



Genetic diversity and structure of Saker Falcon (*Falco cherrug*) populations in Iran using microsatellite markers

Fatemeh Gholami¹ | Leila Ezodinloo² | Mohammad Kaboli³

1. Department of Natural Environment, Faculty of Natural Resources, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran. E-mail: gholami.fa20@ut.ac.ir

2. National Museum of Natural History and Genetic Resources, Department of Environment of Iran, Tehran, Iran. E-mail: ezodinloo@doe.ir

3. Corresponding Author, Department of Natural Environment, Faculty of Natural Resources, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran. E-mail: mkaboli@ut.ac.ir

Article Info

Article type:

Research Article

Article history:

Received 24 March 2026

Revised 05 May 2026

Accepted 07 May 2026

Keywords:

Genetic diversity,

Microsatellite loci,

Population structure,

Saker Falcon.

ABSTRACT

The Saker Falcon is a valuable and endangered raptor species whose populations have sharply declined due to habitat destruction, illegal hunting, trafficking, and human disturbances. Owing to its geographical position and habitat diversity, Iran represents one of the important regions within this species' distribution range; however, no information has been available regarding the genetic structure of its populations in the country. This study aimed to conduct an initial assessment of the genetic diversity and structure of Saker Falcons in Iran using microsatellite markers. Despite extensive efforts to collect samples nationwide, only 10 individuals were obtained from Tehran, Bushehr, Kerman, and North Khorasan provinces, sourced from the tissue bank of the National Museum of Natural History and Genetic Resources of Iran's Department of Environment. Based on recent studies, eight microsatellite loci appropriate for this species were selected for this study. The results showed that among the eight loci examined, only one locus (SSR57) exhibited significant evidence of null alleles. Likewise, the Hardy-Weinberg equilibrium test indicated a significant deviation only in this locus. All loci used in this study displayed high polymorphism, with eight to twelve alleles per locus. Furthermore, the observed heterozygosity ranged from 0.6 to 1.0, while the expected heterozygosity ranged from 0.794 to 0.939, indicating relatively high genetic diversity in Iranian Saker Falcon populations. The overall inbreeding coefficient (FIS) was estimated at 0.084, suggesting limited inbreeding among the analyzed samples and implying that, despite existing threats, Iranian populations of the Saker Falcon have retained an adequate level of genetic diversity. Additionally, bottleneck analysis provided no evidence of a recent considerable population decline in Iran. Population structure analyses based on Bayesian inference and maximum-likelihood approaches indicated that the samples were grouped into two distinct genetic clusters. Given that two subspecies, *F. c. cherrug* and *F. c. milvipes*, have been reported in Iran, these two identified genetic clusters may confirm the presence of both subspecies within the country. This study provides a preliminary insight into the status of genetic diversity and population structure of the Saker Falcon in Iran. Further studies based on sampling from all regions within the distribution range of this species in Iran are necessary.

Cite this article: Gholami, F., Ezodinloo, L., & Kaboli, M. (2026). Genetic diversity and structure of Saker Falcon (*Falco cherrug*) populations in Iran using microsatellite markers. *Journal of Natural Environment*, 79 (2), 307-319. DOI: <http://doi.org/10.22059/jne.2026.412312.2903>



Introduction

Raptors, particularly the Saker Falcon, play a critical ecological role and are highly sensitive to environmental change, making them valuable bioindicators of ecosystem health. The Saker Falcon, a species widely distributed across the Palearctic region, including Iran, has experienced a substantial global population decline over recent decades and is currently classified as Endangered on the IUCN Red List. The principal threats affecting this species include habitat degradation, illegal hunting and trade, electrocution, and depletion of prey resources. In addition, potential genetic admixture between wild populations and captive-bred falcons that escape from breeding facilities may compromise the genetic integrity of natural populations.

Material and Methods

Two subspecies are currently recognized in this species: the western subspecies, *F. c. cherrug*, and the eastern subspecies, *F. c. milvipes*. Given Iran's geographic location, the occurrence of both subspecies, or alternatively admixed populations, is plausible. Nevertheless, precise information on the population structure, genetic diversity, and subspecies composition of Saker Falcons in Iran remains limited, and the possibility of hybridization has not yet been evaluated. Previous studies based on mitochondrial markers have shown limited power in resolving population differentiation. By contrast, microsatellite markers, owing to their high polymorphism and discriminatory capacity, provide an effective tool for investigating population structure, gene flow, and hybrid identification. Considering the conservation importance of the Saker Falcon in Iran and the lack of comprehensive molecular studies, the present study aimed to examine the genetic diversity and population structure of Iranian Saker Falcons using microsatellite markers, thereby providing a scientific basis for conservation planning. Due to conservation limitations and restrictions on direct sampling from wild populations, muscle tissue samples from museum-preserved Saker Falcons were used in the present study. These samples were obtained from the National Museum of Natural History and Genetic Resources, Department of Environment of Iran. In total, 10 samples were examined, including individuals from Tehran, Bushehr, Kerman, and North Khorasan Provinces. Genomic DNA was extracted using a commercial Denazist kit, and DNA quality and quantity were assessed using a NanoDrop spectrophotometer. Eight microsatellite loci previously reported in related studies were selected for the assessment of genetic diversity and population structure. PCR amplification was carried out in 15 µL reaction volumes using a thermal cycling profile comprising 35 cycles. Potential genotyping errors were evaluated using MICRO-CHECKER. Hardy-Weinberg equilibrium and linkage disequilibrium were tested using GENEPOP.

Results

Genetic diversity indices, including the number of alleles (N_a), observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e), and the inbreeding coefficient (F_{IS}), were calculated using FSTAT, and allelic richness was also assessed. To examine the possibility of recent genetic bottlenecks, BOTTLENECK software was employed, and the results were interpreted using hierarchical Bonferroni correction. Population structure was analyzed using STRUCTURE and BAPS. The quality of the genotypic data was high, and no evidence of common genotyping errors was detected at any of the loci, with the exception of SSR57, for which evidence of a null allele was identified. All eight microsatellite loci exhibited substantial polymorphism. The number of observed alleles (N_a) ranged from 8 to 12. Observed heterozygosity (H_o) ranged from 0.60 to 1.00, whereas expected heterozygosity (H_e) ranged from 0.794 to 0.939. The relatively high H_e values indicate a favorable level of genetic diversity in Iranian Saker Falcon populations. Analysis of Hardy-Weinberg equilibrium revealed a significant deviation only at locus SSR57 ($P = 0.0045$). The overall inbreeding coefficient (F_{IS}) was 0.084. Allelic richness ranged from 7 to 11 alleles, further supporting the capacity of these populations to retain genetic diversity. Bottleneck analysis yielded non-significant results ($P > 0.05$), suggesting the absence of a recent genetic bottleneck. The L-shaped allele frequency distribution likewise supported demographic stability. STRUCTURE analysis indicated the highest likelihood at $K = 2$, suggesting the presence of two potential genetic clusters; however, given the limited sample size, this pattern should be interpreted with caution, and the results also tended to

support the presence of a single genetic population. Similarly, BAPS analysis supported the existence of two genetically distinct groups ($K=2$), a finding consistent with the expected distribution of the two recognized Saker Falcon subspecies in Iran. The findings of this study suggest that Iranian Saker Falcon populations are genetically stable and possess sufficient genetic diversity to withstand environmental pressures. The relatively high values of H_o , H_e , and allelic richness indicate substantial genetic capacity for long-term persistence. These findings are broadly consistent with those reported in previous studies of wild Saker Falcon populations. Comparisons of FIS and Hardy-Weinberg equilibrium indices with those observed in related species suggest relatively low levels of inbreeding in the populations examined. The low FIS value and the absence of significant deviations from Hardy-Weinberg equilibrium at most loci indicate a generally favorable genetic status. The genetic differentiation observed among populations highlights the importance of conserving local populations and their associated genetic variation. Population structure analyses using STRUCTURE and BAPS identified two genetic clusters among the Iranian samples, potentially corresponding to *F. c. cherrug* and *F. c. milvipes*.

