بوم‌شناسی کاربردی/ سال چهاردهم / شماره سوم / ۱٤۰٤/ صفحات ۵۵ تا ٦۸

تنوع و ساختار ژنتیکی آهوی گواتردار (*Gazella subgutturosa*) در استان فارس با استفاده از نشانگر ریزماهواره

علی فرزام[۱]، رویا آداودی[۲]، رسول خسروی*[۳]، شروین مقصودلو[٤] و محمد کابلی*[۵]

(تاریخ دریافت: ۱٤۰٤/۱۲/۱٦ ؛ تاریخ پذیرش: ۱٤۰۵/۰۲/۱۳)

چکیده

کاهش جمعیت می‌تواند منجر به افت تنوع ژنتیکی، افزایش هم‌خونی و کاهش توان سازگاری، در برابر تغییرات محیطی شود. بنابراین، پایش شاخص‌های ژنتیکی برای ارزیابی پایداری جمعیت‌ها ضروری است. در مطالعه حاضر، تنوع و ساختار ژنتیکی آهوی گواتردار (*Gazella subgutturosa*) در استان فارس (پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران) با استفاده از ٤۵ نمونه سرگین و ۱۵ نشانگر ریزماهواره ارزیابی شد. شاخص‌های تنوع ژنتیکی، درون‌آمیزی، تمایز و ساختاربندی ژنتیکی و گردنه بطری برآورد گردید. بر اساس نتایج به‌دست‌آمده مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین ۰/۹۵ - ۰/۳٤ برآورد گردید که نشان‌دهنده سطح مناسبی از تنوع ژنتیکی در هر دو منطقه است. همچنین شاخص تمایز ژنتیکی ۰/۰۵٦ محاسبه شد که وجود تمایز بالا بین دو جمعیت را آشکار می‌سازد که می‌تواند ناشی از محدودیت جریان ژنی، جدایی جغرافیایی، و یا تأثیر مقاومت محیطی باشد. نشانه‌ای از وقوع پدیده گردنه بطری در گذشته نزدیک در هیچ یک از دو جمعیت مشاهده نشد. اگرچه وضعیت تنوع ژنتیکی مطلوب ارزیابی شد، اما تمایز ژنتیکی مشاهده‌شده ضرورت توجه به مدیریت جداگانه هر جمعیت و در صورت لزوم، تقویت ارتباط زیستگاهی میان جمعیت‌ها را برجسته می‌کند. این نتایج می‌توانند مبنایی علمی برای تدوین راهبردهای حفاظتی جمعیت‌های آهوی گواتردار را فراهم آورند.

واژه‌های کلیدی: آهوی گواتردار، تنوع و ساختار ژنتیکی، نشانگرهای ریزماهواره، نمونه‌برداری غیرتهاجمی

۱ -دانشجوی دکتری، گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، البرز، ایران.
۲ -دکتری ژنتیک تکاملی، دانشکده زیست شناسی، دانشگاه گدانسک، گدانسک، لهستان.
۳ -دانشیار بخش مهندسی منابع طبیعی و محیط زیست، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران.
٤ -دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، البرز، ایران.
۵ -استاد گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، البرز، ایران.
*مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: r-khosravi@shirazu.ac.ir mkaboli@ut.ac.ir

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

۱- مقدمه

تخریب و تکه‌تکه شدگی زیستگاه‌های طبیعی، از عوامل اصلی کاهش جهانی تنوع زیستی به شمار می‌روند (۲٦ و ۳٦). تکه‌تکه شدگی زیستگاه منجر به تغییر در محدوده پراکنش گونه‌ها و در نتیجه کاهش موفقیت تولیدمثلی افراد می‌شود (۱۳ و ۱۷)، که این امر نیز می‌تواند کاهش اندازه مؤثر جمعیت‌ها را به همراه داشته باشد (۱۰). جمعیت‌های منزوی با اندازه جمعیت مؤثر پایین تحت تأثیر عواملی مانند رانش ژنتیکی و گردنه بطری، تنوع ژنتیکی را سریع‌تر از جمعیت‌های بزرگ‌تر و با پراکنش گسترده از دست می‌دهند (٤۰). این کاهش تنوع ژنتیکی همراه با کاهش برازش به دلیل سطح بالای درون‌آمیزی می‌تواند پتانسیل سازشی جمعیت‌ها را در مقابله با تغییرات محیطی کاهش دهد (۷). در چنین شرایطی، حفظ و یا افزایش تنوع ژنتیکی یکی از اولویت‌های کلیدی در زیست‌شناسی حفاظت به شمار می‌رود که می‌تواند توان تکاملی جمعیت‌ها را بهبود بخشد (۲۱).

در میان طیف گسترده از نشانگرهای مولکولی که می‌توانند به منظور کمّی سازی تنوع ژنتیکی بین و درون‌گونه‌ای مورد استفاده قرار گیرند (۹ و ۳۵)، ریزماهواره‌ها ابزاری کارآمدی هستند که به‌طور گسترده مورد استفاده قرار گرفته‌اند. چندریختی زیاد، سهولت در تجزیه‌وتحلیل و پراکنش وسیع در سراسر ژنوم از جمله عواملی هستند که موجب کاربرد گسترده این نشانگرهای مولکولی در پژوهش‌های ژنتیکی شده‌است (۲۵).

پستانداران بزرگ‌جثه به واسطه نیازهای زیستگاهی گسترده، اندازه جثه، تراکم پایین جمعیت و نرخ پایین زاد و ولد آسیب‌پذیری بیشتری به تغییرات انسان–محور در زیستگاه‌های طبیعی دارند (۵ و ۳۲). آهوی گواتردار یا آهوی ایرانی (*Gazella subgutturosa*) از جمله پستاندارانی است که در ده‌های اخیر به دلیل تخریب زیستگاه ، شکار و رقابت با دام‌های اهلی کاهش شدیدی را در جمعیت تجربه کرده است (۱۹). این علفخوار در گذشته‌ای نه چندان دور پراکنش وسیعی از ایران، ترکیه، پاکستان، ترکمنستان، مغولستان و تبت گرفته تا شمال چین داشته است (۱۸ و ۱۵)، لیکن امروزه در برخی مناطق، جمعیت‌های محلی گونه به نصف کاهش یافته و یا منقرض شده است. کاهش شدید جمعیت این گونه در ایران نیز باعث محدود شدن جمعیت‌ها به تعدادی جمعیت کوچک و منزوی و عمدتا محدود به مناطق حفاظت شده است، که این موضوع نگرانی در زمینه عوامل تهدید ژنتیکی و کاهش پتانسیل سازشی جمعیت‌ها را افزایش داده است (۲۲). تاکنون مطالعاتی در رابطه با ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های آهو در سطح دنیا و ایران انجام شده‌است. به عنوان مثال ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی آهو در زیستگاه‌های تکه‌تکه شده در مغولستان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره و میتوکندریایی نشان داد که کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های آهوی مغولی را می‌توان با تقویت تبادل ژنی آن‌ها با سایر جمعیت‌ها بهبود بخشید. همچنین، معرفی افراد جدید با تنوع ژنتیکی بالاتر به‌عنوان راهکاری برای کاهش درون‌آمیزی و افزایش پایداری جمعیت‌ها پیشنهاد شده است (۳۳). در ایران، ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی آهوی گواتردار با استفاده از توالی‌یابی ژن سیتوکروم b نشان داد که این گونه به سه دودمان مجزا تقسیم می‌شود: دودمان خاورمیانه‌ای در غرب رشته‌کوه زاگرس، دودمان ایران مرکزی و دودمان آسیایی در شمال‌شرق کشور. نتایج این مطالعه حاکی از آن است که ایران، به‌دلیل وجود رشته‌کوه‌های گسترده و بیابان‌هایی که موجب جداسازی جمعیت‌ها می‌شوند، به‌عنوان مرکز تنوع‌یابی آهوی گواتردار شناخته می‌شود (۱۱). در یک مطالعه جدید در مورد آهوی گواتردار که با استفاده توالی‌یابی ژن سیتوکروم b صورت گرفته است، واگرایی دو دودمان اصلی (*Gazella subgutturosa subgutturosa* و *G. s. yakandensis*) در حدود ۱/۰۵ میلیون سال پیش و همچنین جدایی بیشتر درون دودمان *subgutturosa* (خاورمیانه‌ای و ایران مرکزی) در پلیستوسن میانی گزارش شده است. همچنین پیش‌بینی‌ها حاکی از کاهش زیستگاه‌های مناسب در آینده و تمرکز پراکنش در نواحی مرکزی

