرای بی رویه و مفرط دام و بهره برداری‌های نامناسب و بیش از حد در معرض انقراض و نابودی قرار گرفته‌اند(۱).

از آنجا که شرط اصلی در شناسایی و معرفی گیاهان ناشناخته بومی و مفید مرتعی، بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت پایه می‌باشد تا شانس انتخاب افزایش یافته و امکان یافتن صفات مطلوب بیشتر گردد(۲). می‌توان با توجه به نتایج حاصل از این بررسی، جمعیت‌های ژنتیکی گون سفید را از نظر خصوصیات شیمیایی کتیرای سفید با هم مقایسه کرد و از نتایج آن در اصلاح نژاد، تولید و افزایش گون‌هایی با کیفیت کتیرای بالا استفاده کرد. جمعیت‌های ممتاز شناسایی شده از این روش را می‌توان برای احیای رویشگاه‌های تخریب شده و یا توسعه رویشگاه‌های گون به کار برد.

مواد و روش‌ها:

۱- جمع‌آوری نمونه

ابتدا نمونه‌های گون سفید از شش مکان در غرب استان اصفهان (جدول

2. 1. Isozymes
3. cyclic nucleotide gated channel-like
4. *Astragalus* L.
5. Papilionaceae
6. *Astragalus gossypinus*
7. Tragacantha Bunge

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

جدول۱ - آمار مشخصات جغرافیایی و محیطی مکان‌های مورد مطالعه گون سفید در غرب استان اصفهان

شماره مکان	مکان	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی	ارتفاع از سطح دریا(m)	بارش سالیانه (mm)	متوسط درجه حرارت حداقل وحداکثر سالیانه (C°)	اقلیم(طبقه‌بندی دومارتن)	اقلیم (طبقه‌بندی پابو)
۱	رحمت آباد (خوانسار)	E ۱۹ ۵۰	N ۱۳ ۳۳	۲۲۵۰	۳۵۴	+۲۴ , -۱۲	نیمه خشک	نیمه استپی
۲	قلعه جمال (گلپایگان)	E ۵۵/۸ ۱۷ ۵۰	N ۳۸/۵ ۲۷ ۳۲	۱۸۱۸	۳۰۰	+۳۷ , -۲۱	نیمه خشک	نیمه استپی
۳	بتلیجه(فریدن)	E ۲۵ ۵۰	N ۴۵ ۵۸ ۳۲	۲۳۹۰	۳۵۰	+۲۵ , -۱۸	نیمه خشک	نیمه استپی
۴	هندوکش(فریدن)	E ۲۷ ۵ ۵۰	N ۵۵ ۱۵ ۳۳	۲۲۱۰	۳۵۱/۵	+۱۱ , ۰	نیمه خشک	نیمه استپی
۵	موسی آباد(تیران و کرون)	E ۶/۸ ۹ ۵۱	N ۱۳ ۴۲ ۳۲	۱۸۶۰	۲۳۰	+۳۵/۲ , -۴/۵	نیمه خشک	استپی سرد
۶	لنجان	E ۱۳ ۱۹ ۵۱	N ۲۳ ۳۲	۱۶۸۵	۱۵۰	+۳۸ , -۱۰	خشک	استپی سرد

۱) در اواسط تیرماه و درمرحله رشد رویشی گیاه جمع‌آوری شد. نمونه‌های برداشت شده شامل برگهای گون سفید بودند. برگهای جمع‌آوری شده در مرتع در فویلهای آلومینیومی قرار گرفت و روی یخ قرار داده شدند؛ نمونه‌ها پس از انتقال به آزمایشگاه در فریزر در دمای ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری شدند تا زمانی که DNA آنها استخراج گردید.

۲- استخراج DNA

استخراج DNA از برگ گون با روش CTAB انجام شد(۶). بدین شرح که ابتدا حدود ۲-۱ گرم ازبرگهای گون جدا و قطعه قطعه شدند، سپس برگهای خرد شده در ازت مایع منجمد و داخل هاون ساییده تا به پودر تبدیل شدند.

