

ساختار جمعیتی ماهی اسبله (*Silurus glanis*) تالاب انزلی و دریاچه سد ارس با استفاده از روش مولکولی ریز ماهواره

آذر امیری^۱، شهرام بهمنش^۲، فریدون چکمه‌دوز قاسمی^{۳*}، صابر زهری^۳

۱- گروه شیلات، دانشکده بیولوژی، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز، ایران، صندوق پستی: ۱۹۱۵

۲- موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، پژوهشکده آبی‌پروری آب‌های داخلی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بندر انزلی، اهواز، ایران، صندوق پستی: ۶۶

۳- گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران، صندوق پستی: ۱۷۹

تاریخ دریافت: ۲۳ شهریور ۱۳۹۶ تاریخ پذیرش: ۱۴ دی ۱۳۹۶

چکیده

ماهی اسبله (*Silurus glanis*) در بسیاری از کشورهای جهان از ارزش اقتصادی بالایی برخوردار است بطوریکه به‌منظور بهره‌برداری پایدار در صنعت آبی‌پروری مطالعات جامع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای مختلف ژنتیکی بر روی جمعیت‌های آن انجام می‌گردد. از مهم‌ترین مکان‌های زیست ماهی اسبله در ایران، تالاب انزلی و دریاچه سد ارس است. گوشت ماهی اسبله همانند گوشت ماهیان خاویاری خوش طعم بوده و این مسئله یکی از دلایل صید بی‌رویه و مصرف زیاد آن در دو منطقه فوق است. تاکنون هیچ‌گونه مطالعه‌ای در زمینه جمعیتی آن در کشور ایران انجام نشده و به همین دلیل ساختار جمعیتی ماهی اسبله در دو منطقه تالاب انزلی و دریاچه سد ارس با استفاده از روش مولکولی ریز ماهواره (Microsatellite) مورد بررسی قرار گرفت. بدین منظور تعداد ۶۰ قطعه باله دمی از هر ماهی (هر منطقه ۳۰ قطعه) جمع‌آوری و جهت بررسی‌های مولکولی از ۸ آغازگر (primer) ریز ماهواره استفاده شد که ۲ آغازگر تولید باندهای تک‌شکلی (monomorphic) و ۶ آغازگر تولید باندهای چندشکلی (polymorphic) نمودند. جهت اطلاع از ساختار ژنتیکی و جمعیتی ماهی اسبله در دو منطقه مورد مطالعه، شاخص‌های آماری ژنتیکی شامل تعداد ال‌ها، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و قابل انتظار، شاخص F_{st} بر اساس آزمون AMOVA که نشان‌دهنده تمایز بین جمعیت‌ها است، فاصله ژنتیکی و تعادل هاردی واینبرگ بین نمونه‌های دو منطقه با استفاده از نرم‌افزارهای تخصصی ژنتیکی محاسبه شد و این نتایج به دست آمد: تعداد کل ال محاسبه‌شده ۸۸ ال بود که میانگین تعداد ال محاسبه‌شده برای تالاب انزلی ۹/۳ و برای نمونه‌های دریاچه پشت سد ارس ۵/۳ بود، اختلاف آماری قابل ملاحظه‌ای بر اساس میانگین تعداد ال در هر جایگاه ژنی و هتروزیگوسیتی بین دو جمعیت مشاهده شد ($P \leq 0/01$)، میزان شاخص F_{st} محاسبه‌شده ۰/۱۶۵ و فاصله ژنتیکی ۰/۳۸ بود که هر دو این شاخص‌ها از لحاظ آماری معنی‌دار بودند ($P \leq 0/01$)، بین نمونه‌های هر دو منطقه کاهش و افزایش تنوع یا هتروزیگوسیتی مشاهده شد ولی نمونه‌های هر دو منطقه در تعادل با آزمون هاردی واینبرگ بودند. به‌طور کلی براساس نتایج حاصل از این بررسی، به نظر می‌رسد که ماهی اسبله تالاب انزلی و دریاچه سد ارس هر کدام جمعیت مستقلی می‌باشند. بنابراین توصیه می‌شود جهت افزایش گونه‌ای در صنعت آبی‌پروری کشور، مدیریت شیلاتی مبنی بر تکثیر و پرورش هر دو جمعیت اعمال گردد.

کلمات کلیدی: ماهی اسبله، تالاب انزلی، دریاچه سد ارس، ریز ماهواره.

* عهده‌دار مکاتبات (✉) chakmehdouz13@yahoo.com

مقدمه

آگاهی از تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی آبزیان جهت مدیریت شیلاتی بسیار مهم و ضروری است. به طور کلی وجود تنوع یک فاکتور مهم و اساسی بین جمعیت‌های یک گونه از آبزیان است زیرا طیف وسیعی از صفات مهم نظیر پاسخ به تغییرات شدید محیط زیست و نظایر آن را برای هر فرد از آن جمعیت فراهم می‌نماید. افرادی که از تنوع بیشتری برخوردار هستند نسبت به افراد کم تنوع از ویژگی‌های زیاده‌تری مثل رشد، هم‌آوری، تحمل نسبت به بروز بیماری‌ها و ... برخوردارند (Beardmore et al., 1997). امروزه نشانگرهای ریز ماهواره در مطالعات ژنتیک جمعیت کاربرد زیادی دارد، این نشانگرها به صورت توالی‌های کوتاه و ساده تکرار شونده (SSRs)، توالی‌های ساده چندشکلی (SSLPs) و یا توالی‌های کوتاه در طول ژنوم (STR) شناخته می‌شوند و نواحی بر روی DNA هستند که دارای الگوهای کوتاهی از توالی بازهای آلی به اندازه ۶-۱۰ باز می‌باشند از قبیل CA، AGA، ATA و غیره. در سال‌های اخیر ریز ماهواره‌ها به عنوان وسیله‌ای برای دستیابی به شناسه‌های ژنتیکی مطرح بوده و در بسیاری از مطالعات ساختار ژنتیکی جمعیت آبزیان، شناسایی مولدین کارگاه‌های بازسازی ذخایر در راستای اعمال مدیریت شیلاتی، بررسی روند تکاملی آبزیان، کمک به اعمال سیاست‌های حفاظت از ذخایر و تهیه نقشه‌های ژنتیکی آبزیان توسط محققین بکار گرفته شده است (Triantafyllidis et al., 2002).