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

است که اهمیت توجه به وضعیت ژنتیکی جمعیت‌ها در برنامه‌های حفاظتی را نشان می‌دهد (۲). با توجه به تغییرات آب‌وهوایی و پیش‌بینی‌های صورت گرفته در خصوص کاهش زیستگاه‌های مناسب در آینده و همچنین از آنجایی که بیشتر پژوهش‌های اشاره شده مبتنی بر نشانگرهای میتوکندریایی بوده‌است و خلاء اطلاعاتی قابل توجهی در رابطه با تنوع آهوان غرب و جنوب غرب ایران مشاهده می‌شود، در این مطالعه به بررسی وضعیت ژنتیکی جمعیت‌های آهوان استان فارس با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره پرداخته شد.

در دهه‌های اخیر، آهوی گواتردار در بخش بزرگی از گستره پراکنش تاریخی این گونه در کشور منقرض شده است (۱۱) و در حال حاضر جمعیت‌های باقیمانده محدوده به دو منطقه تحت حفاظت (پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران) می‌شود. بر اساس آخرین آمار سرشماری، در حدود ۱۲۰ راس آهو در پارک ملی بمو و ٦٥ راس در منطقه بصیران وجود دارد که این موضوع نگرانی در مورد بقاء بلند مدت این گونه را در مناطق مذکور افزایش داده است. با توجه به نگرانی در ارتباط با اندازه کوچک این جمعیت‌ها، در حال حاضر اطلاعات چندانی در رابطه با تنوع و ساختار ژنتیکی این جمعیت‌ها وجود ندارد. از این‌رو، در پژوهش حاضر به بررسی و مقایسه تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های باقیمانده این علفخوار در استان فارس با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای پرداخته‌شد. مهم‌ترین اهداف پژوهش حاضر شامل (۱) برآورد تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیتی، (۲) تعیین میزان درون‌آمیزی، و (۳) ارزیابی ساختار ژنتیکی و میزان تشابه ژنتیکی بین دو جمعیت است. با توجه به اینکه در پژوهش‌های پیشین مطالعاتی در رابطه با تنوع و ساختار ژنتیکی آهوان گواتردار در استان‌های مجاور (کرمان، یزد و اصفهان) انجام شده‌است (۲۲)، نتایج پژوهش حاضر می‌تواند در برنامه‌ریزی‌های مدیریتی به منظور تقویت ژنتیکی آهوان بمو و بصیران با استفاده از جمعیت‌های مجاور این مناطق اهمیت دوچندانی داشته باشد.

۲- مواد و روش‌ها

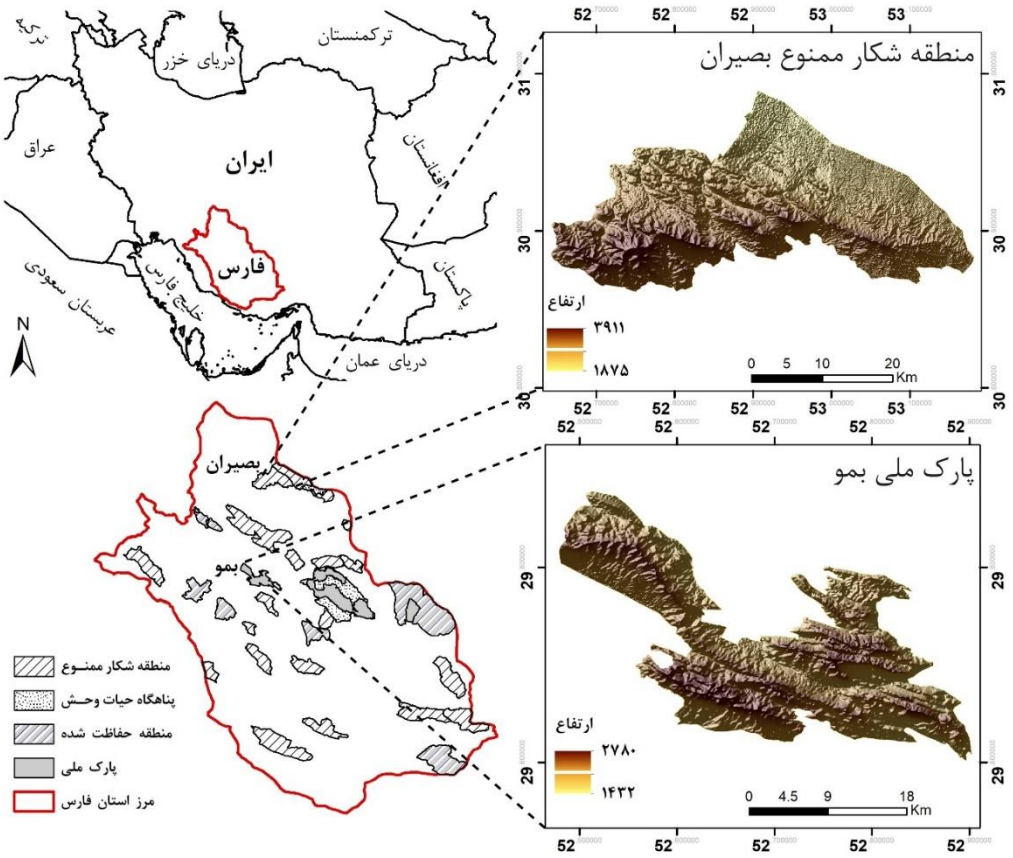
۲-۱- معرفی منطقه مورد مطالعه و نمونه‌برداری

پارک ملی بمو با مساحت ٤٦٩١٣ هکتار در شمال شرقی شهر شیراز واقع شده است. این محدوده از سال ۱۳٤۰ با عناوین مختلفی تحت حفاظت قرار گرفته است. این منطقه دارای اقلیم نیمه‌خشک و توپوگرافی عمدتاً کوهستانی با دامنه ارتفاعی حدود ۱٤۰۰ تا ۲۷۰۰ متر است که زیستگاه‌های متنوعی را شکل داده است. همچنین با وجود فشارهای انسانی، این منطقه از تنوع زیستی قابل‌توجهی برخوردار بوده و با داشتن حدود ۳۵۰ گونه گیاهی و مجموعه‌ای از پستانداران شاخص، به‌عنوان یکی از زیستگاه‌های مهم حیات‌وحش در جنوب ایران شناخته می‌شود. منطقه شکار ممنوع بصیران نیز با مساحتی در حدود ٧٦۱۲٦ هکتار در شهرستان اقلید در شمال استان فارس واقع شده و با توپوگرافی کوهستانی (بخشی از زاگرس) و دامنه‌های مرتفعی مانند کوه بُل، زیستگاه‌های متنوعی را در بر می‌گیرد. این منطقه با پوشش گیاهی عمدتاً استپی و منابع آبی متکی بر ذوب برف و چشمه‌ها، تنها زیستگاه آهوی گواتردار در شمال فارس محسوب می‌شود، هرچند تحت تأثیر فشارهای انسانی نظیر توسعه زیرساخت‌ها و فعالیت‌های دامداری قرار دارد. فاصله هوایی مناطق مذکور از یکدیگر حدود ۱۰۰ کیلومتر است (شکل ۱).

