

ساختار ژنتیکی و جمعیتی ماهی کلمه (*Rutilus rutilus caspicus*) سواحل جنوبی دریای خزر و دریاچه پشت سد ارس با استفاده از روش توالی‌یابی DNA (DNA sequencing)

مریم شریفی^۱، پریسا نجاتخواه معنوی^۱، فریدون چکمه دوز قاسمی^{۲*}، شهرام بهمنش^۲

۱- دانشگاه آزاد اسلامی واحد تهران شمال، دانشکده علوم و فنون دریایی، صندوق پستی: ۱۹۸۷۹۷۳۱۳۳

۲- موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، پژوهشکده آبرزی پروری آب‌های داخلی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بندرانزلی، ایران، صندوق پستی: ۶۶

تاریخ پذیرش: ۱۶ مهر ۱۳۹۵

تاریخ دریافت: ۷ اردیبهشت ۱۳۹۵

چکیده

ساختار ژنتیکی و جمعیتی ماهی کلمه (*Rutilus rutilus caspicus*) دریاچه پشت سد ارس و دو منطقه آستارا در غرب و بندر ترکمن در شرق سواحل جنوبی دریای خزر با ژن سیتوکروم *b* و روش توالی‌یابی DNA انجام شد. روش کار شامل نمونه‌برداری از باله دمی، استخراج DNA، PCR و توالی‌یابی بود. جهت تجزیه و تحلیل، شاخص‌های تنوع مولکولی، شاخص توزیع شکل گاما، شاخص F_{st} که نشان‌دهنده جدایی جمعیت‌ها می‌باشد، آزمون دقیق فرضیه صفر مبنی بر مستقل بودن جمعیت‌ها، گسترش و پراکنش تاریخ جمعیتی با دو روش تست تاجیما و تست $F_u F_s$ مورد بررسی قرار گرفت. در مجموع ۱۸ هاپلوتایپ به دست آمد، شاخص توزیع شکل گاما ۰/۱۹ و نشان‌دهنده نرخ متوسط موتاسیون در این گونه بود. مقدار F_{st} در سطح احتمال ۰/۰۵ بین سه جمعیت ۰/۱۲ بود که تنها جمعیت منطقه دریاچه پشت سد ارس با دو منطقه آستارا و بندر ترکمن معنی‌دار بود و آزمون تفاوت در داخل جمعیت‌ها این مسئله را مورد تأیید قرار داد. تاریخچه جمعیتی ماهی کلمه غیر معین و شبیه به مدل بسط ناگهانی بود و مقدار کم شاخص راجرز و هارپندینگ (۰/۰۶۱) آن را تأیید نمود. آزمون‌های بی‌طرفی تاجیما و شاخص $F_u F_s$ بین مناطق به ترتیب ۲/۳۶- و ۴/۰۴۶- بود که هر دو شاخص منفی و معنی‌دار بودند. نتایج نشان داد که جمعیت ماهی کلمه دریاچه پشت سد ارس یک خزانه ژنی مستقل می‌باشد و با توجه به یکسان بودن جمعیت‌ها در دو منطقه سواحل جنوبی دریای خزر، بایستی مدیریت شیلاتی در راستای افزایش تنوع ژنتیکی و زیستی جمعیت‌های ماهی کلمه این مناطق اعمال گردد.

کلمات کلیدی: ماهی کلمه، سواحل جنوبی دریای خزر، دریاچه پشت سد ارس، ساختار ژنتیکی و جمعیتی، توالی‌یابی DNA.

مقدمه

دریای خزر با وسعت ۳۷۳۳۰۰۰ کیلومتر مربع از بزرگترین دریاچه جهان بوده که یک مخزن آبی مشترک با پنج کشور، جمهوری اسلامی ایران، جمهوری آذربایجان، فدراتیو روسیه، جمهوری قزاقستان و ترکمنستان می باشد و دارای بیش از ۱۱۵ گونه و زیر گونه از انواع ماهیان است که از مهمترین آن ها ماهیان خاویاری، ماهی سفید، کفال، سیم، سوف، کپور، ماهی آزاد، کیلکا و ماهی کلمه خزر را می توان نام برد (کردوانی، ۱۳۷۴). دریاچه پشت سد ارس در ۱۲ کیلومتری جنوب شرقی نخجوان و ۴۰ کیلومتر غرب جلفای آذربایجان در منطقه ای به نام قزل قشلاق واقع شده است و ماهیان مختلفی در این منطقه زیست می کنند که مهمترین آن ها شامل ماهی کلمه، ماهی سوف، ماهی سیم و ماهی کپور می باشد (سرپناه، ۱۳۸۰). ماهی کلمه (*Rutilus rutilus caspicus*) در بین ذخایر ماهیان استخوانی دریای خزر و دریاچه پشت سد ارس از گونه های با ارزش و اقتصادی محسوب می شوند که از سال های گذشته تا حال به دلیل لذیذ بودن، ارزش غذایی بالا و کیفیت عالی گوشت در سبد غذایی ساکنین اکثر استان های ساحلی و غیر ساحلی قرار گرفته است. در سال های اخیر آلودگی های صنعتی و شهری، ماهیگیری غیرمسئولانه، تغییرات زیست محیطی محل های مهاجرت طبیعی و کاهش دبی آب رودخانه ها در فصل مهاجرت تکثیر سبب کاهش ذخایر ماهی کلمه دریای خزر شده به طوریکه نام آن در لیست گونه های در معرض خطر انقراض IUCN قرار گرفته است (Kiabi et al., 1999). به همین دلیل بیشترین بازار فروش این گونه در استان های ساحلی و غیر ساحلی مربوط به صید از دریاچه پشت سد ارس

