

رسالة



دانشگاه کردستان

دانشکده منابع طبیعی

گروه محیط زیست

عنوان:

مطالعه تفاوت‌های ژنتیکی جمعیت‌های گنجشک خانگی (*Passer domesticus*)  
در بهبهان و سنندج با استفاده از نشانگر ISSR

پژوهشگر:

کلثوم حاجی زادگان

اساتید راهنما

دکتر شهرام کبودوندپور

دکتر جلال رستم زاده

پایان نامه کارشناسی ارشد رشته مهندسی منابع طبیعی گرایش محیط زیست

مهرماه 1389

کلیه حقوق مادی و معنوی مترتب بر نتایج مطالعات،  
ابتکارات و نوآوری های ناشی از تحقیق موضوع  
این پایان نامه (رساله) متعلق به دانشگاه کردستان است.

**\*\*\* تعهد نامه \*\*\***

اینجانب **کلثوم حاجی زادگان** دانشجوی کارشناسی ارشد رشته **مهندسی منابع طبیعی** گرایش **محیط زیست** دانشگاه کردستان، **دانشکده منابع طبیعی** گروه **محیط زیست** تعهد می‌نمایم که محتوای این پایان‌نامه نتیجه تلاش و و مطالعات مستمر اینجانب و راهنمایی و مشاوره اساتید بوده‌است.

با تقدیم احترام

کلثوم حاجی زادگان

1390/7/10



دانشگاه کردستان

دانشکده منابع طبیعی

گروه محیط زیست

پایان نامه کارشناسی ارشد رشته محیط زیست

عنوان:

مطالعه تفاوت‌های ژنتیکی جمعیت‌های گنجشک خانگی (*Passer domesticus*)  
در بهبهان و سنندج با استفاده از نشانگر ISSR

پژوهشگر:

کلثوم حاجی‌زادگان

در تاریخ 1390/7/10 توسط کمیته تخصصی و هیئت داوران زیر مورد بررسی قرار گرفت و با نمره و با درجه به تصویب رسید.

امضاء	مرتبه علمی	نام و نام خانوادگی	هیئت داوران
	استادیار	دکتر شهرام کیودوندپور	1-استاد
	استادیار	دکتر جلال رستم زاده	2-استاد راهنما دوم
	استادیار	دکتر علیرضا عبدالمحمدی	3-استاد داور خارجی
	استادیار	دکتر برزان بهرامی کمانگر	4-استاد داور داخلی

مهر و امضاء معاون آموزشی و تحصیلات تکمیلی دانشکده

مهر و امضاء گروه

تقدیم به:

خدایی که آفرید

جهان را، انسان را، عقل را، علم را، معرفت را، عشق را

به کسانی که عشقشان را در وجودم دمید.

تقدیم به مهربان فرشتگانی که:

لحظات ناب باور بودن، لذت و غرور دانستن، جسارت خواستن، عظمت رسیدن و تمام تجربه‌های

یکتا و زیبای زندگیم، مدیون حضور سبز آنهاست

تقدیم به خانواده عزیزم.

## سپاس و قدردانی

سپاس و ستایش مخصوص یگانه معبودیست که دریچه‌های نور و دانایی را به سوی بندگان خود گشوده، او که به قلم قسم یاد نمود و مطلع پیام آسمانیش را چنین آغاز نمود: (ن، و القلم و مایسرون).

در مسیری که برگزیدم همسفرانی راهبرم بودند که حضورشان همچون ستارگانی پرنور فروزنده راهم بود و از این رو بر خود واجب می‌دانم مراتب بی‌پایان سپاس و تقدیرم را نثارشان کنم.

لذا خالصانه‌ترین و سبزترین سپاس را نثار پدر و مادر بزرگوام می‌کنم که وجود مقدسشان همیشه ی دوران، مایه پشتگرمی و آرام‌بخش روح و روانم بوده است و زبانم از وصف الطاف خالصشان عاجز است، سایه شان برقرار و توفیقاتشان افزون باد. از خواهرانم به لطافت باران و برادرانم که شرمسار محبت‌هایشان هستم، کمال سپاسگزاری را دارم.

از استاد بردبارم، آقای دکتر جلال رستم‌زاده، که تمام روزهایی که تحت نظارت ایشان مشغول به کار بودم سرشار از آموختن توأمان علم و اخلاق بود، نهایت تشکر را دارم.