با استفاده از روش نمونه‌برداری غیرتهاجمی، ۲۳ نمونه سرگین از پارک ملی بمو و ۲۲ نمونه سرگین از منطقه شکار ممنوع بصیران بین زمستان ۱٤۰۲ و بهار ۱٤۰۳ جمع‌آوری شد. با توجه به اینکه مطالعات پیشین نشان داده‌اند روش سواب سطح سرگین نسبت به استفاده کامل از سرگین کیفیت بهتری از DNA فراهم می‌کند (۲٤)، لذا لایه موکوس سطح خارجی هر سرگین با استفاده از سواب‌های پنبه‌ای نمونه‌برداری شد (شکل ۲). سپس سواب‌ها به میکروتیوب های دو میلی‌لیتری منتقل و تا زمان استخراج در دمای منفی ۲۰ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند.

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]



شکل ۱. محدوده پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران در استان فارس



شکل ۲. نمونه‌برداری غیر تهاجمی به روش سواب از سطح سرگین‌ها (عکس از علی فرزام)

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

۲-۲- استخراج DNA و انتخاب نشانگرهای ریزماهواره

استخراج DNA با استفاده از روش فنل کلروفرم صورت گرفت و از ژل آگاروز یک درصد در حضور بافر TBE 1X برای مشاهده DNA استخراج شده استفاده شد. علاوه بر این غلظت DNA استخراج شده با استفاده از دستگاه نانودراپ مورد بررسی قرار گرفت. با توجه به اینکه یکی از اهداف پژوهش حاضر، مقایسه تنوع ژنتیکی آهوان استان فارس با جمعیت‌های مجاور در استان‌های کرمان، یزد، و اصفهان بود، انتخاب نشانگرهای ریزماهواره بر اساس مطالعات قبلی صورت گرفته در استان‌های مذکور انجام شد. برای این منظور ۱۵ جفت آغازگر ریزماهواره بر اساس مطالعات پیشین (۲۲) انتخاب شد (جدول ۱).

۲-۳- تکثیر قطعات ریزماهواره با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز

به منظور تعیین شرایط بهینه برای تکثیر هر آغازگر، در ابتدا واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در شرایط دمایی متفاوت و ترکیبات مختلف انجام گرفت. همچنین برای خوانش قطعات تکثیرشده در دستگاه توالی‌یاب، از رنگ‌های فلورسنت نوکلئوتیدی شامل TAMRA، FAM و HEX استفاده گردید. به این ترتیب، واکنش زنجیره‌ای آغازگر اولیه برای ۱۵ جفت پرایمر در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر در دستگاه ترموسایکلر Labnet Optimax 96 well حاوی ۱۰ میکرولیتر میکس PCR (Ampliqon 2x RED, Mgcl2 2Mm) ، ۰/۵ میکرومولار پرایمر رفت و برگشت، ۱ میکرولیتر دی‌ان‌ای استخراج شده و به همراه ۸ میکرولیتر آب اجرا شد. برنامه دمایی شامل دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، ۴۰ چرخه شامل دمای ۹۴ درجه به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال ۵۷ درجه و به مدت ۴۰ ثانیه و دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵۰ ثانیه اجرا شد. در مرحله دوم واکنش زنجیره‌ای آغازگر در حضور پروب فلورسنت برای تمامی نشانگرها در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر حاوی ۱۰ میکرولیتر میکس PCR، ۱ میکرولیتر پروب فلورسنت، ۰/۵میکرولیتر از هر کدام از محصولات PCR مرحله اول و در برنامه دمایی شامل دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، ۴۰ چرخه با دمای ۹۴ درجه به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال ۵۳ درجه سانتی‌گراد و به مدت ۶۰ ثانیه و دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۶۰ ثانیه اجرا شد. به منظور خوانش قطعات تکثیرشده از دستگاهABI 3500 Sequencer و در حضور وزن مولکولی GenescanLiz500 و رنگ استاندارد Liz استفاده شد. سپس ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار Geneious IR نسخه ۹.۱.۸ تعیین شدند.

۲-۴- تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی

فراوانی الل‌های نال با روش الگوریتم بیشینه انتظار (۶) در نرم‌افزار FreeNA محاسبه شد (۴). از نرم‌افزار MICRO-CHECKER نسخه ۲.۲.۳ برای بررسی احتمال موفقیت کمتر در تکثیر الل‌های بزرگ در مقایسه با الل‌های کوچک و خطای شمارش ناشی از تغییر در اندازه الل‌ها استفاده شد (۳۸). تعادل هاردی-واینبرگ برای هر لوکوس در هر جمعیت بر اساس فرضیه کاهش هتروزیگوسیتی (۱۶) و همچنین ترکیب تصادفی الل‌ها یا ژنوتیپ‌ها در هر جفت از لوکوس‌ها با استفاده از نرم‌افزار GENEPOP بررسی شد (۳۰). نتایج هر دو تحلیل بررسی تعادل هاردی- واینبرگ و تعادل اتصالی در لوکوس‌ها پس از اعمال شاخص تصحیح Bonferroni (۳۱) برای نمونه‌ها بیان شد (a = ۰/۰۵). از نرم افزار FSTAT 2.9.3 (۱۴) به منظور بررسی غنای اللی (A_r)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_E)، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (H_O) و تعداد آلل‌های هر لوکوس (A) استفاده شد. میزان شاخص درون‌آمیزی (FIS) با استفاده از از روش وایر و کوکرهام (W&C) با استفاده از نرم‌افزار GENEPOP برای هر لوکوس و همچنین به عنوان یک برآورد کلی برای تمامی لوکوس‌ها محاسبه شد. میزان واگرایی ژنتیکی و هتروزیگوسیتی بین جمعیت‌ها با استفاده از

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

جدول ۱. توالی آغازگرهای ریزماهواره استفاده شده به منظور تکثیر قطعات دی‌ان‌ای هسته