سپس پودر حاصله داخل میکروتیوب ریخته شد و۸۰۰ میکرولیتر محلول استخراج DNA (شامل NaCl ۱/۴میلی مولار،EDTA ۲۰میلی مولار، Tris ۱۰۰میلی مولار،pH =۸، CTAB ۳٪ w/v) به آن اضافه شد. به ازای ۸۰۰ میکرولیتر محلول استخراجDNA ، ۲ میکرولیتر مرکاپتو اتانول اضافه شد. پس از سانتریفوژ محتویات میکروتیوب در ۳۰۰۰ rpm به مدت ۱ دقیقه و انتقال مایع رویی به تیوب جدید، به آن محلول کلروفرم-ایزوآمیل الکل اضافه و به مدت ۱ دقیقه به آرامی مخلوط شد.

پس از سانتریفوژ مجدد تیوب ها در ۱۰۰۰۰ rpm به مدت۱۰دقیقه، مایع رویی جدا و به آن ایزوپروپانول سرد اضافه شد تا کلاف DNA تشکیل شود. نمونه‌ها در تیوب تا یک ساعت در یخ نگهداری شده، سپس در ۱۰۰۰۰ rpm به مدت ۵ دقیقه سانتریفوژ شد. محلول رویی را جدا کرده و الکل ۷۰٪ به آن اضافه شد و مجددا به مدت ۱ دقیقه در ۱۰۰۰۰ rpm سانتریفیوژ شد. بعد از سانتریفیوژ الکل را خارج کرده و نمونه ها زیر هود قرار گرفتند تا الکل موجود در آنها خارج شود.

وقتی نمونه‌ها کاملا خشک شدند آب مقطر تزریقی به آن‌ها اضافه شد و در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد قرار گرفتند تا حل شده و سپس در دمای ۲۰- درجه نگهداری گردیدند.

جهت مشاهده DNA، ۲ میکرولیتر از بافر Loading dye و ۳ میکرولیتر از نمونه DNAهای استخراج شده با هم مخلوط شده و پس از انتقال و جدا شدن نمونه ها بر روی ژل، در دستگاهGel documentation عکس‌برداری از آن انجام گرفت. ازLadder ۱۰۰bp نیز به عنوان شاهد استفاده شد.

۳- طراحی آغازگر اختصاصی و واکنش PCR

تکثیر قسمتی ازDNA مرتبط با ژن (AW126067) CNGC4(cyclic nucleotide gated channel-like) با استفاده از دو آغازگر رفت و برگشت طراحی شده با نرم افزار Oligo6 صورت پذیرفت. این قسمت از DNA بر اساس توالی Expressed Sequence Tag (EST)(AW126067) یونجه (Medicago truncatula) انتخاب شد(۷).

توالی آغازگرهای استفاده شده در جدول ۲ نشان داده شده است. برای مشخص شدن دمای اتصال بهینه ابتدا یک Gradient PCR طراحی شد و دمای ۵۲ درجه سانتیگراد بعنوان بهترین دمای اتصال بدست آمد.

واکنش PCR با ۱ میکرولیتر از DNA ژنومی استخراج شده، ۵ پیکومول پرایمرهای رفت و برگشت(شرکت مبین آزما طب) و با برنامه

واسرشت سازی اولیه ۵ دقیقه، ۹۴ درجه سانتیگراد، وسپس ۳۵ سیکل به ترتیب ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت۱ دقیقه، ۵۲ درجه سانتیگراد به مدت۱ دقیقه،۷۲ درجه سانتیگراد به مدت۱ دقیقه و سرانجام مرحله پایانی۷۲ درجه سانتیگراد به مدت۱۰ دقیقه انجام شد(دستگاهThermal cycler Eppendorf).

برای مشاهده DNA تکثیر شده از ژل آگاروز ۱/۵٪ استفاده و پس از الکتروفورز در دستگاه Gel documentation از ژل عکس‌برداری شد.