از استاد راهنمای ارجمندم جناب آقای دکتر شهرام کبودوندپور که در تمام مراحل اجراء، تنظیم و تدوین پایان نامه خالصانه به این جانب کمک نمودند کمال تشکر را دارم.

از اساتید عزیز جناب آقایان دکتر علیرضا عبدالمحمدی و دکتر برزان بهرامی کمانگر که زحمت داوری این پایان نامه را بر خود هموار ساختند قدردانی می‌کنم.

همچنین از مهندس رحمانی کارشناس آزمایشگاه جنگل‌داری، مهندس گویلیان کارشناس آزمایشگاه گروه محیط زیست، مهندس جهانگیری، مهندس الماسیه، مهندس موسوی و سایر دوستان که آشنایی و همراهیشان فرصتی تکرارناشدنی بود و از هر یک به فراخور حال نکات زیادی آموختم صمیمانه سپاسگزارم، برای همه عزیزان از خداوند متعال کامیابی و سلامتی خواستارم.

کلثوم حاجی‌زادگان

مهر 1390

## چکیده

هدف از این پژوهش، ارزیابی تنوع و تفاوت‌های ژنتیکی موجود در جمعیت‌های گنجشک خانگی واقع در شهرستان‌های بهبهان و سنندج بود. استفاده از نشانگرهای بین ریزماهورهای در ارزیابی تنوع و تفاوت ژنتیکی جمعیت گنجشک خانگی، برای اولین بار در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت. از 89 قطعه گنجشک خانگی در 6 زیر جمعیت در این دو شهرستان نمونه‌های خون گرفته شد، در این نمونه‌ها 13 صفت ریختی به همراه صفات کیفی ظاهری اندازه‌گیری شدند. استخراج DNA به روش استخراج نمکی انجام گرفت. شش آغازگر طراحی گردید که چهار آغازگر  $P_1: (AG)_9C$ ,  $P_2: (GA)_9C$ ,  $P_3: (TG)_9A$ ,  $P_4: (TG)_9C$  به دلیل تعداد باند و چندشکلی بیشتر برای اجرای این تحقیق انتخاب شدند. آغازگرهای مورد استفاده در مجموع 116 باند تولید کردند که 115 باند (90/52%) پلی‌مورف بودند. دندروگرام روابط ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از اطلاعات حاصل و به روش UPGMA ترسیم گردید. بررسی تنوع ژنتیکی در بین جمعیت‌های گنجشک خانگی نشان داد که تنوع کل موجود در جمعیت  $(H_t)$  0/29 بود که 0/27 مربوط به تنوع درون جمعیت‌ها و 0/02 مربوط به تنوع بین جمعیت‌ها بود. ضریب تمایز ژنتیکی 0/42 بود که نشان می‌دهد سهم تنوع بین جمعیت‌ها از تنوع کل بسیار کمتر است. بررسی فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها به دو روش استاندارد نئی (1972) و روش ناریب نئی (1978) نشان داد که کمترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت کانی‌مشکان و سد وحدت، هر دو در شهرستان سنندج و بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت سد وحدت (سنندج) و تشان (بهبهان) وجود دارد. دندروگرام بدست‌آمده جمعیت شهرستان سنندج را در یک گروه و جمعیت شهرستان بهبهان را در گروه دیگر قرار داد، در گروه سنندج نیز جمعیت سد وحدت و کانی‌مشکان با هم در یک شاخه مجزا از جمعیت دوشان قرار گرفتند، در گروه بهبهان نیز جمعیت اسداباد و سلمان فارسی در یک گروه مجزا از جمعیت تشان قرار گرفتند. نتایج آنالیز داده‌های کمی و کیفی ریخت سنجی نیز نشان داد که صفات کیفی ریخت‌سنجی نمی‌توانند به عنوان شاخص مناسب برای بررسی تفاوت‌های این جمعیت‌ها مورد توجه قرار گیرند، از بین صفات ریخت سنجی مورد بررسی نیز 6 صفت وزن، طول انگشت میانی پا، اندازه شکاف دهانی، طول بازو، ارتفاع نوک و اندازه نیم نوک بالا تفاوت معنی‌داری بین دو جمعیت داشتند. در کل تفاوت ژنتیکی معنی‌داری بین جمعیت‌های دو شهرستان سنندج و بهبهان علی‌رغم فاصله 577 کیلومتری هوایی مشاهده نشد.