بوده است. در همین راستا سازمان شیلات ایران جهت حفاظت و بازسازی ذخایر ماهی کلمه اقدام به احداث کارگاه تخصصی در منطقه شرق دریای خزر واقع در بندر ترکمن نموده است و هر ساله مولدین این منطقه بصورت مصنوعی تکثیر و سپس لاروها را به آب های طبیعی رهاسازی می نمایند درحالی که اجرای این برنامه های بازسازی ذخایر بدون اطلاع از ساختار ژنتیکی و جمعیتی در دراز مدت بدلیل افزایش ضریب همخوانی می تواند منجر به کاهش تنوع ژنتیکی درون جمعیتی، تغییر در ذخایر ژنی ماهی بومی و در نهایت انقراض جمعیت های بومی آن اکوسیستم گردد (Machado-schiaffino et al., 2007). اعمال مدیریت صحیح ذخایر آبزیان و توسعه آبرزی پروری زمانی با موفقیت همراه خواهد بود که ذخایر ژنتیکی گونه های بومی منطقه بطور دقیق و بر مبنای اصول ژنتیکی شناسایی گردد (Lin et al., 2002) و قبل از اجرای هر برنامه مدیریتی یا تولیدی ضرورت دارد تا ساختار ژنتیکی جمعیت های مربوطه را شناسایی و با روش های مولکولی مورد ارزیابی قرار داد و سپس برنامه مدیریتی را برای حفظ و بازسازی ذخایر آن تدوین و اعمال نمود (رضوانی، ۱۳۸۰). بنابراین ضروری است بمنظور افزایش تنوع زیستی این گونه و حفظ ذخایر ژنی آن ها در هر یک از رودخانه های محل مهاجرت قبل از انجام هر گونه برنامه بازسازی ذخایر، به بررسی تنوع زیستی و جمعیتی آن ها اقدام نمود تا از ساختار ژنتیکی آن ها اطلاعات لازم بدست آمده و سپس نسبت به تکثیر مصنوعی در جهت رهاسازی به همان منابع آبی در راستای حفظ ذخایر ژنی اقدام گردد. در دهه های اخیر محققین علوم شیلاتی بمنظور شناسایی جمعیت های مختلف آبزیان و تعیین ساختار

نمونه و بندر ترکمن ۱۰ نمونه) توسط صیادان محلی صید (شکل ۱) و کمی از باله دمی آن‌ها توسط قیچی بریده و داخل الکل ۹۶ درجه قرار گرفت و سپس به آزمایشگاه ژنتیک پژوهشکده آبرزی پروری آب‌های داخلی بندر انزلی انتقال یافت.



شکل ۱: شکل شماتیک مکان‌های نمونه برداری

استخراج DNA، PCR و توالی‌یابی

DNA ژنومی بافت باله دمی نمونه‌ها با روش استات آمونیوم (چکمه دوز، ۱۳۸۴) استخراج و تمپلت DNA در ۱۰۰ میکرولیتر آب مقطر استریل حل و در دمای ۴ درجه سانتی گراد قرار داده شد. قبل از انجام PCR، کیفیت DNA های استخراج شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۱ درصد تعیین شد. از بانک ژن NCBI توالی ثبت شده ژن *Cytochrome b* میتوکندریایی ماهی کلمه انتخاب و یک جفت آغازگر به توالی CCT CCC AAC ACC ATC TAA (forward) و CTG AAT AGT AGT GCG AGG (reverse) توسط نرم افزار Gene Runner سنتز شد که تولید باندهایی در محدوده ۸۵۰ جفت باز نماید. هر ویال از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) شامل ۱ میکرولیتر DNA ۱۰۰ نانوگرم، ۵ میکرولیتر PCR Buffer (10 X)، ۱/۵ میکرولیتر $MgCl_2$ ۵۰ میلی‌مولار،