به طور طبیعی ماهی اسبله (*Silurus glanis*) دارای پراکنش جهانی است بطوریکه در دریای آرال، رودخانه انوب، دریاچه‌های یونان و در قسمت‌های غربی آناتولی نیز گزارش شده است (Banarescu,

1989; Economidis and Banarescu, 1991). بسیاری از گونه‌های ماهی اسبله از رودخانه دانوب به منابع آبی موجود در شمال و جنوب اروپا به عنوان یک گونه غیربومی منتقل شده‌اند (Triantafyllidis et al., 2002). ماهی اسبله در بسیار از کشورهای جهان دارای ارزش اقتصادی بوده و به همین دلیل مدیریت شیلاتی آبرزی پروری بر روی آن اعمال می‌گردد (Proteau et al., 1996). در زمینه تولیدمثل، دست‌کاری‌های کروموزومی و مدیریت علمی سلول‌های جنسی مطالعات متعددی توسط محققین علوم شیلاتی و زیستی بر روی این گونه انجام شده است، (Smitherman et al., Legendre et al., 1996) Brzuska and Varkonyi et al., 1998، 1996، Adamek, 1999، Bolliet et al., 2001) ولی در زمینه جمعیت‌شناسی و ساختار ژنتیکی، مطالعات و بررسی‌ها بسیار اندک بوده و نتایج حاصله نیز متفاوت است بطوریکه بر اساس مطالعات انجام گرفته در سطح آلوزایم‌ها و mtDNA (DNA میتوکندریایی) تنوع بین جمعیت‌های وحشی و کارگاه‌های تکثیر و پرورش به دست نیامد (Triantafyllidis et al., 1999a)، (Triantafyllidis et al., 1999b)، (Krieg et al., 2000) ولی Triantafyllidis و همکاران (۲۰۰۰) توانستند با استفاده از آغازگرهای میکروستلایتی سطح بالایی از تنوع جمعیتی را در این گونه به دست آورند.

از مهم‌ترین مکان‌های زیست این گونه، تالاب بین‌المللی انزلی در شمال و دریاچه سد ارس در شمال غربی ایران است که در این مناطق معروف به ماهی اسبله است. گوشت این ماهی همانند گوشت ماهیان خاویاری خوش طعم بوده و این مسئله یکی از دلایل



شکل ۱: شکل شماتیک مکان‌های نمونه‌برداری

واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) با کمی تغییرات در غلظت مواد و دمای اتصال با ۸ آغازگر میکروستلایتی (Krieg *et al.*, 1999) انجام گردید که دو آغازگر تولید باندهای تک‌شکلی یا مونومورف (*Sgl310INRA*, *Sgl325INRA*) و شش جفت دیگر تولید باندهای چندشکلی یا پلی‌مورف نمودند (جدول ۱). حجم واکنش PCR ۲۵ میکرو لیتر شامل: ۱۰۰ نانوگرم DNA، ۱۰ میلی‌مولار برای هر جفت از آغازگرها، ۲۰۰ ماکرمول از dNTPs، ۵ u/μl از آنزیم *taq* DNA polymerase (ساخت شرکت سیناژن، ایران)، ۵۰ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، بافر PCR با غلظت ۱۰X و آب مقطر استریل بود. چرخه‌های حرارتی با استفاده از دستگاه ترمال سایکلر BIOER ساخت کشور چین (XP cyclo gradient, 96 plus, Bioer, China) و تحت شرایط فوق انجام گردید: ۴ دقیقه واسرشته سازی اولیه (initial denaturation) در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۰ سیکل شامل ۳۰ ثانیه واسرشته سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۶۰ ثانیه دمای اتصال (annealing) از ۵۵ الی ۶۰ درجه سانتی‌گراد برای هر آغازگر و ۶۰ ثانیه مرحله بسط (elongation) در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و درنهایت ۱۰ دقیقه دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای بسط نهایی انجام شد.

مصرف زیاد آن در مناطق یادشده است. در همین راستا مطالعات زیادی بر روی این ماهی در زمینه تغذیه (Nezami Balouchi *et al.*, 2007)، بیماری‌ها (Khara *et al.*, 2007) و غیره از سوی محققین علوم شیلاتی کشور انجام شده است ولی متأسفانه تاکنون هیچ‌گونه مطالعه‌ای در زمینه جمعیتی و ساختار ژنتیکی آن در ایران انجام نشده و این بررسی برای اولین بار با یکی از تکنیک‌های ژنتیک مولکولی انجام گردید و هدف آن شناسایی و تفکیک جمعیتی ماهی اسبله در تالاب انزلی و دریاچه سد ارس با استفاده از روش مولکولی ریز ماهواره بوده است.