واژگان کلیدی: گنجشک خانگی، نشانگرهای ISSR، تفاوت‌های ژنتیکی، بهبهان، سنندج



## فهرست مطالب

صفحه	عنوان
1	فصل اول: مقدمه و تاریخچه تحقیق .....
1	1-1- کلیات .....
7	2-1- پرندگان ایران .....
7	3-1- ویژگی‌ها، خصوصیات و رده بندی گنجشک خانگی .....
7	1-3-1- راسته گنجشک سانان PASSERIFORMS .....
8	2-3-1- تیره گنجشکیان .....
9	3-3-1- رده بندی فیلوژنتیکی .....
10	1-3-3-1- مشخصات ظاهری .....
11	2-3-3-1- تولید مثل .....
11	3-3-3-1- آشیانه سازی .....
11	4-3-3-1- زیستگاه .....
11	5-3-3-1- وضعیت جمعیت در جهان و ایران .....
12	6-3-3-1- منشأ و تکامل گنجشک خانگی .....
13	7-3-3-1- زیرگونه‌های گنجشک خانگی .....
13	8-3-3-1- پراکنش در ایران .....
13	4-1- تنوع زیستی و اهمیت آن .....
14	5-1- تنوع ژنتیکی .....
14	1-5-1- تنوع ژنتیکی و عوامل بوجود آورنده آن .....

14	..... 2-5-1- اهمیت تنوع ژنتیکی
15	..... 3-5-1- تنوع ژنتیکی و زیر گونه های یک گونه
15	..... 6-1- پلی مورفیسم
16	..... 7-1- نشانگرهای ژنتیکی
16	..... 8-1- انواع نشانگرهای ژنتیکی
16	..... 1-8-1- نشانگرهای مورفولوژیک
17	..... 2-8-1- نشانگرهای پروتئینی
17	..... 3-8-1- نشانگرهای DNA
17	..... 9-1- دلایل استفاده از نشانگرهای مولکولی
18	..... 10-1- خصوصیات نشانگر های مولکولی
20	..... 11-1- انواع نشانگرهای مبتنی بر DNA
20	..... 1-11-1- VNTR
20	..... 2-11-1- ماهوارک ها
20	..... 3-11-1- ریزماهواره ها
21	..... 4-11-1- مبانی و اصول پایه ای ISSR
21	..... 1-4-11-1- مزایای ISSR
22	..... 2-4-11-1- معایب ISSR
22	..... 12-1- مروری بر مطالعات انجام شده
30	..... فصل دوم: مواد و روش ها
30	..... 1-2- وضعیت اقلیمی و جغرافیایی مناطق مورد مطالعه
30	..... 1-1-2- وضعیت اقلیمی و جغرافیایی شهرستان بهبهان
30	..... 2-1-2- وضعیت اقلیمی و جغرافیایی شهرستان سنندج

31	2-2- نمونه برداری .....
31	1-2-2- تعیین نقاط نمونه برداری .....
31	2-2-2- صید نمونه ها .....
32	3-2-2- خون‌گیری و ثبت خصوصیات ریختی .....
33	3-2- استخراج DNA .....
33	1-3-2- مراحل استخراج DNA .....
35	5-2- شرایط بهینه سازی برای اجرای واکنش های PCR در حجم $20 \mu\text{L}$ .....
36	6-2- کنترل آلودگی PCR .....
36	7-2- چرخه های حرارتی PCR .....
37	8-2- الکتروفورز و رنگ آمیزی ژل .....
38	9-2- رنگ آمیزی ژل .....
38	10-2- تجزیه و تحلیل مشاهدات و داده ها .....
38	1-10-2- تجزیه و تحلیل های آماری داده های صفات ریخت سنجی .....
39	2-10-2- تشکیل ماتریس صفر و یک .....
39	3-10-2- روش های آماری مطالعه تنوع درون جمعیتی .....
39	الف- اندازه گیری بر اساس تعدد آلی .....
39	ب- اندازه گیری بر اساس وقوع آلی .....
40	ج- اندازه گیری بر اساس فراوانی آلی .....
41	د- شاخص اطلاعاتی شانن .....
41	4-10-2- فاصله ژنتیکی .....
42	5-10-2- بررسی روابط ژنتیکی بین جمعیت ها .....
43	فصل سوم: نتایج .....

