

تأثیر پارک‌های جنگلی بر حفظ تنوع ژنتیکی و غنای آلی درخت در خطر انقراض سفیدپلت در جنگل هیرکانی

فاطمه مکتبی^۱

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد رشته علوم و مهندسی محیط زیست، گرایش تنوع زیستی، گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس دانشیار گروه جنگل، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس

Fatemehmaktabi1@gmail.com

حامد یوسف‌زاده^۲

۲- دانشیار گروه جنگل، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس

نرگس امیرچخماقی^۳

۳- دانش آموخته دکتری، گروه جنگل، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس

چکیده

بهره برداری بی‌رویه و تغییر کاربری اراضی سبب شده است تنها صنوبر جنگلی شمال ایران در لیست گونه‌های در خطر انقراض سازمان جهانی حفاظت قرار گیرد. در این تحقیق سه پارک جنگلی آستانه اشرفیه، پارک جنگلی نور و پارک جنگلی کردکوی انتخاب و پارامترهای ژنتیک جمعیت آن با سه رویشگاه مدیریت نشده رشت، جویبار و گالیکش با استفاده از ۱۴ نشانگر ریزماهواره مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که در مجموع ۶۷ آلل در ۱۴ مکان ریزماهواره مشاهده شد. هتروزیگوسیتی مورد انتظار نیز از ۰/۳۷ (رویشگاه جویبار) تا ۰/۴۱ (رویشگاه آستانه اشرفیه) متغیر است. بیشترین تعداد آلل اختصاصی در پارک‌های جنگلی آستانه اشرفیه و نور (۵ آلل اختصاصی) مشاهده شد. میانگین شاخص تمایز ژنتیکی برابر با ۰/۰۷ بود. میانگین جریان ژن بین رویشگاه‌ها دارای مقدار میانگین ۰/۷ بود. در این تحقیق ساختار ژنتیکی قوی بین رویشگاه‌ها مشاهده نشده است. نتایج مقایسه میانگین به روش آزمون t نشان داد که پارامترهای ژنتیک جمعیت در هیچ یک از دو نوع روش مدیریتی با یکدیگر اختلاف معنی‌دار ندارند. به استثنای جمعیت رشت، سایر جمعیت‌های مورد مطالعه بر اساس مدل جهش مرتبه‌ای وارد پدیده گردنه بطری شده‌اند.

کلمات کلیدی: گونه‌های در خطر انقراض، حفاظت، مدیریت تنوع زیستی، پارک جنگلی، جنگل هیرکانی.

مقدمه

تنوع زیستی یکی از ارزشمندترین گنجینه‌های حیات بشری و بیانگر گوناگونی حیات بر روی کره زمین است که در خلال تکامل در طی میلیاردها سال عمر حیات به وجود آمده است (Brooks و همکاران، ۲۰۰۶؛ توکلی، ۱۴۰۰). امروزه رویشگاه‌های جنگلی به عنوان یکی از منابع ارزشمند تنوع زیستی در جهان، از اهمیت بسیار بالایی برخوردار هستند (روانبخش و همکاران، ۱۳۸۶). درک