مواد و روش‌ها

تعداد ۶۰ ماهی اسبله طی سال‌های ۱۳۹۰ – ۱۳۸۹ از دو منطقه (شکل ۱) مورد مطالعه (هر منطقه ۳۰ نمونه) توسط صیادان محلی صید و کمی از باله دمی آن‌ها توسط قیچی بریده و داخل الکل ۹۶ درجه قرار گرفت و سپس به آزمایشگاه ژنتیک پژوهشکده آبی‌پروزی و آب‌های داخلی بندرانزلی انتقال یافت. در آزمایشگاه DNA ژنومی نمونه‌ها با استفاده از روش فنل کلروفرم (Hillis *et al.*, 1996) استخراج و در یخچال ۴ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. قبل از انجام PCR، کیفیت DNA های استخراج شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد تعیین شد.

جدول ۱: اطلاعات جایگاه‌های ژنی مایکروستلایتی (چندشکلی) استفاده شده در این بررسی

منبع	دمای اتصال ($^{\circ}\text{C}$)	اندازه (bp)	آغازگر	جایگاه ژنی
Krieg <i>et al.</i> (1999)	۵۸	۱۵۰ – ۲۰۰	F-CCACTTATGCACCTGAAGG R-GGCCAATTAACAGGTACA	<i>Sgl33INRA</i>
//	۵۵	۱۲۵ – ۲۱۰	F-CCAATTTACCTCAGACTACTTCTG R-GCACGTGCAAAGTCCTG	<i>Sgl5fINRA</i>
//	۵۶	۱۸۰ – ۲۵۰	F-CTTTGGTGAGTCAGAAACACG R-GCACTACTGGTAGATGCT	<i>Sgl695INRA</i>
//	۵۵	۲۲۰ – ۳۰۰	F-CTGCTCAATCAAAGTTGGTTC R-CAAACTAAGTTCAGCCAGGC	<i>Sgl7159INRA</i>
//	۵۹	۲۰۰ – ۳۰۰	F-GTGAATGTGCTTTAAGGGC R-GTTCATGGTGTCACTGCG	<i>Sgl7eINRA</i>
//	۶۰	۲۲۰ – ۳۰۰	F-GGCTGTATGTAAAGTTATTTTCAG R-CTGAGCAGTGGCCAGAATG	<i>Sgl7fINRA</i>

بر اساس شاخص Nei (1972) و شاخص F_{st} که نشانه جدایی جمعیت‌ها است بر اساس اختلاف جفتی بین نمونه‌های هر منطقه محاسبه شد. تمامی آزمون‌های آماری با استفاده از نرم‌افزار GENALEX نسخه ۶ انجام گردید.

نتایج

واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز (PCR)

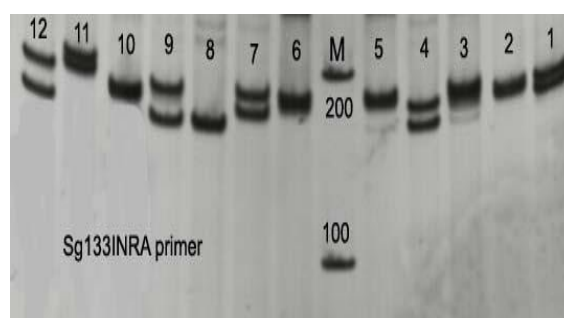
تمامی هشت آغازگر استفاده‌شده به‌خوبی در مرحله PCR تکثیر شدند بطوریکه دو جفت از آن‌ها (*Sgl310INRA*) و (*Sgl325INRA*) تولید باندهای تک‌شکلی یا مونومورف و بقیه تولید باندهای چندشکلی یا پلی‌مورف کردند. جایگاه ژنی *Sgl5fINRA* در نمونه‌های تالاب انزلی دارای بیشترین تعداد ال (۱۲) بود درحالی‌که جایگاه ژنی *Sgl7eINRA* در نمونه‌های دریاچه سد ارس دارای کمترین ال بود (۴).

اطلاعات تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها بر

اساس جایگاه‌های ژنی مایکروستلایتی

درمجموع ۸۸ ال به دست آمد. اطلاعات اختلاف ژنتیکی ۶ آغازگر چندشکلی بین نمونه‌های دو منطقه شامل تعداد ال (N_A)، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده

محصول PCR هر آغازگر به همراه لدر ۱۰۰ باز (Fermentas GmbH, Germany) در ژل پلی‌اکریل-آمید ۶ درصد (29:1 acrylamide: bis acrylamide; 1x TBE buffer) و توسط دستگاه الکتروفورز عمودی (Cleaver Scientific Ltd, UK) جداسازی شد. عملیات جداسازی با ولتاژ ۱۲۰ و تا رسیدن بافر رنگی به انتهای ژل انجام و پس از آن ژل در طی سه مرحله به روش نیترا ت نقره، رنگ‌آمیزی و بر اساس اندازه الی هر نمونه توسط بسته نرم‌افزاری GENALEX (Peakall and Smouse, 2006) تعیین گردید (شکل ۲).



شکل ۲: محصول PCR جایگاه ژنی *Sgl133INRA* ماهی اسبله بر روی الکتروفورز ژل پلی‌اکریل‌آمید

تعداد ال در هر جایگاه ژنی برای هر منطقه، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (H_o) و قابل انتظار (H_e)، آزمون هاردی واینبرگ به‌صورت جفتی برای هر جایگاه ژنی، فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های دو منطقه

(H_0) و قابل انتظار (H_e) در جدول ۲ آورده شده است. این پارامترها به ترتیب در اندازه ۱۲-۴، ۰/۸۰۷-۰/۱۹۷ و ۰/۷۳۳-۰/۲۲۶ بودند. میانگین مقادیر فوق برای تالاب انزلی به ترتیب ۹/۳، ۰/۶۳۹ و ۰/۵۸۹ بود که این مقادیر محاسبه شده نسبت به دریاچه سد ارس (۵/۳، ۰/۲۸۴، ۰/۳۲۴) بیشتر و معنی دار بودند ($P \leq ۰/۰۱$).