- 43 ..... 1-3-1 مقایسه داده های صفات کمی و کیفی ریخت سنجی
- 44 ..... 1-3-1-1 نتایج آزمون تجزیه به مولفه های اصلی
- 45 ..... 2-3-2 تکثیر با استفاده از آغازگر های مورد استفاده
- 46 ..... 3-3-3 بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت های گنجشک خانگی
- 46 ..... 1-3-3-1 بررسی تنوع جمعیت ها با استفاده از آغازگر C<sub>9</sub>(AG)
- 47 ..... 1-3-3-1-1 تعداد آلل مشاهده شده و مؤثر
- 47 ..... 1-3-3-2-1 تنوع ژنی
- 48 ..... 1-3-3-3-1 شاخص اطلاعات شانن
- 48 ..... 1-3-3-4-1 تعداد و درصد باند پلی مورف
- 48 ..... 2-3-3-2 بررسی تنوع جمعیت ها با استفاده از آغازگر C<sub>9</sub>(GA)
- 49 ..... 1-3-3-2-1 تعداد آلل مشاهده شده و مؤثر
- 49 ..... 1-3-3-2-2 تنوع ژنی
- 49 ..... 1-3-3-3-2 شاخص اطلاعات شانن
- 49 ..... 1-3-3-4-2 تعداد و درصد باند پلی مورف
- 49 ..... 1-3-3-3-3 بررسی تنوع جمعیت ها با استفاده از آغازگر A<sub>9</sub>(TG)
- 50 ..... 1-3-3-3-1 تعداد آلل مشاهده شده و مؤثر
- 50 ..... 1-3-3-3-2 تنوع ژنی
- 51 ..... 1-3-3-3-3 شاخص اطلاعات شانن
- 51 ..... 1-3-3-4-3 تعداد و درصد باند پلی مورف
- 51 ..... 1-3-3-4-3 بررسی تنوع جمعیت ها با استفاده از آغازگر C<sub>9</sub>(TG)
- 52 ..... 1-3-4-3-1 تعداد آلل مشاهده شده و مؤثر
- 52 ..... 1-3-4-3-2 تنوع ژنی

- 52 ..... 3-4-3-3- شاخص اطلاعات شانن
- 52 ..... 4-4-3-3- تعداد و درصد باند پلی مورف
- 52 ..... 5-3-3- بررسی تنوع جمعیت ها با ترکیب داده های کل آغازگر ها
- 53 ..... 1-5-3-3- تعداد آلل مشاهده شده و مؤثر
- 53 ..... 2-5-3-3- تنوع ژنی
- 54 ..... 3-5-3-3- شاخص اطلاعات شانن
- 54 ..... 4-5-3-3- تعداد و درصد باند پلی مورف
- 54 ..... 4-3- توزیع تنوع ژنتیکی کل
- 55 ..... 5-3- فواصل ژنتیکی
- 55 ..... 1-5-3- فواصل ژنتیکی بدست آمده با استفاده از آغازگر (AG) و C
- 56 ..... 2-5-3- فواصل ژنتیکی بدست آمده با استفاده از آغازگر (GA) و C
- 57 ..... 3-5-3- فواصل ژنتیکی بدست آمده با استفاده از آغازگر (TG) و A
- 58 ..... 4-5-3- فواصل ژنتیکی بدست آمده با استفاده از آغازگر (TG) و C
- 59 ..... 5-5-3- فواصل ژنتیکی بدست آمده از ترکیب داده های آغازگر ها
- 60 ..... 6-3- دندروگرام بدست آمده برای جمعیت ها
- 60 ..... 1-5-3- دندروگرام ترسیم شده بر اساس داده های بدست آمده از آغازگر (AG) و C
- 61 ..... 2-5-3- دندروگرام ترسیم شده بر اساس داده های بدست آمده از آغازگر (GA) و C
- 61 ..... 3-5-3- دندروگرام ترسیم شده بر اساس داده های بدست آمده از آغازگر (TG) و A
- 62 ..... 4-5-3- دندروگرام ترسیم شده بر اساس داده های بدست آمده از آغازگر (TG) و C
- 63 ..... 5-5-3- دندروگرام ترسیم شده بر اساس داده های بدست آمده از ترکیب آغازگر ها
- 63 ..... 6-3- تجزیه واریانس مولکولی
- 64 ..... 7-3- نتایج تجزیه تابع تشخیص

