

# SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



عضویت در خبرنامه



فیلم های آموزشی

## کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی



PROPOSAL

پروپوزال

مركز آموزش  
پروپوزال نویسی و پایان نامه نویسی

کارگاه آنلاین  
پروپوزال نویسی و پایان نامه نویسی



مركز آموزش  
روش تحقیق و مقاله نویسی علوم انسانی

کارگاه آنلاین  
روش تحقیق و مقاله نویسی علوم انسانی



ISI  
Scopus

مركز آموزش  
آشنایی با پایگاه های اطلاعات علمی بین المللی و ترکیه های جستجو

کارگاه آنلاین آشنایی با پایگاه های اطلاعات علمی بین المللی و ترکیه های جستجو



## شناسایی پرندگان آبی حوزه سد کارده استان خراسان رضوی با استفاده از مارکر مولکولی COX1

سعیده پارسائی<sup>1</sup> و منصور علی آبادیان<sup>2</sup>

1- گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه فردوسی مشهد، ([S.parsaee471@yahoo.com](mailto:S.parsaee471@yahoo.com))

2- گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه فردوسی مشهد

### چکیده

پرندگان آبی از مهم ترین زیای جانوری آبگیرهای داخلی کشور می باشند که هر ساله در فصول مهاجرت فون اصلی آنها را تشکیل می دهد. حوزه ی سد کارده از بزرگترین حوزه های آبریز در استان خراسان رضوی است که در شمال استان به عنوان پناهگاهی برای پرندگان آبی محسوب می شود. شناخت آرایه ها و گونه های مختلف پرندگان آبی می تواند نقش مهمی در مدیریت سالم بوم سازگان های آب شیرین ایفا نماید. از بین ژن های میتوکندریایی، ژن COX1 به عنوان روشی سریع، ارزان و مطمئن برای شناخت فون جانوری در طی سال های گذشته معرفی شده است. از مجموع 9 راسته، 28 خانواده، 50 جنس و 176 گونه پرندگان آبی در ایران، حوزه ی سد کارده 7 راسته، 14 خانواده، 27 جنس و 47 گونه از کل پرندگان آبی کشور را در خود جای داده است. مطالعه حاضر نشان می دهد که ژن COX1 قابلیت جدایی گونه ها و جنس های خانواده های پرندگان آبی را در سطح 94% دارا می باشد. در تحلیل صورت گرفته تنها تعدادی از گونه های هیبرید را نمی توان با این مارکر شناسایی کرد که عمدتاً شامل اردک ها می باشند. سایر گونه ها میزان تغییرات واگرایی بسیار خوبی را در سطح درون گونه ای 95% و بین گونه ای 15,52% نشان می دهد.

واژگان کلیدی: مارکر COX1، DNA Barcoding، تک نیایی

## مقدمه

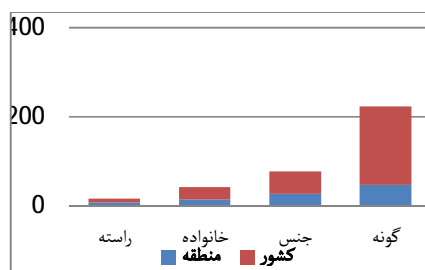
شناسایی بر اساس مورفولوژی دارای مشکلات و محدودیت های فراوانی است. انعطاف پذیری فنوتیپی و تغییر پذیری ژنتیکی در صفاتی که برای تشخیص گونه ها به کار می رود، می تواند منجر به شناسایی نادرست شود. یکی از روش های سریع و ارزان، استفاده از شناساگر مولکولی و ژن میتوکندریایی است. این روش شناسایی بسیار سریع، آسان و ارزان است (Stoeckle et al., 2003). از بین ژن های میتوکندریایی، ژن *COX1* (سیتوکروم اکسیداز زیر واحد یک) به عنوان مناسب ترین ژن برای تحقیقات شناساگر های جانوری شناخته شده است. زیرا تهیه پرایمر های کلی برای این ژن بسیار ساده بوده و قادر است انتهای 5' اکثر شاخه های جانوری را کامل کنند و همچنین به نظر می رسد که دارای محدوده بزرگتری از نشانه های فیلوژنتیکی نسبت به دیگر ژن های میتوکندریایی است. در واقع تکامل این ژن به اندازه ای بزرگ است که نه تنها گونه های بسیار نزدیک به هم بلکه گروههای فیلوژغرافیایی درون یک گونه واحد را نیز از هم جدا می کند (Hebert et al., 2002).