۴- مرحله توالی یابی

در این مرحله محصولات PCR جهت تعیین توالی به شرکت Alfa sequencing فرستاده شدند و توالی نوکلئوتیدها برای مقایسه کردن با هم آماده شدند. جهت مقایسه ترادف‌های مربوطه نیز از نرم افزار CLC Main Workbench ۵ استفاده گردید.

۵- تجزیه و تحلیل آماری:

برای نشان دادن تشابه و گروه‌بندی جمعیت‌های مورد مطالعه با گونه‌های رفرانس از روش طبقه‌بندی خوشه ای(Clustering) استفاده شد و نتایج به صورت نمودار درختی(Dendrogram) ارائه گردید. آنالیز خوشه‌ای با استفاده از نرم افزار CLC Main Workbench 5 انجام گردید

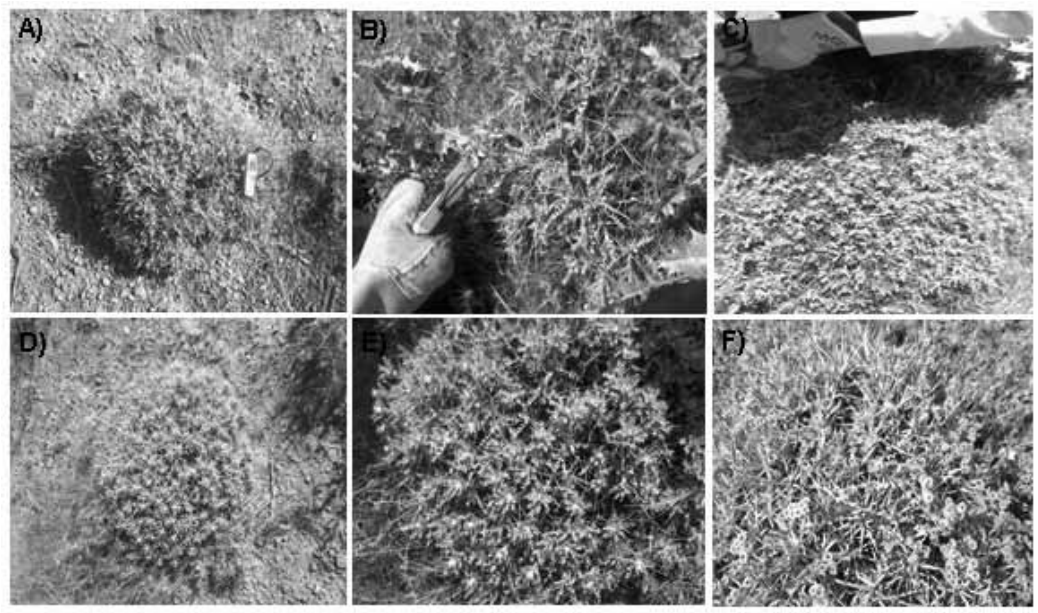
نتایج:

۱) خصوصیات رویشگاهی گون سفید:

همان‌طور که از شکل ۱ مشخص است خصوصیات رویشگاهی گون‌های

جدول۲- توالی پرایمرهای رفت و برگشت

نام ژن	Sequence 5›-3› (توالی پرایمر)	دمای TM (C°)
CNGC4.F	GCTACCTGATTACTTAAAACAAAGAATC	66/7
CNGC4.R	AAGAGCATTTCGTCCACTGG	68/7



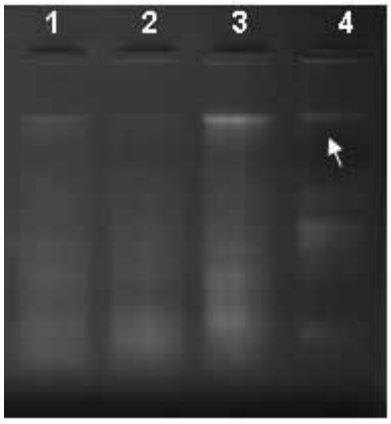
شکل ۱: شمایی از ریخت شناسی گون های رشد یافته در رویشگاه های گون سفید در غرب استان اصفهان:
(A): رحمت آباد (خوانسار) ، (B): قلعه جمال (گلپایگان)، (C) : بتلیجه(فریدن)، (D): هندوکش(فریدن)، (E) : موسی آباد(تیران)، (F): لنجان

رشد یافته در ۶ مکان مرتعی تقریبا با یکدیگر مشابهت دارند به طوری که این رویشگاه‌ها تماما در غرب استان اصفهان قرار گرفته‌اند و از لحاظ شرایط اقلیمی(میزان بارندگی و درجه حرارت) و فیزیوگرافی در محدوده مشابهی قرار دارند(جدول ۱).