Discussion

Although the limited sample size precludes definitive conclusions, the observed genetic differentiation underscores the need for further investigation based on larger sample sizes and broader geographic coverage. Overall, the results indicate that Iranian Saker Falcon populations are genetically stable, exhibit high allelic diversity, and show no evidence of a severe recent bottleneck. The genetic indices generated in this study provide a valuable foundation for conservation planning, population management, and the preservation of local genetic diversity. More broadly, these findings emphasize the importance of maintaining the genetic integrity of native populations in order to safeguard the long-term viability of the species. This study represents an important step toward clarifying the genetic status of this valuable raptor in Iran and developing evidence-based conservation strategies.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Ethical considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, and plagiarism, and any form of misconduct.

CRedit authorship contribution statement

All authors contributed equally to the conceptualization of the article and writing of the original and subsequent drafts.

Data availability statement

Data available on request from the authors.

Acknowledgements

The authors would like to thank anonymous reviewers for their valuable suggestions in manuscript revision.

تأثیر بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های بالابان (*Falco cherrug*) در ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره

فاطمه غلامی^۱ | لیلا عزالدین لو^۲ | محمد کابلی^۳

۱. گروه محیط‌زیست، دانشکده منابع طبیعی، دانشکده‌گان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران. رایانامه: gholami.fa20@ut.ac.ir

۲. دفتر موزه ملی تاریخ طبیعی و ذخایر ژنتیکی سازمان حفاظت محیط‌زیست، تهران، ایران. رایانامه: ezodinloo@doe.ir

۳. نویسنده مسئول، گروه محیط‌زیست، دانشکده منابع طبیعی، دانشکده‌گان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران. رایانامه: mkaboli@ut.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله پژوهشی	
تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۱/۰۴	
تاریخ بازنگری: ۱۴۰۵/۰۲/۱۵	
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۲/۱۷	
کلیدواژه‌ها:	
اندازه جمعیت، بالابان، تنوع و ژنتیکی، ساختار جمعیت، لوکوس‌های ریزماهوره.	بالابان یکی از پرندگان شکاری ارزشمند و در معرض خطر انقراض است که جمعیت‌های آن به دلیل تخریب زیستگاه، شکار غیرقانونی، قاچاق و مداخلات انسانی با کاهش شدید جمعیت مواجه شده است. ایران به دلیل موقعیت جغرافیایی و تنوع زیستگاهی، یکی از مناطق مهم پراکنش این گونه به‌شمار می‌رود، اما اطلاعاتی درباره وضعیت ژنتیکی جمعیت‌های آن در کشور موجود نیست. این مطالعه با هدف بررسی اولیه تنوع و ساختار ژنتیکی بالابان در ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره انجام شد. تعداد ۱۰ نمونه از استان‌های تهران، بوشهر، کرمان و خراسان شمالی از بانک بافت دفتر موزه ملی تاریخ طبیعی و ذخایر ژنتیکی سازمان محیط‌زیست ایران تهیه شد. برای این مطالعه، هشت لوکوس ریزماهوره مناسب برای این گونه استفاده شد. نتایج این مطالعه نشان داد که از هشت لوکوس ریزماهوره مورد مطالعه، فقط یک لوکوس (SSR57) دارای شواهد معنی‌داری از وجود آلل نول بوده است. همچنین، آزمون تعادل هاردی-واینبرگ نیز انحراف معنی‌دار را فقط در همین لوکوس نشان داد. تمامی لوکوس‌های مورد استفاده در این مطالعه چند ریختی بالا نشان داده و دارای ۸-۱۲ آلل بوده‌اند. به‌علاوه، مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده برای لوکوس‌ها در دامنه ۰/۶-۱ و مقدار هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۹۳۹-۰/۷۹۴ محاسبه شد که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی به نسبت بالا در جمعیت‌های بالابان ایران است. مقدار کلی ضریب درون‌آمیزی (FIS) ۰/۰۸۴ به‌دست آمد که نشان‌دهنده درون‌آمیزی محدود بین نمونه‌های مورد مطالعه بوده است و می‌تواند نشان‌دهنده آن باشد که جمعیت‌های بالابان در ایران، علی‌رغم تهدیدهای موجود، همچنان تنوع ژنتیکی مناسبی را حفظ نموده‌اند. همچنین آزمون‌های گردن بطری ژنتیکی نیز هیچ شواهدی مبنی بر کاهش ناگهانی اندازه جمعیت در ایران نشان ندادند. از سوی دیگر، آنالیزهای ساختار ژنتیکی بر اساس منطق‌های بیزین و بیشینه درست‌نمایی حاکی از آن بود که نمونه‌های مورد استفاده در این مطالعه به دو خوشه ژنتیکی قابل تفکیک هستند. با توجه به آنکه برای بالابان‌های ایران دو زیر گونه <i>F. c. cherrug</i> و <i>F. c. milvipes</i> معرفی شده است، بنابراین دو خوشه ژنتیکی حاصل در این مطالعه، می‌تواند تاییدکننده حضور دو زیر گونه مذکور در ایران باشد. این مطالعه بینش اولیه در خصوص وضعیت تنوع و ساختار ژنتیکی بالابان در ایران ارائه می‌دهد. مطالعات تکمیلی براساس نمونه‌برداری از همه مناطق تحت پراکنش این گونه در ایران الزامی است.

استناد: غلامی، فاطمه، عزالدین لو، لیلا؛ و کابلی، محمد (۱۴۰۵). تأثیر بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های بالابان (*Falco cherrug*) در ایران با استفاده از

نشانگرهای ریزماهوره. محیط زیست طبیعی، ۷۹ (۲)، ۳۰۷-۳۱۹.