جدول ۲: اطلاعات اختلاف ژنتیکی بین نمونه‌های تالاب انزلی و دریاچه سد ارس (NA: تعداد الل‌ها، Ho: هتروزیگوسیتی مشاهده شده، He: هتروزیگوسیتی قابل انتظار)

دریاچه سد ارس	تالاب انزلی	پارامترها	جایگاه ژنی
۶	۱۰	N_A	
۰/۲۸۹	۰/۷۹۵	H_0	<i>Sgl33INRA</i>
۰/۴۲۵	۷۰۲	H_e	
۶	۱۲	N_A	
۰/۳۵۰	۰/۴۸۶	H_0	<i>Sgl5fINRA</i>
۰/۳۱۸	۰/۳۸۵	H_e	
۵	۸	N_A	
۰/۱۹۷	۰/۸۰۷	H_0	<i>Sgl695INRA</i>
۰/۳۸۰	۰/۷۳۳	H_e	
۵	۹	N_A	
۰/۳۹۵	۰/۶۲۱	H_0	<i>Sgl7159INRA</i>
۰/۲۲۶	۰/۶۴۰	H_e	
۴	۸	N_A	
۰/۲۷۴	۰/۶۱۰	H_0	<i>Sgl7eINRA</i>
۰/۲۹۷	۰/۵۰۵	H_e	
۶	۹	A	
۰/۲۰۱	۰/۵۱۵	H_0	<i>Sgl7fINRA</i>
۰/۴۳۶	۰/۵۶۹	H_e	
$5/3 \pm 2/18$	$9/3 \pm 3/28$	Mean N_A	
$0/284 \pm 0/155$	$0/639 \pm 0/055$	Mean H_0	
$0/324 \pm 0/098$	$0/589 \pm 0/031$	Mean H_e	

اختلاف جمعیتی

دست آمد (جدول ۳). مقادیر محاسبه شده هر دو آزمون اختلاف ژنتیکی و جمعیتی قابل ملاحظه و معنی داری رابین نمونه‌های دو منطقه نشان دادند ($P \leq ۰/۰۱$).

مقدار F_{st} بر اساس آزمون AMOVA (آنالیز واریانس مولکولی) ۰/۱۶۵ محاسبه شد که نشان دهنده اختلاف جمعیتی بزرگی بین نمونه‌های دو منطقه بود. همچنین فاصله ژنتیکی بر اساس شاخص Nei ۰/۳۸ به

جدول ۳: اطلاعات اختلاف ژنتیکی و جمعیتی و فاصله ژنتیکی نمونه‌های تالاب انزلی و دریاچه سد ارس

جمعیت‌ها	اختلاف ژنتیکی و جمعیتی (F_{st})	فاصله ژنتیکی
تالاب انزلی و دریاچه سد ارس	۰/۱۶۵	۰/۳۸

آزمون تعادل هاردی واینبرگ (HDE)

هر ۶ جایگاه ژنی پلی‌مورف استفاده‌شده در این مطالعه به‌منظور تعادل یا عدم تعادل از آزمون هاردی واینبرگ موردبررسی قرار گرفتند. جایگاه‌های ژنی *Sgl695INRA* و *Sgl7eINRA* در نمونه‌های تالاب انزلی و جایگاه ژنی *Sgl5fINRA* در نمونه‌های دریاچه سد ارس از لحاظ هتروزیگوتی از خود افزایش نشان دادند. جایگاه ژنی *Sgl7159INRA* در نمونه‌های تالاب انزلی و جایگاه‌های ژنی *Sgl7eINRA* و *Sgl7fINRA* در نمونه‌های دریاچه سد ارس از لحاظ هتروزیگوتی از خود کاهش نشان دادند. سایر جایگاه‌های ژنی در نمونه‌های دو منطقه در تعادل با آزمون هاردی واینبرگ بودند (جدول ۴).

جدول ۴: آزمون تعادل ژنتیکی (هاردی واینبرگ)

جمعیت‌های ماهی اسبله تالاب انزلی و دریاچه سد ارس		
دریاچه سد ارس	تالاب انزلی	جایگاه ژنی
۰	۰	<i>Sgl33INRA</i>
- ۰/۰۲	۰	<i>Sgl5fINRA</i>
۰	- ۰/۱	<i>Sgl695INRA</i>
۰	۰/۲۰۵	<i>Sgl7159INRA</i>
۰/۱۵۵	- ۰/۰۱۸	<i>Sgl7eINRA</i>
۰/۰۳۵	۰	<i>Sgl7fINRA</i>

بحث

طی دهه‌های اخیر، نشانگرهای مایکروستلایتی به دلیل نشان دادن تنوع اللی بالا به‌عنوان یک ابزار ژنتیکی منحصر به فرد و مفید مطرح بوده و بسیاری از محققان