نام آغازگر	توالی			منبع
	گروه	F (5′-3′)	R (5′-3′)	
HSC	۱	CTGCCAATGCAGAGACACAAG A	GTCTGTCTCCTGTCTTGTCATC	۸
Maf65	۱	AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG	CCACTCCTCCTGAGAATATAACATG	۸
INRA5	۱	TTCAGGCATACCCTACACCACATG	AAATATTAGCCAACTGAAAACTGGG	۳
ILST008	۲	GAATCATGGATTTTCTGGGG	TAGCAGTGAGTGAGGTTGGC	۲۳
INRA6	۲	AGGATATCTGTATCAACCTCAGTC	CTGAGCTGGGGTGGGAGCTATAAATA	۳۷
McM527	۲	GTCCATTGCCTCAAATCAATTC	AAACCACTTGACTACTCCCCAA	۸
BM302	۳	GAATTCCCATCACTCTCTCAGC	GTTCTCCATTGAACCAACTTCA	۲۰
BM415	۳	GCTACAGCCCTTCTGGTTTG	GAGCTAATCACCAACAGCAAG	۲۰
INRA40	۳	TGAAAGGGGGTGTGTGGG	CTGCCCTGGGGATGATTG	۲۰
HPN111	٤	GTCGGACACAACTGAACCAC	GTTTGCAGCTAGTTATTCTGAAATGGG	۲۷
HPN79	٤	AAGGAGTTGTAGGAGTTTTGTAGCTC	GTTTGGAAGAAATAGGGCTTGGGA	۲۷
HPN91	٤	CCTCCCTCCCTCTTCCCT	GTTTAATTGGGATGCAAAGACGAG	۲۷
HpN5	۵	AGCATAGGTGCTGCTACAGT	GGTGCAACTTCATCTAGACC	۲۷
HPN12	۵	AAGACTTTGAGCTTCCATTG	AATGGTTTTGTCCATCTCTG	۲۷
HPN2	۵	CAATTCCCTGGGGATAAG	CTGTCCAGACCACCAAATAC	۲۷

شاخص تمایز جمعیتی FST (۳۹) در نرم‌افزار FreeNA محاسبه شد.

احتمال وجود ساختار ژنتیکی متمایز بین نمونه‌ها توسط روش گروه‌بندی بیزین (مدل پریچارد) در نرم‌افزار STRUCTURE انجام شد (۲۸). با توجه به اینکه اطلاعات معتبر در مورد وجود جریان ژنی بین دو جمعیت بمو و بصیران در گذشته وجود ندارد، بنابراین مدل پریچارد با سناریوهای متعددی اجرا و در نهایت محتمل‌ترین سناریو انتخاب شد. برای این منظور از هر دو مدل اختلاطی (Admixture Model) و عدم اختلاط (No-Admixture Model) و همچنین هر دو مدل فراوانی آللی وابسته (Correlated Allele Frequencies) و فراوانی آللی مستقل (Independent Allele Frequencies) در نرم‌افزار STRUCTURE استفاده شد. مقدار K در بازه یک تا پنج (MAXPOPS = 1–5) در نظر گرفته شد و با محاسبه مقدار درست‌نمایی داده‌ها ((Ln P(D) تعداد بهینه خوشه‌های ژنتیکی تحت سناریوهای مختلف تعیین گردید. در صورتی که نمونه‌های مورد بررسی به بیش از یک جمعیت تعلق داشته باشند، انتظار می‌رود با افزایش مقدارK، مقدار درست‌نمایی نیز افزایش یابد. در این پژوهش، آستانه Qi =۰/۸ برای انتساب هر نمونه به یک خوشه مشخص در نظر گرفته شد (۱ و ۲۹). از آنجا که مدل پریچارد در هر اجرا مقدار درست‌نمایی داده‌ها ((Ln P(D) را محاسبه می‌کند، برای هر مقدار احتمالی K، پنج تکرار مستقل در نظر گرفته‌شد و میانگین مقادیر درست‌نمایی به دست آمد. بر این اساس، بیشترین مقدارLn P(D) به عنوان محتمل‌ترین تعداد خوشه‌های جمعیتی در نظر گرفته شد.

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

احتمال بروز گردنه بطری در دو جمعیت بمو و بصیران با استفاده از نرم افزار Bottleneck و تحت سه مدل جهشی ((IAM، TPM و SMM) و ۱۰۰۰۰ تکرار احتمال ارزیابی شد. از آزمون رتبه‌بندی ویلکاکسون و نشانه، معنی‌داری افزایش هتروزیگوسیتی بررسی شد.

۳- نتایج

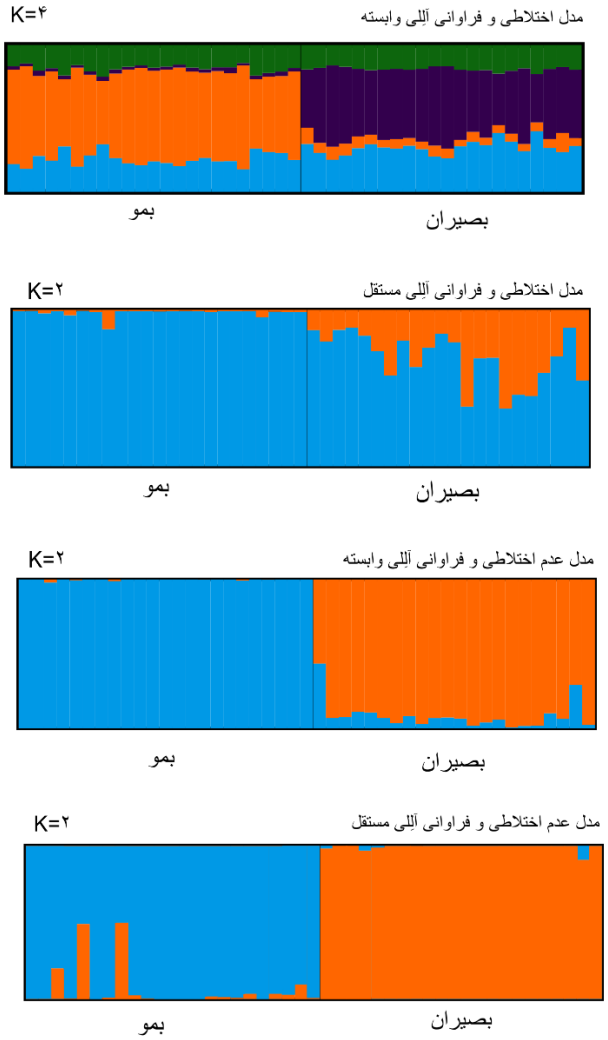
از ۱۵ نشانگر ریزماهواره استفاده شده، دو نشانگر (HSC و INRA40) به دلیل عدم تکثیر در بیش از ۵۰ درصد از نمونه‌ها، از تحلیل‌ها کنار گذاشته شدند. نتایج به دست آمده از Micro-Checker v2.2.3 و FreeNA برای ۱۳ لوکوس باقیمانده نشان از عدم خطای خوانش و همچنین عدم تشخیص یکی از الل‌های فرد هتروزیگوت به دلیل غلظت بسیار پایین DNA داشت (۳٤). فراوانی الل‌های نال (Null alleles) در اغلب لوکوس‌ها ناچیز بود. با این وجود، بیشترین میزان آلل نال در لوکوس BM415 در جمعیت بمو و در لوکوس INRA5 در جمعیت بصیران مشاهده شد.