DOI: <http://doi.org/10.22059/jne.2026.412312.2903>



مقدمه

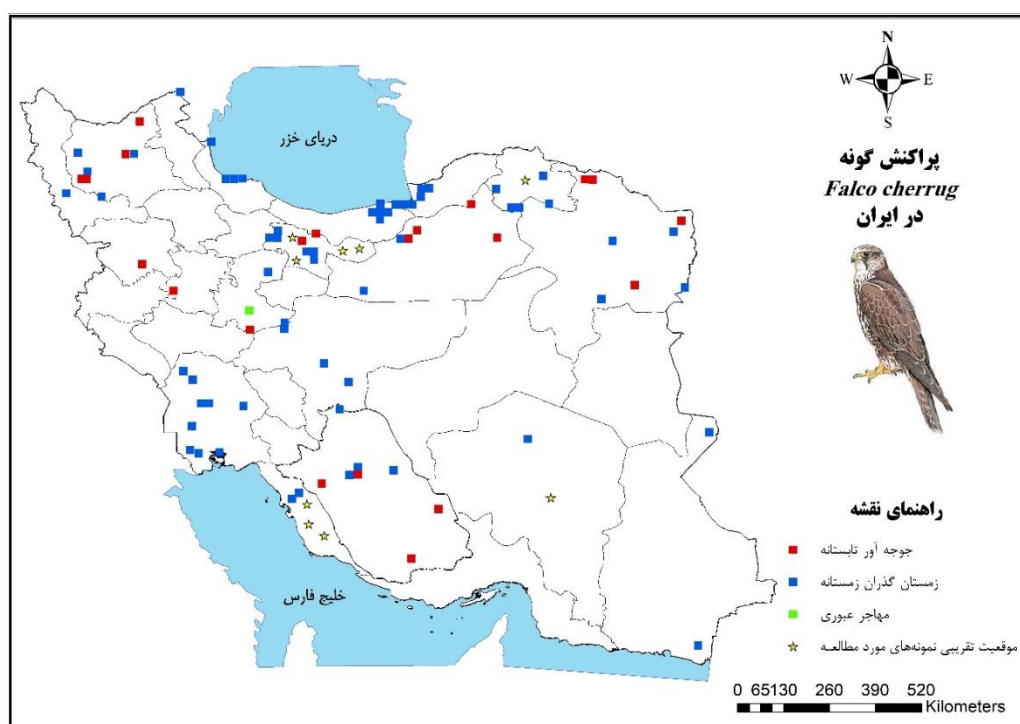
پرندگان شکاری به‌عنوان شکارچیان رأس هرم غذایی، نقش کلیدی در پایداری اکوسیستم‌ها ایفا می‌کنند و به‌دلیل حساسیت بالا نسبت به تغییرات محیطی، به‌عنوان شاخص‌های معتبر سلامت بوم‌سازگان شناخته می‌شوند (Gousy-Leblanc et al., 2021). در میان آن‌ها، بالابان (*Falco cherrug*) یکی از بزرگ‌ترین و ارزشمندترین گونه‌های خانواده Falconidae است که علاوه بر اهمیت بوم‌شناختی، به‌دلیل کاربرد دیرینه در قوش‌بازی، جایگاهی ویژه در فرهنگ بسیاری از مناطق جهان دارد (Lu et al., 2021; Kolnegari et al., 2016). این گونه پراکنشی وسیع در ناحیه پالتارکتیک دارد و از اروپای مرکزی تا استپ‌ها، مناطق نیمه‌بیابانی و بیابان‌های آسیای مرکزی، از جمله ایران، گسترش یافته است (Dixon, 2016). با وجود این گستره وسیع، جمعیت جهانی بالابان در دهه‌های اخیر به‌طور چشمگیری کاهش یافته و در فهرست قرمز IUCN به‌عنوان گونه‌ای در معرض خطر انقراض (Endangered) طبقه‌بندی شده (Sun et al., 2021) و تحت حمایت ضمیمه II کنوانسیون CITES (معاهدت تجارت بین‌المللی گونه‌های تهدیدشده) است. همچنین در ایران نیز به‌عنوان پرنده‌ای در معرض خطر شناسایی شده و دارای ارزش ویژه برای حفاظت است (Kaboli et al., 2017). تخریب و تغییر کاربری زیستگاه‌ها، شکار و قاچاق غیرقانونی، تجارت بین‌المللی پرندگان شکاری، برق‌گرفتگی ناشی از برخورد با خطوط انتقال نیرو، استفاده گسترده از آفت‌کش‌ها و کاهش طعمه‌های طبیعی از مهم‌ترین عوامل تهدیدکننده این گونه محسوب می‌شوند (Beasley, 2022; Padula et al., 2023; Zinevich et al., 2023). افزون بر این، رهاسازی شاهین‌های پرورشی و فراری از اسارت و احتمال آمیزش آن‌ها با جمعیت‌های وحشی، نگرانی‌های جدی درباره اختلاط ژنتیکی و تهدید خلوص ژنتیکی جمعیت‌های طبیعی بالابان ایجاد کرده است (Wilcox et al., 2019).

از دیدگاه آرایه‌شناسی، دو زیرگونه برای بالابان معرفی شده است که شامل زیرگونه غربی (*F. c. cherrug*) و زیرگونه شرقی (*F. c. milvipes*) است. این دو زیرگونه تفاوت‌هایی در ویژگی‌های ریخت‌شناسی و محدوده پراکنش نشان می‌دهند (Petrov et al., 2024). ایران به‌دلیل موقعیت جغرافیایی ویژه و قرارگیری در محل تلاقی مسیرهای پراکنشی پالتارکتیک غربی و شرقی، می‌تواند ناحیه‌ای مهم برای حضور همزمان این زیرگونه‌ها یا حتی جمعیت‌های مختلط باشد. با این حال، اطلاعات دقیق درباره ساختار جمعیتی، تنوع ژنتیکی و وضعیت زیرگونه‌های بالابان در ایران وجود ندارد و احتمال وقوع هیبریداسیون در جمعیت‌های طبیعی کشور تاکنون بررسی نشده است. پژوهش‌های متعددی در زمینه ساختار ژنتیکی و فیلوژنی بالابان انجام شده است که نتایج آن‌ها بینش‌های ارزشمندی ارائه داده‌اند. برای مثال، مطالعات اولیه مبتنی بر DNA میتوکندریایی نشان دادند که چهار گونه نزدیک به هم در زیرجنس *Hierofalco* (بالابان، جیر فاکون، لاپین و شاهین بلوچی) تمایز ژنتیکی بارزی براساس ژنوم میتوکندریایی نشان نداده و هاپلوتیپ‌های مشترک فراوان، ناشی از هیبریداسیون تاریخی و معاصر بین آن‌ها است (Nittinger et al., 2007). این یافته‌ها تأکید نمودند که حفظ خلوص ژنتیکی جمعیت‌های بومی، باید در اولویت حفاظتی گنجانده شود. ابراز نگرانی نسبت به تأثیرات منفی پرورش در اسارت، در پژوهش Marta و همکاران (۲۰۱۲) نیز مورد تأکید قرار گرفت و نشان داده شد که جمعیت‌های وحشی بالابان دارای تنوع ژنتیکی بالاتری نسبت به جمعیت‌های در اسارت هستند. از سوی دیگر، Pomichal و همکاران (۲۰۱۴) با تلفیق داده‌های ریختی و مولکولی، عدم تفاوت ژنتیکی معنی‌دار بین دو زیرگونه بالابان را گزارش نمودند. همچنین نتایج آن‌ها بر تأثیر منفی هیبریداسیون (ناشی از رهاسازی پرندگان تکثیر شده در اسارت) به‌عنوان تهدیدی جدی برای یکپارچگی ژنتیکی تأکید نمود. از سوی دیگر، Petrov و همکاران (۲۰۲۴) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، نمونه‌های بالابان مراکز تکثیر در اسارت بلغارستان را مورد مطالعه قرار داده و دو خوشه ژنتیکی معنی‌دار را شناسایی نمودند که با منشأ جغرافیایی زیرگونه‌های غربی و شرقی شناخته شده از بالابان، همخوانی داشت. این در حالی است که نتایج Rozhkova و همکاران (۲۰۲۶) در خصوص جمعیت‌های سیبری جنوبی، چهار خوشه ژنتیکی عمده را شناسایی نمود و نشان داد که جریان ژن بین این خوشه‌ها محدود است. با این وجود، تاکنون در ایران مطالعه‌ای برای ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های بالابان براساس داده‌های مولکولی، انجام نشده است. این خلاء پژوهشی باعث شده است که برنامه‌ریزی حفاظتی مبتنی بر شواهد ژنتیکی در کشور با محدودیت جدی مواجه باشد و نتوان پاسخ دقیقی به سؤالاتی درخصوص خوشه‌های ژنتیکی موجود در ایران و همچنین احتمال بروز هیبریداسیون طبیعی یا مصنوعی بین گونه‌ای ارائه نمود. از این‌رو، هدف این مطالعه ارزیابی اولیه در خصوص تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های بالابان در ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره بوده است. نتایج

این پژوهش می‌تواند بینشی اولیه در خصوص وضعیت تنوع ژنتیکی بالابان در ایران ارائه نموده و زیربنایی برای مطالعات تکمیلی آتی فراهم آورد.