علوم شیلاتی از این روش در شناسایی و تفکیک جمعیت‌های مختلف آبزیان استفاده نموده‌اند (Dudu *et al.*, 1999; Krieg *et al.*, 2008). همچنین در سال‌های اخیر بسیاری از جمعیت‌های مختلف ماهیان با استفاده از همین مارکرهای مایکروستلایتی توسط محققین ایرانی و خارجی شناسایی و تفکیک شده است (De Woody Markert, Reinartz *et al.*, 2000, and Avise, 2000, Chakmehdouz *et al.*, 2009, *et al.*, 2001, Chakmehdouz *et al.*, 2011). ماهی اسبله در بسیاری از کشورهای اروپایی دارای ارزش اقتصادی است و با توجه به افزایش مصرف گوشت این ماهی در سال‌های اخیر در مناطق پراکنش آن بخصوص ساکنین حاشیه تالاب انزلی، متأسفانه هیچ‌گونه مطالعه مولکولی در زمینه ساختار ژنتیکی و جمعیتی آن موجود نیست؛ بنابراین هدف از این مطالعه شناسایی جمعیت‌های این گونه در دو منطقه پراکنش و زیست آن (تالاب انزلی و دریاچه سد ارس) با استفاده از نشانگرهای مایکروستلایتی بوده است.

بر اساس نتایج به‌دست آمده، تعداد ال‌های به‌دست آمده در هر جایگاه ژنی در محدوده ۱۲-۴ قرار داشتند و بیشترین میانگین اللی با میانگین ۹/۳ ال متعلق به نمونه‌های تالاب انزلی بود در حالی که این مقدار برای نمونه‌های دریاچه سد ارس ۵/۳ بود. کاهش میانگین اللی در نمونه‌های دریاچه سد ارس می‌تواند نشان از وقوع یک تنگنای ژنتیکی در ماهیان اسبله این منطقه و به خاطر کاهش مولدین بوده باشد. از

پارامترهای تعیین میزان هتروزیگوستی یا تنوع ژنی، هتروزیگوستی مشاهده شده (H_o) و قابل انتظار (H_e) است. هتروزیگوستی یا تنوع ژنی محاسبه شده برای نمونه‌های تالاب انزلی ۰/۵۸۹ و بیشتر از مقدار محاسبه شده برای نمونه‌های دریاچه سد ارس بود (۰/۳۲۴). این مقدار تنوع ژنی بین جمعیت‌های دو منطقه نسبتاً زیاد و معنی دار بود ($P \leq 0/01$). مقدار تنوع ژنی نسبتاً زیاد در جمعیت تالاب انزلی می‌تواند در ارتباط با تعداد الل‌های موجود و محاسبه شده در ماهی اسبله این منطقه باشد. تالاب انزلی دارای رودخانه‌های اصلی و فرعی متعددی است که به این تالاب می‌ریزند و تنوع ژنی موجود در نمونه‌های تالاب انزلی احتمال دارد در رابطه با آمیزش تصادفی جمعیت‌های مختلف موجود بین مولدین ماهی اسبله این رودخانه‌ها بوده باشد. خانواده *Clariidae* و *Ictaluridae* از راسته گربه‌ماهی شکلان بوده و به دلیل پراکنش جهانی دارای اهمیت اقتصادی می‌باشند، بنابراین علاقه‌مندی زیادی مبنی بر دستیابی به بیوتکنولوژی صنعت آبرزی‌پروری و مطالعات جمعیتی بر اساس تکنیک‌های ژنتیک مولکولی این ماهیان وجود دارد. مطالعات انجام گرفته اخیر در سطح آلوزایم‌ها و DNA میتوکندریایی سطح تنوع ژنی اندکی را بین گونه‌های ماهی اسبله نشان داد (Triantafyllidis et al., 199a, 199b) درحالی‌که Krieg و همکاران در سال ۱۹۹۹ سطح بالایی از تنوع جمعیتی را در گونه‌های مختلف این خانواده به دست آوردند. متعاقب مطالعات صورت گرفته Triantafyllidis و همکاران در سال ۲۰۰۲ با ۱۰ آغازگر مایکروستلایتی به مطالعه ساختار ژنتیکی و جمعیتی ماهی اسبله در چندین منطقه مختلف پرداختند و توانستند سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را در این گونه

نسبت به آلوزایم‌ها و روش‌های مبتنی بر DNA میتوکندریایی به دست آورند. Quan و همکاران در سال ۲۰۰۶ در گونه *S. soldatovi* و با استفاده از نشانگرهای مولکولی مایکروستلایتی به مطالعه بین دو جمعیت وحشی رودخانه هیلونگ جیانگ و پرورشی رودخانه سانگو جیانگ پرداختند. در نتایج ایشان مقادیر تنوع ژنی (هتروزیگوستی مشاهده شده و قابل انتظار) بین دو جمعیت متفاوت ولی معنی دار نبود. با توجه به نتایج به دست آمده در این بررسی بر اساس مقادیر تنوع ژنی و اللی بین دو جمعیت و مشابهت آن‌ها با نتایج محققین ذکر شده، می‌توان از آغازگرهای مایکروستلایتی استفاده شده این بررسی برای شناسایی و تفکیک سایر جمعیت‌های این خانواده استفاده نمود. از آزمون‌های آماری مورد استفاده جهت تمایز و تعیین اختلاف ژنتیکی بین جمعیت‌ها در نشانگرهای مایکروستلایتی، مقدار شاخص F_{st} بر اساس آزمون AMOVA است که بین ۱-۰ متغیر است (Ballox & Lugan-Moulin, 2002; Quan et al., 2006). هرچه مقدار F_{st} به عدد ۱ نزدیک‌تر باشد اختلاف ژنتیکی و جمعیتی بیشتر است و بالعکس. در رابطه با شناسایی جمعیت گونه‌های مختلف آبزیان با استفاده از این شاخص گزارش‌های متعددی وجود دارد (Chakmehdouz et al., Norouzi et al., 2008; Norouzi et al., Gharibkhani et al., 2009; 2009; 2013) و هریک از این محققین در مطالعات خود نتایج مختلف و معنی‌داری را به دست آورده‌اند. محمودی و همکاران (۱۳۹۳) در بررسی‌های خود بین ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان ایرانی و قزل‌آلای وارداتی از کشور فرانسه با روش مایکروستلایت، مقدار شاخص F_{st} را ۰/۰۵۸ و معنی‌دار به دست آوردند و بیان نمودند