نتایج به دست آمده بر اساس نرم‌افزار STRUCTURE تحت سناریوهای مختلف شامل مدل اختلاطی و عدم اختلاط و همچنین با در نظر گرفتن فراوانی اللی وابسته و فراوانی اللی مستقل، به طور کلی وجود دو ساختار ژنتیکی متمایز را در نمونه‌های بررسی شده نشان داد که با تفکیک جغرافیایی جمعیت‌های پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران هم‌خوانی دارد (شکل ۳). با این حال، در سناریوی مدل اختلاطی همراه با فرض فراوانی اللی وابسته، بیشترین مقدار درست‌نمایی داده‌ها (Ln P(D)) در K = 4 مشاهده شد. این در حالی است که نتایج به دست آمده از میزان تعلق هر فرد به هریک از جمعیت‌ها، نشان‌دهنده وجود دو جمعیت ژنتیکی مجزا بوده است. در صورتی که الگوی حاصل در K=4 همپوشی زیادی میان خوشه‌ها نشان می‌دهد و تفکیک جمعیت‌ها کمتر است، اما در K=2 جمعیت‌ها جدایی واضح‌تر و مرزبندی مشخص‌تری دارند که فرض وجود دو ساختار ژنتیکی عمده را تقویت می کند (شکل ۳). با توجه به شرایط جمعیتی، فاصله جغرافیایی میان دو منطقه بمو و بصیران و نیز وضوح بیشتر الگوی تفکیک در K=2، پذیرش وجود دو جمعیت متمایز منطقی‌تر به نظر می‌رسد. افزون بر این، نتایج حاصل از سایر سناریوهای مدل‌سازی نیز، چه از نظر تغییرات Ln P(D) و چه از نظر الگوی تعلق افراد به خوشه‌ها، وجود دو ساختار ژنتیکی مجزا را تأیید می‌کنند. تکرار این الگو در شرایط مدل‌سازی متفاوت نشان‌دهنده پایداری و قابلیت اعتماد نتایج به‌دست‌آمده در جمعیت‌های مورد مطالعه است.

نتایج بررسی تبعیت لوکوس‌ها از تعادل هاردی- واینبرگ نشان داد که فرضیه کاهش هتروزیگوسیتی فقط در دو لوکوس (McM527 و ILST008) در هر دو جمعیت معنی‌دار است. بررسی تعادل اتصالی با در نظر گرفتن شاخص تصحیح بونفرونی نشان داد که فقط در پنج مورد از ۷۸ جفت مقایسه انجام شده عدم تعادل اتصالی مشاهده می‌شود (٦/٤ درصد). همچنین، بررسی تعادل اتصالی برای هر جمعیت به صورت جداگانه نشان داد که در جمعیت بمو تعادل اتصالی در چهار مورد (۵/۱ درصد) و در جمعیت بصیران در شش مورد (۷/٦۹ درصد) مشاهده نشد. تمامی جایگاه‌های مطالعه شده دارای چندریختی هستند و تعداد الل‌ها در این جایگاه‌ها بین ۳ تا ۲٤ متغیر بود. مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین ۰/۹۵ - ۰/۳٤ برآورد شد. بررسی الل‌های اختصاصی نشان داد که در تمام لوکوس‌ها و در هر دو جمعیت الل اختصاصی وجود دارد. بیشترین الل اختصاصی مربوط به لوکوس HPN91 با تعداد ۱۷ الل اختصاصی مربوط به جمعیت بصیران و لوکوس HPN111 با تعداد ۸ الل اختصاصی مربوط به جمعیت بمو است. میزان شاخص درون‌آمیزی بر اساس روش وایر – کوکرهام برای جمعیت بمو ۰٦۳/ و جمعیت بصیران ۰٤۸/- محاسبه شد. میانگین غنای اللی برای جمعیت بمو ۸/۱۷ و برای جمعیت بصیران ۹/۸۰ و همچنین شاخص تمایز ژنتیکی FST برای تمامی لوکوس‌ها بین هر جفت از جمعیت‌ها ۰/۰٦ برآورد شد (جدول ۳).

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]



شکل ۳. ساختاربندی ژنتیکی آهوی گواتردار در استان فارس بر اساس مدل پریچارد و در نظر گرفتن سناریوهای مختلف

جدول ۲. نتایج احتمال بروز گردنه بطری در دو جمعیت آهو در استان فارس

جمعیت	مدل جهشی	آزمون نشانه	آزمون ویلکاکسون
پارک ملی بمو	I.A.M.	۰/۰۳۲	۰/۱۰۹
	T.P.M. 95% P	۰/۰۰۸	۰/۰۰٤
	S.M.M.	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱
منطقه شکار ممنوع بصیران	I.A.M.	۰/۱۰۰	۰/۳۳۹
	T.P.M. 95% P	۰/۰۰٦	۰/۰۰۸
	S.M.M.	۰/۰۰۸	۰/۰۰۱

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

جدول ۳. نتایج شاخص‌های تنوع و تمایز ژنتیکی در دو جمعیت آهو در پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران

لوکوس	F_{IS} (W&C)		F_{ST} (W&C)	غنای اللی		تعداد الل‌های اختصاصی		تعادل هاردی- واینبرگ		هتروزیگوسیتی مشاهده شده		هتروزیگوسیتی مورد انتظار	
	بمو	بصیران		بمو	بصیران	بمو	بصیران	بمو	بصیران	بمو	بصیران	بمو	بصیران
HPN79	−۰/ ۲۲	−۰/ ۲۰	۰/ ۰۱	۷/۷۳	۸/۸۲	۳	٤	۰/٦٦	۱/۰۰	/٦۳	/۷۳	/۵۳	/٦۰
Maf65	۰/ ۰۳	۰/ ۰۷	−۰/ ۰۰	٦/۹۱	۷/۹۱	۱	۲	۰/۹۷	۰/۰۵	/۷۷	/۷۸	/۸۲	/۸۰
INRA5	۰/ ۲۰	۰/ ۱٦	۰/۰۳	۹/۸٦	٦/۹۵	٤	۱	۰/۱٦	۰/ ۰۰	/٦۳	/٦۵	/۷۵	/۸۰
HPN2	۰/ ۱٦	−۰/ ۰٤	۰/ ۰۲	۸/۱۰	۱٤/۷۳	۱	۷	۰/۰۰	۰/۳۷	/۹۵	/٦۹	/۹۲	/۸۲
HPN91	۰/ ۲۱	۰/ ۰۹	۰/ ۱۱	۱۰/٤٦	۲۳/۲۷	٤	۱۷	۰/۱۰	۰/۳٦	/۸۲	/٤۳	/۹٤	/۵٤
INRA6	۰/ ۱۳	۰/ ۰۷	۰/ ۰۱	٦/٦۵	۷/۸٦	۲	۳	۰/۰۷	۰/۷۲	/٦۸	/۵۲	/۷۵	/۵۹
BM415	۰/ ۵۱	−۰/ ۱۱	۰/ ۰۸	۷/۷۷	٦/۷۷	۲	۱	۰/ ۰۰	۰/۷۹	/۵	/۳٤	/٤۵	/۷۰
HpN5	− ۰/ ۱۱	− ۰/ ۰۹	۰/ ۰٦	۵/۸٦	۷/۹۱	۱	۳	۰/٦۲	۰/۸۹	/۷۷	/٤۷	/۷۱	/٤۳
HPN12	۰/ ۰۸	− ۰/ ۰٤	۰/ ۱۲	۷/۸۲	۹/۸۲	۳	۵	۰/۵۰	۰/۰۰	/۸٦	/۵۲	۰/۸۳	/۵٦
BM302	− ۰/۰٦۸	۰/۱۹	−۰/ ۰۰	۸/۷۲	۷/۸٦	۳	۲	۰/۹۱	۰/۰٦	/٤	/٦۵	/۵	/٦۱
McM527	− ۰/ ٤۱	− ۰/۸۲	−۰/ ۰۰	۳/۹۹	۲/۹٦	۱	۰	۰/۰۰	۰/۰۰	/۹۵	/۸۲	/۵۳	/۵۹
HPN111	− ۰/۰٤	− ۰/۳۳	−۰/ ۲۰	۱۰/٤۸	۸/۸۲	۸	٦	۰/ ٦۱	۰/۰۰	/۹۵	/۸۲	/۷۲	/۷۹
ILST008	۰/ ۱٤٤	۰/۱۲	۰/ ۰۳	۱۱/۰۰	۱۳/٦۸	۲	۵	۰/ ۰۰	۰/۰۳	/۷۷	/٦۰	/۸۷	/۷۰
میانگین تمام لوکوس‌ها	۰/۰٦٤	−۰/۰۵	۰/۰٦	۸/۱۷	۹/۸۰								