روش‌شناسی پژوهش

جمع‌آوری نمونه: اجرای مطالعات ژنتیکی در ارتباط با پرندگان شکاری بزرگ، از جمله بالابان، همواره با چالش‌ها و محدودیت‌های قابل توجهی همراه است. این محدودیت‌ها به‌طور عمده ناشی از وضعیت حفاظتی گونه، تراکم پایین جمعیت‌های طبیعی، پراکنش وسیع جغرافیایی، مهاجرت‌های طولانی و همچنین ممنوعیت‌های قانونی مرتبط با شکار، زنده‌گیری و نمونه‌برداری مستقیم از جمعیت‌های وحشی هستند. افزون بر این، بالابان به‌عنوان گونه‌ای در معرض خطر انقراض، تحت حفاظت ملی و بین‌المللی قرار دارد و هرگونه مداخله مستقیم در جمعیت‌های طبیعی آن می‌تواند پیامدهای منفی حفاظتی به‌همراه داشته باشد. از این‌رو، در مطالعه حاضر به‌منظور پرهیز از هر نوع مداخله در جمعیت‌های طبیعی و نیز رعایت ملاحظات اخلاقی و حفاظتی، نمونه‌برداری به‌صورت غیرتهاجمی و از طریق استفاده از نمونه‌های موزه‌ای انجام شد. نمونه‌های مورد استفاده شامل بافت‌های عضله موجود در بانک بافت سازمان حفاظت محیط‌زیست ایران بوده است. شکل ۱ نقاط حضور ثبت شده از بالابان‌های جوجه‌آور تابستانه، زمستان‌گذران و عبوری را در ایران نشان می‌دهد (Kaboli et al., 2012). در مجموع در این مطالعه، تعداد ۱۰ نمونه بافت عضله از بالابان‌هایی متعلق به نواحی شمالی و جنوبی ایران مورد استفاده قرار گرفتند (شکل ۱).

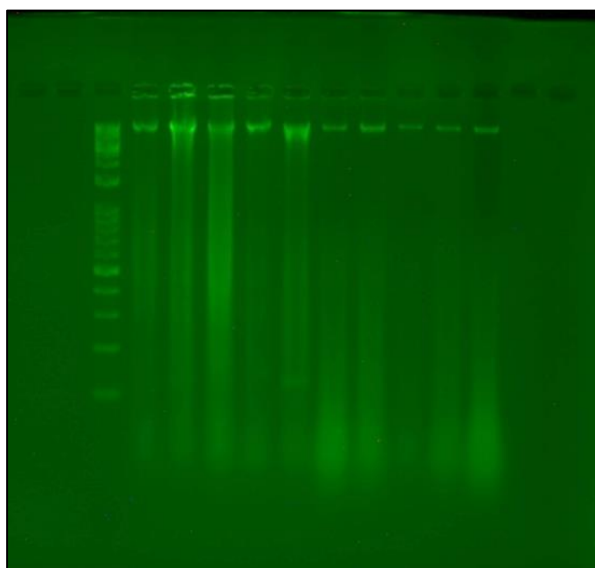


شکل ۱- نقشه پراکنش جمعیت‌های جوجه‌آور (مربع قرمز)، زمستان‌گذران (مربع آبی) و عبوری (مربع سبز) بالابان در ایران به‌همراه موقعیت تقریبی نمونه‌های مورد استفاده در این مطالعه (ستاره‌های زرد) در استان‌های تهران، بوشهر، کرمان و خراسان شمالی

Figure 1. Distribution map of the breeding (red squares), wintering (blue squares), and migratory (green squares) populations of Saker Falcon populations in Iran, showing the approximate locations of the samples used in this study (yellow stars) across Tehran, Bushehr, Kerman, and North Khorasan provinces

استخراج DNA، انتخاب آغازگرها و واکنش زنجیره‌ای پلیمرز: استخراج DNA ژنومی از نمونه‌های بافت عضله نمونه‌های بالابان با استفاده از کیت تجاری دنازیست و مطابق با دستورالعمل شرکت سازنده انجام شد. کیفیت DNA استخراج شده (شکل ۲) با

استفاده از الکتروفورز ارزیابی گردید. همچنین کمیت DNA نیز با استفاده از دستگاه نانودراپ ارزیابی شد و فقط نمونه‌هایی که دارای غلظت و خلوص مناسب بودند، برای مراحل بعدی آنالیزهای مولکولی مورد استفاده قرار گرفتند.



شکل ۲- نتایج الکتروفورز ژل آگارز جهت ارزیابی کیفیت و DNA استخراج شده از نمونه‌های بالابان. شدت و وضوح باندهای DNA در زیر نور UV نشان‌دهنده کیفیت مناسب DNA در این مطالعه است

Figure 1. Agarose gel electrophoresis results showing the quality assessment of DNA extracted from Saker Falcon samples. The intensity and clarity of the DNA bands under UV illumination indicate that the extracted DNA was of satisfactory quality for this study

به‌منظور بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی، هشت لوکوس ریزماهورای شامل SSR11، SSR15، SSR45، SSR48، SSR53، SSR57، SSR63 و Fp92 که پیش‌تر برای این گونه یا گونه‌های نزدیک گزارش شده بودند، انتخاب شدند (Nesje *et al.*, 2001; Hou *et al.*, 2018). مشخصات توالی آغازگرها، نوع موتیف تکراری، دمای اتصال و طول قطعات تکثیرشده در جدول ۱ ارائه شده است. در انتخاب این لوکوس‌ها تلاش شد از نشانگرهای غیرمتصل به یکدیگر استفاده شود تا فرض استقلال آلی در آزمون‌های آماری رعایت گردد.

واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر انجام شد که شامل DNA الگو، آغازگرهای رفت و برگشت، dNTP، بافر واکنش و آنزیم Taq DNA polymerase بود. واکنش‌های PCR در دستگاه ترموسایکلر و تحت شرایط دمایی استاندارد انجام گرفت. برنامه حرارتی PCR شامل یک مرحله واسرشت اولیه، چرخه‌های تکرارشونده واسرشت، اتصال آغازگر و گسترش زنجیره و در نهایت مرحله گسترش نهایی بود. چرخه PCR به‌طور خلاصه شامل ۳۵ چرخه به شرح زیر بود: واسرشت اولیه در دمای ۹۴-۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰-۳۵ ثانیه، مرحله اتصال آغازگر در دامنه دمایی ۵۵-۶۵ درجه سانتی‌گراد (بسته به نوع آغازگر) به مدت ۳۰-۴۰ ثانیه، و مرحله گسترش زنجیره در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰-۶۰ ثانیه. در پایان، مرحله گسترش نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه انجام شد. محصولات PCR پس از تکثیر، به‌منظور تأیید موفقیت واکنش و تعیین اندازه قطعات، با استفاده از الکتروفورز ژل مناسب تفکیک شدند. باندهای حاصل مشاهده و ثبت گردید و تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها براساس اندازه قطعات تکثیرشده برای هر لوکوس در نرم‌افزار Geneious انجام شد.