که تمایز ژنتیکی معنی داری بین جمعیت‌های قزل‌آلای ایرانی و وارداتی از کشور فرانسه وجود دارد. شریفی و همکاران (۱۳۹۵) با استفاده از روش توالی‌یابی DNA ژن سیتوکروم *b* میتوکندریایی میزان شاخص F_{st} بین جمعیت‌های ماهی کلمه دریاچه پشت سد ارس و دو جمعیت غرب و شرق دریای خزر را ۰/۱۲ به دست آورده و عنوان نمودند که جمعیت ماهی کلمه دریاچه پشت سد ارس با دو جمعیت دیگر دارای اختلاف معنی‌دار است. مسافر و همکاران (۱۳۹۶) با روش DNA sequencing ژن D-loop میتوکندریایی میزان شاخص F_{st} برای جمعیت‌های ماهی شبه شوریده دهان سیاه در سواحل شمال غربی دریای عمان را معنی‌دار عنوان نموده و بیان کردند که مطابق با سایر شاخص‌های آماری به‌دست‌آمده این جمعیت‌ها از یکدیگر جدا می‌باشند. در بررسی انجام‌گرفته مقدار شاخص F_{st} قابل‌ملاحظه (۰/۱۶۵) و معنی‌دار بود ($P \leq ۰/۰۱$) که با توجه به جدایی جغرافیایی و عدم مهاجرت ماهیان موجود، مقدار شاخص محاسبه‌شده قابل‌انتظار بود. همچنین از دلایل بالا بودن نرخ اختلاف ژنتیکی و جمعیتی بین نمونه‌های ماهی اسبله دو منطقه می‌تواند نرخ بالای موتاسیون یا جهش در اندازه الی به‌دست‌آمده باشد؛ بنابراین با توجه به دور بودن فاصله جغرافیایی دو منطقه از یکدیگر، فاصله ژنتیکی به‌دست‌آمده، مقدار بالا و معنی‌دار بودن شاخص F_{st} می‌توان بیان نمود که ماهی اسبله تالاب انزلی و دریاچه پشت سد ارس از لحاظ ژنتیکی متفاوت بوده و هر یک جمعیت مستقلی می‌باشند. در بررسی‌های ژنتیکی با استفاده از مارکرهای مایکروستلایتی پیشنهاد می‌شود که جمعیت‌ها با آزمون هاردی واینبرگ در تعادل باشند و این‌زمانی است که مقدار عددی این شاخص به صفر

نزدیک‌تر باشد. اگر این مقدار صفر باشد یعنی جمعیت با آزمون هاردی واینبرگ در تعادل است، مقادیر بالاتر از صفر یعنی کاهش افراد هتروزیگوت (دگرمانند) در جمعیت و مقادیر کمتر از صفر یعنی افزایش افراد هتروزیگوت در جمعیت (Quan et al., 2006). در این بررسی سه جایگاه ژنی در هر دو جمعیت در تعادل با آزمون هاردی واینبرگ بودند درحالی‌که بقیه جایگاه‌های ژنی در عدم تعادل با این آزمون بودند. دلایل متعددی مبنی بر فاصله گرفتن جمعیت‌ها با آزمون هاردی واینبرگ عنوان‌شده است از قبیل کم بودن نمونه‌ها، استفاده از آغازگرهای غیراختصاصی، سطح بسیار پایین پلی مورفیسم در جمعیت‌های مورد مطالعه و بیشترین احتمال وجود ال‌های صفر (ال‌های نول) در وراثت‌پذیری جایگاه‌های ژنی مایکروستلایتی است (Sekino et al., 2003). Paetkau and Strobeck, 1995). Quan (2003) و همکارانش در سال ۲۰۰۶ عنوان کردند که تخریب محیط‌زیست و افزایش فشار صید می‌تواند دلیلی بر عدم تعادل جمعیت‌ها با آزمون هاردی واینبرگ باشد. در این بررسی وجود پلی‌مورفیسم بالا در نمونه‌های دو منطقه، عدم وجود ال‌های نول و نیز استفاده از آغازگرهای اختصاصی نمی‌تواند دلیلی بر انحراف از عدم تعادل هاردی واینبرگ بوده باشد و تنها دلیلی که می‌توان برای آن عنوان نمود فرسایش و تخریب محیط‌زیست ماهی اسبله بخصوص تالاب بین‌المللی انزلی و نیز افزایش فشار صید این‌گونه در دو منطقه فوق‌طی سالیان اخیر می‌تواند توضیح قابل‌ملاحظه‌ای مبنی بر عدم تعادل بودن دو جمعیت در اکثر جایگاه‌های ژنی باشد. در حال حاضر و با توجه به نتایج حاصل از این بررسی ماهی اسبله این دو منطقه از تنوع ژنتیکی خوبی برخوردارند ولی عدم توجه به

مسائل زیست محیطی و همچنین برنامه های آبی پروری بر مبنای اصول ژنتیکی می تواند سبب افزایش ضریب هم خونی و کاهش اندازه جمعیت ماهی اسبله در دو منطقه مورد مطالعه گردد.