نتایج حاصل از تحلیل گردنه بطری در دو جمعیت آهو در پارک ملی بمو و منطقه شکارممنوع بصیران نشان داد که منحنی توزیع فراوانی آلل‌ها از الگوی L-شکل تبعیت می‌کند. این الگو معمولاً بیانگر تعادل ژنتیکی و عدم کاهش شدید اخیر در اندازه مؤثر جمعیت است. افزون بر این، مقدار به‌دست‌آمده در آزمون ویلکاکسون در هر سه مدل جهشی، بالاتر از سطح معنی‌داری بود. بنابراین، فرضیه وقوع گردنه بطری در نسل‌های اخیر در این جمعیت‌ها رد می‌شود (جدول ۲). با این حال، نتایج آزمون نشانه نشان داد که در دو مدل جهشی SMM و TPM شواهدی از بروز گردنه بطری مشاهده می‌شود. با توجه به این‌که در مطالعات مبتنی بر کمتر از ۲۰ نشانگر ریزماهواره، آزمون ویلکاکسون و به‌ویژه مدل جهشی TPM توان بیشتری در شناسایی گردنه بطری دارند، می‌توان نتیجه گرفت که در جمعیت‌های آهوی استان فارس، شواهد معتبری مبنی بر وقوع گردنه بطری در گذشته نزدیک وجود ندارد.

٤- بحث

ارزیابی ساختار ژنتیکی آهو در استان فارس نشان داد بسته به پارامترهای انتخاب شده در مدل (فراوانی اللی و احتمال اختلاط و جریان ژنی بین جمعیت‌ها)، می‌توان درجه‌های مختلفی از تمایز ژنتیکی را بین دو منطقه مشاهده نمود. به طور مثال، چنانچه فرض بر این باشد که بین جمعیت‌ها در حال حاضر و یا گذشته نزدیک اختلاط و جریان ژنی وجود داشته است و در نتیجه فراوانی اللی دو جمعیت نیز مرتبط با یکدیگر فرض شود، دو ساختار ژنتیکی را می‌توان بین جمعیت‌های مورد مطالعه متصور شد. مقادیر ضرایب

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

اجدادی حد واسط در آهوان بصیران را نیز می‌توان به جریان ژنی در گذشته نزدیک بین دو جمعیت نسبت داد. در مقابل، چنانچه فرض بر این باشد که بین دو جمعیت در گذشته نزدیک اختلاطی وجود نداشته است، در دو حالت فراوانی اللی مستقل و مرتبط تمایز ژنتیکی قابل توجهی بین دو جمعیت مشاهده می‌شود و با ضرایب اجدادی بالا می‌توان نمونه‌های متعلق به آهوان بمو را یک جمعیت و نمونه‌های آهوان بصیران را یک جمعیت دیگر منتسب نمود. نتایج بررسی شاخص‌های تمایز ژنتیکی (FST) نیز نتایج مدل پریچارد را تایید می‌کنند. بر این اساس، میزان شاخص FST بین دو جمعیت بمو و بصیران ۰/۰۵٦٦ محاسبه شد. از آنجا که در این مطالعه فراوانی آلل‌های نال در محاسبه شاخص تمایز جمعیتی (FST) در نظر گرفته شد، لذا نتایج به دست آمده از این مطالعه از نظر تبارشناختی معنی‌دار بوده و در برنامه‌های حفاظتی گونه می‌تواند مورد استفاده قرار گیرند. با توجه به بعد مسافت بین دو منطقه پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران (فاصله هوایی حدود ۱۰۰ کیلومتر)، به نظر می‌رسد که ترکیبی از عوامل انسانی و طبیعی مانند جاده، مراکز صنعتی، مزارع کشاورزی و عوارض توپوگرافیکی، احتمال جابه‌جایی افراد بین دو منطقه را کاهش داده است و در حال حاضر نمی‌توان یک جریان ژنی مستمر را بین دو جمعیت متصور شد.

در پژوهشی که در فلات مرکزی ایران انجام شد، میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار آهوی گواتردار به‌ترتیب ۰/٤۳ و ۰/٥٤ برآورد شد که این مقادیر در مقایسه با دو جمعیت بمو و بصیران کمتر است (۲۲). علاوه بر این میزان غنای آللی در مطالعه مذکور ۱/٦٥ محاسبه شده است، که به‌طور قابل توجهی پایین‌تر از مقادیر به‌دست‌آمده در مطالعه حاضر است (۸/۱۷ در جمعیت بمو و ۹/۷۹ در جمعیت بصیران). این تفاوت‌ها می‌تواند نشان‌دهنده وضعیت به نسبت مطلوب تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد بررسی در استان فارس باشد. بررسی شاخص‌های تنوع ژنتیکی در دو جمعیت آهو در پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران نشان می‌دهد که با وجود جمعیت کوچکتر آهو در منطقه بصیران، میزان غنای آللی در این جمعیت اندکی بالاتر از جمعیت بمو است. این موضوع را می‌توان به دلایل متعددی نسبت داد. یکی از محتمل‌ترین فرضیات در این زمینه می‌تواند جریان ژنی بین آهوان بصیران با آهوان موجود در زیستگاه‌های مجاور به ویژه پارک ملی کلاه قاضی در استان اصفهان باشد. اگرچه تا کنون مطالعه‌ای در مورد ارزیابی این فرضیه انجام نشده‌است، اما به نظر می‌رسد که وجود زیستگاه‌های مطلوب بین این دو منطقه و در نتیجه جریان ژنی بین دو جمعیت در گذشته، سبب شده است که تنوع ژنتیکی مناسبی در آهوان منطقه شکار ممنوع بصیران مشاهده شود. با وجود فاصله هوایی (نزدیک به ۱۰۰ کیلومتر) بین دو منطقه بصیران و کلاه قاضی، وجود دشت‌های مناسب برای زیست آهو در گذشته بین این دو منطقه می‌توانست جریان ژنی بین این دو جمعیت را تسهیل نماید. موضوع دیگری که می‌تواند تنوع ژنتیکی در جمعیت آهوان بصیران را توجیه کند، وجود جمعیت‌های بزرگ آهو در گذشته نه چندان دور در این منطقه است. سیمای کلی پارک ملی بمو، یک سیمای کوهستانی است و زیستگاه‌های دشتی در این پارک وسعت چندانی ندارد. بنابراین وضعیت توپوگرافی می‌تواند محدودیتی برای افزایش رشد جمعیت و شکل‌گیری جمعیت‌های بزرگ آهو در این منطقه باشد. در نقطه مقابل، گستردگی زیستگاه‌های دشتی در محدوده بصیران و مناطق اطراف این منطقه، می‌تواند نشان‌دهنده حضور جمعیت‌های بزرگ و یا جمعیت‌های بهم پیوسته آهو در گذشته در این محدوده باشد.