تجزیه و تحلیل داده‌ها: به‌منظور بررسی خطاهای تعیین ژنوتیپ شامل سقوط آلی (Allelic dropout)، خطای خوانش (Misscoring Error) ناشی از stuttering و همچنین وجود آل‌های نول (Null alleles) در داده‌های ریزماهورای با استفاده از نرم‌افزار MICRO-CHECKER v2.2.3 تحلیل شدند (Van Oosterhout *et al.*, 2004). فراوانی آل‌های نول با استفاده از روش‌های Van Oosterhout و Brookfield برآورد گردید. تبعیت لوکوس‌ها از تعادل هاردی واینبرگ (HWE) با استفاده از

آزمون‌های مبتنی بر زنجیره مارکوف و فرض کاهش هتروزیگوسیتی در نرم‌افزار GENEPOP v4.7 بررسی شد (Raymond and Rousset, 1995). همچنین عدم تعادل اتصالی (Linkage Disequilibrium) بین تمامی جفت لوکوس‌ها با استفاده از آزمون شاخص F اعمال و از ضریب تصحیح بونفرونی جهت تصحیح سطح معنی‌دار استفاده شد. شاخص‌های تنوع ژنتیکی شامل تعداد آلل‌ها (Na)، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و شاخص درون‌آمیزی (FIS) برای هر لوکوس و برای کل داده‌ها محاسبه شد. غنای آلی (Allelic Richness) نیز با در نظر گرفتن حداقل اندازه نمونه محاسبه شد تا اثر اندازه نمونه کاهش یابد. این آنالیزها با استفاده از نرم‌افزار FSTAT v2.9.3 (Goudet, 2001) انجام گرفت. به‌منظور بررسی احتمال وقوع گردن بطری ژنتیکی اخیر در جمعیت بالابان‌های مورد مطالعه، آزمون Bottleneck تحت سه مدل جهشی مختلف شامل مدل مرحله‌ای تغییرات محدود (SMM)، مدل نرخ ثابت (IAM) و مدل دو فاز (TPM) با استفاده از نرم‌افزار BOTTLENECK v1.2.02 انجام شد (Piry *et al.*, 1999). در این آزمون، مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار برای هر لوکوس و در مجموع برای جمعیت آماری مورد مطالعه مورد مقایسه قرار می‌گیرد. از ضریب تصحیح بونفرونی سلسله‌مراتبی جهت تصحیح سطح معنی‌دار استفاده شد. نتایج آزمون‌های آماری شامل آزمون نشانه (Sign Test) و آزمون رتبه علامت ویلکاکسون (Wilcoxon Signed-Rank Test) ثبت و تفسیر شدند.

جدول ۱- توالی پرایمرهای استفاده شده برای نشانگرهای ریزماهواره در مطالعه حاضر، شامل منطقه تکراری، دمای اتصال، شماره دسترسی و شناسه‌های دسترسی مربوطه برای هر لوکوس. این پرایمرها از مطالعات قبلی (Nesje *et al.*, 2001; Hou *et al.*, 2018) انتخاب شدند

Table 1. Primer sequences used for the microsatellite markers in the present study, including the repeat motif, annealing temperature (Ta), and corresponding accession numbers for each locus. These primers were selected from previous studies (Nesje *et al.*, 2001; Hou *et al.*, 2018)

منبع	توالی پرایمر	منطقه تکراری	دمای اتصال	شماره دسترسی	لوکوس
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: AAACCTTTGAAAGCACCATGCACTT R: CACACCACAGGTTTTGATATTTGTATG	(TG) ₁₂	58	MF563547	SSR11
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: GAATGTGCTGTTTGGTGTCTTAACAA R: CCTTGGACTGTCCTATATGCTTGC	(GA) ₁₃	58	MF563548	SSR15
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: GGTGTCAGTAAACTGAAATGCACAA R: AGCTTGCATCAGGTTTTGAGCTAC	(AAT) ₂₂	58	MF563549	SSR45
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: TTGGAGTAAAACAATTGCCTCAGC R: TGGCAGTTTTTAAATGGAAGTGG	(ATT) ₂₄	60	MF563543	SSR48
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: TTCAACACATTACCAAATTCTAGTC R: TCTGCCATCATATCTGTTTTTCAGTAA	(TATC) ₂₀	58	MF563546	SSR53
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: GCTAGAACGGAAGGAAGAAAGG R: TGGGCAAGACTTCAGTTGTTACAC	(GGAA) ₂₁	60	MF563550	SSR57
Hou <i>et al.</i> , 2018	F: TCTTGTTGTGTAAGGGGTCTTGAA R: GGGTAGCTAAATTTGCAGTAAATGG	(ATAG) ₂₄	60	MF563544	SSR63
Nesje <i>et al.</i> , 2001	F: TTACTAGAAGGCTGCTCAG R: CGTATTCCAAACTTTATGGC	(CA) ₁₀	58	AF118431	Fp92

ساختار ژنتیکی جمعیت بالابان با استفاده از نرم‌افزار Structure و بر مبنای مدل بیزین پریچارد (Pritchard *et al.*, 2000) مورد بررسی قرار گرفت. تحلیل براساس مدل اختلاطی (Admixture Model) با فرض همبستگی فراوانی‌های آلی (Correlated Allele Frequencies) انجام شد. شبیه‌سازی زنجیره مارکوف مونت کارلو (MCMC) با یک میلیون تکرار و چهار اجرای مستقل برای مقادیر مختلف تعداد جمعیت‌های فرضی ($K=1$ تا $K=3$) صورت پذیرفت. روند تغییرات احتمال بیشینه داده‌ها $\ln P(K)$ از طریق نرم‌افزار Srtucture Harvester (شکل ۲) تحلیل گردید. به‌منظور تکمیل تحلیل ساختار جمعیتی و با توجه به محدودیت تعداد نمونه‌ها، از نرم‌افزار BAPS v6.0 استفاده گردید (Corander *et al.*, 2013). این تحلیل با استفاده از هشت لوکوس ریزماهواره انجام پذیرفت.

یافته‌های پژوهش

کیفیت ژنوتایپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار MICRO-CHECKER بررسی شد و شواهدی از خطاهای رایج ژنوتایپی، شامل Allelic dropout، Large allele dropout و خطای ناشی از Stuttering، در هیچ یک از لوکوس‌ها مشاهده نشد. فقط در لوکوس SSR57 شواهدی از وجود آلل نول گزارش شد و فراوانی این آلل‌ها با روش‌های Van Oosterhout و Brookfield بازه تقریبی ۰/۱۵-۰/۱۹ برآورد گردید. هشت لوکوس ریزماهواره مورد استفاده در این مطالعه چند ریختی ژنتیکی نشان دادند. تعداد آلل‌ها (Na) در لوکوس‌ها بین ۸-۱۲ متغیر بوده است. بیشترین تعداد آلل در SSR48 (۱۲ آلل) و کمترین تعداد در SSR11 و Fp92 (هشت آلل) مشاهده شد. هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o) نیز از ۰/۶-۱ متغیر بوده است به‌طوری که SSR48 و SSR53 بیشترین مقدار (یک) H_o و SSR45 و SSR57 کمترین مقدار (۰/۶) H_o را نشان دادند. هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_e) در تمامی لوکوس‌ها بالا و بین ۰/۷۹۴-۰/۹۳۹ متغیر بوده است که بیانگر سطح مطلوب تنوع ژنتیکی در نمونه‌های مورد استفاده در این مطالعه به‌عنوان نمونه‌ای از جمعیت‌های بالابان در ایران است (جدول ۲).