ساختار ژنتیکی و تنوع گیاهان اساس حفاظت از گونه‌ها است و امکان استفاده پایدار آن‌ها را توسط جوامع محلی فراهم می‌کند (Reichmann و همکاران، ۲۰۱۷). جنگل‌های هیرکانی یکی از غنی‌ترین و کهن‌ترین اکوسیستم‌های جنگلی به لحاظ تنوع گونه‌ای است که از این نظر از جنگل‌های پهن برگ اروپای مرکزی نیز غنی‌تر است (مروی مهاجر، ۱۳۸۴؛ فلاح و همکاران، ۱۳۹۰؛ Haghdoost و همکاران، ۲۰۱۱). سفیدپلت (*Populus caspica* Bornm.) یکی از گونه‌های بومی، نادر و در خطر انقراض (Jalili و Jamzad، ۲۰۰۰؛ Alipour و همکاران، ۲۰۲۱) جنگل‌های هیرکانی است و از خانواده *Salicaceae*، جنس صنوبر (*Populus*)، بخش *Leuce* و زیر بخش *Albide* (Jalili و Jamzad، ۲۰۰۰؛ Alipour و همکاران، ۲۰۲۱) است که بعد از پسروری دریا و عقب نشینی رودخانه‌ها، ظاهر شده است و گونه‌ای ذخیره‌گاهی محسوب می‌شود و بالاترین درجه حمایتی برای آن در نظر گرفته شده است (فلاح و همکاران، ۱۳۹۰). سفیدپلت معروف به فسیل زنده (Hosseini، ۱۹۹۸) و از گونه‌های به جا مانده از دوران سوم زمین‌شناسی است (مروی مهاجر، ۱۳۸۴) که با این ویژگی تاریخ تکاملی طولانی برای آن پیش‌بینی می‌شود. تخریب جنگل‌های جلگه‌ای در نیم قرن اخیر برای سکونت، واگذاری آن‌ها به روستاییان، ورود دام، قطع بی‌رویه، از بین رفتن زادآوری، عدم جنگل‌کاری و احیای رویشگاه این گونه (جلیلوند، ۱۳۶۷)، باعث تکه تکه شدن رویشگاه و کوچک شدن جمعیت این گونه و در خطر قرار گرفتن بخش عظیمی از ذخایر ژنتیکی آن شده است؛ به طوری که در فهرست درختان در خطر انقراض ایران قرار گرفته است (Jalili و Jamzad، ۲۰۰۰). با توجه به مطالب فوق، هدف از مطالعه حاضر مقایسه شاخص‌های تنوع ژنتیکی سفیدپلت در پارک‌های جنگلی (منطقه حفاظت شده) با رویشگاه مجاور خارج از محدوده مدیریتی خود است.

مواد و روش‌ها

برای انجام این تحقیق، سه رویشگاه در پارک جنگلی آستانه اشرفیه، پارک نور و کردکوی و سه رویشگاه جنگلی تخریب یافته کردکوی، جویبار و رشت انتخاب و از هر رویشگاه حدود ۲۰ درخت با فاصله حداقل ۵۰ متر انتخاب و نمونه‌برداری از برگ سفید پلت انجام شد. جهت استخراج DNA ژنومی از برگ سفید پلت از کیت استخراج NucleoSpin استفاده شد و در مرحله بعد واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از ۱۴ نشانگر مولکولی ریزماهواره انجام شد. جهت خوانش طول باند هر یک از نشانگرها، محصولات PCR به شرکت Qiagen ارسال شد. پس از دریافت داده‌های اولیه، نمونه‌هایی که بیش از ۲۰ درصد طول باندهایشان فاقد اطلاعات بود، حذف شدند. در مرحله بعد تمامی نمونه‌ها در سه مرحله با استفاده از نرم افزار GeneMapper ویرایش چشمی شدند و داده‌های اولیه بدست آمد. برای محاسبه میانگین تعداد آلل‌ها از نرم افزار GENEALX 6.501 استفاده شد. برای محاسبه هتروزیگوسیتی مورد انتظار، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و ضریب درون آمیزی، با توجه به رویکرد Bayesian از نرم افزار INEST استفاده شد. انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از تابع *hw.test* از بسته "pegas" در نرم افزار R محاسبه شد. مهاجرت بین پایه‌های مورد آزمایش با استفاده از نرم افزار (BA3) BAYESASS 3.0 برآورد شد. نرم افزار STRUCTURE برای تخمین خوشه‌های ژنتیکی با استفاده از رویکرد Bayesian استفاده شد.

نتایج

در شش جمعیت مورد آزمایش، ۶۷ آلل در ۱۴ مکان ریزماهواره هسته‌ای مشاهده شد. تعداد موثر آلل‌ها نسبتاً کم بود و از ۱/۵ تا ۵/۵ متغیر بود. هتروزیگوسیتی مشاهده شده از ۰/۰۴۹ تا ۰/۶۹۶ متفاوت بود. بالاترین و کمترین مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار (به ترتیب ۰/۰۶۷ و ۰/۷۶۴) برای همین دو جایگاه مشاهده شد. ضریب درون آمیزی (Fis) در توده‌های مورد آزمایش، عدد پایینی