67	..... فصل چهارم: بحث و نتیجه گیری
67	..... 1-4- ساختار ژنتیکی جمعیت
67	..... 1-1-4- تعداد آلل مشاهده شده و مؤثر
68	..... 2-1-4- تنوع ژنتیکی جمعیت ها
68	..... 3-1-4- شاخص اطلاعاتی شانن
69	..... 2-4- تمایز ژنتیکی جمعیت ها
70	..... 3-4- دسته بندی جمعیت ها
71	..... 4-4- نتیجه گیری
72	..... 5-4- پیشنهادات
73	..... فهرست منابع

## فهرست جداول

عنوان

صفحه

جدول 1-1: رده‌بندی گنجشک خانگی.....	۱۰
جدول 2-1: زیرگونه‌های گنجشک خانگی و محدوده پراکنش آنها.....	۱۳
جدول 1-2: مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در مطالعه حاضر.....	۳۵
جدول 2-2: شرایط بهینه‌سازی برای اجرای واکنش‌های PCR در حجم 20 $\mu$ L.....	۳۵
جدول 3-2: برنامه‌های حرارتی مورد استفاده برای آغازگرهای مورد استفاده جهت واکنش PCR.....	۳۶
جدول 4-2: اجزاء تشکیل دهنده ژل پلی اکریلامید 8%.....	۳۷
جدول 1-3: مقایسه آماری میانگین صفات گنجشک خانگی بین دو منطقه بهبهان و سنندج.....	۴۴
جدول شماره 2-3: واریانس، درصد واریانس و درصد تجمع هریک از مولفه‌ها بر اساس PCA.....	۴۵
جدول 3-3: میانگین ( $\pm$ انحراف معیار) پارامترهای مورد بررسی برای تعیین تنوع جمعیت‌های گنجشک خانگی شهرستان‌ها ی بهبهان و سنندج با استفاده از آغازگر C و (AG).....	۴۷
جدول 4-3: میانگین ( $\pm$ انحراف معیار) پارامترهای مورد بررسی برای تعیین تنوع جمعیت‌های گنجشک خانگی شهرستان های بهبهان و سنندج با استفاده از آغازگر 9C (GA).....	۴۸
جدول 5-3: میانگین ( $\pm$ انحراف معیار) پارامترهای مورد بررسی برای تعیین تنوع جمعیت‌های گنجشک خانگی شهرستان های بهبهان و سنندج با استفاده از آغازگر 9A (TG).....	۴۸
جدول 6-3: میانگین ( $\pm$ انحراف معیار) پارامترهای مورد بررسی برای تعیین تنوع جمعیت‌های گنجشک خانگی شهرستان های بهبهان و سنندج با استفاده از آغازگر 9C (TG).....	۵۱
جدول 7-3: میانگین ( $\pm$ انحراف معیار) پارامترهای مورد بررسی برای تعیین تنوع جمعیت‌های گنجشک خانگی شهرستان های بهبهان و سنندج با استفاده ترکیب داده‌های آغازگرها.....	۵۳
جدول 8-3: توزیع تنوع ژنتیکی کل، تمایز ژنتیکی و جریان ژن بین جمعیت‌های گنجشک خانگی.....	۵۴
جدول 9-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر C و (AG) بدون احتساب نارایی.....	۵۵
جدول 10-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر C و (AG) با احتساب نارایی.....	۵۵
جدول 11-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر C و (GA) بدون احتساب نارایی.....	۵۶
جدول 12-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر C و (GA) با احتساب نارایی.....	۵۶
جدول 13-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر A و (TG) بدون احتساب نارایی.....	۵۷
جدول 14-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر A و (TG) با احتساب نارایی.....	۵۷
جدول 15-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر C و (TG) بدون احتساب نارایی.....	۵۸
جدول 16-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با استفاده از آغازگر C و (TG) با احتساب نارایی.....	۵۸
جدول 17-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها بدون احتساب نارایی (نئی، 1972).....	۵۹
جدول 18-3: ماتریس فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌ها با احتساب نارایی (نئی، 1972).....	۵۹