ژنتیکی آن‌ها روش‌های نوین مولکولی نظیر -PCR، AFLP، RAPD، RFLP، مایکروستلایت و توالی‌یابی DNA را جایگزین استفاده از روش‌های قدیمی مثل بررسی‌های مورفومتریک و مریستیک نموده‌اند. از بین این روش‌های مولکولی، توالی‌یابی DNA یکی از روش‌های نوین و دقیق مولکولی می‌باشد که در اکثر آزمایشگاه‌های شیلاتی و تحقیقاتی جهان بمنظور بررسی‌های خویشاوندی، جمعیتی و ساختار ژنتیکی انواع گونه‌های ماهیان و سایر آبزیان مورد استفاده قرار می‌گیرد. در توالی‌یابی DNA اطلاعات وراثتی هر سلول در مولکول‌های DNA که پلیمری تشکیل شده از چهار مونومر است نگهداری می‌شود. این مونومرها که بازهای آلی هستند به اختصار A، T، C و G نامیده می‌شوند. به این ترتیب برای نمایش مولکول DNA دانشمندان از یک رشته طولانی از این چهار حرف استفاده می‌کنند. به این رشته طولانی، توالی می‌گویند. در علم ژنتیک و بیوشیمی، توالی‌یابی به معنی تعیین ساختار داخلی DNA و ترتیب نوکلئوتیدهای سازنده آن می‌باشد. در همین راستا هدف از این تحقیق، تعیین ساختار ژنتیکی و جمعیتی ماهی کلمه با روش توالی‌یابی DNA و در سطح مولکولی در مناطق دریاچه پشت سد ارس و سواحل جنوبی دریای خزر بوده است و استفاده از اطلاعات حاصل از این تحقیق می‌تواند در بهبود و اجرای سیاست‌های مدیریتی علمی شیلاتی در بخش بازسازی ذخائر ماهی کلمه سودمند واقع گردد.

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری نمونه

تعداد ۲۷ ماهی کلمه طی سال ۱۳۹۱ از سه منطقه مورد مطالعه (دریاچه پشت سد ارس ۱۰ نمونه، آستارا ۷

تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها

توالی‌های بدست آمده با نرم افزار Chromas 2.23 بازنگری و با نرم افزار Clustal W (Thompson *et al.*, 1997) ردیف (Align) شد. شاخص‌های تنوع مولکولی از قبیل تعداد هاپلوتایپ‌ها، مکان‌های چندشکلی (polymorphic sites)، جایگاه‌های انتقالی (transitions)، جایگاه‌های متقاطع (tranversions)، تنوع هاپلوتایپی و نوکلئوتیدی به همراه واریانس بر اساس مدل Nei, 1987، چندشکلی اضافی و حذف (Insertion-Deletion)، شاخص توزیع شکل گاما (gamma polymorphism)، پارامتر shape distribution) به منظور برآورد نرخ یا ضریب ناهمگونی بین مکان‌های مورد بررسی، واگرایی ژنتیکی بصورت جفتی داخل و بین مناطق نمونه‌برداری یا فاکتور F_{st} (Slatkin, 1991) که نشانه جدایی جمعیت‌ها می‌باشد با ۱۰۰۰۰ تکرار فراوانی هاپلوتایپی بمنظور معنی‌دار یا عدم معنی‌دار بودن، فرضیه صفر مبنی بر مستقل بودن جمعیت‌ها با استفاده از آزمون دقیق (exact test) بر اساس اختلاف هاپلوتایپی بین جمعیت‌ها، گسترش و پراکنش تاریخ جمعیتی (Historical demographic and spatial expansions) با دو روش ۱- تست تاجیما (Fu, 1997) و تست (D-test of Tajima, 1989) F_s و تست F_u ، گسترش و پراکنش تاریخ جمعیتی به همراه پراکنش حاصل از اختلاف جفتی بین توالی‌ها (mismatch distribution) بر اساس سه فاکتور θ_1, θ_0 (قبل و بعد از رشد جمعیتی) و t (زمان واحد نرخ جهش) با استفاده از نرم افزار Arlequin 3.1 (Excoffier *et al.*, 1992) و نرم افزار Dna SP (Rozas *et al.*, 2003) محاسبه گردید.

۱ میکرولیتر dNTPs ۱۰ میلی‌مولار، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر (۱۰ ماکرومول) و ۰/۴ میکرولیتر از آنزیم Taq DNA پلیمراز با غلظت ۵۰ $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ (سیناژن، ایران) بود که با آب مقطر استریل به حجم نهایی ۵۰ میکرولیتر رسانده شد. واکنش PCR داخل دستگاه ترمال سایکلر BIOER مدل XP cyclo gradient, 96 (plus, Bioer, China) انجام شد و چرخه‌های حرارتی شامل: ۵ دقیقه واسرشته‌سازی اولیه (initial denaturation) در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۰ سیکل شامل ۶۰ ثانیه واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۶۰ ثانیه دمای ۵۷ درجه سانتی‌گراد برای اتصال (annealing)، ۶۰ ثانیه مرحله بسط (elongation) در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و در نهایت ۱۰ دقیقه دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای بسط نهایی بود. برای اطمینان از عدم وجود آلودگی در واکنش PCR نمونه‌ها از یک ویال جداگانه کنترل منفی حاوی تمامی مواد بجز تمپل DNA استفاده شد. ۵ میکرولیتر از محصول PCR تمامی نمونه‌ها به همراه مارکر مولکولی ۱۰۰ باز (Fermentas GmbH, Germany) در ژل آگارز ۱ درصد الکتروفورز و بقیه آن‌ها پس از ارسال به بخش مولکولی شرکت ماکروژن، خالص سازی (Purify) و به عنوان تمپل DNA برای توالی‌یابی استفاده شدند. واکنش‌های توالی‌یابی DNA به همراه آغازگر forward و reverse ژن سیتوکروم b با بسته BigDye kit v3.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) توسط دستگاه DNA analyzer مدل 3730XL (Applied Biosystems, USA) انجام شد.