با توجه به آمار جدول ۱ چنین استنباط می‌شود که رویشگاه‌های گون در غرب استان اصفهان در محدوده بارش سالیانه ۱۵۰ تا ۳۵۴ میلی متر، متوسط حداکثر درجه حرارت ۱۱ تا ۳۸ درجه سانتیگراد، متوسط حداقل درجه حرارت سالیانه ۲۱- تا ۴/۵- درجه سانتیگراد و در محدوده ارتفاعی ۱۶۸۵ تا ۲۳۹۰ متر از سطح دریا واقع هستند. این رویشگاه‌ها به طور عمده از نظر طبقه‌بندی اقلیمی دومارتن در منطقه نیمه خشک و از نظر طبقه‌بندی پابو در منطقه نیمه استپی قرار دارند و به طور کلی دو رویشگاه تیران و کرون و رویشگاه لنجان دارای شرایط اکولوژیک گرمتر و خشک‌تر یا ارتفاع کمتر از سطح دریا در مقایسه با چهار رویشگاه دیگر هستند.

۲)بررسی DNA استخراج شده و تکثیر قطعه ژنی:CNGC4

شکل شماره ۲، DNA استخراج شده به روش CTAB را نشان می‌دهد. غلظتها به صورت میانگین ۲۴۷ نانو گرم بر میکرولیتربود. با توجه به شکل از لحاظ میزان تحرک، همه نمونه‌های DNA با هم برابر هستند. بنابراین جهت بررسی بیشتر، نمونه‌های استخراج شده تکثیر و ترادف‌یابی گردید. طول محصول PCR بدست آمده bp ۴۰۰بود.

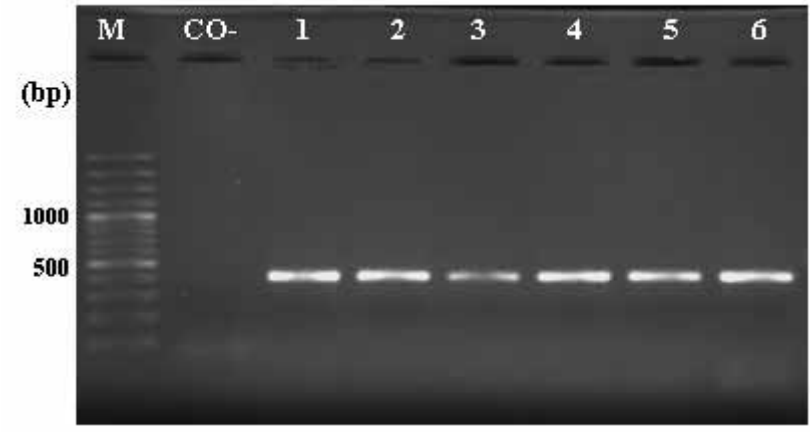


عکس ۲- DNA استخراج شده از نمونه های برگ های جمع آوری شده گون: ۱- رحمت آباد خوانسار، ۲- قلعه جمال گلپایگان، ۳- هندوکش(فریدن) و ۴- موسی آباد(فریدن)

۳) بررسی ترادف‌های قطعه ژنیCNGC4 در نمونه‌های جمع‌آوری شده با دیگر گونه‌های گون:

با توجه به اشکال مربوط به ژل الکتروفورز دیده شد که قطعات تکثیر یافته ژنی به دلیل یکنواختی از نظر توالی و تناوب بر روی ژل به صورت یکنواخت و با طول یکسان قرار گرفتند (شکل شماره ۳).