- جدول 3-19: آنالیز تجزیه واریانس مولکولی 6 جمعیت گنجشک خانگی بوسیله مارکرهای ISSR ..... ۶۴
- جدول 3-20: جدول تجزیه واریانس مولکولی 6 جمعیت گنجشک خانگی بوسیله مارکرهای ISSR ..... ۶۴
- جدول 3-21: مقادیر سطح احتمال (P) در آزمون تمایز جمعیت‌ها ..... ۶۴
- جدول 3-22: مقادیر ویژه دو تابع مورد استفاده در ارزیابی تابع تشخیص ..... ۶۵
- جدول 3-23: لوکوس‌های موثر انتخاب شده توسط آزمون قدم به قدم ..... ۶۵



## فهرست اشکال

صفحه

عنوان

- شکل 1-1: تصویر گنجشک خانگی ..... ۱۰
- شکل 2-1: انواع نشانگرهای ژنتیکی ..... ۱۹
- شکل 1-2: موقعیت و مختصات نقاط نمونه برداری در شهرستان‌های بهبهان و سنندج ..... ۳۱
- شکل 2-2: قفس شکاری مورد استفاده برای صید نمونه‌های گنجشک خانگی ..... ۳۲
- شکل 2-3: اندازه‌گیری فاصله دو سر بال گنجشک خانگی ..... ۳۳
- شکل 2-4: اندازه‌گیری وزن گنجشک خانگی ..... ۳۳
- شکل 3-1: الگوی بان‌دی بدست آمده از آغازگر (AG)<sub>9</sub>C ..... ۴۶
- شکل 3-2: الگوی بان‌دی بدست آمده از آغازگر (GA)<sub>9</sub>C ..... ۴۶
- شکل 3-3: الگوی بان‌دی بدست آمده از آغازگر (TG)<sub>9</sub>A ..... ۴۶
- شکل 3-4: الگوی بان‌دی بدست آمده از آغازگر (TG)<sub>9</sub>C ..... ۴۶
- شکل 3-5: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی استاندارد نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (AG)<sub>9</sub>C ..... ۶۰
- شکل 3-6: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی ناریب نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (AG)<sub>9</sub>C ..... ۶۰
- شکل 3-7: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی استاندارد نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (GA)<sub>9</sub>C ..... ۶۱
- شکل 3-8: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی ناریب نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (GA)<sub>9</sub>C ..... ۶۱
- شکل 3-9: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی استاندارد نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (TG)<sub>9</sub>A ..... ۶۱
- شکل 3-10: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی ناریب نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (TG)<sub>9</sub>A ..... ۶۲
- شکل 3-11: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی استاندارد نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (TG)<sub>9</sub>C ..... ۶۲
- شکل 3-12: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی ناریب نئی به روش UPGMA با استفاده از آغازگر (TG)<sub>9</sub>C ..... ۶۲
- شکل 3-13: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی استاندارد نئی به روش UPGMA ..... ۶۳
- شکل 3-14: دندروگرام حاصل از فاصله ژنتیکی ناریب نئی به روش UPGMA ..... ۶۳