نرخ درون‌آمیزی در جمعیت منطقه شکارممنوع بصیران ۰/۰٤۸- و در جمعیت پارک ملی بمو ۰/۰٦۳ محاسبه شد. منفی بودن شاخص درون‌آمیزی در جمعیت بصیران می‌تواند به دلایلی همچون جریان ژنی با سایر جمعیت‌ها، تأثیر مثبت انتخاب طبیعی بر انتخاب افراد هتروزیگوت، خطای نمونه‌برداری و یا وجود ساختار خرد در جمعیت باشد. بررسی هر یک از دلایل اشاره شده نیازمند مطالعات بیشتر در این زمینه است. از سوی دیگر، تأثیر مثبت انتخاب طبیعی

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

در انتخاب افراد هتروزیگوت نیازمند انجام مطالعات ژنومیکس است. بر خلاف نتایج به‌دست‌آمده در رابطه با میزان درون‌آمیزی در جمعیت بصیران، شاخص درون‌آمیزی در آهوان پارک ملی بمو مثبت بود که تاییدکننده وقوع درون‌آمیزی در این جمعیت است. با توجه به کوچک و منزوی بودن جمعیت پارک ملی بمو و عدم ارتباط با سایر جمعیت‌های باقی مانده به علت وجود جاده و مراکز صنعتی و مسکونی همچنین تخریب و تکه‌تکه شدن زیستگاه به نظر می‌رسد که جمعیت آهو در این منطقه تحت تأثیر تهدیدهای ژنتیکی ناشی از درون‌آمیزی قرار دارد.

شواهدی از عبور جمعیت از گردنه بطری، دست‌کم در گذشته نزدیک، در هیچ یک از دو جمعیت پارک ملی بمو و منطقه شکار ممنوع بصیران مشاهده نشد. این یافته‌ها نشان می‌دهند که اندازه مؤثر جمعیت در گذشته احتمالاً در حدی بوده است که از افت شدید تنوع ژنتیکی جلوگیری کرده و یا وجود ارتباط میان زیرجمعیت‌ها در قالب یک فراجمعیت، با کاهش اثرات رویدادهای تصادفی جمعیتی، به پایداری ژنتیکی این جمعیت‌ها کمک کرده است.

نتیجه‌گیری

ترکیبی از عوامل انسانی و طبیعی می‌تواند در تمایز ژنتیکی مشاهده شده بین دو منطقه بمو و بصیران نقش داشته‌باشد. همچنین، به نظر می‌رسد که وجود زیستگاه‌های دشتی گسترده در منطقه بصیران و احتمال ارتباط این جمعیت با جمعیت‌های مجاور در گذشته و یا حال حاضر از عوامل موثر در بالا بودن تنوع ژنتیکی، کمتر بودن شاخص درون‌آمیزی، و عدم وقوع گردنه بطری در این جمعیت در مقایسه با آهوان بمو باشد. در مجموع می‌توان نتیجه گرفت که با وجود فشارهای انسانی و تکه‌تکه‌شدن زیستگاه، تنوع ژنتیکی موجود در این دو منطقه در حال حاضر به‌طور کامل تهدید نشده است، اما تداوم شرایط فعلی می‌تواند در آینده جمعیت‌ها را در معرض خطر کاهش تنوع ژنتیکی قرار دهد. یکی از راهکارهای کاهش پیامدهای منفی درون‌آمیزی در جمعیت‌های اشاره شده، تقویت ژنتیکی از طریق تبادل افراد میان جمعیت‌های خویشاوند است (۱۲). با این وجود، انتخاب جمعیت‌های مبدأ باید با دقت انجام گیرد. نتایج پژوهش حاضر می‌تواند در برنامه‌ریزی‌های آینده به‌منظور حفاظت پایدار این گونه نقش مهمی ایفا کند. با این وجود به نظر می‌رسد که اطمینان از یافته‌های پژوهش حاضر نیازمند مطالعات بیشتر با استفاده از تعداد نمونه‌های بیشتر و همچنین نشانگرهای مولکولی جدیدتر همچون چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP) است.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از حمایت‌های ارزشمند اداره کل حفاظت محیط‌زیست استان فارس (شماره طرح: ۱۴۰۲/۴۰۰/۸۷۹۳ ص)، دانشگاه تهران، و همچنین مدیران، کارشناسان و محیط‌بانان ادارات محیط‌زیست استان فارس تشکر و قدردانی به عمل آورند.

۵- منابع

1. Anderson, E.C. and Thompson, E.A., 2002. A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics*, 160: 1217-1229.
2. Asadollahi, M., Ahmadzadeh, F. and Keyghobadi, N., 2024. Unraveling goitered gazelle (*Gazella subgutturosa*) diversification: insights from phylogeography and species distribution modeling. *Contributions to Zoology*, 93(3): 201-228.