## مواد و روش ها

توالی های نوکلئوتیدی ژن *COX1* مربوط به گونه های پرندگان آبی شمال شرق با استفاده از داده های BOLD و GenBank دریافت گردیده و توسط برنامه ی Bioedit 7 همسان سازی شدند. روپهم رفته 713 توالی متعلق به 47 گونه پرندگان آبی دارای پراکنش در شمال شرق ایران مورد تحلیل قرار گرفت که از گونه ی *Gavia stellata* به عنوان گروه خارجی استفاده شد. طول کل توالی های استفاده شده در آنالیز، 736 جفت باز بود. سپس برای ترسیم روابط نیاشناختی، درخت NJ توسط نرم افزار Mega5 ترسیم و نتایج حاصله بدست آمد.

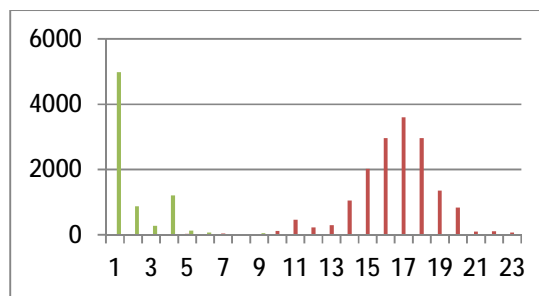
## نتایج و بحث

از مجموع 9 راسته، 28 خانواده، 27 جنس و 173 گونه پرندگان آبی در ایران، حوزه ی سدکارده 7 راسته ی سلیم سانان، لک لک سانان، کشیم سانان، غازسانان، درناسانان، پلیکان سانان و فلامینگوسانان (77,7%)، 14 خانواده ی سلیم ها، آبچلیک ها، حواصیل ها، کشیم ها، اردک ها، یلوه ها، باکلان ها، اکراس ها، فلامینگوها، مرغابی ها، درناها، نوک خنجری ها، کاکائی ها و پرستوهای دریایی (50%)، 27 جنس (54%) و 47 گونه ی سلیم طوقی کوچک، سلیم شنی بزرگ، بوتیمار کوچک، کشیم کوچک، کشیم گردن سیاه، باکلان بزرگ، اگرت کوچک، حواصیل خاکستری، حواصیل ارغوانی، حواصیل شب، اگرت بزرگ، اکراس سیاه، فلامینگوی بزرگ، غازپازرد، غازخاکستری، گیلار، خوتکا، اردک کله سبز، خوتکا ابروسفید، اردک نوک پهن، اردک تاجدار، اردک سرحنایی، اردک بلوطی، اردک سیاه کاکل، درنای معمولی، یلوه آبی، چوب پا، سلیم کوچک، خروس کولی، پاشلک دم مویی، گیلانشاه دم سیاه، آبچلیک پاسرخ، آبچلیک تک زی، آبچلیک خالدار، آبچلیک آوازخوان، تلیله کوچک، تلیله دم سفید، تلیله شکم سیاه، فالاروپ گردن سرخ، کاکائی سرسیاه، پرستوی دریایی معمولی، پرستوی دریایی کوچک، پرستوی دریایی گونه سفید، آنقوت، فیلوش، چنگر نوک سرخ و چنگر (26,7%) از کل پرندگان آبی کشور را در خود جای داده است (شکل 1).



شکل 1: فراوانی پرندگان آبی در ایران و شمال شرق.