## فصل اول

### مقدمه و تاریخچه تحقیق

#### 1-1- کلیات

پرنندگان متنوع‌ترین مهره‌داران روی زمین هستند (Chiappe, 2009) که میلیون‌ها سال با موفقیت از کلیه موانع موجود در فرآیند تکامل گذشته‌اند به همین سبب حامل نوعی تاریخ زیست‌شناختی می‌باشند، تاریخی که جدای از دیدگاه‌های انسان محورانه، به پرنندگان ارزش ذاتی می‌بخشد (دورست، 1382، Chiappe, 2009). بر مبنای همین استدلال نیز می‌توان مدعی شد آنچه امروز از بین می‌رود بخشی از تاریخ زیست کره<sup>1</sup> است. اهمیت پرنندگان در واقع بیش از آن میزانی است که از طریق محاسبه زیتوده بتوان به درک آن نائل آمد. پرنندگان قادرند اماکن و محدوده‌هایی را اشغال نمایند که هیچ جاندار دیگری قادر به تسخیر آن نیست. بدین ترتیب پرنندگان جریان انرژی را هدایت می‌کنند که شکل‌های جانوری دیگر امکان آن را ندارند، لذا جایگزینی پرنندگان در اکوسیستم توسط هیچ جانور دیگری میسر نیست (دورست، 1382). کشور ما ایران به علت داشتن وسعت زیاد، چین خوردگی‌ها، بیابان‌ها و شرایط اقلیمی و جغرافیایی خاص، دارای زیستگاه‌های مختلف با گونه‌های متنوع گیاهی و جانوری و در نتیجه تنوع زیستی جانوری بالا می‌باشد (ضیائی، 1387). در این میان پرنندگان با داشتن بیش از 514 گونه بخش مهمی از تنوع زیستی غنی این سرزمین را تشکیل می‌دهند (منصوری، 1387).

---

<sup>1</sup> Biosphere

گنجشک خانگی (*Passer domesticus*, Pallas 1811) گونه‌ای از خانواده گنجشکیان (*Passeridae*) و راسته گنجشک‌سانان (*PASSERIFORMS*) می‌باشد. از نظر شکل ظاهری هر دو جنس روتنه‌ای قهوه‌ای رنگ با رگه‌های سیاه، زیر تنه‌ای زرد نخودی کم رنگ دارند. جنس نر، گونه‌های سفید و گلو، چانه و سینه سیاه دارند. گنجشک خانگی بومی اروپا، آسیا و آفریقای شمالی است، اما از اواسط قرن 19 در سرتاسر زمین منتشر شده است و از این حیث بیشترین پراکنش را در سطح زمین دارا است (منصوری، 1387; Roof, 2001). در لیست اتحادیه بین‌المللی حفاظت از طبیعت<sup>1</sup> گنجشک خانگی به عنوان گونه‌ای با وضعیت کمترین نگرانی معرفی شده است. در حالی که در قسمت‌های زیادی از اروپا جمعیت گنجشک خانگی به دلیل تخریب زیستگاه یا شکار بی رویه برای جلوگیری از خسارت به مزارع در حال کاهش است (Sinclair, 1993) و در هلند به گونه در معرض خطر تبدیل شده است (Roof, 2001).

به دلیل تأثیر شرایط زیست محیطی خاص هر منطقه، جمعیت‌های متفاوت از یک گونه در مناطق مختلف، می‌توانند از نظر ژنتیکی با یکدیگر تفاوت داشته باشند. هر چه فاصله مکانی بین دو جمعیت بیشتر شود، احتمال اینکه در صفات بیشتری با هم تفاوت داشته باشند و تنوع ژنتیکی بیشتری را نشان دهند، افزایش می‌یابد. در این صورت می‌توان آنها را به عنوان زیر گونه‌های مجزا پذیرفت (مایر، 1384). تنوع ژنتیکی به هر شکل تنوع در نوکلئوتیدها، ژن‌ها، کروموزوم‌ها یا تمام ژنوم موجودات اشاره می‌کند و برای سازگاری و بقای جمعیت‌های یک گونه در برابر شرایط متغیر و متفاوت زیست محیطی مفید و مؤثر می‌باشد (Clark, 2009; Shah, 2000). تنوع ژنتیکی یکی از سه جزء اساسی تنوع زیستی، به همراه تنوع گونه‌ای و تنوع اکوسیستم است. در واقع تنوع ژنتیکی به عنوان جزء اساسی سازماندهی کننده تنوع زیستی است زیرا تنوع ژنتیکی سازنده تنوع گونه‌ای است و تنوع اکوسیستمی از تنوع گونه‌ای بوجود می‌آید. بنابراین هر گونه هدفی که فقط تنوع گونه‌ای یا اکوسیستمی را بررسی و پایش کند و تنوع ژنتیکی را مد نظر قرار ندهد ناقص است. تنوع ژنتیکی بوسیله تاریخ گذشته جمعیت تعیین می‌شود و بر پایداری گونه و جمعیت در آینده تأثیر می‌گذارد (Keith Barker *et al.*, 2001). به دلیل اینکه منابع ما برای حفاظت محدود هستند آگاهی از تنوع ژنتیکی در بهبود حفاظت و استراتژی‌های بهره‌وری لازم و ضروری است (Hhghet *et* Guan, 2009). به همین دلیل آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت صحیح منابع ژنتیکی از مسائل مهم فرا روی برنامه‌ریزان در سطح جهان تبدیل گشته است (Bruford. & Wayne, 1993). از مدت‌ها پیش چگونگی شناخت منشأ و حفظ تنوع