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

3. Beja-Pereira, A., Oliveira, R., Alves, P.C., Schwartz, M.K. and Luikart, G., 2009. Advancing ecological understandings through technological transformations in noninvasive genetics. *Molecular Ecology Resources*, 9: 1279–1301.
4. Chapuis, M.P. and Estoup, A., 2007. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution*, 24: 621–631.
5. Crooks, K.R., Burdett, C.L., Theobald, D.M., King, S.R., Di Marco, M., Rondinini, C. and Boitani, L., 2017. Quantification of habitat fragmentation reveals extinction risk in terrestrial mammals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(29): 7635-7640.
6. Dempster, A.P., Laird, N.M. and Rubin, D.B., 1977. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society,Series B (Methodological)*, 39: 1-22.
7. DeWoody, J.A., Harder, A.M., Mathur, S. and Willoughby, J. R., 2021. The long-standing significance of genetic diversity in conservation. *Molecular Ecology*, 30(17): 4147-4154.
8. Di Stasio, L., 2001. Panels of markers for parentage verification tested at the 2001/02 ISAG Comparison test, ISAG Standing Committee on "Applied Genetics in Sheep and Goats" ISAG Standing Committee.
9. Ellegren, H. and Galtier, N., 2016. Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*, 17(7): 422-433.
10. England, P.R., Luikart, G. and Waples, R.S., 2010. Early detection of population fragmentation using linkage disequilibrium estimation of effective population size. *Conservation Genetics*, 11(6): 2425-2430.
11. Fadakar, D., Bärmann, E.V., Lerp, H., Mirzakhah, M., Naseri Nasari, M. and Rezaei, H. R., 2020. Diversification and subspecies patterning of the goitered gazelle (*Gazella subgutturosa*) in Iran. *Ecology and Evolution*, 10(12): 5877-5891.
12. Falconer, D. S., 1996. *Introduction To Quantitative Genetics*. Pearson Education India.
13. Frankham, R., 2006. Genetics and landscape connectivity. *Conservation Biology Series-Cambridge*, 14: 72.
14. Goudet, J., 1995. FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Heredity*, 86: 485–486.
15. Groves, C. and Grubb, P., 2011. Ungulate taxonomy.
16. Guo, S.W. and Thompson, E.A., 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48*:* 361-372.
17. Hasselgren, M., Dussex, N., von Seth, J., Angerbjörn, A., Dalén, L. and Norén, K., 2024. Strongly deleterious mutations influence reproductive output and longevity in an endangered population. *Nature Communications*, 15(1): 8378.
18. Hemami, M.R., Khosravi, R., Groves, C. and Ahmadi, M. 2020. Morphological diversity and ecological niche divergence in goitered and sand gazelles. *Ecology and Evolution*, 10(20): 11535-11548.
19. Hemami, M.R. and Groves C.P., 2001. Global Antelope Survey and Regional Action Plans: Iran. In: Mallon D.P. and Kingswood, S.C. (eds.), Antelopes: Part 4. North Africa, the Middle East and Asia. IUCN Gland, Switzerland and Cambridge, UK: 114-118.
20. Kappes, S.M., Keele, J.W. and Stone, R.T., 1997. A second-generation map of the bovine genome. *Genome Research*, 7: 235–249
21. Kardos, M., Armstrong, E.E., Fitzpatrick, S.W., Hauser, S., Hedrick, P.W., Miller, J.M. and Funk, W.C., 2021. The crucial role of genome-wide genetic variation in conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(48): e2104642118.
22. Khosravi, R., Hemami, M.R., Malekian, M., Silva, T.L., Rezaei, H.R. and Brito, J.C., 2018. Effect of landscape features on genetic structure of the goitered gazelle (*Gazella subgutturosa*) in Central Iran. *Conservation Genetics*, 19(2): 323-336.
23. Kumar, S., Dixit, S.P. and Verma, N.K., 2009 Genetic diversity analysis of the Gohilwari breed of Indian goat (*Capra hircus*) using microsatellite markers. *American Journal of Animal Veterinary Sciences*, 4: 49–57
24. Mahmoudi, D., Khosravi, R., Kaboli, M. and Adavoudi, R., 2024. Genetic variation and population structure of wild sheep in Bamou National Park in Fars province using microsatellite markers. *Iranian Journal of Applied Ecology*, 12(4): 45-56. (In Persian)
25. Naghavi, M.R., Ghariazi, B. and Hosseini Salekdeh, Gh., 2007. Molecular Markers. University of Tehran Press, Tehran (In Persian).
26. Pinto, A. V., Hansson, B., Patramanis, I., Morales, H.E. and van Oosterhout, C., 2024. The impact of habitat loss and population fragmentation on genomic erosion. *Conservation Genetics*, 25(1): 49-57.
27. Pinto. P.V., Lopes, S. and Mourão, S., 2015. First estimates of genetic diversity for the highly endangered giant sable antelope, using a set of 57 microsatellites. *European Journal of Wildlife Resource*, 61: 313–317.
28. Pritchard, J.K., Stephens, M. and Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945–959.

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

29. Randi, E. and Lucchini, V., 2002. Detecting rare introgression of domestic dog genes into wild wolf (*Canis lupus*) population by Bayesian admixture analyses of microsatellite variation. *Conservation Genetics*, 3*:* 31-45.
30. Raymond, M. and Rousset, F., 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution,* 49: 1283-1286.
31. Rice, W.R., 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution,* 43: 223–225.
32. Rocha, E.C., Brito, D., Silva, J., Bernardo, P.V.D.S. and Juen, L., 2018. Effects of habitat fragmentation on the persistence of medium and large mammal species in the Brazilian Savanna of Goiás State. *Biota Neotropica*, 18: e20170483.
33. Shi, L., Yang, X., Cha, M., Lyu, T., Wang, L., Zhou, S. and Zhang, H., 2023. Genetic diversity and structure of Mongolian gazelle (*Procapra gutturosa*) populations in fragmented habitats. *BMC Genomics*, 24(1): 507.
34. Taberlet, P., Waits, L.P. and Luikart, G., 1999. Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution*, 14: 323–327.
35. Toro, M.A. and Caballero, A., 2005. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1459): 1367-1378.
36. Turnock, M.F., Teisberg, J.E., Kasworm, W.F., Falcy, M.R., Proctor, M.F. and Waits, L.P., 2025. Gene flow prevents genetic diversity loss despite small effective population size in fragmented grizzly bear (*Ursus arctos*) populations. *Conservation Genetics*, 26(2): 279-291.
37. Vaiman, D., Mercier, D. and Moazami-Goudarzi, K., 1994. A set of cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammal Genome*, 5: 288–297.
38. Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P.M. and Shipley, P., 2004. MICROCHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Research*, 4: 535–538.
39. Weir, B.S. and Cockerham, C.C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution,* 38: 1358-1370.
40 Willi, Y., Van Buskirk, J. and Hoffmann, A.A., 2006. Limits to the adaptive potential of small populations. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 37(1): 433-458.

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]

Genetic Diversity and Population Structure of the Goitered Gazelle (*Gazella subgutturosa*) in Fars Province Using Microsatellite Marker

Ali Farzam[1], Roya Adavoudi[2], Rasoul Khosravi*[3], Shervin Maghsoudloo[4]and Mohammad Kaboli*[5]

(Received: March 07-2026; Accepted: May 03-2026)

Abstract

Decline in population size may lead to decrease in genetic diversity, increase in inbreeding rate and also decrease in adaptation ability of populations against environmental changes. Therefore, monitoring genetic indices is one of the main tools for understanding the stable situation of species. In this study, the genetic diversity and population structure of the Goitered gazelle (*Gazella subgutturosa*) in Fars province (Bamou National Park and Basiran No-Hunting Area) were evaluated using 45 scat samples and 15 microsatellites. Indices of genetic variation, inbreeding, structuring, and bottleneck were estimated. Baesed on the results, the observed heterozygosity ranged from 0.34 to 0.95, indicating a relatively high level of genetic diversity in both populations. Additionally, the genetic differentiation index (F_{ST}) was estimated at 0.056, revealing a significant level of genetic differentiation between the two regions. This pattern may be resulted from gene flow limitation, geographic distance, and landscape resistance. There was no sign of bottleneck in the populations. Although moderate genetic variation was found, the presence of genetic structuring highlights the importance of improving habitat connectivity and considering the concept of management units in future efforts. These results can provide scientific bases for making conservation strategies and sustainable management of Iranian Goitered gazelles.

Keywords: Goitered gazelles, Genetic diversity and structure, Microsatellites, Non-invasive sampling

1. PhD student, Department of Environmental Sciences, Faculty of Natural Resources, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Alborz, Iran.
2. PhD in Evolutionary Genetics, Faculty of Biology, University of Gdansk, Gdansk, Poland.
3- Associate Professor, Department of Natural Resources and Environmental Engineering, School of Agriculture, Shiraz University, Shiraz, Iran.
4. MSc Student, Department of Environmental Sciences, Faculty of Natural Resources, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Alborz, Iran.
5. Professor, Department of Environmental Sciences, Faculty of Natural Resources, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Alborz, Iran.
* Corresponding Author, Email: mkaboli@ut.ac.ir - r-khosravi@shirazu.ac.ir

[Downloaded from ijae.iut.ac.ir on 2026-11-23]

[DOI: 10.47176/ijae.14.3.839]