جدول ۲ - نتایج محاسبه شاخص‌های تنوع ژنتیکی و آزمون‌های تعادل هاردی واینبرگ (HWE) برای هشت لوکوس ریزماهواره مورد بررسی در این مطالعه شامل مقادیر ضریب درون آمیزی (F_{IS})، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_e) و تعداد آلل‌ها (Na)

Table 2. Genetic diversity indices and Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) test results for the eight microsatellite loci analyzed in the present study, including the inbreeding coefficient (F_{IS}), observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e) and number of alleles (Na)

Locus	Na	H_o	H_e	HWE P-value	R_s	F_{IS}
SSR11	7	0.9	0.856	0.2480	7	-0.052
SSR15	9	0.8	0.794	0.1441	9	-0.007
SSR45	9	0.6	0.856	0.0256	9	0.299
SSR48	11	1	0.917	1	11	-0.091
SSR53	10	1	0.9	1	10	-0.111
SSR57	10	0.6	0.939	0.0045	10	0.361
SSR63	10	0.9	0.933	0.5432	10	0.036
Fp92	8	0.7	0.9	0.0565	8	0.222

نتایج آزمون تعادل هاردی واینبرگ نشان داد که فقط SSR57 انحراف معنی‌دار از تعادل داشت ($P < 0.01$)، در حالی که سایر لوکوس‌ها از نظر HWE پایدار بودند. این یافته‌ها نشان‌دهنده کیفیت بالا و اعتمادپذیری داده‌های ژنتیکی به‌دست آمده است. ضریب درون آمیزی (F_{IS}) نیز در سطح لوکوس‌ها متغیر بود و از ۰/۱۱۱- در SSR53 تا ۰/۳۶۱ در SSR57 تغییر نشان داد. مقدار کلی F_{IS} برای کل داده‌ها برابر با ۰/۰۸۴ بود. مقادیر منفی F_{IS} در برخی لوکوس‌ها نشان‌دهنده هتروزیگوسیتی بیش از حد و جریان ژن مناسب است، در حالی که مقادیر مثبت محدود می‌تواند به اثرات محلی یا ازدواج‌های خویشاوندی محدود اشاره داشته باشد. غنای آللی (A_r) در لوکوس‌ها بین هفت تا ۱۱ متغیر بود (بیشترین مقدار ($A_r=11$) مربوط به SSR48 و کمترین مقدار ($A_r=7$) مربوط به SSR11). این شاخص‌ها نشان‌دهنده توانایی جمعیت برای حفظ تنوع ژنتیکی و پاسخ به تغییرات محیطی بوده و همسو با یافته‌های مشابه در جمعیت‌های وحشی بالابان و سایر گونه‌های شاهین‌ها است (Marta et al., 2012; Padula et al., 2023).

تحلیل‌های گردن بطری ژنتیکی نشان داد که انحراف معنی‌داری از تعادل مورد انتظار در شرایط گردنه بطری وجود ندارد. نتایج آزمون نشانه و آزمون ویلکاکسون در تمامی مدل‌های جهشی (JAM ، TPM و SMM) غیرمعنی‌دار بود ($P > 0.05$)، که نشان‌دهنده عدم وجود افزایش معنی‌دار هتروزیگوسیتی نسبت به تعادل جهش رانش است (جدول ۳). این نتایج بیانگر آن است که تعداد لوکوس‌هایی با هتروزیگوسیتی بیش از حد، بیشتر از مقدار مورد انتظار نبوده و شواهدی از وقوع گردن بطری ژنتیکی اخیر در جمعیت مورد مطالعه مشاهده نمی‌شود.

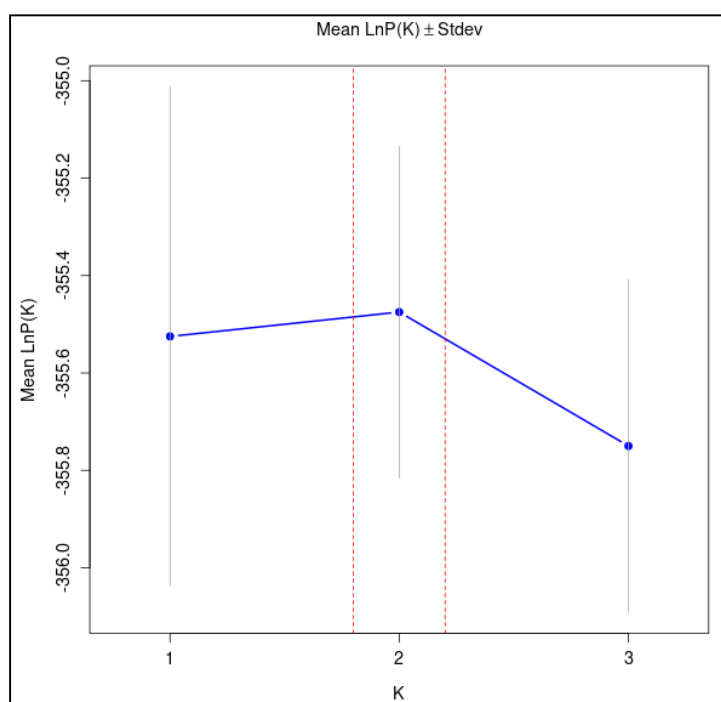
جدول ۳- نتایج احتمال وقوع گردنه بطری در جمعیت بالابان مورد مطالعه

Table 3. Results of the bottleneck analysis for the Iranian Saker Falcon population

مدل جهشی	آزمون نشانه	آزمون ویلکاکسون
IAM	0.343	0.19141
TPM	0.422	0.52734
SMM	0.408	0.52734

علاوه بر این، توزیع فراوانی آلل‌ها به صورت L-shaped، حفظ تعداد بالای آلل‌های با فراوانی کم را نشان می‌دهد که از ویژگی‌های جمعیت‌های پایدار و فاقد گردن بطری شدید محسوب می‌شود. هم‌راستایی نتایج آزمون‌های آماری و الگوی توزیع آللی، بیانگر عدم مشاهده شواهد قوی مبنی بر وقوع یک کاهش ناگهانی و شدید در اندازه جمعیت مؤثر است. این یافته‌ها با نتایج مطالعات پیشین در جمعیت‌های وحشی شاهین‌ها همخوانی دارد (Ponnikas *et al.*, 2017; Sarà *et al.*, 2019).

تحلیل ساختار جمعیتی با استفاده از نرم‌افزار Structure و مدل بیزین پریچارد، با در نظر گرفتن مقادیر مختلف K (۱-۳)، انجام شد. بیشترین احتمال بیشینه داده‌ها ($\text{LnP}(K)$) در $K=2$ مشاهده گردید که الگوهای اولیه نشان‌دهنده تمایل به ساختار دو خوشه‌ای ژنتیکی از نمونه بالابان‌های مورد مطالعه بوده است. میانگین نتایج چهار اجرای مستقل شبیه‌سازی MCMC (۱,۰۰۰,۰۰۰ تکرار) در جدول ۴ ارائه شده است. با این حال، بررسی دقیق روند تغییرات $\text{LnP}(K)$ و همچنین خروجی‌های نرم‌افزار Structure Harvester (شکل ۳)، با توجه به محدودیت تعداد نمونه‌ها و قدرت تفکیک پایین داده‌ها، نشان داد که تفکیک قطعی ساختار ژنتیکی چندگانه با قطعیت بالا امکان‌پذیر نیست. نرم‌افزار عملاً تمایل به شناسایی یک جمعیت ژنتیکی واحد را داشت.