را نشان می‌دهند (بین ۰/۰۴۶ در جویبار و ۰/۱۶۶ در کردکوی). در همه جمعیت‌ها، به جز کردکوی، مدل جفت گیری تصادفی محتمل‌تر از مدل کامل بود. هتروزیگوسیتی مشاهده شده از ۰/۳۰۵ (کردکوی) تا ۰/۳۸۲ (آستانه اشرفیه) متغیر بود. هتروزیگوسیتی مورد انتظار مقادیر مشابهی داشت که از ۰/۳۷۰ (جویبار) تا ۰/۴۱۸ (آستانه اشرفیه) متغیر است. در تمام توده‌های مورد بررسی به جز جمعیت رشت، آل‌های اختصاصی شناسایی شدند. بیشترین تعداد در جمعیت‌های آستانه اشرفیه و نور (۵ آل اختصاصی) مشاهده شد. در مجموع، ۱۶ آل اختصاصی از مجموع ۶۷ آل شناسایی شد. میانگین کلی F_{st} با تصحیح و هم بدون تصحیح ENA مقداری نزدیک به ۰/۰۷۲ دارا بود. مقادیر F_{st} جفتی از ۰/۰۲۹ (بین گالیکش و کردکوی) تا ۰/۱۸۵ (بین جویبار و رشت) متغیر بود. جمعیت جویبار بیشترین تفاوت را با سایر توده‌ها داشت. جریان ژن بین توده‌ها دارای مقدار میانگین ۰/۷ بود. با این حال، جمعیت گالیکش منبع قوی برای جریان ژن به توده‌های دیگر است. بیشترین مقدار مهاجرت ($3/623$) بین گالیکش و نور مشاهده شد. بررسی پارامترهای مختلف ژنتیکی شامل تعداد آل‌های مختلف (N_a)، تعداد آل مختلف (N_e)، تنوع شانون (I)، تعداد آل مختلف (NPA) و هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_e) با استفاده از آزمون t غیر جفتی مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج مقایسه میانگین به روش آزمون t نشان داد که پارامترهای مختلف در هیچ یک از دو نوع روش مدیریتی با یکدیگر اختلاف معنی‌دار ندارند. جالب توجه است که به استثنای جمعیت رشت، سایر جمعیت‌های مورد مدیریت منابع ژرم پلاسما یک کار پیچیده است. نتایج مطالعه نشان داد که وضعیت رویشگاهی و ژنتیکی جمعیت‌های سفیدپلت در جنگل هیرکانی از نظر بسیاری شاخص نامطلوب است؛ پایین بودن هتروزیگوسیتی مورد انتظار، ضریب درون آمیزی بالا و قرار گرفتن عمده جمعیت‌های مورد مطالعه تحت پدیده گردنه بطری، نشان می‌دهد که تصمیم قرار گرفتن این گونه در لیست گونه‌های ممنوع‌القطع درست بوده است. با توجه به گذشت حدود نیم قرن از محصور کردن رویشگاه‌های این گونه بویژه در پارک جنگلی نور، چندان تفاوتی از نظر منطقه حفاظت شده و حفاظت نشده ایجاد نشده است. چند پیشنهاد جهت افزایش غنای ژنتیکی رویشگاه‌های این گونه در سطح جنگل هیرکانی قابل طرح است؛ ۱- برای بازسازی جمعیت سفیدپلت در جنگل هیرکانی، تمامی ژنوتیپ‌های این گونه در سرتاسر جنگل هیرکانی شناسایی و با لحاظ نمودن شاخص‌های سازگاری، مبدا بذر بومی و ضریب حمایتی، اقدام به غنی سازی توده‌های مخروبه این گونه گردد. ۲- به نظر می‌رسد فراوانی پارک‌های جنگلی و ملی که این گونه در آن حضور دارد برای جریان ژن کافی و انتقال موثر بذور بین جمعیت‌ها کافی نباشد و لزوم معرفی چندین پارک جنگلی بین مسیر، بویژه در امتداد گرادایان رودخانه برای انتقال بذور از مناطق بالادست به پایین دست ضروری است.