همچنین ترادف‌یابی نمونه‌های مورد بررسی نشان داد که سکانس

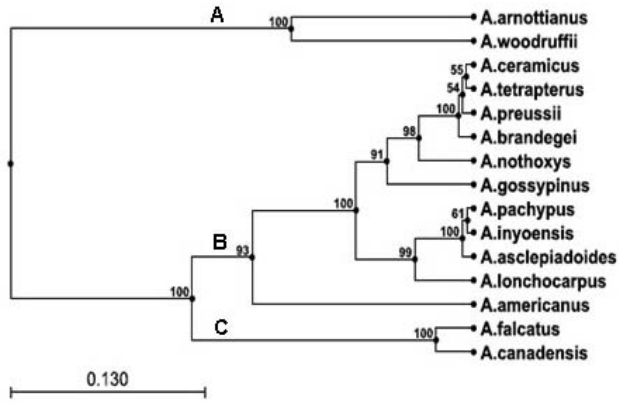


1000500

شکل ۳- محصول PCR حامل قطعه ای از ژن CNGC۴ (AW۱۲۶۰۶۷)

M : نشانگرDNA۱۰۰bp (Fermentas)، CO^- : نمونه کنترل منفی فاقد DNA، ۱تا۶ : محصول PCR مربوط به نمونه های مورد مطالعه که محصول PCR آنها به ترتیب از گیاهان استخراج شده از مناطق جمع آوری شده بودند. (ژل آگاروز مورد استفاده ۱/۵٪)

8. http://www.ncbi.ncbi.nlm.nih.gov



عکس ۴- نمودار درختی بدست آمده از آزمون بیشترین تشابه (Maximium likelihood) بین توالی Astragalus gossypinus و ۱۴ گونه از Astragalus های دیگر. اعداد نشان دهنده ارزش Bootstrap هستند. نمودار سه گروه A، B و C را نشان می‌دهد.

نوکلئوتیدهای قطعات تکثیریافته ژنی CNGC4(AW126067) در نمونه‌های مورد مطالعه با هم کاملا مشابه بود ولی بررسی‌های انفورماتیک، اختلاف بارزی را بین توالی نمونه‌های مورد مطالعه با توالی نوکلئوتیدی نمونه‌های دیگر گون نشان داد. بر همین اساس نمودار درختی رسم شده نشان داد که شش نمونه جمع‌آوری شده Astragalus gossypinus توالی نوکلئوتیدی یکسانی داشته و بنابراین از نظر ژنتیکی مشابه هستند.

هم‌چنین در یک نمودار درختی گون‌های جمع‌آوری شده (A. gossypinus) با ۱۴ گونه گون دیگر از نظر ژنتیکی مقایسه شدند[۸] (شکل شماره ۴). نتایج حاصل نشان داد که با آنالیز غیرپارامتریک Bootstrap با معیار آستانه ۰/۱۳۰ سه گروه جداگانه از گون‌ها (A,B,C) مشاهده می‌شود.

گروه A شامل:

Astragalus arnottianus, A. woodruffii

گروه B شامل:

A. ceramicus, A. tetrapterus, A. preussii, A. brandegei, A. nothoxys, A. gossypinus,
A. pachypus, A. inyoensis, A. asclepiadoides, A. lonchocarpus, A. americanus

و گروه C شامل:

A.falcatus, A.canadensis

بحث و نتیجه گیری:

مراتع ایران با وسعت ۸۶ میلیون هکتار، وسیع‌ترین عرصه حیاتی کشور را شامل می‌شوند. گون‌زارهای بالشتکی که پیکره ریختار پوششی ایران را تشکیل می‌دهند، حدود ۱۷ میلیون هکتار وسعت دارند و ۱۹٪ از سطح مراتع و ۱۰٪ از مساحت کل کشور را در بر می‌گیرند. با توجه به این‌که حدود ۸۰۰ گونه از جنس گون در ایران موجود است، بنابراین تنوع گون‌ها در ایران از اهمیت زیادی برخوردار می‌باشد.