نتایج

توالی ۲۷ نمونه ژن سیتوکروم *b* ماهی کلمه به اندازه ۷۱۷ باز (bp) ردیف (Align) و از هر منطقه توالی ژن یک نمونه در بانک ژن NCBI ثبت شد (KF056853 ارس، KF056854 ترکمن و KF056855 آستارا). ۱۸ هاپلوتایپ بدست آمد که ۱۵ هاپلوتایپ منحصر به فرد (unique) بود. هیچ هاپلوتایپ مشترکی بین سه منطقه وجود نداشت و فقط هاپلوتایپ شماره ۹ بین آستارا و بندر ترکمن مشترک بود و دریاچه پشت سد ارس هیچگونه هاپلوتایپ مشترکی با دو منطقه

دیگر نداشت (جدول ۱) و شاخص توزیع شکل گاما بین مکان‌های مورد بررسی ۰/۱۹ محاسبه شد که نشان‌دهنده نرخ متوسط موتاسیون در این گونه بود. نتایج تنوع مولکولی شامل ۶۳۷ جایگاه تک شکلی (مونومورف)، ۸۰ جایگاه ژنی چندشکلی (پلی مورف)، ۱۷ جایگاه انتقالی (transitions)، ۱۷ جایگاه متقاطع (tranversions)، عدم مشاهده چندشکلی اضافه و حذف (Insertion-Deletion polymorphism) و ۸۳ موتاسیون بود.

جدول ۱: تعداد و پراکنش هاپلوتایپی ژن سیتوکروم *b* در سه جمعیت ماهی کلمه

هاپلوتایپ	سد ارس	بندر ترکمن	آستارا	جمع
H1	۱	-	-	۱
H2	۱	-	-	۱
H3	۳	-	-	۳
H4	۱	-	-	۱
H5	۱	-	-	۱
H6	۲	-	-	۲
H7	۱	-	-	۱
H8	-	۱	-	۱
H9	-	۴	-	۴
H10	-	۱	۳	۴
H11	-	۱	-	۱
H12	-	۱	-	۱
H13	-	۱	-	۱
H14	-	۱	-	۱
H15	-	-	۱	۱
H16	-	-	۱	۱
H17	-	-	۱	۱
H18	-	-	۱	۱
جمع	۱۰	۱۰	۷	۲۷

میزان تنوع هاپلوتایپی (Hd) و تنوع نوکلئوتیدی (Pi) برای تمامی توالی‌ها به ترتیب $0/015 \pm 0/929$ و $0/030 \pm 0/012$ محاسبه شد. همچنین تنوع ژنتیکی هاپلوتایپ‌های به دست آمده در داخل هر جمعیت با استفاده از نرم‌افزار Arlequin 3.1 محاسبه شد که تنوع هاپلوتایپی (Hd) برای تمامی مناطق بالا بود $0/911 - 0/857$ و ولی مقدار تنوع نوکلئوتیدی (Pi) در بین مناطق مختلف بود که کمترین میزان متعلق به دریاچه سد ارس

($0/004$) و بیشترین مقدار متعلق به منطقه آستارا بود ($0/025$). کمترین و بیشترین جایگاه پلی‌مورف یا چندشکلی در داخل هر منطقه به ترتیب متعلق به دریاچه سد ارس (10) و منطقه آستارا (62)، کمترین و بیشترین تفاوت جفتی در بین مناطق به ترتیب متعلق به دریاچه سد ارس (3) و منطقه آستارا (18) بود (جدول ۲).