شکل ۳- روند تغییرات احتمال بیشینه داده‌ها براساس $\text{LnP}(K)$ در Structure HarvesterFigure 3. Plot of the estimated log probability of the data $[\text{LnP}(K)]$ across different values of K generated by Structure Harvester

جدول ۴- میانگین احتمال بیشینه داده‌ها برای مقادیر مختلف K در مدل پریچارد

Table 4. Mean estimated log probability of the data [LnP(K)] for different values of K under the Pritchard model

تعداد جمعیت (K)	تکرار	Mean LnP(K)	Delta K
K=1	4	-355.52500	NA
K=2	4	-355.47500	0.95492
K=3	4	-355.75000	NA

نتایج حاصل از تحلیل BAPS نیز نشان داد که بالابان‌های مورد مطالعه به دو گروه ژنتیکی متمایز ($K=2$) قابل تفکیک هستند. این تقسیم‌بندی براساس الگوهای پراکندگی آلل‌ها در هشت لوکوس ریزماهواره مشخص گردید. به نظر می‌رسد که با توجه به محدودیت تعداد نمونه‌ها در این مطالعه، استفاده از BAPS می‌تواند به‌عنوان یک رویکرد جایگزین و مکمل برای شبیه‌سازی‌های رایج و شناسایی ساختار جمعیتی، مفید واقع شود. در مجموع این یافته‌ها، خوشه‌بندی نمونه‌های مورد مطالعه را به ۲ خوشه ژنتیکی قابل تفکیک تقویت می‌کند و می‌تواند نشانه‌ای از حضور دو زیرگونه از جمعیت‌های بالابان در ایران باشد.

بحث و نتیجه‌گیری

نتایج حاضر نشان داد که جمعیت بالابان مورد مطالعه از ایران، از نظر ژنتیکی پایدار و دارای تنوع ژنتیکی مناسب برای پاسخ به فشارهای محیطی و انتخابی هستند. سطح بالای مقادیر H_o و H_e و غنای آلی مناسب، توانایی یک جمعیت را برای مقابله با تغییرات محیطی نشان داده و امکان حفظ ذخایر ژنتیکی محلی را فراهم می‌آورد. مشابه این یافته‌ها در مطالعه Mart و همکاران (۲۰۱۲) مشاهده شده است که جمعیت‌های وحشی بالابان دارای بالاترین مقدار H_o و H_e بودند و در مقایسه با جمعیت‌های در اسارت، سطح هتروزیگوسیتی بالاتری داشتند.

مقایسه نتایج شاخص‌های درون‌آمیزی (FIS) و تعادل هاردی-واینبرگ (HWE) در نمونه‌های مورد مطالعه با سایر گونه‌های مشابه نشان می‌دهد که جمعیت مورد مطالعه از ایران از میزان درون‌آمیزی محدود برخوردار است. در مطالعات Nittinger و همکاران (۲۰۰۷) و همچنین Sarā و همکاران (۲۰۱۹) نیز مشاهده شد که مقادیر پایین FIS همراه با غنای آلی بالا و عدم خروج از HWE، وضعیت مطلوب تنوع ژنتیکی را در گونه‌های مرتبط نشان می‌داد. با این حال، تفسیر مقدار پایین FIS در این مطالعه باید با احتیاط صورت گیرد، زیرا فاصله جغرافیایی زیاد بین نقاط نمونه‌برداری و تعداد محدود نمونه‌ها می‌تواند بر تخمین این شاخص تأثیر گذار باشد. همچنین مقادیر FST در مقایسه جمعیت‌های وحشی و در اسارت بالابان متوسط ($FST=0.139$) و بین جمعیت‌های در اسارت بالابان و گونه‌های نزدیک مانند *F. peregrinus* بالاتر ($FST < 0.3$) گزارش شده است (Marta et al., 2012) که بیانگر تمایز ژنتیکی قابل توجه و اهمیت حفظ جمعیت‌های بومی است.

همچنین در مطالعه Padula و همکاران (۲۰۲۳) استفاده از یک پنل ریزماهواره‌ای با قابلیت تکثیر متقاطع در چند گونه شاهین، توانست تمایز ژنتیکی میان گونه‌ها و جمعیت‌های نزدیک را به‌خوبی آشکار سازد و نشان داد که اختلاف میان H_o و H_e در برخی لوکوس‌ها می‌تواند به ساختار جمعیتی، واگرایی تکاملی اخیر و یا منشأ اسارت نمونه‌ها مرتبط باشد. مشابه این الگو در گونه‌های دیگر شاهین‌ها، مانند ترمتای پای‌سرخ (*Falco vespertinus*) نیز مشاهده شده است که میانگین H_e بالاتر از H_o بوده و بیانگر چندریختی بالا و ناهمگنی توزیع ژنوتایپ‌ها بوده است (Magonyi et al., 2019).

تحلیل ساختار ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزارهای Structure و BAPS، علی‌رغم وجود محدودیت در تعداد نمونه‌های مورد مطالعه، نتایج قابل‌توجهی را آشکار ساخت. هر دو روش، دو خوشه ژنتیکی متمایز را در میان نمونه‌های جمع‌آوری شده از ایران شناسایی کردند. با توجه به این که انتظار می‌رفت دو زیرگونه بالابان (*F. c. milvipes* و *F. c. cherrug*) در ایران حضور داشته باشند، دو خوشه ژنتیکی شناسایی شده در این مطالعه می‌تواند احتمال حضور این دو زیرگونه را در ایران تقویت بخشد. این یافته با مطالعات قبلی در خصوص جمعیت‌های آسیایی و اروپایی بالابان که منجر به شناسایی چهار خوشه ژنتیکی متمایز گردید، همخوانی دارد (Rozhkova et al., 2026).

داده‌های حاصل از این پژوهش، شواهد معنی‌داری مبنی بر وقوع گردنه بطری یا کاهش ناگهانی تنوع ژنتیکی در جمعیت بالابان مورد مطالعه از ایران نشان نداد. این یافته‌ها می‌تواند بستر اولیه برای مدیریت بهتر ذخایر ژنتیکی از این گونه بالارزش را فراهم آورد. با این وجود باید اذعان داشت که مطالعات تکمیلی در این خصوص با افزایش تعداد نمونه‌ها و همچنین استفاده از نشانگرهای هسته‌ای و میتوکندریایی بیشتر، الزامی است.

همان‌طور که پیش از این نیز ذکر شد، حجم پایین نمونه‌های مورد استفاده در این مطالعه (علی‌رغم آنکه شامل همه نمونه‌های موجود از این گونه در کشور بوده است)، محدودیت اصلی در طول انجام این مطالعه محسوب شده و سبب می‌شود تا استفاده از نتایج کاربردی این مطالعه در جهت حفاظت و مدیریت از این گونه ارزشمند را با احتیاط روبرو سازد. با این وجود و از آنجا که مدیریت و حفاظت ژنتیکی از پرندگان شکاری در خطر انقراض، به‌ویژه جلوگیری از اختلاط ژنتیکی ناشی از رهاسازی پرندگان اسیر، همچنان به‌عنوان یکی از ارکان اصلی حفظ سلامت جمعیت‌های بالابان توصیه می‌شود (Marta et al., 2012; Ponnikas et al., 2017; Sarà et al., 2019)، بنابراین مطالعات تکمیلی در این خصوص برای کشور ایران که در مسیر قاقاق پرندگان شکاری قرار داشته و همواره به‌عنوان یکی از بهترین مناطق برای صید بالابان و بحری مورد توجه قاقاقچیان ملی و بین‌المللی مورد هدف بوده است، بسیار الزامی است.