گون‌ها علاوه بر فواید شناخته شده‌ای مانند پوشش بسیار مناسب جهت حفاظت خاک و جلوگیری از فرسایش، تولید صمغ کتیرا از گون‌های مولد آن، زنبورداری، تلطیف هوا، تنوع زیستی، ذخایر توارثی و سایر اثرات اجتماعی، اقتصادی بر مناطق رویش، از جنبه‌های زیست محیطی هم نظیر ترسیب مقادیر متنابهی از کربن اتمسفر، حائز اهمیت فراوان می‌باشند.

در این مطالعه همانند ساندرسون و همکاران (۲۰۰۵) جهت بررسی تنوع ژنتیکی گون سفید از ژن CNGC4 استفاده شد. ساندرسون ژن‌های مختلف را آزمایش کرده و دریافت که ژن CNGC4 فقط یک بار کپی شده و می تواند در آزمایشات فیلوژنتیک استفاده شود(۷).

از آنجا که یکی از مراکز مهم رویش گون سفید در کشور در غرب استان اصفهان قرار دارد، مطالعه حاضر به بررسی جمعیت‌های گون سفید در غرب اصفهان محدود شد.

نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که جمعیت‌های مختلف گون در غرب استان اصفهان از لحاظ ژنتیکی مشابهت دارد و هیچ گونه تنوع ژنتیکی در نمونه های گون موجود نیست. پژوهش های انجام گرفته توسط زارع و همکاران(۲۰۰۷) در دو منطقه البرز و زاگرس بر روی ایزوآنزیم گون سفید نیز نشان داد که گون سفید در این دو منطقه با هم متفاوتند(۱۰).

از طرفی نتایج گروه‌بندی ۱۵ گونه گون نشان داد که گون های مورد مطالعه در سه گروه A، B و C قرار گرفتند. گونه گون سفید نیز به همراه ۱۰ گونه گون در گروه B قرار داشت.

میکاییل ساندرسون و همکاران (۲۰۰۵) فیلوژنی گون‌های جهان جدید را بررسی کردند. این گون‌ها در بیابان‌ها و کوه‌های شمال و جنوب آمریکا به وفور یافت می‌شوند. در مطالعه انجام گرفته مکان‌های ژنی جدید آزمایش شدند و با استفاده از آنالیزهای غیر پارامتریک Bootstrap گون‌ها به دو گروه کلی تقسیم شدند(۷).

هم چنین ساندرسون و همکارانش مطالعه دیگری را در سال ۲۰۰۸

انجام دادند. آنها فیلوژنی و درصد تنوع گون‌های جهان جدید را با استفاده از آنالیزهای فیلوژنی بیشترین تشابه و Bayesian انجام دادند. این آزمایش‌ها گون‌های جهان جدید را به دو گروه تقسیم بندی کرد: گونه‌های آمریکای شمالی و گونه‌های آمریکای جنوبی(۸).

مارتین (۲۰۰۵) فیلوژنی مولکولی گون‌ها را مطالعه کرد. او در این مطالعه از توالی نوکلئوتیدی ژنMatK (Nucleotide sequences of the plastid matK gene) و (Nuclear rDNA internal transcribed spacer region) برای بدست آوردن روابط فیلوژنتیکی و تخمین مقدار تنوع استفاده کرد.

نتایج نشان داد که توالی matK گروه‌بندی بهتری را برای نشان دادن ارتباط بین گون‌ها ارائه می‌دهد. سرعت جانشینی نوکلئوتیدی برای گون‌ها و گونه‌های نزدیک به آن مثل Oxytropis از ۸/۹ تا $۱۰/۲\times۱۰^{-۱۰}$ جانشینی در هر سایت در هر سال تخمین زده شد(۹).