جدول ۲: اطلاعات تنوع مولکولی ژن سیتوکروم *b* ماهی کلمه

ناحیه	پارامتر		
	دریاچه سد ارس	بندر ترکمن	آستارا
تعداد نمونه‌های مورد بررسی	۱۰	۱۰	۷
جایگاه‌های مورد بررسی	۷۱۷	۷۱۷	۷۱۷
تعداد جایگاه‌های چند شکلی	۱۰	۱۸	۶۲
چند شکلی اضافه و حذف (InDels)	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰
تعداد هاپلوتایپ	۷	۷	۵
تنوع نوکلئوتیدی (Pi)	$0/004 \pm 0/003$	$0/006 \pm 0/004$	$0/025 \pm 0/015$
تنوع هاپلوتایپی (Hd)	$0/911 \pm 0/077$	$0/867 \pm 0/107$	$0/857 \pm 0/137$
فراوانی هاپلوتایپ	$1 \pm 0/8$	$1 \pm 0/8$	$0/8 \pm 0/6$
میانگین تفاوت جفتی	$3/000 \pm 1/708$	$4/444 \pm 2/393$	$18/286 \pm 9/260$

مقدار F_{st} محاسبه شده بین سه جمعیت $0/12$ با جریان ژنی $1/75$ بود که بیشترین فاصله جمعیتی بین مناطق آستارا و سد ارس با $0/114$ و کمترین فاصله جمعیتی بین مناطق آستارا و بندر ترکمن $0/040 -$

بدست آمد. در سطح احتمال $0/05$ جمعیت منطقه دریاچه پشت سد ارس با دو منطقه آستارا و بندر ترکمن معنی‌دار ($P \leq 0/05$) و دو منطقه دیگر با یکدیگر معنی‌دار نبود ($P \geq 0/05$) (جدول ۳).

جدول ۳: میزان F_{st} بر اساس فراوانی هاپلوتایپی (مثلاً پایین) و میزان p -value (مثلاً بالا) ژن سیتوکروم *b* ماهی کلمه

نواحی نمونه برداری	دریاچه سد ارس	بندر ترکمن	آستارا
دریاچه سد ارس	*	$0/01$	$0/01$
بندر ترکمن	$0/011$	*	$0/99$
آستارا	$0/114$	$-0/040$	*

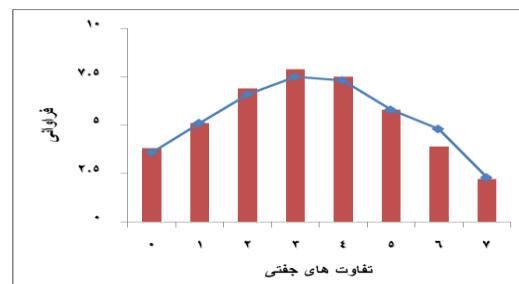
آزمون تفاوت جمعیت‌ها (non-differentiation exact p values) در داخل جمعیت‌ها در سطح احتمال ۰/۰۵ درصد نیز معنی‌دار بود و میزان آن بین تمامی نمونه‌ها $p = ۰/۰۰۴$ بود و این میزان فاکتور F_{st} و آزمون

تفاوت بین جمعیت‌ها که هر دو معنی‌دار بودند ($P \leq ۰/۰۵$) باعث مردود بودن فرضیه صفر و قبول فرضیه ۱ مبنی بر وجود تفاوت بین جمعیت‌ها بودند (جدول ۴).

جدول ۴: میزان p -value آزمون تفاوت ژن سیتوکروم b جمعیت‌های ماهی کلمه بین مناطق مورد بررسی

نواحی نمونه برداری	دریاچه سد ارس	بندر ترکمن	آستارا
دریاچه سد ارس	*		
بندر ترکمن	$۰/۰۰۹ \pm ۰/۰۰۲$	*	
آستارا	$۰/۰۲۶ \pm ۰/۰۰۲$	$۱ \pm ۰/۰۰۰$	*

تاریخچه جمعیتی (demographic history) ماهی کلمه با استفاده از آزمون گسترش و توزیع تاریخ جمعیتی (mismatch distribution) که تفاوت ژنتیکی جفتی بین هابلوتایپ‌ها می‌باشند و بر اساس بسط و گسترش ناگهانی (sudden expansion) تا حدود زیادی غیر معین (unimodal) و شبیه مدل بسط ناگهانی بود (شکل ۲).



شکل ۲: تفاوت‌های جفتی مشاهده شده (ستون) و توزیع عدم تطابق (خطی) بر اساس مدل بسط ناگهانی ژن سیتوکروم b ماهی کلمه

مقدار کم محاسبه شده شاخص راجرز و هارپندینگ ($۰/۰۶۱$)، غیر معین بودن تاریخچه جمعیتی و شبیه بودن به مدل بسط ناگهانی را مورد تأیید قرار داد (جدول ۵). مقدار زمان بسط و گسترش جمعیتی محاسبه شده توسط نرم افزار Arlequin $t = ۲۵/۰۵$ بود بنابراین زمان بسط و گسترش جمعیت‌ها از قبل از زمان حاضر حدود ۴۲۳۳ سال و بر اساس نرخ جهش یا موتاسیون محاسبه شده ژن سیتوکروم b این بررسی می‌باشد. آزمون‌های بی‌طرفی (neutrality tests) تاجیما همانند شاخص F_u برای F_s ۲۷ توالی بین مناطق به ترتیب $-۲/۳۶$ و $-۴/۰۴۶$ محاسبه شد که هر دو شاخص منفی و از لحاظ آماری معنی‌دار بودند ($P \leq ۰/۰۱$).