این تحقیق نشان می دهد که ژن *COX1* قابلیت خوبی را در جداسازی گونه ها از یکدیگر نشان می دهد (شکل 2). همچنین خانواده های تعریف شده بر روی درخت NJ قابل جدا شدن هستند و تک نیایی را نشان می دهند. درخت NJ در حد فراگونه ای قابلیت جداسازی راسته ها را ندارد. میانگین فواصل بین گونه ای 15,52%، بیشینه 22,12%، کمینه 3,83% و میانگین فواصل درون گونه ای 95%، بیشینه 8,59% و کمینه 0% می باشد. همچنین گونه های *Anser anser*، *Nycticorax nycticorax*، *Ardea alba*، *Rallus aquatic*، *Gallinula chloropus*، *Anser fabalis*، *Phoenicopter ruber* و *Charadrius alexandrines* دارای فاصله درون گونه ای بیشتر از 2,47 می باشند. مطالعه حاضر نشان می دهد که ژن *COX1* قابلیت جدایی گونه ها و جنس های خانواده های پرندگان آبی را در سطح 94% دارا می باشد. گونه های *Anser fabalis* و *Anser anser* بر روی درخت NJ به دلیل دارا بودن هیبرید، چندنیا می باشند. در این تحلیل تنها تعدادی از گونه های هیبرید را نمی توان با این مارکر شناسایی کرد که عمدتاً شامل اردک ها می باشند. سایر گونه ها میزان تغییرات واگرایی بسیار خوبی را در سطح درون گونه ای 95% و بین گونه ای 15,52% نشان می دهد.