منابع

- توکلی، م. (۱۴۰۰). اهمیت نقاط داغ تنوع زیستی در حفاظت از تنوع زیستی. نشریه دانشجویی زیست سپهر، ۱۴(۱): ۶۸-۷۶.
- جلیلوند، ح. (۱۳۶۷). بررسی انتشار جغرافیایی و شرایط اکولوژیکی گونه سفیدپلت در جنگل‌های شمال ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تربیت مدرس، تهران.
- روانبخش، م.، اجتهادی، ح.، پوربابایی، ح. و قریشی الحسینی، س. ج. (۱۳۸۶). بررسی تنوع گونه‌های گیاهی ذخیره گاه جنگلی گیسوم تالش در استان گیلان. زیست شناسی ایران، ۲۰(۲): ۲۱۸-۲۲۹.
- فلاح، ح.، طبری، م. و آزادفر، د. (۱۳۹۰). تعیین اکوتیپ‌های جوامع جلگه‌ای سفیدپلت (*Populus caspica* Bornm.) در جنگل‌های خزری با استفاده از نشانگر مورفولوژیک برگ و ایزوآنزیمی پراکسیداز. تاکسونومی و بیوسستماتیک، ۳(۶): ۴۷-۵۸.
- مروی مهاجر، م. (۱۳۸۴). جنگل‌شناسی و پرورش جنگل. انتشارات دانشگاه تهران، تهران.

- Alipour, S., Yousefzadeh, H., Badehian, Z., Asadi, F., Espahbodi, K., & Dering, M. (2021). Genetic diversity and structure of the endemic and critically endangered *Populus caspica* in the Hyrcanian
- Brooks, T. M., Mittermeier, R. A., Da Fonseca, G. A., Gerlach, J., Hoffmann, M., Lamoreux, J. F., Mittermeier, C. G., Pilgrim, J. D., & Rodrigues, A. S. (2006). Global biodiversity conservation priorities. *Science*, 313(5783), 58-61.
- Haghdoust, N., Akbarinia, M., Hosseini, S. M. & Kooch, Y. (2011). Conversion of Hyrcanian degraded forests to plantations: Effects on soil C and N stocks. *Annals of Biological Research*, 2, 385-399.
- Hosseini, S. M. (1998). Iranian native conifer forests decline due to snow, wind, drought and diseases. Proceedings of IUFRO conferences: Environmental interaction in forest decline.
- Jalili, A., & Jamzad, Z. (2000). Red data book of Iran. Iranian Research Institute of Forest and Rangeland, Tehran.
- Reichmann, M. C., Zanella, C. Â., Valério, C., Borges, A. C. P., Sausen, T. L., Paroul, N., Mielniczki-Pereira, A. A., Teixeira, A. J., Budke, J. C., & Mossi, A. J. (2017). Genetic diversity in populations of *Maytenus dasyclada* (Celastraceae) in forest reserves and unprotected *Araucaria* forest remnants. *Acta Botanica Brasilica*, 31, 93-101.

The influence of forest parks on maintenance of genetic diversity and allelic richness of endangered tree, *Populus caspica* Bornm. in the Hyrcanian forest

By:

Fatemeh Maktabi¹

Supervisor:

Dr. Hamed Yousefzadeh

Advisor:

Dr. Narges Amir Chakhmaghi

¹ fatemehmaktabi1@gmail.com

Abstract

Indiscriminate exploitation and land use change has caused the only forest fir in the north of Iran to be included in the list of endangered species of the World Conservation Organization. In this research, three forest parks of Astana Ashrafieh, Noor Forest Park and Kurdkovi Forest Park were selected and the genetic parameters of their population with three unmanaged habitats of Rasht, Joibar and Galikesh were investigated using 14 microsatellite markers. The results showed that a total of 67 alleles were observed in 14 microsatellite locations. The expected heterozygosity also ranges from 0.37 (Joibar habitat) to 0.41 (Astana Ashrafieh habitat). The highest number of specific alleles was observed in Astana Ashrafieh and Noor forest parks (5 specific alleles). The average genetic differentiation index was equal to 0.07. The average gene flow between habitats had an average value of 0.7. In this research, no strong genetic structure was observed between habitats. The results of the mean comparison using the t-test method showed that the genetic parameters of the population are not significantly different from each other in any of the two types of management methods. With the exception of the Rasht population, other studied populations have entered the bottleneck phenomenon based on the sequential mutation model.

Keywords: Endangered species, conservation, biodiversity management, forest park, Hyrcanian forest.