جدول ۵: تست توزیع و پراکندگی عدم تطابق ژن سیتوکروم *b* ماهی کلمه

Goodness-of-fit tests			Mismatch distribution			Fu's F_S		Tajima's D		منطقه	
SSD	P	Ragg*	P	θ_0	θ_1	t	F_S	P	D		P
۰/۰۲۵	۰/۴۰	۰/۰۶۱	۰/۵۷	۰/۰۰	۱۲/۸۹	۴/۰۸	-۲/۰۵۰	۰/۰۷۵	-۰/۶۷	۰/۲۸	دریاچه پشت سد ارس
۰/۰۱۹	۰/۸۶	۰/۰۳۱	۰/۹۸	۰/۰۰	۵/۴۵	۱۳/۴۰	-۱/۰۲۳	۰/۲۴۶	-۱/۴۰	۰/۰۹	بندر ترکمن
۰/۰۶۱	۰/۷۵	۰/۰۸۳	۰/۸۰	۰/۰۰	۴/۵۴	۵۷/۶۶	۲/۹۸۱	۰/۸۹۰	-۱/۶۱	۰/۰۱	آستارا
۰/۰۳۵	۰/۶۸	۰/۰۶۱	۰/۸۰	۰/۰۰	۷/۶۳	۲۵/۰۵	-۴/۰۴۶	۰/۰۱۲	-۲/۳۶	$P < 0.01$	جمع

* شاخص راجرز هارپندینگ، مجموع مربع انحرافات $SSD =$

بحث

ماهیان دریایی عموماً بدلیل پراکنش زیاد در زمان لاروی یا بزرگسالی، عدم وجود موانع فیزیکی در مسیر مهاجرت و عدم جدایی مکان جغرافیایی دارای سطح اندکی از تمایز و اختلاف ژنتیکی می‌باشند (Hewitte, 2000). دریای خزر از مکان‌های اصلی زیست کلمه خزری است که متاسفانه در دهه‌های اخیر بسیاری از رودخانه‌های محل مهاجرت ماهی کلمه در سواحل جنوبی دریای خزر تخریب شده و بزرگسالان این گونه ناگزیر از مهاجرت در تمامی نوار ساحلی دریای خزر می‌باشند. با توجه به تخریب رودخانه‌های محل مهاجرت و تخم‌ریزی در نواحی غربی و شرقی و کاهش ذخایر ماهی کلمه در سواحل جنوبی دریای خزر احتمال تکثیر مولدین بدون اطلاع از ساختار ژنتیکی و جمعیتی آن‌ها وجود داشته که می‌تواند سبب افزایش ضریب همخونی در جمعیت‌های آن گردد. این روند در درازمدت تأثیرات سوئی به دنبال دارد و به صورت تدریجی می‌تواند سبب تخریب ذخایر ژنتیکی و نابودی تدریجی خزانه ژنی گونه‌ها و جمعیت‌ها گردد که از عوارض آن می‌تواند کاهش سرعت رشد، کاهش میانگین طول، کاهش درصد هم‌آوری و افزایش لاروهای ناقص‌الخلقه در یک دوره ۲۵ الی ۴۰

ساله باشد (پور کاظمی، ۱۳۷۹). زمانیکه یک گونه خاص از ماهیان قرار است به عنوان یک منبع حیاتی مدیریت شود توانایی ارزیابی ژنتیکی و دسترسی به ساختار ژنتیکی جمعیت آن‌ها می‌تواند به عنوان یک ابزار قدرتمند در حفظ تولیدات شیلانی آن‌ها بکار گرفته شود (Seeb et al., 1990). جدایی جغرافیایی دریاچه پشت سد ارس از دریای خزر و وجود ذخایر زیاد ماهی کلمه در این منطقه، کاهش ذخایر ماهی کلمه دریای خزر بخصوص در غرب دریای خزر سبب شده تا به بررسی و مطالعه ساختار ژنتیکی و جمعیتی ماهی کلمه دریای خزر با ژن سیتوکروم *b* میتوکندریایی و روش توالی‌یابی DNA پرداخته شود.

تعداد هاپلوتایپ‌های بدست آمده از نمونه‌های دریاچه پشت سد ارس و عدم اشتراک آن‌ها با دو منطقه دیگر بدلیل ایزوله بودن این منطقه و جدایی جغرافیایی آن با دریای خزر می‌باشد. هرچند که موانع فیزیکی برای جدایی مناطق غرب و شرق دریای خزر وجود ندارد و مهاجرت و جریان ژنی بین ماهی کلمه در این مناطق می‌تواند صورت گیرد ولی نمونه‌های دو منطقه (آستارا و بندر ترکمن) دارای تعداد هاپلوتایپ زیاد بودند. شاخص F_{st} بر اساس تست AMOVA به روشنی نشان داد که جمعیت ماهی کلمه دریاچه پشت