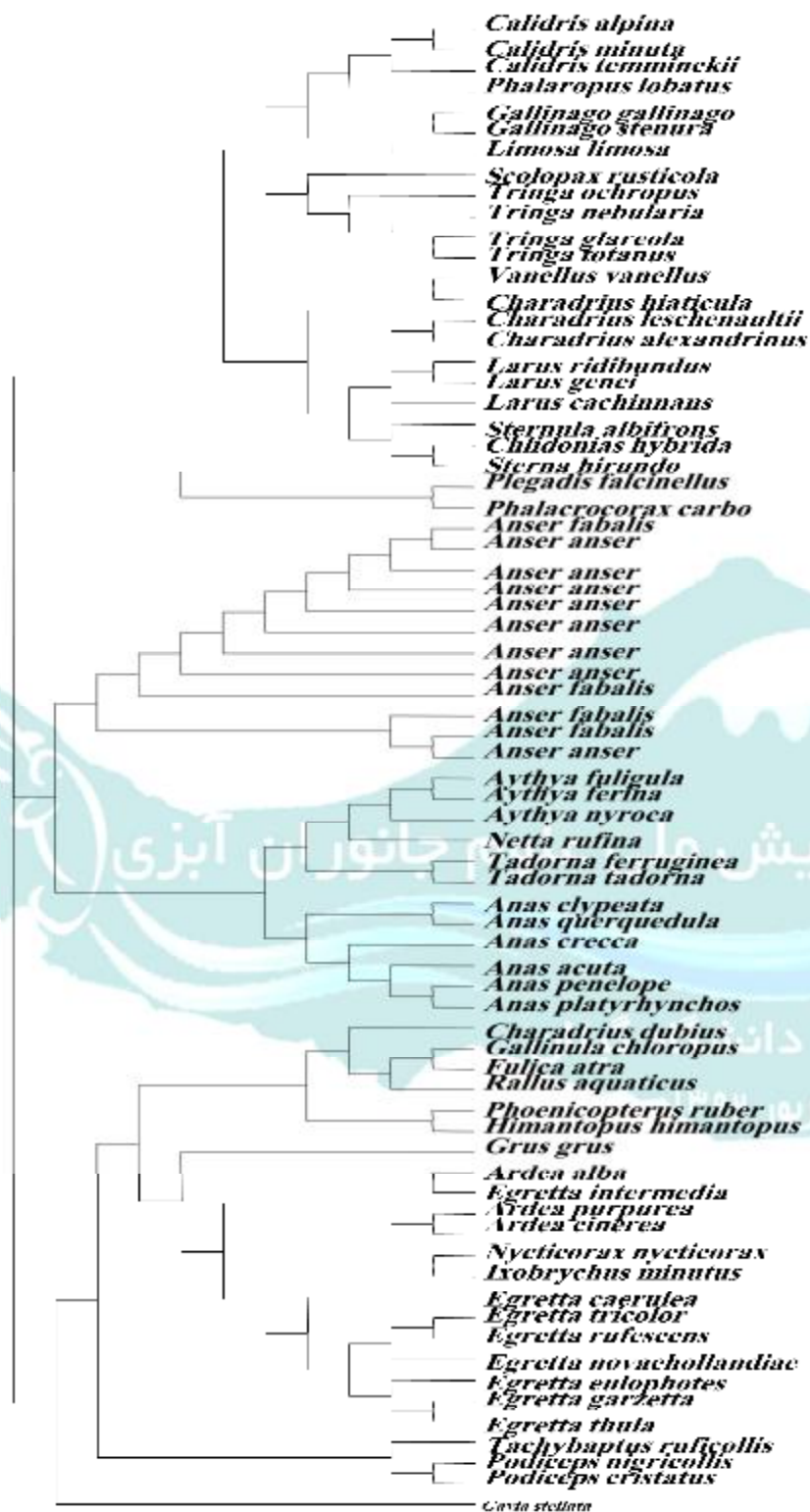


شکل 2: فواصل *K2P* ژن *COX1* که فواصل درون گونه ای (به رنگ سبز) و بین گونه ای (به رنگ قرمز) را نشان می دهد.

همایش ملی علوم جانوران آبی

رشت، دانشگاه گیلان

شهریور ۱۳۹۲



شکل 3: کلاوگرام پرندگان آبی شمال شرق ایران با استفاده از درخت NJ.

## منابع

- 1- منصوری، ج. 1379. راهنمای پرندگان ایران، انتشارات فرزانه .
2. Aliabadian, M., Kaboli, M., Prodon, R., Nijman, V. & Vences, M. (2006). Phylogeny of Palaearctic wheatears (genus *Oenanthe*) congruence between morphometric and molecular data. *Mol Phylogenet Evol*, 42(3): 665–675.
3. Aliabadian, M., Kaboli, M., Nijman, V. & Vences, M. (2009). Molecular Identification of Birds: Performance of Distance-Based DNA Barcoding in Three Genes to Delimit Parapatric Species. *PLoS ONE*, 4(1): 4119.
4. Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L. & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proc Biol Sci*, 270(1512): 313-321.
5. Hebert, P.D.N., Stoeckle, M. Y., Zemplak, T. S. & Francis, C.H.M. (2004). Identification of Birds through DNA Barcodes. *PloS Biology*, 2: 1657-1663.
6. Kerr, K.C.R., Stoeckle, M. Y., Dove, C.J., Weigt, L.A. & Francis, C.M. (2007). Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Mol Ecol Notes*, 7(4): 535-543.
7. Stoeckle, M., Janzen, D., Hallwachs, W., Hanken, J. & Baker, J. (2003). Taxonomy, DNA, and the Barcode of Life. *BioScience*, 53(9): 1-14.
8. Wade, N. (2004). A Species in a Second: Promise of DNA 'Bar Codes'. *Sideways*, 8.
9. Tavares, E.S. & Baker, A. J. (2008). Single mitochondrial gene barcodes reliably identify sister-species in diverse clades of birds. *BMC Evolutionary Biology*, 8: 81. doi: 10.1186/1471-2148-8-81.
10. Frezal, L. & Leblois, R. (2008). Four years of DNA barcoding: Current advances and prospects. *MEEGID*, 8: 727–736.



# SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



عضویت در خبرنامه



فیلم های آموزشی

## کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی



PROPOSAL  
پروپوزال

پروپوزال نویسی و پایان نامه نویسی

دکتره تهرانی

کارگاه آنلاین  
پروپوزال نویسی و پایان نامه نویسی



روش تحقیق و مقاله نویسی علوم انسانی

دکتره تهرانی

کارگاه آنلاین  
روش تحقیق و مقاله نویسی علوم انسانی



ISI  
Scopus

آشنایی با پایگاه های اطلاعات علمی بین المللی و ترند های جستجو

دکتره تهرانی

کارگاه آنلاین آشنایی با پایگاه های اطلاعات علمی بین المللی و ترند های جستجو