ملاحظات اخلاقی

حامی مالی

بخشی از هزینه‌های این پژوهش با حمایت مالی و معنوی معاونت پژوهشی دانشگاه تهران انجام شده است. سایر هزینه‌ها از محل اعتبارات طرح‌های کاربردی نویسنده مسئول مقاله تأمین شده است.

مشارکت نویسندگان

نویسندگان به‌طور مساوی در کلیه مراحل طراحی و انجام پژوهش، گردآوری داده‌ها، تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها، تحلیل و تفسیر اطلاعات و نتایج، تهیه پیش نویس مقاله، بررسی و کنترل نتایج، اصلاح، بازبینی و نهایی‌سازی مقاله مشارکت داشتند.

تعارض منافع

بنا بر اظهار نویسندگان این مقاله تعارض منافع ندارد.

بیانیه دسترسی به داده‌ها

داده‌های پژوهش حاضر از طریق درخواست از نویسندگان (نویسنده مسئول) قابل دسترسی است.

سپاسگزاری

از داوران محترم به‌خاطر ارائه نظرات سازنده و علمی سپاسگزاری می‌شود. از کمک‌های کارشناسان محترم دفتر موزه ملی تاریخ طبیعی و ذخایر ژنتیکی سازمان حفاظت محیط‌زیست در تهیه نمونه جهت انجام مطالعه و کارشناسان محترم آزمایشگاه ژنتیک شرکت سلول کاوشگر جهت همکاری در آماده‌سازی داده‌ها کمال سپاسگزاری می‌گردد. همچنین از خانم المیرا میرزائی به‌واسطه همکاری در طول انجام این مطالعه کمال سپاسگزاری را دارد.

References

- Beasley, J., 2022. Developing Massively Parallel Sequencing multiplexes for Birds of Prey: A pilot study for non-human forensics and conservation biology (Doctoral dissertation, University of Leicester).
- Corander, J., Marttinen, P., Sirén, J., Tang, J., 2013. BAPS: Bayesian analysis of population structure. Department of Mathematics and statistics University of Helsinki, 14.

- Dixon, A., 2015. Commodification of the Saker Falcon *Falco cherrug*: Conservation problem or opportunity?. In *Problematic Wildlife: A Cross-Disciplinary Approach* (pp. 69-89). Cham: Springer International Publishing.
- Goudet, J.F.S.T.A.T., 1995. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics.
- Gousy-Leblanc, M., Yannic, G., Therrien, J.F. and Lecomte, N., 2021. Mapping our knowledge on birds of prey population genetics. *Conservation Genetics* 22(5), 685-702.
- Kaboli, M., Aliabadian, M., Tohidifar, M., Hashemi, A., Mousavi, S.B., Roselaar, C., 2017. Atlas of the Birds of Iran. Jahad Daneshgahi, Alborz Branch (Kharazmi University), Tehran, Iran, 628 p.
- Kolnegari, M., Jamali, M., Naserifard, M., Ghous, K., Hazrati, M., Panter, C.T., Dwyer, J.F., 2021. Falconry petroglyphs in Iran: new findings on the nexus between ancient humans and birds of prey. *European Journal of Wildlife Research* 67(3), p.38.
- Lu, J., Lu, J., Li, X.F., Jiang, H., 2016. Complete mitochondrial genome of the Saker falcon, *Falco cherrug* (*Falco*, *Falconidae*). *Mitochondrial DNA Part A* 27(5), 3226-3227.
- Magonyi, N.M., Mátics, R., Szabó, K., Fehérvári, P., Solt, S., Palatitz, P., Vili, N., 2019. Characterization of novel microsatellite markers for the red-footed falcon (*Falco vespertinus*) and cross-species amplification in other *Falco* species. *European Journal of Wildlife Research*, 65(4), p.62.
- Marta, B., Lenka, P., Petra, B., Katerina, K., Tomas, U., 2012. Genetic differences between wild and captive populations of the peregrine falcon (*Falco peregrinus*) and the saker falcon (*Falco cherrug*) living in the Czech Republic. *Journal of Agricultural Science and Technology* B2(6B) p.642.
- Nittinger, F., Gamauf, A., Pinsker, W., Wink, M., Haring, E., 2007. Phylogeography and population structure of the saker falcon (*Falco cherrug*) and the influence of hybridization: mitochondrial and microsatellite data. *Molecular Ecology* 16(7), 1497-1517.
- Padula, A., Buono, V., Giangregorio, P., Mengoni, C., Mucci, N., 2023. Cross-amplification in falcons and their hybrids: A new im-plemented multi-locus panel for conservation and forensic purposes. *Journal of Forensics Research* 14(6).
- Petrov, R., Yarkov, D., Chakarov, N., 2024. Genetic analysis of Saker Falcon (*Falco cherrug*) subspecies. *Biodiversity Data Journal* 12, p.e116889.
- Piry, S., Luikart, G., Cornuet, J.M., 1999. BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data.
- Pomichal, K., Vági, B., Csörgő, T., 2014. A case study on the phylogeny and conservation of Saker Falcon. *Ornis Hungarica* 22(1), 1-14.
- Ponnikas, S., Ollila, T., Kvist, L., 2017. Turnover and post-bottleneck genetic structure in a recovering population of Peregrine Falcons *Falco peregrinus*. *Ibis* 159(2), 311-323.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Rosenberg, N.A., Donnelly, P., 2000. Association mapping in structured populations. *The American Journal of Human Genetics* 67(1), 170-181.
- Raymond, M., Rousset, F., 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism.
- Rozhkova, D.N., Shnayder, E.P., Tambovtseva, V.G., Karyakin, I.V., Blekhman, A.V., Lazebny, O.E., Sorokina, S.Y., Zinevich, L.S. and Kulikov, A.M., 2026. Evolutionary Relationships and Genetic Diversity in the Southern Siberian Populations of the Saker Falcon (*Falco cherrug*), a Young and Endangered Species. *Diversity* 18(1), p.50.
- Sarà, M., Mengoni, C., Mucci, N., Guzzo, E., Ruzic, M., Amato, M., Antioco, N., Boano, G., Bondi, S., Leonardi, G., Nardo, A., 2019. Genetic variability and population structuring in the European Lanner Falcon *Falco biarmicus feldeggii*. *Avocetta* 43(1).
- Sun, J., Dixon, A., Gu, Z., Lin, Z., Zhan, X., 2021. Status of the saker falcon in China. *Science China Life Sciences* 64(5), 828-831.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P., Shipley, P., 2004. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4(3), 535-538.
- Wilcox, J.J., Boissinot, S., Idaghdour, Y., 2019. Falcon genomics in the context of conservation, speciation, and human culture. *Ecology and Evolution* 9(24), 14523-14537.
- Zinevich, L., Prommer, M., Laczkó, L., Rozhkova, D., Sorokin, A., Karyakin, I., Bagyura, J., Cserkés, T., Sramkó, G., 2023. Phylogenomic insights into the polyphyletic nature of Altai falcons within eastern sakers (*Falco cherrug*) and the origins of gyrfalcons (*Falco rusticolus*). *Scientific Reports* 13(1), p.17800.