سد ارس مستقل از جمعیت دو منطقه دیگر می باشد در حالیکه اختلاف آماری معنی داری بین نمونه های سواحل جنوبی دریای خزر بر اساس این شاخص بدست نیامد و این مسئله نیز توسط آزمون دقیق (exact test) جمعیتی مورد تأیید قرار گرفت. مقدار معنی دار p حاصل از تست دقیق بین نمونه های دریاچه پشت سد ارس و نمونه های سواحل جنوبی دریای خزر نشان داد که جمعیت ماهی کلمه دریاچه پشت سد ارس دارای یکسری توانایی های منحصر بفردی در توالی ژنوم خود می باشد. نتایج این دو آزمون نشان داد که ماهی کلمه مناطق غربی و شرقی دریای خزر جمعیت واحدی می باشند. متاسفانه مطالعات ژنتیک مولکولی بر روی ماهی کلمه سواحل جنوبی دریای خزر با روش توالی یابی DNA موجود نیست تا بتوان نتایج آن ها را با نتایج حاصل از این بررسی مقایسه نمود. Keyvanshokoo و همکاران (۲۰۰۷) با مطالعات خود (روش مایکروستلایت) نشان دادند که اختلاف آماری قابل ملاحظه ای بر اساس میانگین تعداد الل در هر جایگاه ژنی و هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o) بین ماهی کلمه تالاب انزلی و خلیج گرگان وجود ندارد ولی بر اساس شاخص F_{st} و فاصله ژنتیکی معنی دار عنوان نمودند که جمعیت ماهی کلمه دو منطقه هر یک جمعیت مستقلی هستند ولی رضوانی و همکاران (۱۳۸۹) ساختار ژنتیکی اندک و یکسان بودن جمعیت ماهی کلمه منطقه انزلی و خلیج گرگان در شرق دریای خزر با استفاده از روش مایکروستلایت را مطرح نمودند. در حال حاضر تنها کارگاه تخصصی بازسازی ذخایر ماهی کلمه در شرق دریای خزر و در منطقه بندر ترکمن واقع می باشد (کارگاه بازسازی ذخایر ماهی کلمه سیچوال) و با توجه به کاهش ذخایر این گونه در

غرب دریای خزر احتمال انتقال مولدین از شرق دریای خزر به ناحیه غربی آن به منظور تکثیر و ترمیم ذخایر در این منطقه وجود داشته و در نتیجه رانش ژنتیکی، نتایج به دست آمده یکی بودن جمعیت های ماهی کلمه در دو منطقه غربی و شرقی سواحل جنوبی دریای خزر را مورد تأیید قرار داد.

نتایج هر دو آزمون بی طرفی (تاجیما و F_u) و آزمون گسترش و توزیع تاریخ جمعیتی (mismatch distribution) نشان از بسط و گسترش بین ماهی کلمه در سه منطقه مورد مطالعه بود، مقدار بالای تنوع هاپلو تایپی (0.15 ± 0.929) و مقدار متوسط تنوع نوکلئوتیدی (0.30 ± 0.12) احتمالاً می تواند ناشی از همین بسط و گسترش جمعیتی (پس از یک دوره زمانی که اندازه مؤثر جمعیتی کم بوده است) باشد که این مسئله با نتایج این آزمون ها مطابقت دارد. زمان محاسبه شده بسط و گسترش جمعیتی ماهی کلمه قبل از زمان حاضر حدود ۴۲۳۳ سال مطابق با دوره پلیوستوسن بوده است. در واقع در دوره یخبندان پلیوستوسن یک چرخه تکاملی گسترده ای اتفاق افتاده است به طوریکه بسیاری از گونه ها از مکان های اصلی خود جدا و پراکنده شده اند (Hewitt, 1996; Carstens and Knowles, 2007). در مجموع کم بودن ساختار ژنتیکی بین این گونه در مناطق مورد مطالعه می تواند به سبب بسط جمعیت ها در اثر فعالیت های انسانی در یک دوره زمانی کوتاه مدت و در سال های گذشته مخصوصاً در سواحل جنوبی دریای خزر اتفاق افتاده و زمان برای رسیدن جمعیت ها به تعادل ژنتیکی کافی نبوده باشد.

این بررسی برای اولین بار با روش توالی یابی DNA برای مقایسه تنوع ژنتیکی بین ماهی کلمه سواحل جنوبی دریای خزر و دریاچه پشت سد ارس انجام

گردید و متأسفانه مطالعه دیگری با این روش در سایر گونه‌های مشابه ماهیان استخوانی دریای خزر وجود ندارد تا بتوان نتایج حاصل از این بررسی را با نتایج آن‌ها مورد مقایسه قرار داد. در مجموع نتایج این بررسی نشان داد که جمعیت ماهی کلمه دریاچه پشت سد ارس یک جمعیت مجزا از دو منطقه دیگر می‌باشد و هیچگونه شاهدهی مبنی بر جدا و مستقل بودن جمعیت‌های ماهی کلمه مناطق غربی و شرقی سواحل جنوبی دریای خزر بدست نیامد ولی نتیجه‌گیری نهایی در این باره منوط به بکارگیری سایر ژن‌های میتوکندریایی در کنار سایر روش‌های مولکولی نظیر مایکروستلایت، AFLP، RFLP می‌باشد. از آنجاییکه کاهش شدید جمعیت‌ها در نتیجه فقدان تنوع ژنتیکی می‌باشد، ارزیابی نتایج این بررسی و بکارگیری نتایج آن در آینده می‌تواند راهگشای مدیریت شیلاتی در بازسازی صحیح جمعیت‌ها، افزایش تنوع ژنی و ذخایر اینگونه با ارزش گردد.