ماهی اسبله در بسیاری از کشورهای اروپایی و آسیایی دارای اهمیت اقتصادی است ولی با توجه به پراکنش این گونه در بسیاری از منابع آبی ایران، متأسفانه مصرف آن به دلیل عدم وجود فلس حلال نیست و به همین خاطر تکثیر و پرورش آن توسط آبی پروران مورد توجه قرار نگرفته و مطالعات تنها در خصوص تغذیه، بیولوژی، بیوتکنولوژی ساخت غذا و غیره بوده است و به غیر از این بررسی هیچ گونه مطالعه دیگری در خصوص ساختار ژنتیکی و جمعیتی آن با استفاده از سایر نشانگرهای ژنتیکی انجام نگرفته است. در مجموع نتیجه حاصل از این بررسی نشان داد که ماهی اسبله تالاب انزلی و دریاچه پشت سد ارس از لحاظ ژنتیکی جدا بوده و هر یک جمعیت مستقلی را تشکیل می دهند و بنابراین اجرای سیاست ها و برنامه های آبی پروری این گونه در راستای تکثیر و پرورش آن ها به منظور صادرات و ارزآوری ضروری به نظر می رسد.

سپاسگزاری

نویسندگان این مقاله بر خود واجب می دانند تا از آقایان مهندس رضا نهرور و هیئت ا... نوروزی به جهت جمع آوری نمونه از دو منطقه مورد مطالعه تشکر و قدردانی نمایند.

منابع

۱. شریفی، م.، نجات خواه معنوی، پ.، چکمه دوز قاسمی، ف.، بهمنش، ش.، ۱۳۹۵. ساختار ژنتیکی

و جمعیتی ماهی کلمه (*Rutilus rutilus caspicus*) سواحل جنوبی دریای خزر و دریاچه پشت سد ارس با استفاده از روش توالی یابی (DNA sequencing). نشریه توسعه آبی پروری، ۱۰ (۴)، ۶۳-۷۶.

۲. محمودی، ر.، گندم کار، ح.، عبدالحی، ح.ع.، متین فر، ع.، رضوانی گیل کلایی، س.، نظری، س.، ۱۳۹۳. تفاوت های ژنتیکی قزل آلا ی رنگین کمان (*Onchorhynchus mikiss*) موجود در ایران و قزل آلا ی وارداتی از فرانسه. مجله علمی شیلات ایران، ۲۳ (۱)، ۷۵-۸۵.

۳. مسافر، م.، رضوانی گیل کلایی، س.، قوام مصطفوی، پ.، ۱۳۹۶. ژنتیک جمعیت ماهی شبه شوریده دهان سیاه (*Jordan Atrobucca nibe*) (Thompson, 1911) and در سواحل شمال غربی دریای عمان با استفاده از روش PCR-sequencing. نشریه توسعه آبی پروری، ۱۱ (۲)، ۹۱-۱۰۳.

4. Ballox, F., Lugon-Moulin, N., 2002. The estimate of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*, Vol. 11, pp. 155-165.
5. Banarescu, P.M ., 1989. Zoogeography and History of the Freshwater Fish Fauna of Europe. In: *The Freshwater Fishes of Europe* (ed. Holcik J), Vol. I/ II, pp. 88-107. AULA Verlag, Wiesbaden.
6. Beardmore, A.L., Mair, C.G., Lewis, C.G., 1997. Biodiversity in aquatic systems in relation to aquaculture. *Aquaculture Research*, Vol. 28, pp. 829-839.
7. Bolliet, V., Aranda, A., Boujard, T., 2001. Demand-feeding rhythm in rainbow trout and European catfish. Synchronisation by photoperiod and food availability. *Physiology and Behavior*, Vol. 73, pp. 625-633.
8. Brzuska, E., Adamek, J., 1999. Artificial spawning of European catfish, *Silurus*