<sup>1</sup> : International Union for Conservation of Nature

ژنتیکی در جمعیت‌های طبیعی یک سؤال کلیدی در بوم‌شناسی تکاملی بوده است (Parkin & Cole, 1985)، به همین دلیل از اطلاعات بدست آمده از طریق بررسی‌های تنوع ژنتیکی می‌توان در بازسازی تاریخ و مطالعات بوم‌شناختی تکاملی استفاده کرد (Jensen *et al.*, 2003; Harrison *et al.*, 2004). از نتایج چنین بررسی‌هایی نیز می‌توان برای رده‌بندی دقیق جمعیت‌های حیات وحش استفاده کرد، زیرا پیچیدگی‌های طبیعت و تأثیر آن بر خصوصیات ریختی<sup>1</sup> موجودات زنده و نیز وجود اختلاف نظر بین متخصصین در خصوص شناسایی برخی گونه‌ها، سبب پدید آمدن چالش‌های زیادی در بحث رده‌بندی موجودات بر اساس خصوصیات ریختی آنها شده است (Anderson, 2006) به همین دلیل امروزه مبحثی تحت عنوان DNA بارکدینگ<sup>2</sup> که یکی از روش‌های مولکولی مبتنی بر DNA و بر اساس توالی کوتاه استاندارد شده‌ای استوار است برای تمایز بین گونه‌های موجود در هر منطقه مطرح شده است (Herbert *et al.*, 2003). در حال حاضر این روش به عنوان یک روش استاندارد در راستای شناسایی گونه‌های مختلف جانوری و گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Savolainen, *et al.*, 2005). به رغم اهمیتی که مطالعات ژنتیکی دارند اطلاعات ژنتیکی اندکی در رابطه با گونه‌های حیات وحش وجود دارد (Harrison *et al.*, 2004; Guan, 2009).

گونه‌های گنجشک در طبیعت به آسانی قابل مشاهده هستند و اغلب در حفره‌های طبیعی تولید مثل می‌کنند. دوره تولید مثلی کوتاهی دارند و تعداد گروه‌های تخمی زیادی تولید می‌کنند (Slate *et al.*, 2007) از این گونه‌ها به فراوانی در مطالعات بوم‌شناختی، زیست‌شناختی، جمعیتی، رفتارشناسی و تکاملی و همچنین در مطالعات رده‌بندی در راستای تحقیقات تکاملی و اکولوژیکی استفاده شده است (Slate, 2007). گنجشک خانگی در اغلب اکوسیستم‌های سیاره زمین به صورت گله‌های بزرگ<sup>3</sup> در آمده است به همین دلیل در معرض فشارهای زیست محیطی متفاوتی قرار دارد و روند تغییرات جمعیتی و تکاملی متفاوتی را در نقاط مختلف دنیا طی می‌کند (Summer-Smith, 1999). در حدود 12 زیر گونه و چندین جمعیت معرفی شده از گنجشک خانگی وجود دارد که در طی 100 سال گذشته مورد نظارت پیوسته<sup>4</sup> قرار گرفته‌اند (Parkin & Cole, 1985) اما همچنان نیاز است که ارتباط تنوع صفات این گونه با تنوع شرایط زیست محیطی، تکامل سریع اندازه بدن و دیگر ویژگی‌های ریختی در خلال چند نسل به صورت علمی و مستند مورد بررسی قرار گیرد (Vaisanen & Lehvaslaiho, 1984). در کل می‌توان گفت که حجم زیادی از اطلاعات پایه در خصوص

---

<sup>1</sup> Morphologic characteristics

<sup>2</sup> DNA Barcoding

<sup>3</sup> Colony

<sup>4</sup> Monitoring