سپاسگزاری

نویسندگان این مقاله بر خود واجب می‌دانند تا از آقایان مهندس رضایی خواه نرگسی، مهندس عباسی و آقای نوروزی به جهت جمع‌آوری نمونه تشکر و قدردانی نمایند.

منابع

- تکثیر و پرورش آبزیان، اداره کل آموزش و ترویج. تهران، ۳۰-۱۷.
۳. سرپناه، ع. ن.، ۱۳۸۰. پایش (مونیتورینگ) دریاچه سد ارس، مطالعات ماهی شناسی مرکز تحقیقات ماهیان استخوانی دریای خزر، بندر انزلی، ۷۳ صفحه.
۴. رضوانی گیل کلایی، س.، بابایی، س.ع.، پورکاظمی، م. ۱۳۸۰. بررسی مولکولی جمعیت میگوی بیری سبز در دریای عمان و خلیج فارس با استفاده از ژن سیتوکروم اکسیداز I به روش RFLP. مجله علمی شیلات ایران، ۲، ۳۰-۱۵.
۵. رضوانی گیل کلایی، س.، ۱۳۸۹. گزارش نهایی پروژه بررسی مولکولی ساختار جمعیتی گونه ماهی سفید و ماهی کلمه از خزر جنوبی و سوکلا و راشگو معمولی از خلیج فارس و دریای عمان، موسسه تحقیقات شیلات ایران، ۲۷۵ صفحه.
۶. چکمه دوز قاسمی، ف. (۱۳۸۴). مقایسه روش‌های استخراج DNA در آبزیان و دستورالعمل کاربردی آن. پایان نامه کارشناسی، مرکز آموزش عالی علوم و صنایع شیلاتی میرزا کوچک خان (رشت)، ۵۳ صفحه.
7. Carstens, B.C., Knowles, L.L., 2007. Shifting distributions and speciation: species divergence during rapid climate change. *Molecular Ecology*, 16, 619-627.
8. Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M., 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131, 479-49.
9. Fu, Y.X., 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147, 915-925.
10. Hewitt, G.M., 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biol J Linn Soc*, 58, 247-276.
11. Hewitt, G.M., 2000. The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature*, 405, 907-913.
12. Keyvanshokoo, S., Ghasemi, A., Shahriari-Moghadam, M., Nazari, R.M., Rahimpour, M., 2007. Genetic analysis of *Rutilus rutilus caspicus* (Jakowlew 1870) populations in Iran

۱. کردوانی، پ.، ۱۳۷۴. اکوسیستم‌های آبی (دریای مازندران). نشر قوس، تهران.
۲. پورکاظمی، م.، ۱۳۷۹. مدیریت و بازسازی ذخایر پایدار. مجموعه مقالات بازسازی ذخایر. معاونت

- polymorphism analyses by thecoalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19, 2496–2497.
18. Seeb, L.W., Seeb, J.E., Polovina, J.J., 1990. Genetic variation in highly exploited spiny lobster *Panulirus marginatus* populations from the Hawaiian Archipelago. *Fish Bull*, 88, 713–718.
 19. Slatkin, M., Hudson, R., 1991. Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*, 129, 555–562.
 20. Tajima, F., 1989. Statistical-method for testing the neutral mutationhypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123, 585–595.
 21. Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., Higgins, D.G., 1997 The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acid. Res*, 24, 4876–4882.
 - by microsatellite markers. *Aquacultur Research*, 38, 953-956.
 13. Kiabi, B.H., Abdoli, A., Naderi, M., 1999. Status of the fish fauna in the South Caspian basin of Iran. *Journal of Zoology in the MiddleEast*, 18, 57-65.
 14. Lin, Y. S., Y.P. Poh, S.M. Lin., Tzeng, C.S., 2002. Molecular techniques to identify freshwater Eels. *Zoological studies*, 41(4):421-430.
 15. Machado-schiaffino, G., Depico, E., Garciazquez, E., 2007. Genetic variation losses in Atlantic salmon stocks created for supportive breeding. *Aquaculture*, 264, 59–65.
 16. Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and Genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583-590.
 17. Rozas, J., Sa´nchez-DelBarrio, J.C., Messeguer, X., Rozas, R., 2003. DnaSP, DNA