- Molecular Systematics, second ed. Sinauer Associates, Sunderland, pp. 321-381.
16. Khara, H., Nezami, S.H.A., Satari, M., Mir Hasheminasab, S.F.A.D., Mousavi, S.A., Ahmadinezhad, M., 2007. A survey of Wels (*Silurus glanis*) parasitical pollution of Amirkelayeh wetland, Lahijan. Journal of Biology Science, Vol. 1, No. 1, pp. 11-24.
 17. Krieg, F., Triantafyllidis, A., Guyomard, R., 2000. Mitochondrial DNA variation in European populations of *Silurus glanis*. Journal of Fish Biology, Vol. 56, pp. 713-724.
 18. Legendre, M., Linhart, O., Billard, R., 1996. Spawning and management of gametes, fertilized eggs and embryos in Siluroidei. Aquatic Living Resources, hors série, pp. 59-80.
 19. Markert, J.A., Danley, P.D., Arnegard, M.E., 2001. New markers for new species: microsatellite loci and the East African cichlids. Trends in Ecology and Evolution, Vol. 16, pp. 100-107.
 20. Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. American Naturalist, Vol. 106, pp. 283-292.
 21. Nezami Balouchi, S.A., Khara, H., Rashidi, S.H., Arefi N., 2007. Dite of Wels *Silurus glanis* of Amirkelayeh wetland of Lahijan. Iranian Journal of Biology, Vol. 20, No. 2, pp. 295-306.
 22. Norouzi, M., Nazemi, A., Pourkazemi, M., Samiei, M.H., 2013. Population Genetic Study on Common Kilka, *Clupeonella cultriventris* Nordmann, 1840, in the Southwest Caspian Sea, Gilan Province, Using Microsatellite Markers. World Applied Sciences Journal, Vol. 21, No. 11, pp. 1675-1680.
 23. Norouzi, M., Pourkazemi, M., Keyvan, A., Fatemi, S.M.R., Kazemi, B., 2008. Population Genetic Structure of Stellate Sturgeon (*Acipenser stellatus* Pallas, 1771) in the South Caspian Sea Using Microsatellite Markers. Journal of Fisheries and Aquatic Science, Vol. 3, No. 3, pp. 158-166.
 24. Paetkau, D., Strobeck, C., 1995. The molecular basis and evolutionary history *glanis* L.: stimulation of ovulation using LHRH-a, Ovaprim and carp pituitary extract. Aquaculture Research, Vol. 30, pp. 59-64.
 9. Chakmehdouz Ghasemi, F., Pourkazemi, M., Tavakolli, M., Yarmohammadi, M., Hassanzadeh Saber, M., Baradaran Noveiri, S., 2011. Application of microsatellite markers to determine populations of the Persian sturgeon (*Acipenser persicus*) in the South of Caspian Sea. Iranian Journal of Fisheries Sciences, Vol. 10, No. 4, pp. 596-606.
 10. Chakmehdouz Ghasemi, F., Pourkazemi, M., Zamini, A., Yarmohammadi, M., Baradaran Noveiri, S., Hasanzadeh Saber, M., Rezvani, S., Azizzadeh, L., 2009. Genetic analysis of spring and autumn races of Caspian Sea kutum (*Rutilus frisii kutum*) using microsatellite markers. Iranian Journal of Animal Biosystematics, Vol. 5, No.1, pp. 1-8.
 11. Dewoody, J.A., Avise, J.C., 2000. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. Journal of Fish Biology, Vol. 56, pp. 461-473.
 12. Dudu, A., Georgescu, S.E., Luca, C., Suciu, R., Costache, M., 2008. Microsatellite DNA variation in the Black Sea Stellate sturgeon (*Acipenser stellatus*). Lucrari stiintifice Zootehnie si Biotehnologii, Vol. 41, No. 1, pp. 78-82.
 13. Economidis, P.S., Banarescu, P.M., 1991. The distribution and origins of freshwater fishes in the Balkan Peninsula, especially in Greece. International Revue Gesamten Hydrobiologie, 76, 257-283.
 14. Gharibkhani, M., Pourkazemi, M., Soltani, M., Rezvani, S., Azizzadeh, L., 2009. Population Genetic Structure of Pikeperch (*Sander lucioperca* Linnaeus, 1758) in the Southwest Caspian Sea Using Microsatellite Markers. Journal of Fisheries and Aquatic Science, Vol. 4, No. 3, pp. 161-168.
 15. Hillis, D.M., Mable, B.K., Larson, A., Davis, S.K., Zimmer, E.A., 1996. Nucleic acids IV: sequencing and cloning. In: Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B. (Eds.),

- hybridization and genome manipulation in Siluroidei. Aquatic Living Resources, hors série, pp. 93–102.
31. Triantafyllidis, A., Abatzopoulos, T.J., Economidis, P.S., 1999b. Genetic differentiation and phylogenetic relationships among Greek *Silurus glanis* and *Silurus aristotelis* (Pisces, Siluridae) populations, assessed by PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA segments. Heredity, Vol. 82, pp. 503–509.
 32. Triantafyllidis, A., Krieg, F., Cottin, C., Abatzopoulos, T.J., Triantafyllidis, C., Guyomard, R., 2002. Genetic structure and phylogeography of European catfish (*Silurus glanis*) populations. Molecular Ecology, Vol. 11, pp. 1039–1055.
 33. Triantafyllidis, A., Ozouf-Costaz, C., Rab, P., Suciu, R., Karakousis, Y., 1999a. Allozyme variation in European silurid catfishes, *Silurus glanis* and *Silurus aristotelis*. Biochemical Systematics and Ecology, Vol. 27, pp. 487–498.
 34. Varkonyi, E., Bercsenyi, M., Ozouf-Costaz, C., Billard, R., 1998. Chromosomal and morphological abnormalities caused by oocyte ageing in *Silurus glanis*. Journal of Fish Biology, Vol. 52, pp. 899–906.
 - of a microsatellite null allele in bears. Molecular Ecology, Vol. 4, pp. 519–520.
 25. Peakall, R., Smouse, P.E., 2006. GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes, Vol. 6, pp. 288–295.
 26. Proteau, J.P., Hilge, V., Linhart, O., 1996. Etat actuel et perspectives de la production aquacole des poissons-chats (Siluroidei) en Europe. Aquatic Living Resources, hors série, pp. 229–235.
 27. Quan, Y.C., Sun, X.W., Liang, L.Q., 2006. Genetic Polymorphism of Microsatellite DNA in Two Populations of Northern Sheatfish (*Silurus soldatovi*). Acta Genetica Sinica, Vol. 33, No. 10, pp. 908–916.
 28. Reinartz, G.E., Karron, J.D., Phillips, R.B., Weber, J.L., 2000. Patterns of microsatellite polymorphism in the range restricted bonobo (*Pan paniscus*): considerations for interspecific comparison with chimpanzees (*P. troglodytes*). Molecular Ecology, Vol. 9, pp. 315–328.
 29. Sekino, M., Hamaguchi, M., Aranishi, F., Okoshi, K., 2003. Development of novel microsatellite DNA markers from the Pacific Oyster *Crassostrea gigas*. Marine Biotechnology, Vol. 5, pp. 227–233.
 30. Smitherman, R.O., Dunham, R.A., Whitehead, P.K., 1996. Selection,