لازم به ذکر است مطالعه جامع‌تری باید صورت گیرد تا جمعیت‌های گون سفید در منطقه زاگرس مرکزی با جمعیت‌های گون در مناطق زاگرس شمالی و جنوبی نیز از نظر ژنتیکی مقایسه شود تا مشخص گردد که آیا زاگرس می‌تواند به عنوان عامل تنوع ژنتیکی نقش ایفا کند یا خیر؟

با توجه به بررسی‌های انجام گرفته چنین استنباط می‌شود که شیب تغییرات محیطی به دلیل نسبتا یکنواختی و دامنه محدود اکولوژیک نتوانسته است باعث تمایز ژنتیکی و استقرار جمعیت‌های متفاوت گون سفید در رویشگاه‌های مورد مطالعه در منطقه زاگرس مرکزی ایران شود. بنابراین می‌توان چنین نتیجه گرفت که گون سفید دارای میدان اکولوژیک محدود بوده و هر گونه تغییر در صفات کمی وکیفی صمغ کتیرای گون سفید ناشی از تاثیر عوامل زیست محیطی بر فیزیولوژی و عملکرد گیاه گون است وارتباطی به صفات ژنتیکی و مدیریت ژن گون‌ها ندارد.

تقدیر و تشکر:

نتایج حاضر از مطالعات پایان نامه کارشناسی ارشد خانم زهرا دهدشتیان اقتباس گردید که با حمایت‌های مالی دانشگاه صنعتی اصفهان و کمک‌های تکنیکی پژوهشکده بیوتکنولوژی جانوری رویان صورت پذیرفت.

References

۱. جابرالانصار، ز.، ۱۳۸۴. تنوع ژنتیکی کرفس کوهی با استفاده از خصوصیات کروموزومی و صفات جوانه زنی بذر. دانشکده منابع طبیعی. دانشگاه صنعتی اصفهان.

۲. معظم، ف.، ۱۳۸۸. بررسی خصوصیات کروموزومی دوگونه مرتعیAstragalus cyclophyllos وRheum ribes. دانشکده منابع طبیعی. دانشگاه صنعتی اصفهان.

۳. وهابی، م. ر.، ۱۳۸۴. تعیین شاخص‌های موثر برای بهره‌برداری از دو گونه گون کتیرایی سفید و زرد در استان اصفهان. دانشکده منابع طبیعی. دانشگاه تهران.

4. Andrew, A.J., Liston, A. and Popovich, S. J.,2004. Genetic diversity of the narrow endemic Astragalus oniciformis (Fabaceae). American Journal of Botany, 91(12):2004-2012.
5. Baskauf, C. J. and Burke, J. M., 2009. Population Genetics of Astragalus bibullatus (Fabaceae) Using AFLPs. Journal of Heredity, 100(4):424-431.
6. Ehsanpour, A. A., Tavassoli, M. and Arab, L., 2008. Sex determinstion of Pistacia vera.using ISSR markers. J Malays. Appl. Biol, 37: 25-28.
7. Scherson, R. A., Choi, H., Cook, D. R. and Sanderson, M. J., 2005. Phylogenetics of New World Astragalus: Screening of novel nuclear loci for the reconstruction of phylogenies at low taxonomic levels. Brittonia, 57(4): 354-366.
8. Scherson, R. A., Vidal, R. and Sanderson, M. J., 2008. Phylogeny, Biogeography, And rates of deverfication of New World Astragalus(Leguminosae) with an emphasis on south American radiation. American Journal of Botany, 95(8): 1030-1039.
9. Wojciechowski, M. F., 2005. Astragalus (Fabaceae): A molecular phylogenetic perspective. Brittonia, 57(4): 382-396.
10. Zarre, Sh., Khodaei, Z., Karamali, Z., Niknam, V. and Mirmasoumi, M., 2007. Isolation variation pattern and species concept in Astragalus gossypinus and Astragalus persicus complexes (Fabaceae) in Iran. Biochemical Systematics and Ecology, 35:757-763
11. 11-] Zarre, Sh., Rajaiy, M., Ebrahimzadeh, H., Habibi, M. and Niknam, V., 2004. Isoyme variation in some population of a rare endemic species Astragalus submitis (Fabaceae) in Iran. Biochemical Systematics and Ecology, 32:675-684